

JOURNAL

STUDIUM INTEGRALE

**Der Mensch
und sein
Genom**



Werkzeuggebrauch
bei Schimpansen?



Der älteste Wald



Konservierter
Beutefang

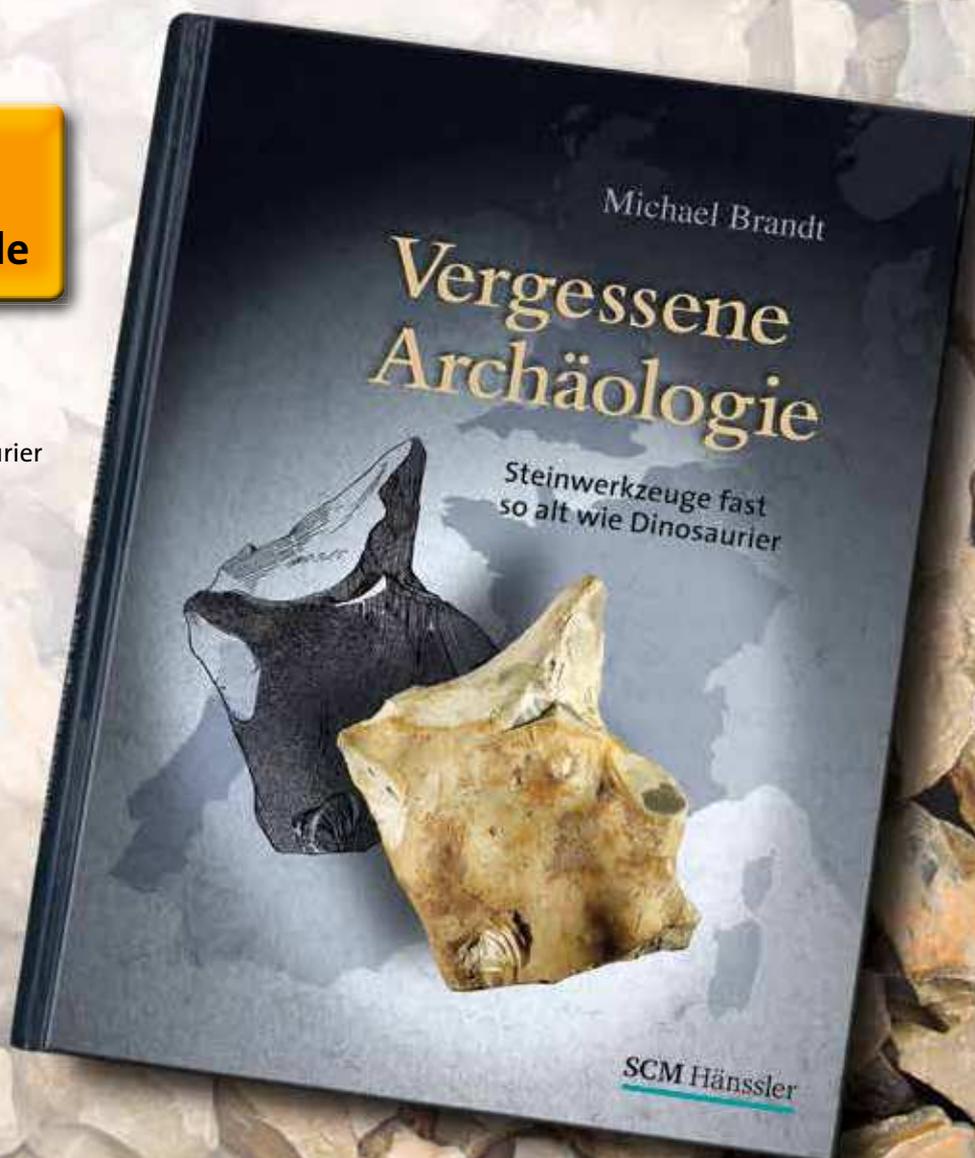
Steinwerkzeuge fast so alt wie Dinosaurier

Vergessene Archäologie

Kaum jemand weiß heute noch, dass zwischen 1860 und 1930 Feuersteinwerkzeuge aus Ablagerungen geborgen wurden, die weit älter sind als die heute allgemein anerkannten ältesten Steinwerkzeuge. Diese Funde aus dem Tertiär wurden in anerkannten Fachzeitschriften und Monographien publiziert und waren von renommierten Wissenschaftlern anerkannt. Michael Brandt hat sich mit diesen Funden intensiv befasst und präsentiert ein gründlich recherchiertes, weltweit einmaliges Buch mit zahlreichen Abbildungen, darunter vielen brillanten Originalfotos der Funde. Die tertiären Werkzeuge sind identisch mit anerkannten paläolithischen Artefakten: Kerne, Abschläge, Bohrer, Messer, Schaber, Kratzer u. a. Sie beweisen die Existenz des Menschen lange vor den postulierten Tier-Mensch-Übergangsformen der herkömmlichen Entstehungstheorien. Der Autor plädiert für die Wiederanerkennung der tertiären Steinwerkzeuge und damit für Neuüberlegungen zur Entstehungsgeschichte der Menschheit. Das Buch gewährt zudem interessante Einblicke hinter die Kulissen des Wissenschaftsbetriebs und das Zustandekommen mancher „bewiesener“ Erkenntnisse. Das übersichtlich gegliederte und mit zahlreichen Begriffserklärungen versehene Buch ist trotz seiner wissenschaftlichen Tiefe gut lesbar. Es wendet sich an alle an der Vorgeschichte interessierten Laien und Wissenschaftler.

**Jetzt neu im Buchhandel
oder direkt unter
www.wort-und-wissen.de**

Michael Brandt
Vergessene Archäologie
Steinwerkzeuge fast so alt wie Dinosaurier
SCM Hänssler, 2011
Hardcover 24 x 30,5, 472 Seiten,
zahlreiche farbige Abbildungen.
ISBN 978-3-7751-5349-2
59,95 EUR [D]/61,80 EUR [A]/92,50 CHF



Erhältlich auch bei:
Studiengemeinschaft Wort & Wissen · Rosenbergweg 29 · 72270 Baiersbronn
Telefon (0 74 42) 8 10 06 · Fax (0 74 42) 8 10 08 · email sg@wort-und-wissen.de



Im März dieses Jahres erschien ein bemerkenswerter Artikel in ZEIT ONLINE. „Von wegen menschlich“ überschrieb Autor Frederik JÖTTEN seine Ausführungen über die Studien des Verhaltensforschers Claudio TENNIE vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig. TENNIE wollte eine bedeutsame menschliche Fähigkeit bei Schimpansen nachweisen, die uns Menschen in besonderer Weise das Lernen ermöglicht: die Fähigkeit zur Nachahmung. Er fand jedoch das Gegenteil heraus: Affen können genau das nicht. Und das unterscheidet sie grundlegend vom Menschen. Diese Erkenntnis komme in der Fachwelt nicht gut an, schreibt JÖTTEN weiter; man sei sehr viel aufgeschlossener für Ergebnisse, die Gemeinsamkeiten zwischen Affen und Menschen belegen. Doch diese Voreingenommenheit birgt die

Gefahr, fälschlicherweise Dinge zu sehen, die man sehen will, und andere nicht zu sehen, obwohl sie da sind, weil man nicht mit ihnen rechnet. Lesen Sie dazu den Kommentar „Affen äffen nicht nach“ am Ende dieser Ausgabe.

Vergleiche von Menschenaffen und Menschen, in denen Gemeinsamkeiten sehr viel deutlicher als die Unterschiede wahrgenommen und entsprechend interpretiert werden, sind auch Thema weiterer Artikel dieser Ausgabe von *Studium Integrale Journal*. Dabei geht es um Werkzeuggebrauch, um das Erbgut und um Fossilien. Michael BRANDT stellt anlässlich einer im letzten Jahr publizierten Veröffentlichung in der amerikanischen Fachzeitschrift *PNAS* Experimente mit Schimpansen vor, die belegen sollen, dass diese in Bezug auf Werkzeugnutzung und Werkzeugherstellung menschenähnliche Fähigkeiten besäßen. Seine Analyse zeigt, dass diese starke Behauptung nicht aufrechterhalten werden kann. Die durch viel Training erlernte einfache Abschlagtechnik der Zwergschimpansen unterscheidet sich deutlich von der komplexen Abschlagtechnik der frühesten Steinwerkzeughersteller.

Mit der immer größer werdenden Fülle von Daten über das Erbgut (Genom) des Menschen und Menschenaffen befasst sich Harald BINDER. Auch hier spielen Erwartungen bezüglich der vorausgesetzten Evolution des Menschen eine Rolle, denn Vergleiche zwischen dem Genom des Menschen und dem Genom anderer Organismen werden häufig herangezogen, um bereits etablierte Vorstellungen bezüglich ihrer angenommenen Evolution zu untermauern. Die Forschungen auf diesem Gebiet zeigen jedoch zunehmend, dass viele Merkmale spezifisch für Menschen sind und dass die genetischen Unterschiede zwischen Mensch und Schimpanse weitaus größer sind als früher angenommen wurde, so dass der Mensch anhand genetischer Merkmale klar von anderen Lebewesen abgegrenzt werden kann. Weitreichende Schlussfolgerungen auf diesem Gebiet sind vorerst nicht ratsam, weil der enormen Menge an Genomdaten bisher ein sehr lückenhaftes Verständnis der Bedeutung einzelner Abschnitte des Erbguts gegenüber steht. Dieser Mangel begrenzt derzeit die Aussagekraft von Genomvergleichen. In der ersten Folge einer Artikelserie gibt Harald BINDER einen Überblick zu diesem spannenden Thema.

Schließlich sind auch die Paläontologen auf der Suche nach Merkmalen, die den Menschen mit nicht-menschlichen Primaten verbinden. Hier werden nach wie vor die Australopithecinen trotz ihrer recht groß-affenähnlichen Schädel- und Zahnstruktur unter Berufung auf passende Merkmale des Körperstamm- und Extremitätenskeletts häufig als „Vormenschen“ gedeutet. Diese behauptete Menschenähnlichkeit wird durch neue Untersuchungen jedoch in Frage gestellt; es spricht vieles dafür, dass das Klettern und nicht der aufrechte Gang die normale Fortbewegungsweise dieser ausgestorbenen Primaten war. Wenn die nachweislich vorhandenen Klettermerkmale als funktionslose Überbleibsel von Vorläuferformen interpretiert werden, scheint dies auch hier eher für Voreingenommenheit der Forscher zu sprechen als für Ergebnisoffenheit in der Interpretation der nachweisbaren Merkmale.

In einem physikalischen Beitrag geht es um die Konsequenzen, die sich aus dem Nachweis eines lange postulierten Elementarteilchens – des Higgs-Teilchens – ergeben. Dieses Elementarteilchen schaffte es letztes Jahr öfter in die Tagespresse, wobei mit dessen Bezeichnung als Gottesteilchen irreführende Vorstellungen suggeriert wurden. Wenn es sich tatsächlich um das Higgs-Teilchen des Standardmodells handelt, könnten die Entdeckung von Physik jenseits des Standardmodells und damit die Klärung offener Fragen der Kosmologie noch längere Zeit auf sich warten lassen, wie Peter TRÜB erläutert.

Ein etwas ungewöhnliches Thema dieser Ausgabe ist der Zusammenhang zwischen dem im Matthäusevangelium berichteten Erdbeben bei der Kreuzigung Jesu und geologischen Befunden im Nahen Osten. Die spannende Frage, ob dieses Beben geologisch nachgewiesen werden kann, ist aber nur ein Aspekt im Artikel von Michael KOTULLA. Die Leser erhalten darüber hinaus Einblicke in geologisches Arbeiten und über Voraussetzungen und Probleme bei Altersdatierungen.

Mit dieser bunten Vielfalt hoffen wir, dass diese Ausgabe für alle Leser Interessantes und Gewinnbringendes bereithält.

■ IMPRESSUM

Herausgeber

Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V.,
Rosenbergweg 29, D-72270 Bayersbronn,
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, Bayersbronn

Korrespondenzadresse

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

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen, AGD, Langgöns

Produktion

Dönges – Gutenberghaus Druck & Medien
GmbH & Co. KG, Dillenburg

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen

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

Alle Rechte vorbehalten.

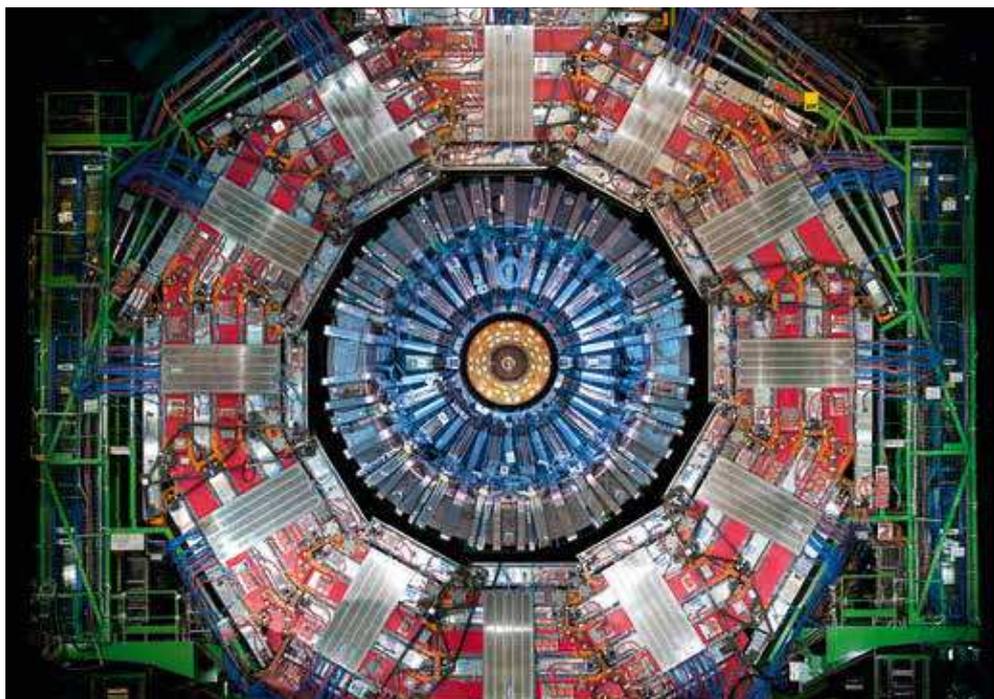
Die Verantwortung für den Inhalt tragen
die jeweiligen Autoren. Der Herausgeber
und die Redaktion identifizieren sich
nicht zwangsläufig mit allen Details der
Darlegungen.

■ TITELBILD

Künstlerische Darstellung des DNA-
Moleküls. Das Erbgut des Menschen wird
intensiv untersucht. Welche Erkenntnisse
für das Verständnis des Menschen und
seiner Geschichte daraus gewonnen werden
können, ist eine spannende Frage. Die
Forschung steht diesbezüglich am Anfang
(siehe den Artikel ab S. 10).

(Foto: © Sergey Nivens, fotolia.com)

■ Inhalt



■ THEMEN

M. Brandt	Können Schimpansen wie Menschen Werkzeuge herstellen?	4
H. Binder	Der Mensch und sein Genom. I. Welche Merkmale sind spezifisch für den Menschen?	10
P. Trüb	Aktuelle Resultate vom Large Hadron Collider und ihre Bedeutung für die Kosmologie	18
M. Kotulla	Das Erdbeben bei der Kreuzigung Jesu. Ereignis in Ablagerungen des Toten Meeres nachgewiesen?	25

■ KOMMENTAR

R. Junker	Mensch und Schimpanse: Affen äffen nicht nach	63
-----------	---	----



■ KURZBEITRÄGE

R. Junker	Ältester fossiler Wald ist „überraschend komplex“	34
M. Brandt	„Vormensch“ verliert seinen Status. <i>Australopithecus</i> erweist sich als guter Kletterer	36
H.-B. Braun	Modernes Denken im Kambrium	40
R. Junker	Rätselhafter Ursprung des Linsenauges der Wirbeltiere	42
B. Schmidtgal	Enzymfreie Replikation im Labor – ein plausibles Modell für erste Replikationssysteme?	44
R. Junker	Detaillierte Gemeinsamkeiten der Gehörorgane von Heuschrecke und Mensch	48
P. Imming	Weitere Informationen zum „Spiegel der Weisen“	50

■ STREIFLICHTER

Das älteste vollständige Fossil eines „Insekts“: ein Kleinkrebs?	52
„Urzeitkrebis“ <i>Triops</i> – lebendes Fossil mit unklarer Geschichte	52
Jagdscene in Bernstein: Spinne erbeutet Wespe	54
Menschenaffen kaum intelligenter als „niedere“ Affen	54
Die ersten Kiefer besaßen auch Zähne	55
<i>Vernanimalcula</i> – „Gnadentod“ für das älteste „Zweiseitentier“	56
Sonnentau-Art mit Katapulteinrichtung zum Insektenfang	56
Eine Dreifach-Symbiose schützt Seegraswiesen vor Sulfid-Vergiftung	58
Extrem kalt, extrem salzig – Mikroben in eisbedeckten Seen der Antarktis	59
Wie aus vogelartigen Fußspuren Fußspuren von Vögeln werden	60
Biologische Information und Interaktom einer Zelle	61
Konstante Verschiedenartigkeit der Priapuliden	61

Können Schimpansen wie Menschen Steinwerkzeuge herstellen?

In Gefangenschaft lebende Zwergschimpansen lernen, mit einem Hammerstein von einem Kernstein Steinsplitter abzuspalten und diese als Werkzeuge zu benutzen, um an Nahrung zu gelangen. Die einfache Abschlagtechnik der Schimpansen unterscheidet sich deutlich von der komplexen Abschlagtechnik der frühen Steinwerkzeughersteller.

Michael Brandt

Im August 2012 erreichte eine Veröffentlichung in der amerikanischen Fachzeitschrift *PNAS* großes Aufsehen, deren Ergebnis deshalb sofort einer breiten Leserschaft zugänglich gemacht wurde. Itai ROFFMAN und Forscherkollegen hatten Experimente mit Schimpansen durchgeführt und kamen zu dem Schluss, dass Schimpansen in Bezug auf Werkzeugnutzung und Werkzeugherstellung *menschenähnliche* Fähigkeiten besäßen.¹ Diese starke Behauptung wird nach einer kurzen Beschreibung der Versuche eingehend analysiert.

Steinsplitter produzierende Zwergschimpansen

In den 1990er Jahren hat man begonnen, den Zwergschimpansen (*Pan paniscus*) Kanzi

(männlich) zu lehren, Feuersteinsplitter herzustellen, um diese als Werkzeuge einzusetzen. Er durchschnitt damit Leder, das eine Trommel verschloss, oder durchtrennte Seile, die eine Box verschnürten. In beiden Behältnissen wurde Nahrung bereitgestellt. Kanzi konnte die Absplitterung von Steinen beobachten und anschließend wurde er mit unbearbeiteten Steinen versorgt, damit er diese selber absplitterte. Später lernte auch seine Halbschwester Pan-Banisha Steinsplitter abzuschlagen (SCHICK et al. 1999, TOTH et al. 2009). Diese Studien wurden nun erweitert.

Wiederum waren beide Bonobos mit der Herausforderung der Nahrungsgewinnung – diesmal unter natürlichen Bedingungen – konfrontiert. Dazu wurde Nahrung unter Steinen, in losem Sand und in festem Lehmboden vergraben. Außerdem wurde Nahrung in das Innere eines hohlen Baumstammes gesteckt und dieser anschließend versiegelt (ROFFMAN et al. 2012).

Alle Steinwerkzeuge haben Kanzi und Pan-Banisha durch direkte Hammerperkussion hergestellt. Dabei wird der Kern in der linken Hand und der Hammerstein in der rechten Hand gehalten (Abb. 1). Diese Technik war in der frühen Steinzeit vorherrschend. Dies hat man durch nachvollziehende Experimente und detaillierte Technikanalysen der prähistorischen Artefakte nachgewiesen (SCHICK et al. 1999).

Kanzi stellte zwei Arten von Feuersteinartefakten her: dicke Abschläge mit Rinde (Cortex)

Kompakt

In Gefangenschaft lebende Zwergschimpansen lernen durch Abschauen vom Menschen mit der Hammerperkussion Splitter von Steinen abzuspalten. Dabei schlagen sie mit einem in der rechten Hand gehaltenen Hammerstein auf einen in der linken Hand gehaltenen Kernstein. Die Schimpansen hacken, graben, schaben, schneiden und bohren mit den Splintern, um an Nahrung zu gelangen, die in Baumstämmen gesteckt und versiegelt oder vergraben wurde.

Die einfache Abschlagtechnik der Zwergschimpansen unterscheidet sich deutlich von der komplexen Abschlagtechnik der frühesten Steinwerkzeughersteller: Die Abschlagbewegungen sind nicht kontrolliert, die Hammersteine zeigen Hinweise auf viele Fehlschläge, die Kerne sind wenig abgebaut und die erzeugten Splitter werden nicht bearbeitet. Die Gründe dürften kognitiver und biomechanischer Natur sein.

Im Tierreich ist der Gebrauch von Steinen als Werkzeuge ein bekanntes Phänomen. Es wurde aber noch nie ein Schimpanse oder ein anderes Tier in freier Wildbahn bei der absichtlichen Steinsplitterung beobachtet.

Die Hersteller der frühesten Hinterlassenschaften der Oldowan-Kultur in Afrika sind eher echte Menschen als „Vormenschen“ gewesen, auch wenn keine sicheren Knochenüberreste von ihnen bisher in Fundplatznähe entdeckt worden sind.

¹ „... present-day *Pan* exhibit *Homo*-like technological competencies.“

auf der Außenseite, die von der Kernoberfläche stammen (Abb. 2), und kleine Abschlüge mit scharfen Kanten von tieferen Abschnitten des Kerns (Abb. 3). Pan-Banisha produzierte Splitter verschiedener Größe, aber keine dicken kortikalen Abschlüge. Die Variation der produzierten Feuersteinsplitter war größer als bei vorherigen Experimenten.

Zum Graben benutzten beide Bonobos nicht beschlagene Feuersteingerölle und Splitter. Während Pan-Banisha Splitter unabhängig von ihrer Größe verwendete, benutzte Kanzi für diese Aufgabe jedoch nur dicke ovale Splitter.

Völlig verschieden war das Herangehen beider Zwergschimpansen beim Versuch, an die Nahrung in dem präparierten Baumstamm zu gelangen. Während Pan-Banisha den Baumstamm lediglich auf den Boden warf, rückte Kanzi ihm mit schweren und leichten Feuersteinstücken zu Leibe. ROFFMAN et al. (2012) unterscheiden zwei Hauptkategorien von Oldowan-Werkzeugtypen („heavy-duty“ und „light-duty“) und suggerieren damit eine nicht vorhandene Ähnlichkeit mit echten Oldowan-Werkzeugen, wie weiter unten noch ausgeführt wird. Dicke kortikale Abschlüge verwendete Kanzi als Äxte und Keile, kleine Splitter als Bohrer oder Schaber und zum Schneiden. Kanzis Werkzeugverhalten war also viel differenzierter als das von Pan-Banisha. Die als Äxte oder Keile benutzten dicken kortikalen Abschlüge hinterließen Abnutzungsmuster entlang der zugeklebten Spalten auf den Baumstämmen.

Kanzi war viel erfolgreicher in der Beschaffung des Futters aus dem Baumstamm. Während er in allen 24 Versuchen an die Nahrung gelangte, schaffte dies Pan-Banisha dagegen nur in zwei Fällen.

In Gefangenschaft lebende Zwergschimpansen lernen Steinsplitter herzustellen und als Werkzeuge einzusetzen, um an Nahrung zu gelangen.

ROFFMAN et al. (2012) schließen von diesen Untersuchungsergebnissen auf technische Fähigkeiten in der Werkzeugnutzung und Werkzeugherstellung des Schimpansen, die denen des Menschen vergleichbar sind. Ist dieser Schluss gerechtfertigt?

Um diese Frage zu beantworten, wird im folgenden Abschnitt auf die Herstellung von Abschlügen von Kernen in der frühesten Steinzeit eingegangen. Beim Vergleich zwischen den



Abb. 1 Der Zwergschimpanse Kanzi bei der Herstellung von Steinsplittern mit der Hammerperkussion.

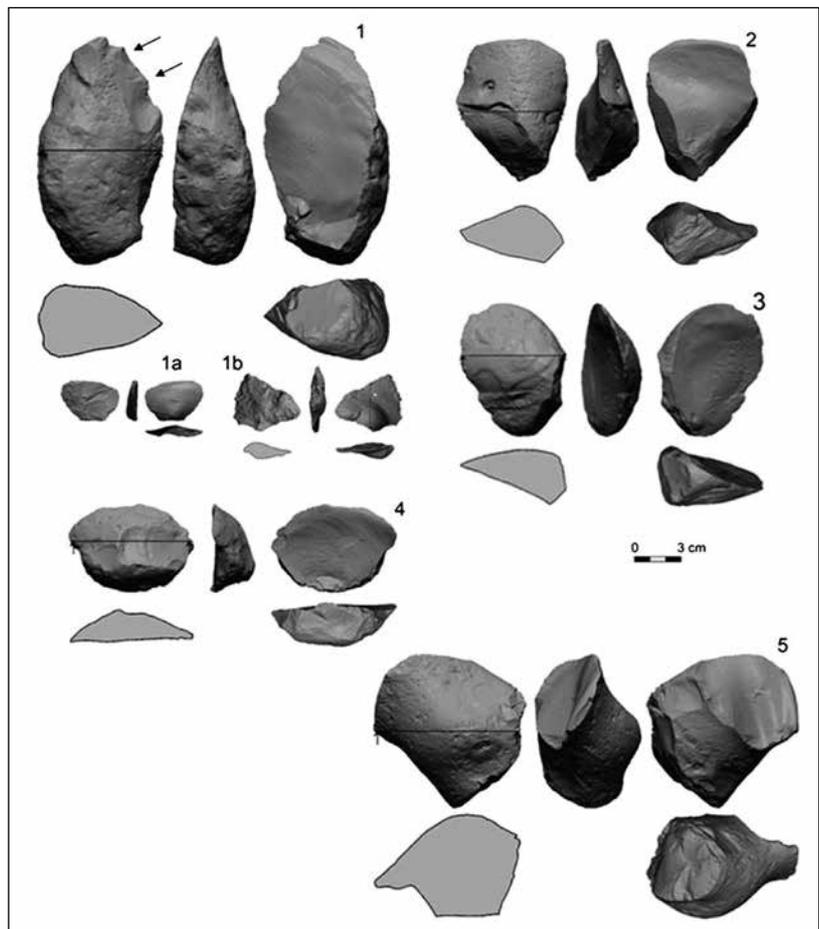


Abb. 2 (1-5) Die dicken kortikalen Splitter schlug Kanzi von den Rändern der Kerne ab. Die dicke proximale Hälfte von 1 wurde benutzt, um kraftvoll auf den Baumstamm zu hämmern. Dann wurde die rechte distale scharfe Kante als Axt benutzt; mit ihr wurde auf den Stamm wiederholt senkrecht geschlagen. Bei diesem Vorgang löste sich der Splitter 1a und 1b (unterer und oberer Pfeil). Am kortikalen Splitter entstand dadurch eine gezähnte Kante. 1, 2 und 3 wurden als Handäxte benutzt. 4 wurde als Grabwerkzeug benutzt. (Aus ROFFMAN et al. 2012)

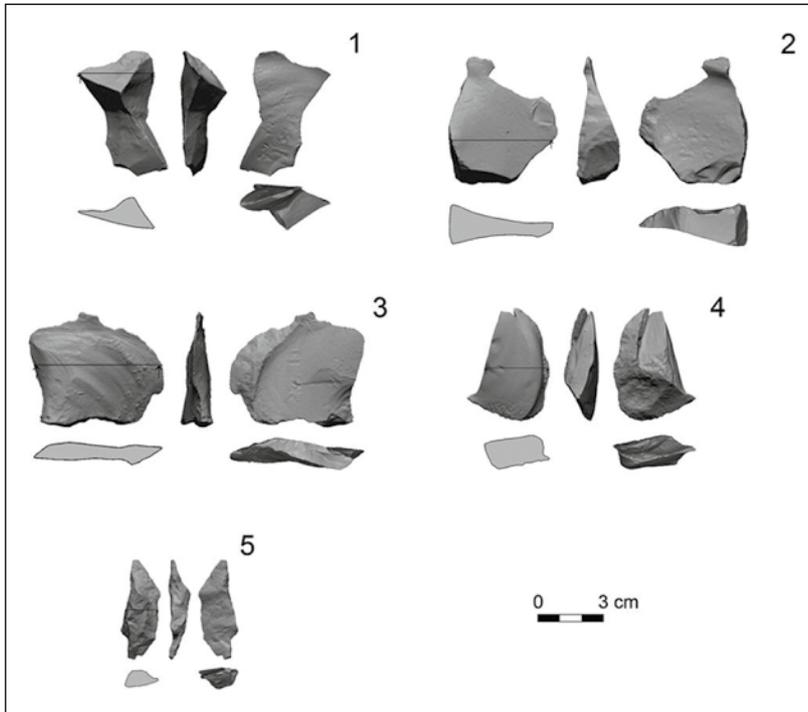


Abb. 3 (1-5) Kleine Splitter mit scharfen Kanten, die Kanzi hergestellt und auf dem Baumstamm als Schlitzer benutzt hat. Mit 1-4 wurden bohrerähnliche Bewegungen durchgeführt. 5 wurde zum Schaben benutzt. (Aus ROFFMAN et al. 2012)

Produkten der Zwergschimpansen und denen der frühesten Steinwerkzeughersteller ist mitzudenken, dass die Untersuchungsergebnisse der Schimpansen nur auf zwei in langjähriger Gefangenschaft lebenden Individuen basieren und dass deren erlernte Fähigkeiten sich deutlich unterscheiden.

Bemerkenswert komplexe Abschlagstechnik schon in der frühen Steinzeit

Die ältesten bekannten Steinwerkzeuge mit typischen Merkmalen anerkannter paläolithischer Artefakte stammen aus Ablagerungen des oberen Paläozäns Frankreichs. Sie werden auf 56–59 Millionen Jahre radiometrisch datiert (Abb. 4). Diese Werkzeuge werden als Artefakte des Menschen abgelehnt, weil sie nicht in die Rahmenvorstellungen evolutionärer Abstammungstheorien des Menschen integrierbar sind (ausführliche Diskussion bei BRANDT 2011a).

Die heute allgemein anerkannten ältesten Steinwerkzeugfunde stammen aus Gona in Äthiopien und werden auf 2,5–2,6 Millionen Jahre radiometrisch datiert (SEMAW 2000, SEMAW et al. 2003). Diese Artefakte widersprechen nicht den heute diskutierten Evolutionsszenarien; allerdings sind die Hersteller der Werkzeuge nicht sicher bestimmbar.

Die ältesten weltweit verbreiteten Steinwerkzeuge werden der Oldowan-Kultur zugeordnet. Sie wird nach der Technologie auch Mode 1 genannt. Diese Kultur wird häufig als technologisch einfach angesehen. So beschrieb KIBUNJIA (1994) Steinwerkzeuge aus Lokalalei nahe dem Westufer des Turkana-sees in Kenia als sehr pri-

Abb. 4 Paläozäne Artefakte aus Nordfrankreich im Vergleich mit anerkannten Werkzeugen aus dem Pleistozän. Werkzeuge aus Schichten des Oberen Paläozäns: (1), (3), (5), (7) aus Belle-Assise (aus BREUIL 1910), (9) aus Ercheu, (11) aus Lihus (aus COMMONT 1909). Anerkannte pleistozäne Artefakte aus Deutschland: (2) Chopperartiges Gerät, (4) schräger Schaber von Borgholzhausen-Cleve, (12) Kratzer aus Rindenabschlag aus Stukenbrock-W (aus ADRIAN 1982), (6) Feinbohrer, (8) kernartig zugerichtetes Gerät (aus MANIA 1997) (1-2 1/2 Originalgröße, 3-12 3/4 Originalgröße). (10) Pleistozäner Kern aus Wimereux, Pas-de-Calais, Frankreich (1/3 Originalgröße).



mitiv. Nur wenige Jahre später wurden jedoch Steinwerkzeuge aus einer anderen Grabungsstelle (Lokalalei 2C) des gleichen Fundgebietes mit einem völlig anderen Untersuchungsergebnis in Bezug auf ihren Komplexitätsgrad publiziert. Das Alter der Werkzeuge wird mit 2,34 Millionen radiometrischen Jahren angegeben. Die Artefakte gehören damit zu den ältesten allgemein anerkannten Steinwerkzeugen überhaupt (ROCHE et al. 1999, DELAGNES & ROCHE 2005).

Der sehr gute Erhaltungszustand des Fundplatzes Lokalalei 2C erlaubte es, abgeschlagene Splitter teilweise und auch nahezu vollständig wieder zu den ursprünglichen Rohlingen (Kernen) zusammensetzen (Abb. 5). Auf diese Weise konnten die Steinabbaufolgen rekonstruiert werden (Abb. 6).

Die Splitterherstellung erfolgte nach ausgeklügelten technischen Regeln. Die Abschlagsbewegungen waren hochgradig kontrolliert. Von den Kernen wurden in der Regel viele Splitter abgeschlagen. Die Werkzeughersteller hatten Erfahrungen mit der Qualität des Ausgangsmaterials und dessen Spalt- und Brucheigenschaften. Einfache Abschlüge wurden aus schlechtem Rohmaterial, besseres Abschlagsmaterial dagegen aus qualitativ gutem Stein gewonnen (Kasten).

Das gemeinsame Merkmal der Oldowan-Industrie ist die Herstellung von Splintern mit kontrollierter Abschlagstechnik, um scharfe Kanten zu erzeugen. Die Oldowan-Kultur weist einerseits eine Variationsbreite in der technischen Ausführung auf – von einfach bis komplex, andererseits bleibt die Variationsbreite aber zwischen 2,6 bis 1,6 Millionen Isotopenjahren unverändert (STOUT et al. 2010)¹. Die Oldowan-Kultur persistiert also in einem *anthropologisch* unermesslich langen Zeitraum (siehe BRANDT 2011b).

Wer waren die frühesten Steinwerkzeughersteller?

Potentiell werden großaffenähnliche „Vormenschen“ aus dem australomorphen Formenkreis, deren versteinerte Überreste aus gleichalten Schichten wie die Oldowan-Werkzeuge geborgen wurden, als Werkzeughersteller diskutiert. Ein Vertreter ist *Australopithecus garhi*, der nur 60 km entfernt von Gona, dem frühesten allgemein anerkannten Steinwerkzeugfundplatz, in ähnlich alten Schichten gefunden wurde. Diese Art tritt etwa zeitgleich mit *Australopithecus aethiopicus* in Ostafrika und *Australopithecus africanus* in Südafrika auf. Weitere mit der Oldowan-Kultur nachweisbare „Vormenschen“-Taxa sind *Australopithecus habilis*, *Kenyanthropus rudolfensis*, *Paranthropus robustus* und *Paranthropus boisei* zwischen

¹ Die frühesten Faustkeile, die Markenzeichen der Acheuléen-Kultur sind, sind in Afrika vor 1,76 Millionen radiometrischen Jahren nachgewiesen (LEPRE et al. 2011).

Technologische Merkmale des Schlagplatzes Lokalalei 2C in Kenia

1. Technisch ausgeklügelte Abschlageregeln

Es wurden Steine mit geeigneten Schlagwinkeln (unter 90 Grad) ausgewählt und nur die großen flachen Flächen als Abschlagflächen genutzt. Die aufeinander folgenden und in verschiedene Richtungen ausgeführten Serien von invasiven subparallelen Abschlügen wurden so ausgeführt, dass immer flache Flächen auf dem Kern erhalten blieben.

2. Viele Abschlüge im Verhältnis zur Zahl der Kerne

Im Durchschnitt wurden 18 Splitter von einem Kern abgeschlagen mit einem Minimum von 9 Abschlügen für die 13 bedeutendsten zusammengesetzten Gruppen. Von einem Kern wurden wenigstens 51 Splitter abgeschlagen. In einigen Fällen waren verschiedene Kerne (zwei oder drei) von einem Geröll abgebaut. In einem Fall war ein Geröll in verschiedene große Fragmente zerbrochen und erbrachte insgesamt über 73 Splitter.

3. Hochgradig kontrollierte Abschlagbewegungen

Hammersteine und Kerne weisen auf hochgradig kontrollierte Abschlagbewegungen hin. An den Hammersteinen sind

umschriebene Schlagzonen und eine hohe Dichte an Schlagnarben nachweisbar. Sie weisen auf wiederholte gleiche motorische Bewegungen hin. Die Kerne zeigen Schlagschäden von Fehlschlägen, wie es bei Ungeschicklichkeit des Steinschlägers zu erwarten wäre. Auch die Begrenzung der Schläge auf die Kanten mit geeigneten Schlagwinkeln weist auf ein genaues Verständnis der Abschlagtechnik hin.

4. Transport und Verwendung des Rohmaterials weist auf Vorausschau und Planung

Kleine Gerölle wurden unverseht zum Fundplatz gebracht. Größere Gerölle wurden dagegen am Fundplatz gebrochen, bevor sie zum Schlagplatz transportiert wurden.

Einfache Abschlüge (*débitage*) wurden aus schlechtem Rohmaterial hergestellt, besser gearbeitetes Abschlagsmaterial dagegen aus qualitativ gutem Stein gewonnen. Die Werkzeughersteller von Lokalalei 2C haben die natürlichen Schlagplattformen der kantigen Steine zur Splitterherstellung genutzt, aber sie haben keine Schlagflächenpräparation durchgeführt, d.h. sie haben keine neuen Schlagplattformen geschaffen.

2,4 und 1 Millionen radiometrischen Jahren. Es gibt keinen allgemeinen Konsens darüber, welche „Vormenschen“ potentielle Werkzeughersteller waren.

Die Fähigkeit zur Werkzeugherstellung wird dem frühesten fossil nachgewiesenen echten Menschen aber unbestritten zuerkannt. Fossil sicher nachgewiesen ist er in Afrika erst ab 1,8 Millionen Isotopenjahren. Da in Eurasien bisher keine Knochenüberreste von australopithecinen Formen entdeckt wurden, kommt auf diesen Kontinenten nur der echte Mensch als Verursacher von Oldowan-Werkzeugen in Betracht. Könnte auch in Afrika der echte Mensch allei-



Abb. 5 Ein aus mehreren Steinabschlügen zusammengesetzter Rohling (Kern) vom Fundplatz Lokalalei 2C westlich des Turkana-Sees. Die von ROCHE und Kollegen wieder zusammengesetzten scharfkantigen Splitter benutzten die bisher nicht identifizierten Hersteller als Werkzeuge. (Aus STELLE 1999)

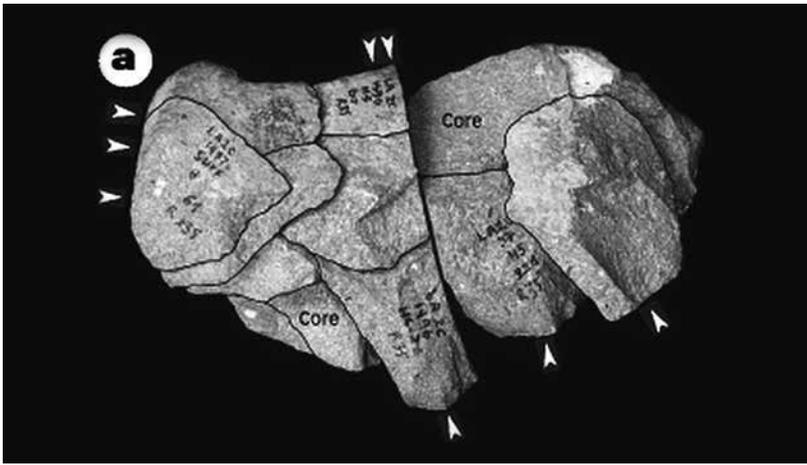


Abb. 6 Zusammengesetzter Rohling (Kern), der die komplexe Schlagtechnik am Fundort Lokalalei 2C in Kenia zeigt. Unidirektionale (eine Richtung) oder multidirektionale (mehrere Richtungen) abgeschlagene Splitter wurden von einer einzigen Schlagoberfläche entfernt. Dabei wurden natürliche oder präparierte, d.h. vom Steinschläger künstlich geschaffene Schlagplattformen genutzt. Auf diese Art und Weise wurde eine optimale Anzahl an Splittern hergestellt. (Aus ROCHE et al. 1999)

niger Hersteller der frühesten Steinwerkzeuge gewesen sein? Diese Frage drängt sich auf, da einerseits die Oldowan-Kultur weltweit ähnlich ist, andererseits aber eine deutliche morphologisch-funktionelle Kluft zwischen den frühesten echten Menschen und den „Vormenschen“ besteht. Dass so verschiedenartige Wesen über die gleiche Kultur verfügt hätten, wäre erstaunlich. *Homo erectus* (oder ein anderer fossil bisher nicht entdeckter echter Mensch) könnte deshalb der alleinige Schöpfer der Oldowan-Kultur auch in Afrika gewesen sein. Diese Möglichkeit wird durch die Tatsache gestützt, dass auf unserer Erde zu bestimmten Zeiten, manchmal über lange Zeiträume, Lebewesen ohne fossile Überlieferung existiert haben. Dieser Befund wird in der Paläontologie häufiger erhoben (siehe dazu ausführlich STEPHAN 2002). Aus diesem Grunde ist das Fehlen von Fossilien echter Menschen in der Nähe der Werkzeugfundstellen kein sehr starkes Argument dagegen, dass Menschen auch die ältesten Oldowan-Werkzeuge hergestellt haben können.

Besitzen Bonobos menschenähnliche Fertigkeiten in der Herstellung von Steinwerkzeugen wie ROFFMAN et al. (2012) behaupten? Sind die Produkte der in Gefangenschaft gehaltenen Zwergschimpansen mit denen aus der frühesten Steinzeit vergleichbar? Im Folgenden soll diesen Fragen nachgegangen werden.

Steinwerkzeuge von Zwergschimpansen und aus der frühen Altsteinzeit im Vergleich

Nicholas TOTH und Kathy SCHICK (2009) haben die frühesten Steinwerkzeuge Afrikas vom Fundort Gona (Oldowan) mit den Steinwerkzeugprodukten (Kerne, Splitter) der beiden Zwergschimpansen Kanzi und Pan-Banisha verglichen. Kanzi hatte diese zunächst überwiegend mit einer eigenständig entwickelten Wurftechnik erzeugt, d. h. er warf einen Stein gegen einen anderen Stein oder auf einen harten Untergrund

(SCHICK et al. 1999). Später stellten Kanzi und Pan-Banisha Splitter mit der Harthammerperkussion her. Die Artefakte der Zwergschimpansen unterscheiden sich wesentlich von denen der frühesten Steinwerkzeughersteller.

Die Bonobos bauen die Kerne weniger stark ab als die Hersteller der Oldowan-Werkzeuge. Auf den Kernen sind deshalb deutlich weniger Splitternarben nachweisbar. Ein Großteil der Hammersteine ist durch Fehlschläge an den Kanten angeschlagen. Bei den Oldowan-Hammersteinen ist dies weit weniger der Fall. Die Kerne und die Abschläge zeigen, dass die Abschlagsgeschwindigkeit nicht hoch war und die Schläge weniger kontrolliert ausgeführt worden sind als in der Oldowan-Werkzeugkultur.

ROFFMAN et al. (2012) beschreiben die von den Bonobos mit der Harthammerperkussion produzierten Splitter nicht näher, d. h. sie gehen nicht auf das Vorhandensein oder Fehlen von menschlichen Abschlagmerkmalen ein (z. B. Schlagbulbus, Schlagnarbe usw.). Allerdings beschreiben SCHICK et al. (1999) an den durch Werfen erzeugten Splittern von Kanzi Merkmale, die auch an den durch Hammerperkussion hergestellten Abschlägen des Menschen nachweisbar sind: dicke Schlagplattform, prominenter Perkussionsbulbus sowie stumpfe innere und spitze äußere Plattformwinkel.

Die einfache Art der Splitterherstellung von Schimpansen unterscheidet sich deutlich von der komplexen Abschlagtechnik der frühen Steinwerkzeughersteller.

Die Untersuchungen von SCHICK et al. (1999) und ROFFMAN et al. (2012) zeigen, dass Bonobos zwar Splitter herstellen können, die sie zum Schaben, Schneiden, Hacken, Graben und Bohren verwenden, sie bearbeiten diese und andere Steinbruchstücke aber nicht an den Kanten wie es schon die frühesten Steinwerkzeughersteller taten. Kanzi versuchte es trotz eingehender Anleitung nicht: In einer Sitzung wurde ihm eine Anzahl großer Splitter mit sehr guten Schneidekanten gezeigt. Der Experimentator machte die scharfen Kanten stumpf und gab die Splitter dem Zwergschimpansen. Kanzi machte keine Anstalten, die stumpfen Kanten mit Hilfe eines Hammersteines zu modifizieren. Er versuchte aber mit ihnen zu schneiden, natürlich ohne Erfolg (SCHICK et al. 1999).

Nicholas TOTH und Kathy SCHICK (2009) resümieren: Bonobos lernen in Gefangenschaft die Herstellung von Steinwerkzeugen, aber sie erzeugen keine Artefakte, die denen der frühes-

ten Steinwerkzeughersteller vergleichbar sind. Die Gründe dürften kognitiver und biomechanischer Natur sein.

Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

Steinwerkzeuggebrauch ist bei verschiedenen Tierarten bekannt. Beispielsweise benutzen Geier der Gattung *Neophron* (Schmutzgeier) Gerölle, um Eier aufzuschlagen, Seriema-Vögel der Gattung *Cariama* töten Beute, in dem sie mit Steinen auf sie schlagen und *Cebus*-Kapuzineraffen benutzen Steine als Hammer, um damit Nüsse auf flachen Ambosssteinen aufzuschlagen. Schimpansen zeigen jedoch das am höchsten entwickelte Verhalten im Umgang mit Werkzeugen unter allen nichtmenschlichen Lebewesen. Es wurden aber noch nie Schimpansen (oder andere nichtmenschliche Primaten) *in der Wildnis* beobachtet, die absichtlich Steine splintern. Deshalb hinterlassen sie keine Steine, die der Oldowan-Kultur vergleichbar sind (TOTH & SCHICK 2009).

Jedoch hatten MERCADER et al. (2002) vermutet, dass an einer Lokalität in Westafrika, wo Nüsse von Schimpansen mit Hilfe von Steinen geknackt worden sind, die steinernen Hinterlassenschaften den Artefakten von frühen Oldowan-Fundplätzen ähnlich seien. Nach SCHICK & TOTH (2009) ist dieses Material jedoch den meisten Oldowan-Artefakten unähnlich und nicht das Ergebnis absichtlichen Perkussionsplittens, sondern nur ein Nebenprodukt des Nüsseknackens.

Die in Gefangenschaft lebenden Bonobos Kanzi und Pan-Banisha lernten die Herstellung von Steinsplintern mit der Hammerperkussion, die sie sich vom Menschen abschauten. Kanzi entwickelte außerdem eine eigene Splittertechnik, indem er einen Stein gegen einen anderen Stein oder einen festen Untergrund warf.

Die beiden Zwergschimpansen wählen unter den erzeugten Splintern geeignete Stücke aus, mit denen sie hacken, graben, bohren, schaben und schneiden, um an Nahrung zu gelangen, die sich in präparierten Behältern befindet oder in der Erde vergraben ist. Sie legen dabei ein unterschiedlich differenziertes Verhalten an den Tag.

Gefangene Schimpansen verfügen über weit geringere Fähigkeiten Steinwerkzeuge zu produzieren als die frühen Steinwerkzeughersteller der Oldowan-Kultur.

Die Fähigkeit der Steinsplitterung ist bei gefangenen Zwergschimpansen weit geringer entwickelt als bei den frühesten Steinwerkzeugherstellern der Oldowan-Kultur. Bonobos

beherrschen nicht die Technik des kontrollierten Abschlages mit hoher Geschwindigkeit. An den Hammersteinen sind viele Fehlschläge nachweisbar und die Kerne sind nur gering abgebaut. Im Gegensatz zu den Oldowan-Werkzeugherstellern lernen es Zwergschimpansen nicht, Steinkanten zu bearbeiten.

Die Hersteller der frühesten Steinwerkzeuge in Afrika sind eher echte Menschen als „Vormenschen“ gewesen, auch wenn bisher keine sicheren Knochenüberreste von ihnen in Fundplatznähe entdeckt worden sind.

Literatur

- ADRIAN W (1982) Die Altsteinzeit in Ostwestfalen und Lippe. Köln, Wien.
- BRANDT M (2011a) Vergessene Archäologie. Steinwerkzeuge fast so alt wie Dinosaurier. Holzgerlingen.
- BRANDT M (2011b) Wie alt ist die Menschheit? Demographie und Steinwerkzeuge mit überraschenden Befunden. 4. Aufl. Holzgerlingen.
- BREUIL H (1910) Sur la présence d'éolithes à la base de l'Éocène Parisien. *L'anthropologie* 21, 385–408.
- COMMONT V (1909) A propos d'éolithes. Silex présentant les apparences de la taille intentionnelle à la base de l'éocène. *Annales de la société géologique du Nord* 38, 462–480.
- DELAGNES A & ROCHE H (2005) Late Pliocene hominid knapping skills: The case of Lokalalei 2C, West Turkana, Kenya. *J. Hum. Evol.* 48, 435–472.
- KIBUNJIA M (1994) Pliocene archaeological occurrences in the Lake Turkana basin. *J. Hum. Evol.* 27, 159–171
- LEPRE CJ, ROCHE H et al. (2011) An earlier origin for the Acheulian. *Nature* 477, 82–85.
- MANIA D (1997) Altpaläolithikum und frühes Mittelpaläolithikum im Elbe-Saale-Gebiet. In: FIEDLER L (Hg) Archäologie der ältesten Kultur in Deutschland. Wiesbaden, S. 86–194.
- MERCADER J, PANGER M & BOESCH C (2002) Excavation of a Chimpanzee Stone Tool Site in the African Rainforest. *Science* 24, 1452–1455.
- ROCHE H, DELAGNES A, BRUGAL J.-P., FEIBEL C, KIBUNJIA M, MOURRE V & TEXITER P.-J (1999) Early hominid stone tool production and technical skill 2.34 Myr ago in West Turkana, Kenya. *Nature* 399, 57–60.
- ROFFMAN I, SAVAGE-RUMBAUGH S, RUBERT-PUGH E, RONEN A & EVIATAR NEVO E (2012) Stone tool production and utilization by bonobo-chimpanzees (*Pan paniscus*). *Proc. Natl. Acad. Sci.* 109, 14500–14503.
- SCHICK KD, TOTH N, GARUFI G, SAVAGE-RUMBAUGH ES, RUMBAUGH D, SEVCIK R (1999) Continuing Investigations into the Stone Tool-making and Tool-using Capabilities of a Bonobo (*Pan paniscus*). *J. Archaeol. Sci.* 26, 821–832.
- SEMAW S (2000) The world's oldest stone artefacts from Gona, Ethiopia: Their implications for understanding stone technology and patterns of human evolution between 2.6–1.5 million years ago. *J. Archaeol. Sci.* 27, 1197–1214.
- SEMAW S, ROGERS MJ et al. (2003) 2.6-Million-year-old stone tools and associated bones from OGS-6 and OGS-7, Gona, Afar, Ethiopia. *J. Hum. Evol.* 45, 169–177.
- STEELE J (1999) Stone legacy of skilled hands. *Nature* 399, 24–26.
- STEPHAN M (2002) Der Mensch und die geologische Zeittafel. Warum kommen Menschenfossilien nur in den obersten geologischen Schichten vor? Holzgerlingen.
- STOUT D, SEMAW S, ROGERS MJ & CAUCHE D (2010) Technological variation in the earliest Oldowan from Gona, Afar, Ethiopia. *J. Hum. Evol.* 58, 474–491.
- TOTH N & SCHICK K (2009) The Oldowan: The tool making of early hominins and chimpanzees compared. *Annu. Rev. Anthropol.* 38, 289–305.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Michael Brandt, Zittauer Str. 22, 01099 Dresden, email: michael-brandt@t-online.de



Der Mensch und sein Genom

I. Welche Merkmale sind spezifisch für Menschen?

Moderne Sequenzierungsmethoden eröffnen den Zugang zu Informationen über das komplette Erbgut (Genom) von Organismen. Vergleiche zwischen dem Genom des Menschen und dem Genom anderer Organismen, vor allem von Menschenaffen werden häufig herangezogen, um bereits etablierte Vorstellungen bezüglich deren Evolution zu untermauern. Ein Überblick über die bisher bekannten Daten aus der Erforschung des Humangenoms offenbart viele Merkmale, die spezifisch für Menschen sind.

Harald Binder

Mit diesem Artikel wird eine Serie von Beiträgen eröffnet, die den aktuellen Stand der Erforschung des menschlichen Genoms* in unterschiedlichen Aspekten darstellen. Wir starten mit einer Zusammenfassung der charakteristischen Besonderheiten des menschlichen Genoms. Dabei wird auch die Abgrenzung zum Genom anderer Primaten angesprochen; das Thema Genomvergleich zwischen Menschen und den großen Menschenaffen wird jedoch in einem

gesonderten Beitrag eigens vorgestellt. Weitere Beiträge werden sich mit genetischen Phänomenen befassen, die üblicherweise mit evolutionären Vorgängen in Verbindung gebracht werden. Eines der vielen Projekte zur Entschlüsselung des gesamten menschlichen Erbguts ist die Suche nach Hinweisen für Funktionen in der gesamten DNA. Dazu wurden, bei aller Vorläufigkeit, erstaunliche Resultate veröffentlicht; auch darüber wird in folgenden Beiträgen berichtet.

Vom ersten DNA-Modell zur Genomforschung

WATSON und CRICK vereinigten 1953 die damals bekannten physikalisch-chemischen Daten zur stofflichen Grundlage der Erbinformation im berühmt gewordenen Modell der DNA-Doppelhelix (Abb. 1). Die Vorstellung der spezifischen komplementären Basenpaarung löste unmittelbar Ideen zu molekularen Mechanismen der Vererbungsvorgänge aus.

Die Einsicht, dass Nukleinsäuren als materielle Grundlage der genetischen Information in allen Lebewesen vorkommen, motivierte intensive Bemühungen, deren Strukturen aufzuklären und die Vorgänge zu verstehen, durch die die abgespeicherte Information genutzt wird. Das Erbgut des Menschen stand schon bald aus naheliegenden Gründen im Fokus des Interesses.

Das Projekt zur systematischen Erforschung des *gesamten* menschlichen Erbguts (= Genom) wurde 1990 unter maßgeblicher Beteiligung von James WATSON¹ in internationaler Kooperation begonnen. Als Strategie war bereits zu Beginn festgelegt worden, dass zunächst der Schwerpunkt auf die Entwicklung schnellerer und effektiverer Methoden zur Sequenzierung der DNA gelegt wird. Im Jahr 2001 wurde die DNA-Sequenz des Menschen in einer ersten Rohfassung durch das internationale *Human Genome Project* und durch die dazu in Konkurrenz arbeitende Gruppe um Craig VENTER (2001) veröffentlicht. Das Projektziel wurde mit der 2004 erschienenen Veröffentlichung – gemäß den für das Projekt formulierten Maßstäben – erreicht und seit dieser Zeit liegt offiziell das vollständig „entschlüsselte“ Erbgut des Menschen vor.²

Zur Untersuchung umfangreicherer DNA-Sequenzen stehen heute sehr leistungsfähige Technologien zur Verfügung. Diese ermöglichen die Entschlüsselung der Genome von verschiedenen Lebewesen und deren Unterschiede zwischen Individuen einer Gruppe. In der vergleichenden Genomik versucht man durch die Erforschung der Unterschiede im Erbgut verschiedener Arten Erkenntnisse auch über deren vermutete Evolution zu gewinnen.

Nachdem das Genom des Menschen als Rohentwurf 2001 veröffentlicht worden war, mündeten die weiteren Erkenntnisse in die annähernd vollständige Beschreibung des Euchromatins* des Menschen (2004). Unter dem Euchromatin versteht man den größeren Teil des Erbguts, der sich in vergleichsweise aufgelockerter Form im Zellkern befindet und dort für zelluläre Vorgänge zur Verfügung steht. Das bedeutet, dass sich andere Moleküle an die DNA anlagern können, die als Translationsfaktoren bezeichnet werden. Diese Anlagerung stellt

Kompakt

Komplexe Organismen sind aus Zellen aufgebaut, die in unterschiedlichster Weise differenziert sind. Nach wenigen Zellteilungen in der frühen Embryogenese unterscheiden sich die einzelnen Zellen und entwickeln sich im weiteren Verlauf zu unterschiedlichen Gewebetypen. Bei allen Unterschieden weisen die Zellen aber auch für alle Zellen typische Strukturen und biochemische Prozesse auf. Daher benötigen Zellen auch hinsichtlich ihrer genetischen Ausstattung Erbinformationen, die man praktisch in allen biologischen Zellen erwarten würde, damit sie funktionieren können. Es ist daher nahe liegend, dass es auch bei ganz unterschiedlichen Lebewesen einen Anteil an genetischer Information gibt, der dafür notwendig ist, dass in den Zellen die grundlegenden biochemischen Prozesse ablaufen können und daher sehr große Ähnlichkeit aufweist. Worin unterscheidet sich aber das Erbgut unterschiedlicher Lebewesen und gibt es im Genom* des Menschen Bereiche, die spezifisch für ihn sind? In diesem Beitrag wird dargestellt, was in der Genomforschung bisher dazu gefunden worden ist und es werden auch die Herausforderungen dieser Untersuchungen aufgezeigt. Der enormen Menge an Genomdaten steht bisher ein sehr lückenhaftes Verständnis der Bedeutung einzelner Abschnitte des Erbguts für den jeweiligen Organismus gegenüber. Dieser Mangel begrenzt derzeit die Aussagekraft von Genomvergleichen. Die Forschung hat vor allem unter humanmedizinischen Gesichtspunkten bisher eine Menge genetischer Besonderheiten zutage gefördert, die spezifisch für Menschen sind. Ein spannender Aspekt der vergleichenden Genomforschung ist, ob ein tieferes Verständnis von Genomen verschiedener Organismen deren jeweilige Besonderheit vergrößert oder eher die Vorstellung von deren gemeinsamer Abstammung stützt. Bisherige Erfahrungen enthalten jedenfalls auch Hinweise darauf, dass bestimmte Erwartungshaltungen die Interpretation von Genomdaten, wie z. B. im Zusammenhang mit „junk-DNA“, erschweren kann.

einen der ersten Schritte dar, der dazu führt, dass auf DNA codierte Information in RNA umgeschrieben und damit in der Zelle genutzt werden kann (z. B. im Stoffwechsel). Dagegen findet man das Heterochromatin dicht gepackt vor, mit nur schwer zugänglicher DNA, hauptsächlich an der Membraninnenseite des Zellkerns konzentriert. Über diesen Teil des Genoms ist bisher vergleichsweise wenig bekannt.

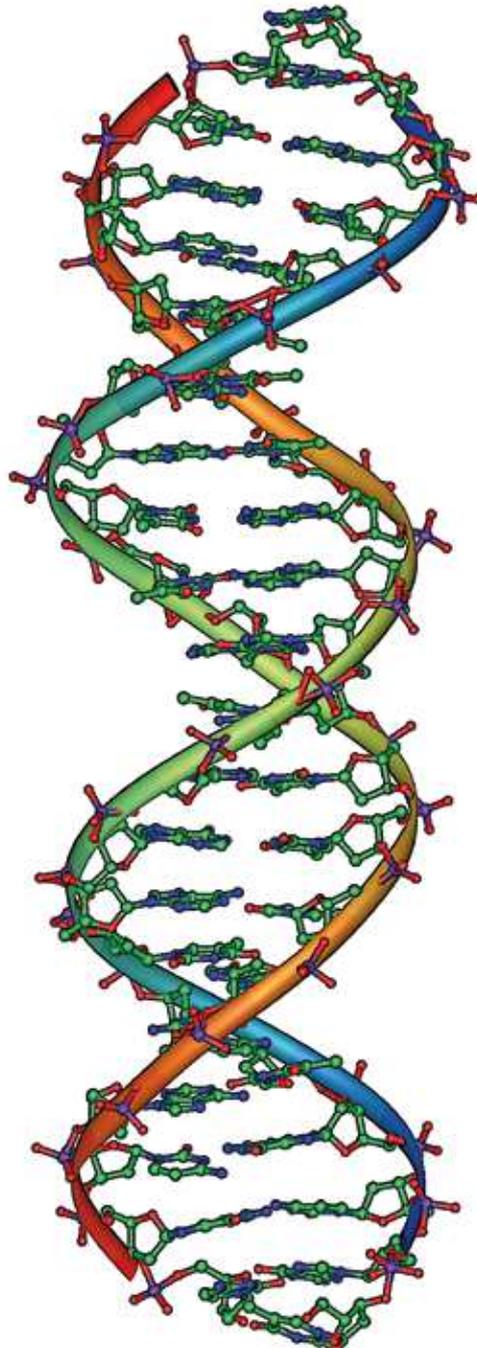
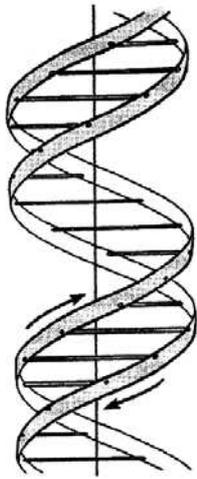
Die Sequenzierung der menschlichen DNA eröffnete für die medizinische Forschung die Möglichkeit, genetische Faktoren zu finden, die im Zusammenhang mit Krankheiten stehen. Weiter erhoffen sich viele Forscher aus den genetischen Daten von Menschen und anderen Lebewesen Hinweise darüber, welche genetischen Bereiche ursächlich für typisch menschliche Eigenschaften sind.

Bedeutende Fragen stellen sich auch nach dem Zusammenhang zwischen der Struktur des Erbguts, der DNA-Sequenz (also dem, was man auch als Genotyp bezeichnet) und dem Phänotyp, dem Erscheinungsbild bzw. der Gestalt eines Organismus.

Spezifische Merkmale des menschlichen Genoms

O'BLENESS et al. (2012) präsentieren in einem Überblicksartikel besondere Merkmale im menschlichen Genom, die spezifisch für Menschen sind, d. h. solche, die nur beim Menschen

Abb. 1 Rechts: Ein Modell der DNA-Doppelhelix (Wikimedia Commons); unten die historische Darstellung aus der Veröffentlichung von WATSON & CRICK (1953). Die Helix ist 2 nm breit und eine Umdrehung 3,4 nm lang. (1 nm = 1 Millionstel Millimeter)



vorkommen und nicht bei anderen heute lebenden Primaten zu finden sind. Eine der Herausforderungen für derartige Studien ist, dass praktisch alle Genome nach wie vor nur unvollständig bekannt sind und die vorliegenden Ergebnisse Fehler aufweisen. Fehler entstehen z. B. beim Zusammenfügen von Teilsequenzen zum Genom oder beim Sequenzieren. Es ist also möglich, dass es sich bei ermittelten Unterschieden um tatsächliche Abweichungen handelt oder aber um besagte Fehler.

Zunächst führen die Autoren die großräumigen Veränderungen in den Chromosomen an, die bereits in den 1970er Jahren beschrieben worden waren. Die Zahl der Chromosomen unterscheidet sich bei Mensch (23) und Primaten (24). Bei Affen treten zwei kleine Chromosomen auf, die als 2 a und b bezeichnet werden und die, so

vermutet man, zum menschlichen Chromosom 2 fusioniert sein sollen.³ Außerdem konnte man mit verschiedenen Färbetechniken Hinweise auf Unterschiede in der Struktur einzelner Chromosomen finden, denn je nach Packungsdichte und Unterschieden in der Sequenz lassen sich bestimmte Abschnitte der Chromosomen verschieden anfärben. Auch im Bereich der Telomere*, den Enden der Chromosomen, die für deren Stabilität von Bedeutung sind und bei der Replikation* (Genverdopplung bei der Zellteilung) eine wichtige Rolle spielen, sind für Menschen typische Änderungen bekannt. Mehr als 60 duplizierte Segmente, die eine Größe von mehr als 65 000 Basen (> 65 kb) aufweisen, sind im menschlichen Genom abweichend von Affen beschrieben.

Neben den genannten Besonderheiten des menschlichen Genoms gibt es weitere, die im Vergleich zu den vorgenannten als „kleinräumig“ aufgefasst werden. Darunter versteht man den Austausch einzelner Basenpaare (single nucleotide polymorphism, SNP), Einschübe (Insertionen) und Verluste (Deletionen, beides zusammengefasst als Indels bezeichnet) von unterschiedlich großen DNA-Stücken, sowie Unterschiede in der Anzahl von Kopien einzelner Gene im Genom.

Die Angabe zum 1,2 %-Unterschied lässt diejenigen Bereiche des Genoms außer Betracht, die gar nicht miteinander verglichen werden können.

Bezogen auf den Austausch einzelner Nucleotide im Genom wurde der Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse mit 1,2 % angegeben (The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium 2005). Diese Angabe lässt aber gerade diejenigen Bereiche des Genoms außer Betracht, die aufgrund von Indels und unterschiedlichen Kopienzahlen gar nicht miteinander verglichen werden können (das Ausrichten der Sequenzen für den Vergleich – das „alignment“ – ist aufgrund der genannten Besonderheiten problematisch). Bezieht man diese Unterschiede mit ein, so unterscheiden sich die Genome von Mensch und Schimpanse um mehr als 5 % (BRITTEN 2002; vgl. zur ca. 1 %-Angabe auch COHEN 2007)⁴.

In einer ersten Studie, in der das gesamte Genom des Menschen und das aller vier großen Menschenaffen einbezogen worden war, dokumentierten FORTMA et al. (2004) 140 Gene, die spezifisch für den Menschen sind. Diese fanden sich interessanterweise an besonderen Positionen im Genom konzentriert, in der Nähe der Centromere, der Telomere und in Bereichen mit vielen Genduplikationen.

DNA-Abschnitte, die sich selbstständig aus einem Bereich des Genoms ausschneiden und an anderen Stellen wieder einfügen können (so genannte springende Gene oder Transposons), stellen einen weiteren bedeutenden Teil der spezifisch menschlichen Merkmale im Genom dar (vgl. Abb. 2). Bei Transposons unterscheidet man zum einen solche aus DNA-Sequenzen und zum anderen sogenannte Retrotransposons*, bei denen RNA-Sequenzen in DNA rückübersetzt und dann ins Genom integriert wurden. Retrotransposons können weiter unterteilt werden und zwar in solche, die lange Endstücke mit vielen Wiederholungselementen (long terminal repeat; LTR) enthalten und diejenigen, die diese nicht aufweisen. In Genomen finden sich auch Retrotransposons mit LTR, die gleichzeitig typische Merkmale von Viren aufweisen. Diese als endogene Retroviren* bezeichneten DNA-Sequenzen finden sich in spezifischer Verteilung im Genom von Menschen und bei den großen Menschenaffen. Allerdings sind die Unterschiede zwischen den Arten im Bereich der sich wiederholenden DNA-Sequenzabschnitte aufgrund der Schwierigkeiten, gerade diese Abschnitte zuverlässig zu sequenzieren, schwer zu bestimmen und entsprechend mit Unsicherheit behaftet.

Unter den für Menschen typischen Retrotransposons, die bereits sequenziert werden konnten, findet sich eine Untergruppe, die als LINE 1-Hs bezeichnet wird. Sie zeichnet sich dadurch aus, dass sie die einzigen Transposons darstellen, für die bisher im menschlichen Genom Aktivität gezeigt werden konnte. Ca. 80-100 Kopien kommen im Genom vor. Es gibt Hinweise darauf, dass diese Gene eine bedeutende Rolle bei der Flexibilität von Nervensystemen (neuronale Plastizität) spielen. Diese Gene sind während der Bildung von Nerven hochaktiv und tragen zur genetischen Vielfalt bei Nervenzellen, und damit zu der für jeden Menschen einzigartigen „Verdrahtung“ des Gehirns bei.

Nach O'BLENESS et al. belegen bereits diese Befunde, dass die Genome von Mensch und großen Menschenaffen weit unterschiedlicher sind als bisher angenommen wurde. Weiter schreiben sie, dass es schwierig ist, den genauen Umfang des für Menschen spezifischen Anteils des Genoms derzeit zu bestimmen. Dafür sind, bei aller Verlässlichkeit der bisherigen Kenntnisse, noch zu viele Lücken in komplexen Bereichen des Genoms vorhanden (die Lückenhaftigkeit der Kenntnis der Genome anderer Primaten ist noch größer).

Die Anzahl der für Menschen spezifischen Unterschiede im Genom ist in den vergangenen Jahren stark angestiegen und die Autoren mutmaßen, dass in Zukunft noch viele weitere entdeckt werden.



Zusammenhang zwischen Genen und Merkmalen

Die Bemühungen, phänotypische Unterschiede, d. h. Unterschiede im körperlichen Erscheinungsbild eines jeden Menschen, mit den genetischen Unterschieden zwischen den Menschen zu verknüpfen, stecken noch in den Anfängen. Derzeit bezieht sich etwa die Hälfte der bekannten Zusammenhänge auf die Gehirnstruktur und unsere Wahrnehmung. Die Autoren äußern allerdings Zweifel daran, dass dieser Wert repräsentativ ist. Sie vermuten dahinter eine entsprechende Vorliebe in der Forschung. Weitere Zusammenhänge sind aus den Bereichen Krankheitsabwehr und Immunsystem bekannt, beim Stoffwechsel, bei physiologischen und anatomischen Unterschieden sowie bei der Reproduktion und Entbindung beim Menschen.

Einzelne Beispiele. Im Erbgut können auch DNA-Sequenzen, die nur für einen Teilbereich eines Proteins (sog. Domäne) codieren, unabhängig vom restlichen Gen vervielfältigt werden. Ein bemerkenswertes Beispiel ist das Gen für die Domäne DUF1220. Die Domäne zeigt die größte Zunahme der Kopienzahl im Vergleich zum Schimpansen-genom im Bereich der für Proteine codierenden DNA*. Im menschlichen Genom finden sich 272 Kopien des DUF1220-Gens, während sich im Schimpansen-genom nur 126 Kopien, also weniger als die Hälfte davon finden (bei Nagern, wie z. B. Maus und Ratte liegt nur eine einzige Kopie vor). Aus Untersuchungen von krankhaft veränderten Gehirnen (Mikro- und Makrozephalie) liegen Hinweise auf einen

Die Anzahl der für Menschen spezifischen Unterschiede im Genom ist in den vergangenen Jahren stark angestiegen.

Abb. 2 Springende Gene bzw. Transposons beschrieb Barbara McClintock 1948 (Nobelpreis 1983) erstmals an bunten Maiskolben. Den Farbvariationen der Maiskörner liegen transponierbare genetische Elemente zugrunde. Solche mobilen DNA-Sequenzen findet man auch im Erbgut anderer Lebewesen einschließlich dem des Menschen. (Bild: <http://de.academic.ru/pictures/dewiki/99/corn-cobs.jpg>)

Glossar

Codierende DNA (cDNA): DNA-Abschnitte, die in RNA umgeschrieben und anschließend in Polypeptide übersetzt werden; also DNA, die für Proteine codiert. Weniger als 5% der DNA im Genom des Menschen werden derzeit als cDNA angesehen.

Endogene Retroviren: DNA-Sequenzen, die sich wie springende Gene bzw. Transposons selbst aus dem Genom herauschneiden und an anderer Stelle wieder integrieren können. Endogene Retroviren zeigen in ihrer DNA-Sequenz charakteristische Merkmale von Viren und werden vererbt.

Euchromatin: Im Euchromatin liegt die DNA gut zugänglich für verschiedene Proteine vor, die sich für die Nutzung und Umsetzung der darauf abgespeicherten Information daran anlagern müssen.

Genfamilie: Eine Gruppe von Genen, die auffällige Ähnlichkeiten in ihrer Sequenz aufweisen. Unter evolutionärem Gesichtspunkt werden sie auf einen ursprünglichen DNA-Abschnitt zurückgeführt, aus dem die Genfamilie dann durch Duplikationen und Mutationen entstanden ist.

Genom: Das gesamte Erbgut eines Organismus, das dieser an seine Nachkommen vererbt.

Heterochromatin: Ein Teil der DNA in den Chromosomen ist im Zellkern so kompakt, dass er z.B. für die Wechselwirkung mit Proteinen unzugänglich ist. Dieser Teil des Erbguts findet sich typischerweise innen an der Membran des Zellkerns.

Lektine: Kohlenhydratstrukturen können durch (Glyco-)Proteine erkannt werden, die man als Lektine bezeichnet. Lektine weisen keine enzymatische Aktivität auf.

Nichtcodierende DNA: Der weit überwiegende Teil der DNA codiert nicht für Proteine. Seine Funktion ist oft nicht einfach zu bestimmen. Viele Bereiche der nichtcodierenden DNA werden in RNA umgeschrieben und haben regulierende Funktion.

Pseudogen: Ein DNA-Abschnitt, der sehr große Ähnlichkeit mit einem funktionsfähigen Gen zeigt, bei dem aber durch Variation die bekannte und erwartete Funktion nicht mehr erfüllt wird. Für einzelne Pseudogene liegen Hinweise auf regulatorische Funktionen vor (z.T. gerade an den Sequenzabschnitten, denen sie ähnlich sind).

Replikation: Bei der Replikation wird der DNA-Doppelstrang vergleichbar einem Reißverschluss unter dem Einfluss von Enzymen geöffnet und entsprechend der komplementären Basenpaarung zu zwei DNA-Molekülen komplettiert.

Retrotransposon: Retrotransposons gehören zu den transponierbaren Elementen, also zu Genombereichen, die sich selbst aus dem Genom herauschneiden und an anderen Stellen wieder integrieren können. Retrotransposons gehen dabei über RNA als Zwischenform und müssen für die Rückführung ins Genom wieder in DNA (mit dem Enzym Reverse Transkriptase) zurückübersetzt werden.

Telomer: DNA-Sequenz am Ende der Chromosomen, die charakterisiert ist durch sich wiederholende Elemente (TTAGGG). Telomere sind für die Stabilität der Chromosomen von Bedeutung und sind bei der Verdoppelung der Chromosomen beteiligt.

noch nicht vollständig verstanden, doch es gibt Hinweise darauf, dass diese Änderungen mit der Regulation des Fettstoffwechsels zu tun haben.

Im zweiten Fall handelt es sich um einen bedeutsamen Aminosäureaustausch in FOXP2, einem Protein, bei dem ein Einfluss auf die Entwicklung der Sprachfähigkeit des Menschen vermutet wird.

Pseudogene. Als Pseudogene* werden DNA-Abschnitte bezeichnet, die auffallende Ähnlichkeiten zu funktionierenden Genen haben, aber aufgrund irgendwelcher Veränderungen ihre Funktion nicht mehr erfüllen. Pseudogene werden oft als Relikte aus der evolutionären Vergangenheit dargestellt (vgl. Abb. 3). Aufgrund veränderter Bedingungen sei ihre Funktion nicht mehr notwendig. An dieser Stelle sei aber erwähnt, dass inzwischen für eine Reihe von Pseudogenen doch Hinweise auf eine Funktion gefunden wurden (PINK et al. 2011).

KIM et al. (2010) beschreiben 38 für Menschen spezifische Pseudogene, davon liegen 9 als Einzelkopien vor. Eines davon ist Apolipoprotein C1 (APOC1), das am Lipoprotein-Stoffwechsel beteiligt ist. Im Genom der großen Menschenaffen finden sich zwei leicht unterschiedliche Gene für zwei APOC1-Proteinvarianten. Eine Variante wird im menschlichen Genom aufgrund eines Stopp-Codons nicht hergestellt, so dass Menschen nur eine Form von APOC1 besitzen. Die Konsequenzen dieser für den Menschen spezifischen Ausprägung im Genom sind derzeit noch nicht verstanden; die Autoren diskutieren gesundheitliche Zusammenhänge.

Besonders auffällig sind Pseudogene im Zusammenhang mit dem Geruchssinn. In der Familie der Geruchsrezeptoren werden beim Menschen im Vergleich zu den Großaffen mehr als 60% der Gene als nicht funktional betrachtet, d.h. als Pseudogene. Die funktionierenden Gene für Geruchsrezeptoren beim Menschen zeigen oft eine erhöhte Kopienzahl, d.h. sie liegen mehrfach im Genom vor.

Während der Replikation können Fehlarrangements von Genen auftreten. Dabei werden z.B. Teile eines Gens an ein anderes Gen angefügt. Solche Vorgänge führen erwartungsgemäß zu Pseudogenen. Es wurden aber Beispiele beschrieben, in denen solche Änderungen zu einem funktionsfähigen Gen führen. Ein Beispiel ist das Protein, welches spezifisch an Sialinsäure bindet (Sialinsäure bindendes Ig Superfamilie Lektin 11). Im Vergleich zu anderen Lebewesen liegt es beim Menschen in veränderter Form vor. Wie es scheint wurde am vorderen Ende des Proteins ein ehemals angrenzendes Pseudogen angefügt, so dass ein neuer Promotor und eine neue Proteinsequenz am vorderen Teil des Proteins eingeführt

Zusammenhang zwischen der Kopienzahl von DUF1220 und der Gehirngröße vor: Je öfter die Domäne kopiert und ins Genom re-integriert wurde, umso stärker wächst das Gehirn (DUMAS et al. 2012).

Andere Beispiele betreffen genetische Veränderungen, die Aminosäuren im Protein austauschen. Hier nennen O'BLENESS et al. zwei Beispiele: Erstens COX5A, eine Untereinheit der Cytochrom C-Oxidase, ein Enzym, das in Mitochondrien am Ende der Elektronentransportkette zur Energiegewinnung beteiligt ist. Die Gene aller anderen Untereinheiten sind typischerweise hoch konserviert, d. h. sie zeigen keinerlei Variationen. Das wird als Hinweis dafür gesehen, dass die Funktion auch bei kleinsten Änderungen verloren geht. Beim Menschen sind aber in COX5A im Vergleich zu anderen Lebewesen an zwei Stellen Aminosäuren verändert. Leider ist die Funktion von COX5A

wurden. Dadurch ist die spezifische Bindung modifiziert und das Protein bindet jetzt an andere Moleküle. Durch den neuen Promotor wird die Bildung dieses neuen Lektins* nach bisherigen Studien ausschließlich in den Mikrogliazellen initiiert, das sind Zellen, die für die Immunabwehr im Zentralnervensystem verantwortlich sind. Die modifizierten Mikrogliazellen spielen beim Überleben von Nervenzellen eine Rolle.

Änderungen in Genfamilien. Eine Genfamilie* umfasst einander Sequenz-ähnliche Gene, die – so die Vermutung – im Laufe der Evolution dadurch entstanden, dass ein Gen kopiert wurde, die Kopie sich an anderer Stelle ins Genom einfügte und dann beide Gene (Original und Kopie) sich durch Mutationen unterschiedlich entwickelten. So kann eine Genfamilie durch zusätzliche Genkopien bereits vorhandener Gene erweitert werden. Die oben angeführte Domäne DUF1220, die bereits an sich eine erhöhte Kopienzahl aufweist, trug vermutlich auch zu vier weiteren Sequenz-veränderten Genkopien bei.

Eine Genfamilie umfasst die Homöobox-Gene. Sie codieren für Proteindomänen, die an die DNA binden und dort Schalterfunktionen ausführen. Typischerweise schalten sie ganze Kaskaden von nachgeordneten Genen ein oder aus. Ein berühmtes Beispiel ist das Gen Pax6; wenn dieses aktiviert wird, beginnt die Entwicklung des Auges. Homöobox-Gene einer Unterfamilie der „double homeobox“ oder DUX-Familie sind an der Regulation der Transkription und bei der Entwicklung des Embryos beteiligt. Drei Kopien (DUXY2, DUXY3, DUXY4) liegen auf dem menschlichen Y-Chromosom und ein sonst typischerweise vorhandenes Stopp-Codon fehlt, so dass am Ende des eigentlichen DUX-Gens die Aminosäurekette bis zum nächsten Stopp-Codon erweitert wurde. Diese drei Gene haben beim Menschen eine neue, bisher noch nicht bekannte Funktion.

In seltenen Fällen sind beim Menschen einzelne Vertreter von Genfamilien vollständig inaktiviert. Dies konnte am Beispiel eines Sialinsäure erkennenden Lektins (SIGLEC13) gezeigt werden.

Neben der bereits erwähnten extrem gesteigerten Kopienzahl für DUF1220 im menschlichen Genom machen solche Veränderungen in den Kopienzahlen von Genen den Hauptunterschied der Genome von Menschen und der großen Menschenaffen aus. So liegen z. B. vom Gen für Aquaporin7 mehrere zusätzliche Kopien im menschlichen Genom vor. Bei Aquaporin handelt es sich um in die Zellmembran integrierte Proteine, die dort den Transport von Wassermolekülen und weiteren kleinen Molekülen (wie z. B. Glycerin) durch die Membran

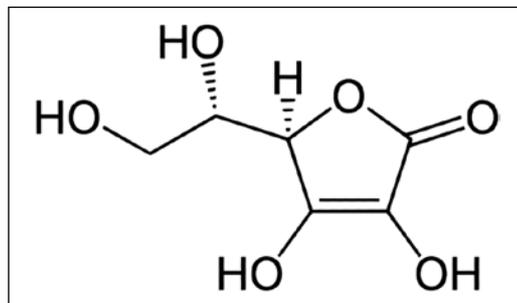


Abb. 3 Der Mensch muss seinen Bedarf an Vitamin C (Ascorbinsäure; Abb. links) durch Nahrungsaufnahme (z. B. Zitrusfrüchte) decken, da er kein funktionsfähiges Gen für das Enzym L-Gulo-γ-lacton-Oxidase besitzt, das für die Synthese von Ascorbinsäure erforderlich ist. Es gibt Lebewesen, die dieses Gen besitzen (z. B. die Maus) und Ascorbinsäure biosynthetisch herstellen. Ein DNA-Abschnitt im Genom des Menschen, der dem Gen bei der Maus ähnlich ist, wird als Pseudogen bezeichnet. Neben dem Menschen sind eine ganze Reihe von Lebewesen auf Vitamin C-Quellen angewiesen. Foto: Alterfalter, fotolia.com

erleichtern. Sie stehen im Zusammenhang mit der Möglichkeit von Zellen, Fett für die Deckung des Energiebedarfs zu nutzen. Darüber hinaus wird über die Rolle von Aquaporinen bei der Anpassung des menschlichen Stoffwechsels an ausdauerndes Laufen und der Thermoregulation beim Schwitzen diskutiert. Beides wird von manchen Autoren als bedeutsam für die Entwicklung des Menschen zum ausdauernden Jäger vermutet.

Neue Gene. Im menschlichen Genom finden sich wie in jedem Lebewesen Gene, die nur beim Menschen vorkommen und die nicht aufgrund von Sequenzähnlichkeiten auf Gene anderer Lebewesen zurückgeführt werden können. Damit müssen diese Gene, geht man von Evolution aus, neu entstanden sein (*de novo* origin). Dabei wird das Kriterium, nach welchem ein Gen als neu bezeichnet werden soll, durchaus kontrovers diskutiert. Für diese Gruppe „neuer“ Gene wurden bisher erst in einem Fall Hinweise auf eine Funktion beschrieben. Weitere Untersuchungen müssen zeigen, ob sich solche „neuen“ Gene bestätigen lassen und in welchem Umfang sie die Besonderheit des menschlichen Genoms prägen.

Gene und Krankheiten. Viele der hier angeführten Besonderheiten, die spezifisch für das menschliche Genom sind, wurden im Zusammenhang mit Krankheiten erforscht. Der Zusammenhang zwischen „Gen“ und „Merkmal“, in diesem Fall Krankheit, ist aber äußerst schwierig zu bestimmen. Nur in ganz wenigen Fällen liegt der Zusammenhang klar auf der Hand: Beispielsweise haben Menschen in Malariagebieten oft ein verändertes Hämoglobin, welches Immunität gegen Malaria verleiht. Welche Genvarianten aber z. B. mit einem erhöhten Alzheimer-Risiko einhergehen, ist weit weniger klar, denn oft werden genetisch bedingte Krankheiten durch ein Zusammenspiel vieler daran beteiligter Gene ausgelöst. Ist die Korrelation zwischen Krankheitsbild beim Menschen und dessen genetischer Struktur wirklich eine ursächliche Wirkung des Genoms auf den Gesundheitszustand? Das lässt sich heutzutage in den allermeisten Fällen kaum beantworten.

Hoffnung auf weitere Forschung

O'BLENESS et al. versprechen sich durch die fortlaufend gesteigerte Leistungsfähigkeit der DNA-Sequenzierungstechnologien eine exponentiell wachsende Zahl von Genomdaten und damit verbunden eine weitere Klärung darüber, welche Bereiche des Genoms spezifisch für Menschen sind. Dazu werden aber vor allem auch Methoden notwendig sein, die gerade diejenigen Bereiche des Genoms erschließen, die sich bisher nicht oder nur mit großem Aufwand sequenzieren lassen, aufgrund der variablen Bereiche, in denen kurze Nukleotidfolgen sich häufig wiederholen. Diese Genom-Abschnitte sind aus Sicht der Review-Autoren beklagenswert unbekannt. Durch den immer stärkeren Einsatz von sogenannten „next generation sequencing“ Technologien, bei denen kleine Genomschnipsel kostengünstig sequenziert werden können, sind zuletzt auch die Genome vom Zwergschimpanse (Bonobo) und Gorilla zugänglich geworden. Computer setzen die Genomschnipsel wie ein Puzzle wieder zusammen. Durch die vergleichsweise kurzen Fragmente, die sequenziert und dann zusammengesetzt werden, sind aber gerade die genannten Problembereiche der Genome (immer und immer wiederholte Kopien ein und derselben Sequenz) nicht bestimmbar. Das bedeutet, dass die veränderte Anzahl solcher sich wiederholenden Sequenzabschnitte, die ja einen großen Anteil der Unterschiede von Genomen zwischen Mensch und andere Primaten ausmachen, nicht genau bekannt ist.

Auf ein weiteres Problem weisen O'BLENESS et al. im Bereich der sogenannten *de novo* Gene

Der Zusammenhang zwischen „Gen“ und Krankheit ist äußerst schwierig zu bestimmen.

hin. Die Schwierigkeiten beim Versuch, die Resultate erster Studien in Kontrollen zu reproduzieren, unterstreichen die Notwendigkeit von klaren Anleitungen für zuverlässige und vergleichbare Charakterisierungen von Genen in den Genomen der jeweiligen Organismen. Da das Genom des Menschen am detailliertesten untersucht ist, wird es typischerweise als Orientierungshilfe genutzt, wenn die Zusammensetzung eines anderen Genoms aus dessen sequenzierten Fragmenten ermittelt wird. Die nicht immer einheitlichen Beschreibungen von Genen im Genom des Menschen führen zu Schwierigkeiten und Widersprüchen, wenn bei der Rekonstruktion von Genomen anderer Organismen das des Menschen zugrundegelegt wird. Zu guter Letzt erwarten O'BLENESS et al. durch die Nutzung von Genomdaten ein besseres Verständnis dessen, was die Menschen ausmacht und wie sie geworden sind.

Vorläufige Schlussfolgerungen

Die hier angeführten Befunde belegen, dass eine ganze Reihe von Merkmalen im Genom des Menschen nach bisherigen Erkenntnissen für diesen spezifisch und einzigartig ist. Der Mensch kann also anhand genetischer Merkmale klar von anderen Lebewesen abgegrenzt werden. In den Fachpublikationen werden diese unterschiedlichen Merkmale typischerweise vor dem Hintergrund einer gemeinsamen Entwicklungsgeschichte mit anderen Primaten interpretiert und so dargestellt, als ob sie diese belegen. Die Festlegung auf diese Perspektive ist jedoch lange vor den Untersuchungen von Genomen erfolgt und hat die Interpretation der Resultate in der Genomforschung nachhaltig geprägt.

Der Mensch kann anhand genetischer Merkmale klar von anderen Lebewesen abgegrenzt werden.

Der größte Teil der Erbinformation ist derzeit nur als formale Sequenzdaten verfügbar. Nur für einen kleinen Teil davon ist experimentell untersucht und verstanden, ob der entsprechende Bereich eine Funktion hat und wenn ja welche. Aus der Erforschung verschiedener Genome liegen bereits Erfahrungen vor die zeigen, dass scheinbar naheliegende Erklärungen, die von der genannten Evolutionsvorstellung geleitet sind, zu falschen Annahmen führten

und so die Bearbeitung wichtiger Fragen (z. B. im Zusammenhang mit den sogenannten „Pseudogenen“) verzögerten. So haben PINK et al. (2011) in einem Review die bisher bekannten Befunde zusammengestellt, die zeigen, dass zumindest einige Pseudogene entgegen der zunächst unterstellten Funktionslosigkeit sehr wohl in RNA transkribiert werden und die ähnlichen, für Proteine codierenden Bereiche regulieren können

Zunächst jedoch bedarf es großer Anstrengungen, „das Genom“ – sowohl des Menschen als auch das anderer Lebewesen – noch besser zu verstehen.

Anmerkungen

- 1 WATSON leitete das Human Genome Projekt vom Beginn 1990 bis 1992; 1993 übernahm FRANCIS COLLINS die Leitung des Projekts bis zu dessen Abschluss.
- 2 Im Internet bieten verschiedene Institutionen umfangreiche Plattformen zur Erforschung des menschlichen Genoms an, die ständig weiter entwickelt und gepflegt werden: <http://genome.ucsc.edu/>; <http://www.ensembl.org/>; <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/guide/human/>
- 3 Dabei finden sich in der DNA-Sequenz in dem entsprechenden Bereich vom menschlichen Chromosom 2 allerdings nur wenige Merkmale, die man erwarten würde, wenn zwei funktionsfähige Chromosomen an ihren beiden Kopfen miteinander fusionieren.
- 4 EBERSBERGER et al. (2007) schreiben in einer vergleichenden Studie von Mensch, Schimpanse, Gorilla, Orang Utan und Rhesusaffen von ca. 23 % des menschlichen Genoms, in denen der Mensch keine direkte genetische Abstammung mit Schimpansen aufweist. Die Autoren folgern aus ihren Ergebnissen, dass etwa 1/3 unsere Gene begonnen haben, sich in einer für Menschen spezifischen Weise zu entwickeln, bevor sich die Linien von Mensch, Schimpanse und Gorilla getrennt haben.

Literatur

- BRITTEN RJ (2002) Divergence between samples of chimpanzee and human DNA sequences is 5%, counting indels. *Proc. Natl. Acad. Sci USA* 99, 13633–13635.
- COHEN J (2007) Relative differences: the myth of 1%. *Science* 316, 1836.
- EBERSBERG I, GALGOCZY P, TAUDIEN S, TAENZER S, PLATZER M & VON HAESELER A (2007) Mapping human genetic ancestry. *Mol. Biol. Evol.* 24, 2266–2276.
- DUMAS LJ, O'BLENESS MS, DAVIS JM, DICKENS CM, ANDERSON N, KEENEY JG, JACKSON J, SIKLELA M, RAZNAHAN A, GIEDD J, RAPPORT J, NAGAMANI SSC, EREZ A, BRUNETTI-PIERI N, SUGALSKI R, LUPSKI JR, FINGERLIN T, CHEUNG SW & SIKELA JM (2012) DUF1220-Domain copy number implicated in human brain-size pathology and evolution. *Am. J. Hum. Gen.* 91, 44–454.
- FORTNA A, KIM Y, MACLAREN E, MARSHALL K, HAHN G, MELTESEN L, BRENTON M, HINK R, BURGER S, HERNANDEZ-BOUSSARD T, KARIMPOUR-FARD A, GLUECK D, MCGAVRAN L, BERRY R, POLLACK J & SIKELA JM (2004) Lineage-specific gene duplication and loss in human and great ape evolution. *PLOS Biol.* 2, 937–954.
- KIM HL, IGAWA T, KAWASHIMA A, SATTI Y & TAKAHATA N (2010) Divergence, demography and gene loss along the human lineage. *Phil. Trans. R. Soc. B* 365, 2451–2457.
- O'BLENESS M, SEARLES VB, VARKI A, GAGNEUX P & SIKELA JM (2012) Evolution of genetic and genomic features unique to the human lineage. *Nature Rev. Gen.* 13, 853–866.
- PINK RC, WICKS K, CALEY DP, PUNCH EK, JACOBS L & CARTER DRF (2011) Pseudogenes: Pseudo-functional or key regulators in health and disease? *RNA*; doi: 10.1261/rna.2658311.
- ROMERO IG, RUVINSKY I & GILAD Y (2012) Comparative studies of gene expression and the evolution of gene regulation. *Nature Rev. Genet.* 13, 505–516.
- The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium (2005) Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome. *Nature* 437, 69–87.
- UDDIN M (2008) Molecular evolution of the cytochrome c oxidase subunit 5A gene in primates. *BMC Evol. Biol.* 8, 8; doi:10.1186/1471-2148-8-8
- WU DD, IRWIN DM & ZHANG YP (2011) De novo origin of human protein-coding genes. *PLoS Genet.* 7, e1002379.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Harald Binder, Taborweg 8, 78467 Konstanz

email: h-e.binder@t-online.de



Aktuelle Resultate vom Large Hadron Collider und ihre Bedeutung für die Kosmologie

Am 4. Juli 2012 feierten Physiker in Genf die Entdeckung eines Elementarteilchens, dessen Eigenschaften genau zu dem lange gesuchten Higgs-Teilchen passen. Trotzdem sind viele Beteiligte unschlüssig, ob sie darüber erfreut oder enttäuscht sein sollen. Handelt es sich tatsächlich um das Higgs-Teilchen des Standardmodells, könnten nämlich die Entdeckung von Physik jenseits des Standardmodells und damit die Klärung offener Fragen der Kosmologie noch längere Zeit auf sich warten lassen.

Peter Trüb

Einleitung

Die letzten beiden Jahre verliefen für den Large Hadron Collider (LHC, siehe Kasten *Der Large Hadron Collider*) äußerst erfolgreich. Auch wenn der Protonen-Beschleuniger am CERN noch nicht bei der ursprünglich geplanten Strahlenergie betrieben wurde, konnten durch die verschiedenen Experimente große Mengen an

Daten gesammelt werden. Basierend auf diesen Messungen war es möglich, bisher experimentell nicht zugängliche Energie-Bereiche zu untersuchen. Spezielles Interesse ziehen die Suche nach dem Higgs-Teilchen sowie die Jagd nach Phänomenen jenseits des teilchenphysikalischen Standardmodells (siehe Kasten *Das Standardmodell der Teilchenphysik*) auf sich. Das Higgs-Teilchen wurde bereits im Jahre 1964

postuliert, entging aber jahrzehntlang einem direkten Nachweis. Der Higgs-Mechanismus ist die favorisierte Erklärung dafür, wie die fundamentalen Elementarteilchen zu ihrer Masse kommen. Die Suche nach Physik jenseits des Standardmodells, auch Neue Physik genannt (siehe Kasten *Neue Physik*), ist unter anderem durch ungeklärte kosmologische Fragen motiviert. Wie in einem früheren Artikel ausgeführt, sind wichtige Bestandteile des kosmologischen Standardmodells wie Dunkle Materie, die Entstehung der Baryonen*-Asymmetrie oder das Modell einer inflationären Phase auf solche bislang hypothetische teilchenphysikalische Prozesse angewiesen (TRÜB 2009).

Im Folgenden werden zuerst einige der wichtigsten Resultate des LHC näher vorgestellt. Anschließend soll deren Bedeutung für die genannten offenen kosmologischen Fragen näher diskutiert werden.

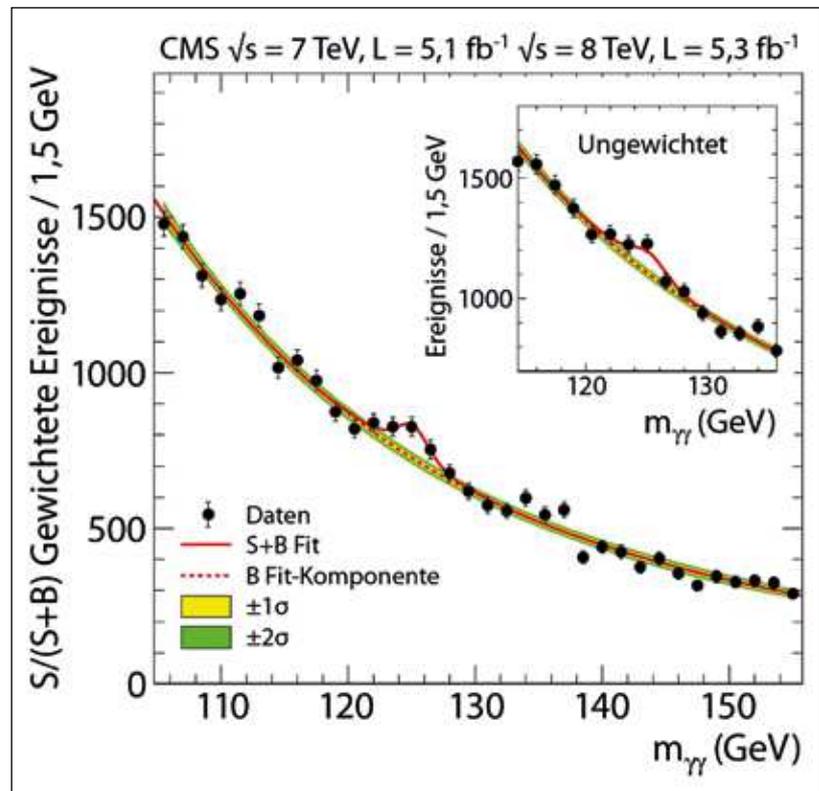
Die Entdeckung eines neuen Elementarteilchens

Nachdem bereits im Dezember 2011 starke Hinweise auf ein bislang unbekanntes Teilchen vorlagen, konnten die Sprecher der Experimente ATLAS und CMS am 4. Juli 2012 definitiv die Entdeckung eines neuen Teilchens bekannt geben (ATLAS Collaboration 2012, CMS Collaboration 2012a). Auch wenn noch nicht mit Sicherheit bestimmt werden konnte, dass es sich dabei um das Higgs-Teilchen des Standardmodells handelt, deuten alle bisherigen Ergebnisse darauf hin. Dies kann aus der Art und Weise geschlossen werden, wie sich das Teilchen in den Detektoren der beiden Experimente bemerkbar macht. Das gefundene Higgs-ähnliche Teilchen zerfällt sofort nach seiner Erzeugung in andere bekannte Elementarteilchen wie zum Beispiel Photonen*, W- oder Z-Bosonen*. Abb. 1 zeigt beispielsweise, wie sich das neu entdeckte Teilchen durch den Zerfall in zwei Photonen als kleine Erhebung gegenüber anderen Photonen-Ereignissen bemerkbar macht. Vergleicht man die experimentell bestimmten Häufigkeiten der verschiedenen Zerfälle mit den theoretischen Erwartungen für das Higgs-Teilchen des Standardmodells (Abb. 2), so ergibt sich innerhalb der Messgenauigkeit eine sehr gute Übereinstimmung. Aus der Tatsache, dass ein Zerfall in zwei Photonen möglich ist, kann zudem geschlossen

Auch wenn noch nicht endgültig feststeht, dass es sich um das Higgs-Teilchen des Standardmodells handelt, deuten alle bisherigen Ergebnisse darauf hin.

Kompakt

Nachdem die Teilchenphysik im Jahr 2011 mit der vermeintlichen Entdeckung von Neutrinos mit Überlichtgeschwindigkeit negative Schlagzeilen machte, konnte sie im folgenden Jahr mit der Entdeckung eines neuen Elementarteilchens positiv in Erscheinung treten. Im Vorfeld der Inbetriebnahme des neuen Teilchen-Beschleunigers am CERN gab es auch kritische Äußerungen bezüglich des Nutzens solcher teurer Großprojekte. Die Physiker befanden sich jedoch in der komfortablen Situation, auf ein „No-Lose Theorem“ verweisen zu können, welches die Entdeckung bisher unbekannter Phänomene am Large Hadron Collider vorhersagte. Diese Voraussage basierte auf theoretischen Überlegungen, wonach die Beschreibung der bislang bekannten Teilchen und Kräfte in diesem Energiebereich ohne Neuentdeckung widersprüchlich würde. In der Tat hat dieses „Theorem“ Recht behalten, da ein neues Elementarteilchen nachgewiesen wurde, bei welchem es sich sehr wahrscheinlich um das vom Standardmodell vorhergesagte Higgs-Teilchen handelt. Darüber hinaus wurden bis zum März 2013 jedoch keine Hinweise auf Physik jenseits des Standardmodells entdeckt. Wenn es sich bei dem entdeckten Teilchen tatsächlich um das Higgs-Teilchen des Standardmodells handelt, ist es möglich, dass solche Neue Physik erst bei sehr hohen Energien auftritt. Dadurch könnte sich die unerfreuliche Situation ergeben, dass sich wichtige offene kosmologische Fragen noch für längere Zeit einer experimentellen Untersuchung an Teilchenbeschleunigern entziehen werden.



werden, dass das Elementarteilchen ein Spin-0* oder ein Spin-2 Teilchen sein muss. Aktuelle Ergebnisse favorisieren die erste Möglichkeit (CMS Collaboration 2013), was wiederum mit dem Higgs-Teilchen kompatibel ist, welches ein Spin-0 Teilchen sein muss. Bereits recht genau konnte auch die Masse des neuen Teilchens bestimmt werden. Mit 126 GeV* liegt sie in einem Bereich, der sowohl mit dem Higgs-Teilchen des Standardmodells als auch mit einem supersymmetrischen* Higgs-Teilchen vereinbar wäre. Basierend auf mehr Messdaten wird es mit zukünftigen Analysen möglich sein, zu bestätigen, ob es sich tatsächlich um das lang gesuchte Higgs-Teilchen des Standardmodells handelt.

Abb. 1 Higgs-Signal im Zerfallskanal in zwei Photonen (Stand Sommer 2012). Aufgetragen ist die Anzahl Ereignisse als Funktion der invarianten Masse der beiden Photonen. Die invariante Masse entspricht der Masse des Higgs-Teilchens. S: Signal, B: Background (Untergrund). (Aus CMS Collaboration 2012a)

Das Standardmodell der Teilchenphysik

Das Standardmodell beschreibt die Eigenschaften der Elementarteilchen (z.B. Masse, Ladung, Lebensdauer) sowie die Kräfte, welche diese aufeinander ausüben. Drei verschiedene Kräfte (auch Wechselwirkungen genannt) werden unterschieden: Die elektromagnetische, die schwache und die starke Wechselwirkung. Die Gravitationskraft ist nicht Teil des Standardmodells. Die Elementarteilchen werden in verschiedene Gruppen unterteilt (s. Abb. 5). Zu den Leptonen gehören beispiels-

weise das Elektron sowie die elektrisch neutralen Neutrinos. Quarks sind Teilchen, welche der starken Wechselwirkung unterliegen und in Atomkernen vorkommen. Die Kräfte werden durch Austauschteilchen übertragen, zu ihnen gehören das Photon, die W- und Z-Bosonen sowie die Gluonen. Die Massen der Elementarteilchen kommen durch die Wechselwirkung mit dem Higgs-Boson zustande. Teilchen, die nicht mit dem Higgs-Boson wechselwirken, sind masselos.

Der Large Hadron Collider

Der Large Hadron Collider (LHC) ist ein Teilchenbeschleuniger der Organisation Européenne pour la Recherche Nucléaire (CERN) in Genf. Dabei werden Protonen (welche zu den Hadronen gehören) auf sehr hohe Energien beschleunigt und anschließend zur Kollision gebracht. Bei diesen Kollisionen entsteht eine große Anzahl Elementarteilchen. Je höher die Kollisionsenergie ist, desto schwerere Elementarteilchen können erzeugt wer-

den. Der LHC ist momentan der weltweit führende Beschleuniger, sowohl was die Kollisionsenergie als auch die Anzahl der Kollisionen betrifft. Die in den Kollisionen entstehenden Elementarteilchen werden durch riesige Detektoren nachgewiesen. Die beiden größten sind der ATLAS- und der CMS-Detektor, welche durch Kollaborationen von mehreren Tausend Physikern und Technikern betrieben werden.

Neue Physik

In der Teilchenphysik wird der Begriff „Neue Physik“ als vereinfachter Ausdruck für Physik jenseits des Standardmodells verwendet. Verschiedene Modelle möchten durch die Einführung zusätzlicher Elementarteilchen und Kräfte offene Fragen der Teilchenphysik wie auch der Kosmologie beantworten. Diese bislang hypothetischen Ansätze versuchen beispielsweise die drei Kräfte des Standardmodells in eine einzige Wechselwirkung zusammenzufassen und deren unterschiedliche Stärken zu erklären. Ein weiteres wichtiges

Ziel besteht darin, die Gravitation in teilchenphysikalische Theorien zu integrieren. Auch die Kosmologie ist auf Physik jenseits des Standardmodells angewiesen, um bestimmte Beobachtungen erklären zu können. So enthält beispielsweise das Standardmodell kein geeignetes Elementarteilchen, welches für die Dunkle Materie in Frage kommt. Auch kann das Standardmodell nicht erklären, wieso in unserem Universum viel mehr Materie als Antimaterie vorhanden ist.

Supersymmetrie

In der Quantenmechanik wird allen Teilchen ein intrinsischer Drehimpuls zugeschrieben, welcher Spin genannt wird. Der Betrag des Spins kann dabei nur ein Vielfaches von $1/2$ betragen: 0 , $1/2$, 1 , $3/2$ und so weiter. Es stellt sich heraus, dass sich Teilchen mit halbzahligen Spin (sogenannte Fermionen) ganz anders als Teilchen mit ganzzahligen Spin (sogenannte Bosonen) verhalten. Die Supersymmetrie besagt nun, dass zu jedem Teilchen ein supersymmetrisches Partnerteilchen existiert, dessen Spin sich um den Betrag $1/2$ vom

ursprünglichen Teilchen unterscheidet. Erweitert man das Standardmodell um diese zusätzlichen Teilchen, so entsteht das supersymmetrische Standardmodell. Selbst in seiner minimalen Form besitzt ein solches Modell jedoch über hundert freie Parameter (z.B. die Massen der supersymmetrischen Teilchen), welche nicht aus der Theorie abgeleitet werden können. Dadurch wird die Suche nach diesen bislang hypothetischen Teilchen stark erschwert. Supersymmetrie ist trotzdem nach wie vor eines der wichtigsten Modelle für Physik jenseits des Standardmodells.

Bislang ergebnislose Suche nach Neuer Physik

Neben dem Nachweis des Higgs-Teilchens war die Suche nach Neuer Physik einer der Hauptgründe für den Bau des Large Hadron Colliders. Trotz intensiver Suche mit Dutzenden von Analysen konnte diesbezüglich bislang jedoch keine Entdeckung gefeiert werden. Die unteren Grenzen für die Massen exotischer Teilchen jeglicher Art sind dank der Messungen am LHC jedoch deutlich angestiegen.

Eine mit Spannung erwartete Messung betrifft den Zerfall des B_s -Teilchens in zwei Myonen*. Das B_s -Teilchen ist aus einem Bottom-Quark* und einem Strange-Quark zusammengesetzt. Gemäß Standardmodell sollte dieses Teilchen nur extrem selten, in etwa drei von einer Milliarde Fällen, in zwei Myonen zerfallen. Dieser Zerfall konnte nun zum ersten Mal von der LHCb-Kollaboration nachgewiesen werden (LHCb-Collaboration 2012a), wobei die gemessene Zerfallshäufigkeit mit dem vom Standard-Modell vorhergesagten Wert kompatibel ist. Dies ist deshalb interessant, weil dieser Zerfall sehr empfindlich auf die Existenz neuartiger Teilchen ist. Viele Modelle, welche eine stark erhöhte Zerfallshäufigkeit vorausgesagt hatten, können durch diese Messung nun ausgeschlossen werden. Andere Hinweise auf Neue Physik wie etwa die in TRÜB (2009) diskutierten Messungen von B_s -Oszillation am Tevatron-Beschleuniger konnten nicht bestätigt werden (LHCb Collaboration 2012b).

Durch diese Null-Resultate und die Higgs-Masse von etwa 126 GeV sind vor allem supersymmetrische Modelle (siehe Kasten *Supersymmetrie*) weiter unter Druck geraten (ALTERELLI 2012). Große Teile des möglichen Parameterraums können mittlerweile ausgeschlossen werden. Wegen der großen Zahl an freien Parametern wird es allerdings auch in Zukunft Modelle geben, welche mit den Messergebnissen kompatibel sind. Es wird jedoch immer mehr Feinabstimmung notwendig, damit diese nicht mit der großen Anzahl an Messdaten in Konflikt geraten. Dies ist umso störender, als die Supersymmetrie gerade die Feinabstimmung vermeiden will, welche notwendig wird, wenn das Standardmodell um Neue Physik erweitert wird.

Die Bedeutung des Higgs-Teilchens für die Suche nach Neuer Physik

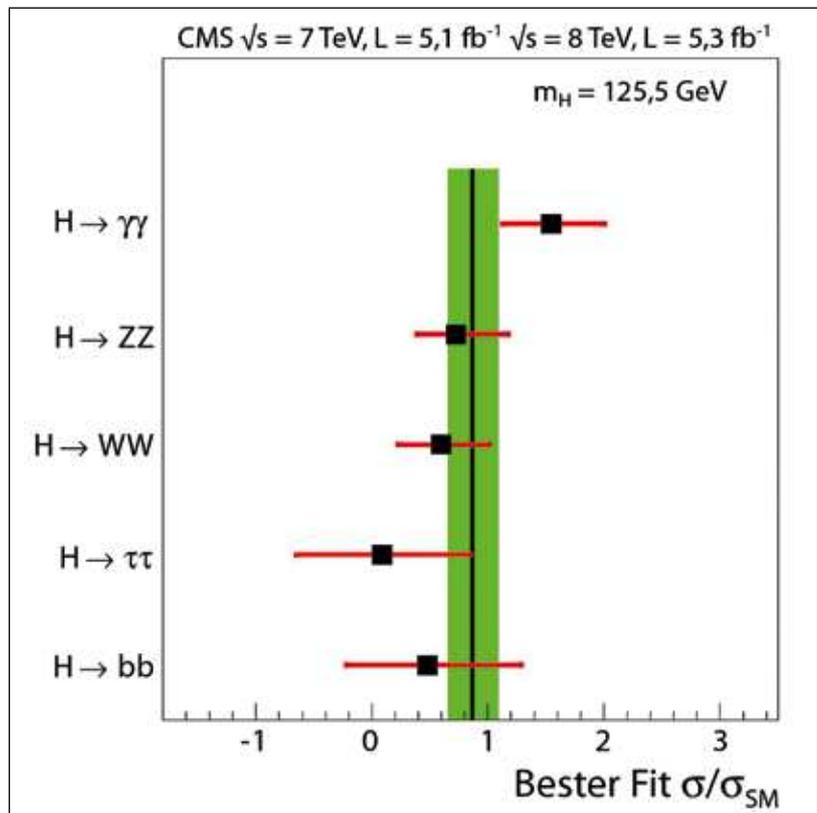
Der Higgs-Mechanismus und damit das Higgs-Teilchen¹ wurden erstmals im Jahre 1964 von Peter HIGGS und weiteren Physikern beschrieben

(HIGGS 1964). In den folgenden Jahren wurde der postulierte Vorgang fester Bestandteil des Standardmodells der Teilchenphysik, da er auf elegante Weise erklären konnte, wie die unterschiedlichen Massen der Elementarteilchen zustande kommen. Nachdem im Jahre 2000 das Tau-Neutrino* entdeckt wurde, war das Higgs-Teilchen das letzte Elementarteilchen des Standardmodells, welches noch nicht experimentell nachgewiesen werden konnte. Der definitive Nachweis, dass es sich bei dem neu entdeckten Teilchen am CERN um das Higgs-Teilchen des Standardmodells handelt, wäre der krönende Abschluss eines sehr erfolgreichen Kapitels der Geschichte der Teilchenphysik.

Außer einer Erklärung für die Massen der Elementarteilchen liefert das Higgs-Teilchen aber auch eine Lösung für das Problem unphysikalisch hoher Wahrscheinlichkeiten für die Streuung von W-Bosonen bei Energien im TeV*-Bereich. Im Rahmen des Standardmodells kann berechnet werden, wie groß die Wahrscheinlichkeit ist, dass zwei Teilchen miteinander in Wechselwirkung treten. Diese Wechselwirkung kann beispielsweise darin bestehen, dass das erste Teilchen einen Teil seines Impulses auf das zweite Teilchen überträgt. In diesem Fall spricht man von (elastischer) Streuung. Die Wahrscheinlichkeit, dass ein solcher Vorgang tatsächlich abläuft, hängt von verschiedenen Größen wie den Ladungen oder den Impulsen der beiden Teilchen ab. Im Standardmodell ohne Higgs-Teilchen besteht nun das Problem, dass die Wahrscheinlichkeit für die Streuung von W-Bosonen linear mit der Energie ansteigt und rein rechnerisch irgendwann hundert Prozent übersteigen würde (CHANOWITZ 1998). Eine solche Wahrscheinlichkeit widerspricht ganz offensichtlich den grundlegenden Gesetzen der Wahrscheinlichkeitstheorie. Die bisherige, äußerst bewährte Theorie deshalb gänzlich zu verwerfen, wäre allerdings zu voreilig. Wie die Gravitationstheorie von Newton eine gute Näherung für die Allgemeine Relativitätstheorie von Einstein ist, so sind teilchenphysikalische Theorien häufig gute Näherungen bei niedrigen Energien. Um auch bei höheren Energien gültige Resultate zu erhalten, sind jeweils umfassendere Theorien nötig, welche zusätzliche Teilchen oder Wechselwirkungen enthalten.

Das Higgs-Teilchen besitzt nun genau die benötigten Eigenschaften, um die Wahrscheinlichkeit für die Streuung von W-Bosonen nicht zu stark ansteigen zu lassen. Dies ist jedoch kein

* Der von den Medien gerne verwendete Begriff „Gottesteilchen“ ist in der Physik völlig ungebräuchlich und wird von praktisch allen Physikern abgelehnt (siehe z. B. ELLIS 2012a), da der Higgs-Mechanismus eine rein physikalische Theorie ist und überhaupt kein Zusammenhang zur Theologie besteht.

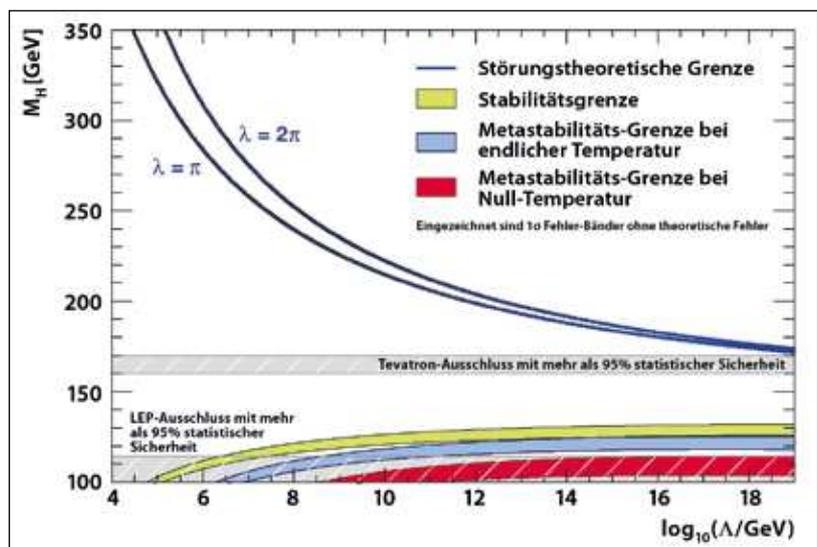


zwingender Beweis, dass das Higgs-Teilchen existieren muss, weil auch andere Lösungen denkbar wären. Auf jeden Fall kann aber festgestellt werden, dass das Standardmodell ohne Higgs-Teilchen im Energiebereich von einigen TeV nicht vollständig ist und durch neue physikalische Phänomene ergänzt werden muss. Dieser Sachverhalt wurde von CHANOWITZ auch als „No-Lose Theorem“ bezeichnet (CHANOWITZ 1998). Salopp ausgedrückt besagt es, dass am LHC in jedem Fall (zumindest indirekt) neuartige Phänomene gefunden werden sollten. Diese können entweder im Higgs-Teilchen oder in einem anderen Mechanismus zur Lösung des Problems der W-Bosonen-Streuung bestehen.

Die Frage, bei welcher Energie-Skala eine Theorie ihre Gültigkeit verliert, lässt sich auch

Abb. 2 Verhältnis des gemessenen Wirkungsquerschnitts σ zum erwarteten Wirkungsquerschnitt des Standardmodells σ_{SM} für verschiedene Zerfallskanäle des Higgs-Teilchens (Stand Sommer 2012). Der Wirkungsquerschnitt ist ein Maß für die Wahrscheinlichkeit, dass ein gewisser Teilchenprozess auftritt. Die roten Balken repräsentieren eine Standardabweichung der Unsicherheit der Messergebnisse. (Aus CMS Collaboration 2012a)

Abb. 3 Abhängigkeit zwischen der Higgs-Masse M_H und der Energie-Skala Λ , ab welcher das Standardmodell spätestens seine Gültigkeit verliert. Mehr Details im Text. (Aus ELLIS 2009)



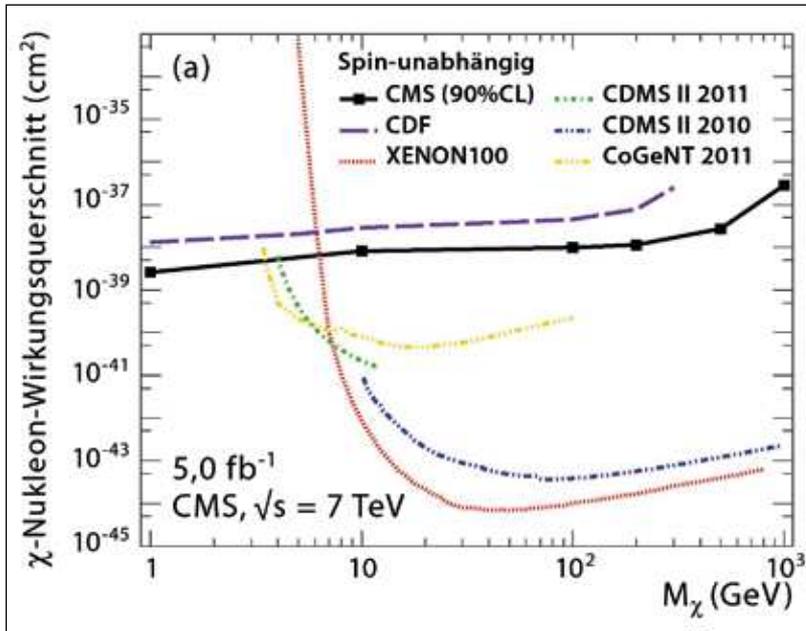


Abb. 4 Obere Grenzen für den Wirkungsquerschnitt der Spin-unabhängigen Streuung von Nucleonen an Teilchen der Dunklen Materie. M_χ steht für die Masse des Teilchens der Dunklen Materie. (Aus CMS Collaboration 2012b)

für das Standardmodell inklusive Higgs-Mechanismus stellen. Dabei stellt sich heraus, dass die Antwort stark von der Masse des Higgs-Teilchens abhängt. Abb. 3 fasst das aktuelle Wissen zu dieser Frage zusammen (ELLIS 2009). Kennt man die Higgs-Masse, so lässt sich aus der Graphik die Energie-Skala ablesen, ab welcher das Standardmodell spätestens seine Gültigkeit verliert. Aufgrund der Resultate des CERN ist vor allem das hellgrün eingezeichnete Band von Interesse, welches bei niedriger Higgs-Masse eine obere Grenze für die Gültigkeit des Standardmodells setzt. Oberhalb dieses Wertes befände sich das heutige Vakuum nicht in seinem Grundzustand*,

sondern wäre nur metastabil. In einem solchen Zustand könnte das Universum nicht unbegrenzt lange existieren. Verlangt man „lediglich“ eine Stabilität während des allgemein akzeptierten Alters des Universums von 13,7 Milliarden Jahren, so verschiebt sich diese Grenze etwas weiter nach oben (blau und rot eingezeichnete Bänder). Aus der Graphik lässt sich ablesen, dass das Standardmodell bei einer Higgs-Masse von 126 GeV bis zu 10^9 GeV stabil sein könnte. Andere Autoren (ALEKHIN 2012) weisen darauf hin, dass es aufgrund der Unsicherheit verschiedener Messgrößen sogar möglich ist, dass das Standardmodell bis zur Planck-Skala* bei 10^{19} GeV gültig ist. Spätestens ab dieser Energie-Skala muss das Standardmodell der Teilchenphysik durch eine umfassendere Theorie ersetzt werden, welche auch die Gravitation berücksichtigt.

Die Teilchenphysik muss für die nächste Zeit ohne No-Lose Theorem auskommen, welches die Entdeckung neuer Teilchen oder Kräfte garantieren würde.

Das Standardmodell könnte aus theoretischer Sicht also bis zu sehr hohen Energieskalen gültig sein. Diese liegen weit oberhalb jener Energiebereiche, welche in den nächsten Jahrzehnten an Beschleunigern experimentell untersucht werden können. Wäre dies tatsächlich der Fall, gäbe es für lange Zeit keine neuen Teilchen oder Kräfte mehr zu entdecken. Mit anderen Worten, die Teilchenphysik muss für die nächste Zeit ohne No-Lose Theorem auskommen, welches Neuentdeckungen garantieren würde. Allerdings gibt es eine Reihe weniger harter Argumente für Neue Physik, welche Teilchenphysiker weiter nach neuen Teilchen suchen lassen. Dazu gehören auch einige offene Fragen aus dem Bereich der Kosmologie. Welche Bedeutung die Entdeckung eines 126 GeV schweren Higgs-ähnlichen Teilchens sowie die bislang erfolglose Suche nach Neuer Physik für diese kosmologischen Fragestellungen haben, soll in den nächsten drei Abschnitten erörtert werden.

Unübersichtliche Lage bei der Suche nach Dunkler Materie

Die Situation bezüglich des Nachweises von Teilchen der Dunklen Materie stellt sich recht unübersichtlich, zum Teil auch widersprüchlich dar. Dies liegt einerseits an der Vielfalt theoretischer und phänomenologischer Modelle, andererseits an der großen Zahl veröffentlichter Messergebnisse. Während die Experimente Co-

Glossar

Baryon: Aus drei stark wechselwirkenden Teilchen (Quarks) zusammengesetztes Teilchen

Boson: Teilchen mit ganzzahligem \rightarrow Spin

Elektroschwacher Phasenübergang: Hypothetischer Phasenübergang im frühen Universum, bei dem die Symmetrie der elektroschwachen Wechselwirkung verloren ging. Dadurch erhielten die W- und Z-Bosonen eine Masse, während das Photon masselos blieb.

GeV: Giga-Elektronenvolt, gebräuchliche Energieeinheit in der Teilchenphysik

Myon: Schwere Variante des Elektrons, welches im Vergleich zu anderen Teilchen eine relativ hohe Lebensdauer besitzt

Nukleon: Baustein des Atomkerns, d.h. ein Proton oder Neutron

Photon: Austauschteilchen der elektromagnetischen Wechselwirkung

Planck-Skala: Sehr hohe Energieskala, ab welcher gravitative Effekte so stark werden, dass sie in einer Quantentheorie

der Elementarteilchen nicht mehr vernachlässigt werden können

Quark: Stark wechselwirkendes Elementarteilchen. Bausteine der Protonen und Neutronen. Bisher sind folgende Quarktypen bekannt: u (up), d (down), c (charm), s (strange), t (top), b (beauty)

Spin: Quantenmechanische Eigenschaft eines Elementarteilchens vergleichbar mit einem inneren Drehimpuls

Supersymmetrie: Hypothetische Symmetrie zwischen Teilchen mit halbzahligem und ganzzahligem \rightarrow Spin.

Tau-Neutrino: Schwach wechselwirkendes Elementarteilchen

TeV: Tera-Elektronenvolt, gebräuchliche Energieeinheit in der Teilchenphysik, 1 TeV = 1000 GeV

Vakuum-Grundzustand: Zustand des Vakuums mit der geringstmöglichen Energie

W-, Z-Bosonen: Austauschteilchen der schwachen Wechselwirkung, siehe auch Boson

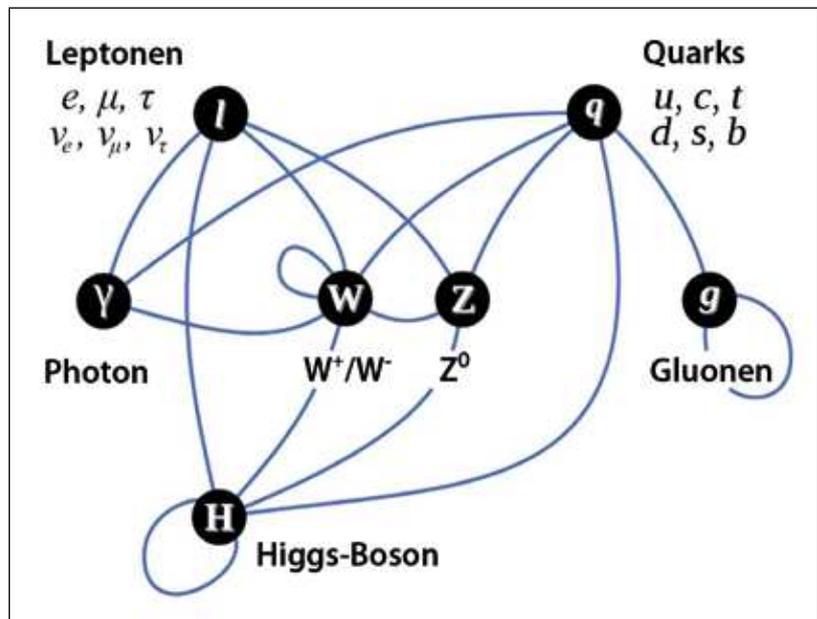
GeNT, CRESST-II, DAMA/LIBRA mögliche Hinweise auf Teilchen der Dunklen Materie melden (AALSETH 2011, ANGLOHER 2011, BERNABEI 2010), können andere Forschungsgruppen wie XENON100 (XENON100 Collaboration 2011) diese Resultate nicht reproduzieren. Deshalb hofften wohl nicht wenige auf eine rasche Klärung durch die Entdeckung neuer Teilchen am CERN.

Wie bereits ausgeführt, konnten am LHC bislang jedoch keine Hinweise auf Neue Physik gefunden werden. Insbesondere wurden bisher keine supersymmetrischen Teilchen nachgewiesen. Supersymmetrische Modelle sind in diesem Zusammenhang besonders interessant, weil sie ein Neutralino genanntes Teilchen beinhalten, welches ein häufig genannter Kandidat für die Dunkle Materie ist. Aufgrund seiner schwachen Wechselwirkung mit gewöhnlicher Materie eignet es sich ausgezeichnet, um einen Beitrag zu der geheimnisvollen Materieform der Dunklen Materie zu leisten. Seine Eigenschaften machen es allerdings auch schwierig, dieses Teilchen in Kollisionen an Teilchen-Beschleunigern nachzuweisen.

Auch wenn bislang keine Hinweise auf Neutralinos gefunden wurden, so können aus den Resultaten immerhin obere Grenzen für die Wechselwirkung zwischen Teilchen der Dunklen Materie und Nukleonen* abgeleitet werden. Abb. 4 (CMS Collaboration 2012b) zeigt, dass diese in manchen Bereichen bereits besser sind als diejenigen dezidierter Experimente zur Suche nach Dunkler Materie. Andere Studien weisen allerdings darauf hin, dass aufgrund einer Higgs-Masse von 126 GeV die Wechselwirkung zwischen Neutralinos und Nukleonen eher schwächer als bisher erwartet sein könnte (ELLIS 2012b).

Ein Modell zur Baryogenese unter Druck

Nach dem Urknallmodell gab es im sehr frühen Universum gleich viel Materie wie Antimaterie. Der heute vorliegende Überschuss an Materie muss irgendwann während der weiteren Evolution des Universums entstanden sein. Dieser bislang hypothetische Prozess wird auch Baryogenese genannt, da der massenmäßig größte Anteil der bekannten Materie (ohne Dunkle Materie) in Form von Protonen und Neutronen vorliegt, welche zur Gruppe der Baryonen gehören. Eines von mehreren Modellen besagt, dass dies während des elektroschwachen Phasenübergangs* geschah. Da dieser Phasenübergang ganz eng mit den Eigenschaften des Higgs-Teilchens verknüpft ist, hat die Entdeckung eines neuen Bosons am CERN auch Auswirkungen auf die



Plausibilität dieses Modells. Zusammen mit der bislang vergeblichen Suche nach supersymmetrischen Teilchen ist dieses Modell als Teil einer supersymmetrischen Theorie stark unter Druck geraten (COHEN 2012). Auch wenn die Entstehung der Materie-Dominanz während des elektroschwachen Phasenübergangs im Rahmen der Supersymmetrie aufgrund des riesigen Parameterraumes (noch) nicht vollständig ausgeschlossen werden kann (CARENA 2012), ist die Plausibilität dieses Modells stark gesunken. Weitere mögliche Mechanismen zur Entstehung des Materie-Überschusses bleiben durch die bisherigen Resultate des LHC allerdings unberührt.

Abb. 5 Elementarteilchen des Standardmodells (schwarze Kreise) sowie deren Wechselwirkungen (blaue Linien).
Quelle: Wikimedia Commons

Wenig Neues zum Thema Inflation

Für das Modell einer inflationären Phase kurz nach dem Urknall, während der sich das Universum exponentiell schnell ausgedehnt haben soll, ergeben sich durch die bisherigen Resultate des LHC keine grundlegenden Auswirkungen. Zwar könnte es sich bei dem neu entdeckten Elementarteilchen tatsächlich um ein Spin-0 Teilchen handeln, wie es für das Inflationsmodell benötigt wird. Allerdings reicht dies nicht aus, um als experimentelle Bestätigung des Modells gelten zu können. Auch nach der Entdeckung des 126 GeV schweren Teilchens sind Befürworter einer inflationären Phase auf spekulative Physik angewiesen. Bislang weist die Neuentdeckung nämlich alle Eigenschaften eines Standardmodell-Higgs-Teilchens auf, welches nur als Auslöser einer Inflation in Frage kommt, falls es nicht standardmäßig mit der Gravitation wechselwirkt (LINDE 1983, BEZRUKOV 2008). Das Inflationsmodell ist also nach wie vor auf spekulative Physik angewiesen, sei es in Form eines

Wichtige kosmologische Fragen mit Bezug zur Teilchenphysik könnten unbefriedigenderweise noch für längere Zeit ungeklärt bleiben.

bislang unbekanntes Teilchen als Auslöser der Inflation oder einer neuartigen Wechselwirkung der Gravitation mit bekannten Teilchen.

Zusammenfassung und Ausblick

Durch die Beobachtung eines Higgs-ähnlichen Elementarteilchens könnten die hohen Erwartungen an den neuen Beschleuniger LHC am CERN erfüllt werden. Auch wenn die definitive Identifikation des Teilchens als Higgs-Teilchen des Standardmodells noch aussteht, scheint doch das Standardmodell der Teilchenphysik einmal mehr zu triumphieren. Auf der anderen Seite lässt die Entdeckung eindeutiger Hinweise auf Neue Physik weiter auf sich warten. Der nächste große Schritt vorwärts in dieser Suche wird sicher die Erhöhung der Kollisionsenergie des LHC auf 13–14 TeV sein, welche für Ende 2014 geplant ist. Früher wird eher nicht mit weiteren Schlagzeilen zu rechnen sein. Leider lässt auch die Higgs-Masse von 126 GeV wenig Hoffnung auf baldige Entdeckungen aufkommen. Damit könnten wichtige kosmologische Fragen mit Bezug zur Teilchenphysik unbefriedigenderweise noch für längere Zeit ungeklärt bleiben. Nach wie vor fehlt der Nachweis der teilchenphysikalischen Prozesse, welche beispielsweise der Entstehung der bemerkenswerten Gleichförmigkeit der kosmischen Hintergrundstrahlung oder der beobachteten Materie-Dominanz zugrunde liegen sollen.

Literatur

AALSETH PS et al. (2011) Search for an Annual Modulation in a P-type Point Contact Germanium Dark Matter Detector. arXiv:1106.0650.

- ALEKHIN S, DJOUADI A & MOCH S (2012) The top quark and Higgs boson masses and the stability of the electroweak vacuum. arXiv:1207.0980.
- ALTARELLI G (2012) The SM and SUSY after the 2011 LHC results. arXiv:1206.1476.
- ANGLOHER G et al. (2011) Results from 730 kg days of the CRESST-II Dark Matter Search. arXiv:1109.0702.
- ATLAS Collaboration (2012) Observation of a new particle in the search for the Standard Model Higgs boson with the ATLAS detector at the LHC, arXiv:1207.7214.
- BERNABEI R et al. (2010) New results from DAMA/LIBRA. arXiv:1002.1028.
- BEZRUKOV F & SHAPOSHNIKOV M (2008) The Standard Model Higgs boson as the inflaton. arXiv:0710.3755.
- CARENA M, NARDINI G, QUIROS M & WAGNER CEM (2012) MSSM Electroweak Baryogenesis and LHC Data. arXiv:1207.6330.
- CHANOWITZ MS (1998) Strong WW scattering at the end of the 90's: theory and experimental prospects. arXiv:hep-ph/9812215.
- CMS Collaboration (2012a) Observation of a new boson at a mass of 125 GeV with the CMS experiment at the LHC. arXiv:1207.7235.
- CMS Collaboration (2012b) Search for Dark Matter and Large Extra Dimensions in pp Collisions Yielding a Photon and Missing Transverse Energy. arXiv:1204.0821.
- CMS Collaboration (2013) Properties of the Higgs-like boson in the decay $H \rightarrow ZZ \rightarrow 4l$ in pp collisions at $\sqrt{s} = 7$ and 8 TeV, CMS-PAS-HIG-13-002.
- COHEN T, MORRISSEY DE & PIERCE A (2012) Electroweak Baryogenesis and Higgs Signatures. arXiv:1203.2924.
- HIGGS P (1964) Broken Symmetries and the Masses of Gauge Bosons. Phys. Rev. Lett. 13, 508-509.
- ELLIS J, ESPINOSA JR, GIUDICE GF, HOECKER A & RIOTTO A (2009) The Probable Fate of the Standard Model. arXiv:0906.0954.
- ELLIS J, GAILLARD MK & NANOPOULOS DV (2012a) A Historical Profile of the Higgs Boson. arXiv:1201.6045.
- ELLIS J & OLIVE KA (2012b), Revisiting the Higgs Mass and Dark Matter in the CMSSM, arXiv:1202.3262.
- LHCb Collaboration (2012a) First evidence for the decay $B_s^0 \rightarrow \mu^+ \mu^-$. arXiv:1211.2674.
- LHCb Collaboration (2012b) Measurement of the CP-violating phase φ_s in the decay $B_s^0 \rightarrow J/\psi \varphi$, arXiv:1112.3183.
- LINDE AD (1983) Chaotic Inflation. Phys. Lett. B 129, 177-181.
- TRÜB P (2009) Auf der Suche nach Neuer Physik. Stud. Int. J. 16, 81-87.
- XENON100 Collaboration (2011) Dark Matter Results from 100 Live Days of XENON100 Data. arXiv:1104.2549.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Peter Trüb, Neumättlistr. 33 a, CH-5300 Turgi, email: ptrueb@swissonline.ch

Das Erdbeben bei der Kreuzigung Jesu

Ereignis in Ablagerungen des Toten Meeres nachgewiesen?

Bis heute ist kein außerbiblisches Zeugnis des im Matthäus-Evangelium berichteten Erdbebens bekannt. Nach Auswertung von Sedimenten des Toten Meeres hat eine Forschergruppe um Jefferson B. WILLIAMS eine erdbebengestörte Lage auf den Zeitraum 26-36 n. Chr. datiert und folgert, dass es sich dabei um das Erdbeben bei Jesu Kreuzigung handeln kann. Eine Analyse zeigt die Unsicherheiten und die Komplexität einer präzisen Datierung auf.

Michael Kotulla

Der Titel *An early first-century earthquake in the Dead Sea* in der Zeitschrift *International Geology Review* lässt nicht vermuten, dass das im Matthäus-Evangelium (Kap. 27,51; vgl. auch 28,2) berichtete Erdbeben bei Jesu Kreuzigung thematisiert wird. Aber genau das ist der Fall. Dabei ist der Leitautor, Jefferson B. WILLIAMS, nicht durch das Motiv bestimmt, Aussagen der Bibel durch externe Befunde bestätigen oder widerlegen zu wollen. Er selbst bezeichnet sich, so sein Web-Auftritt¹, als Agnostiker. Ihm gehe es vielmehr darum, einer gestörten Sedimenteinheit des Toten Meeres, die als Seismit[★] interpretiert wird, alleine anhand einer Auszählung von Warven[★] ein konkretes Kalenderdatum zuzuordnen.

das Erdbeben bei der Kreuzigung Jesu nachgewiesen? Wie sicher ist das genannte Datum 31AD ± 5? Diese Fragen sollen in diesem Artikel beantwortet werden.

Untersuchungen an Sedimenten des Toten Meeres

Das Tote Meer ist ein abflussloses Becken in der Jordansenke und Teil der Transformstörung[★], die sich vom Golf von Aqaba bis in die südöstliche Türkei erstreckt. Entlang dieser Störungszone und insbesondere am Toten Meer ist eine stark

Das wahrscheinlichste Kreuzigungsdatum passt in das ermittelte Zeitfenster des Erdbebens von 26-36 n. Chr.

Das Ergebnis: Ein Erdbeben 31 n. Chr. mit einer Unsicherheit von ± 5 Jahren. Und unter Zugrundelegung der Ergebnisse von HUMPHREYS & WADDINGTON (1983), die den 3. April 33 für das wahrscheinlichste Kreuzigungsdatum halten, passe dieses Datum in das ermittelte Zeitfenster von 26-36 n. Chr. „This places the above-postulated 31 AD² earthquake within the 26-36 AD window (31 AD ± 5) when Pontius Pilate was Procurator of Judea and the earthquake of the crucifixion is historically constrained.“

Wie sind nun die Ergebnisse von WILLIAMS et al. (2012) zu bewerten? Haben sie in der Tat

Kompakt

Die jüngsten Ablagerungen des Toten Meeres enthalten zahlreiche Seismiten, erdbebengestörte Lagen. Eine Forschergruppe um Jefferson B. WILLIAMS hat den Zeitpunkt der Bildung einer dieser Lagen auf den Zeitraum 26-36 n. Chr. datiert und folgert, dass es sich dabei um das Erdbeben bei Jesu Kreuzigung handeln kann.

Unter Einbeziehung weiterführender Arbeiten wird jedoch aufgezeigt, dass bei grundlegender Betrachtung eine Datierung nicht möglich bzw. mit zahlreichen Unsicherheiten behaftet ist. In der Hauptsache ist dies darin begründet, dass mit den angewendeten Datierungsmethoden – ¹⁴C, Warvenzählung – am Toten Meer bisher keine nachweislich validen Ergebnisse erzielt wurden. Weder existiert eine ¹⁴C-Kalibrierungskurve für das extreme Milieu des Toten Meeres noch erfahren die ¹⁴C-Datierungen eine Bestätigung durch eine Warvenchronologie, da diese vom zeitlichen Rahmen der ¹⁴C-Datierungen abgeleitet ist. Die Zuordnung von historisch bekannten Erdbeben zu Seismiten ist wiederum rein subjektiv. So herrscht über das wahre Alter selbst dieser jüngsten Ablagerungen des Toten Meeres Unklarheit. Dass der fragliche Seismit auf das Erdbeben bei Jesu Kreuzigung zurückgeht, wird daher mit einer Wahrscheinlichkeit deutlich kleiner 50% eingeschätzt.

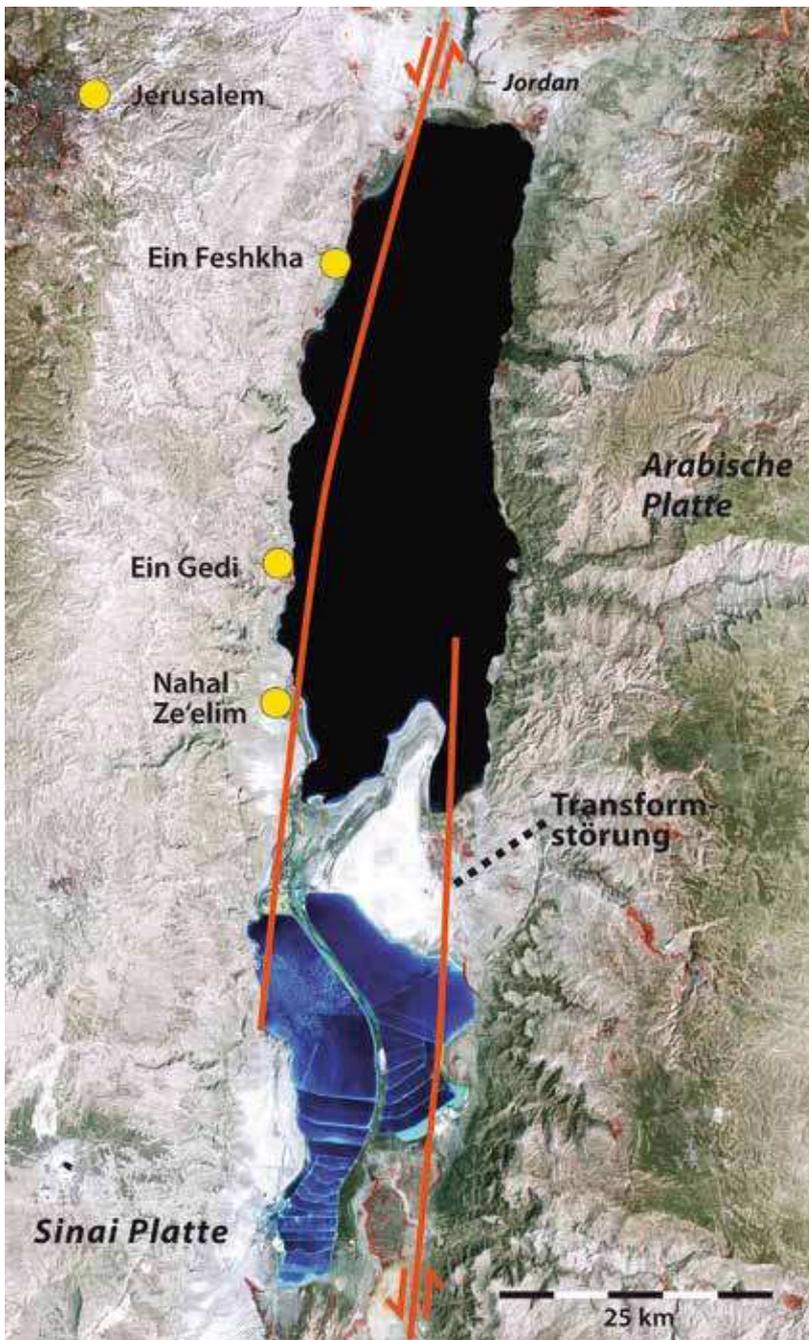


Abb. 1 Satellitenaufnahme des Toten Meeres. Eingefügt sind die Orte der Entnahme der Bohrkerns und weiterer Aufschlüsse an der Westküste sowie der Verlauf der Transformstörung. (Foto: NASA)

erhöhte seismische* Aktivität sowohl in der Gegenwart als auch in der historischen Vergangenheit bezeugt.

1997/98 wurden mit dem Ziel der Rekonstruktion des Paläoklimas* und der Paläoseismität an vier Lokationen (Ein Feshkha, Ein Gedi, Hever und Ze'elim) entlang der heutigen Uferlinie der Westküste des Toten Meeres (Abb.1) Kernprofile, teilweise bis in 21 m Tiefe, entnommen (MIGOWSKI 2001). Daneben liegen Profilaufnahmen und Analysen aus Canyonwänden der Ze'elim-Terrasse sowie bei Ein Feshkha vor (KEN-TOR et al. 2001a, 2001b; KAGAN et al. 2011). WILLIAMS et al. (2012) untersuchten das von MIGOWSKI (2001) originalbearbeitete Ein Gedi-Kernprofil in einer Sedimenttiefe von 2,7 m bis 3,0 m (Abb. 2). Dieser Teilbereich gehört zu einer Abfolge aus alternierenden

Mergel- und Aragonitlagen mit gelegentlichen Einschaltungen von Gipslagen (Sedimenttiefe 0,78 m bis 4,50 m), die MIGOWSKI (2001) als „obere Aragonit-reiche Sequenz“ bezeichnet. Im gesamten Profil treten in unregelmäßigen Abständen deformierte Sequenzen auf. Abb. 2 zeigt die gestörten Lagen No. 28, fragliches Erdbeben bei Jesu Kreuzigung, und No. 29, fragliches Erdbeben 31 v. Chr. (Nummerierung nach MIGOWSKI et al. 2004). Die direkte Distanz zwischen Ein Gedi und Jerusalem beträgt etwa 40 km.

Die wesentlichen Annahmen

Für die Untersuchung und Schlussfolgerung sind drei Annahmen entscheidend:

1. Die gestörten Sequenzen (No. 28, No. 29) bestehen aus ehemals laminierten* Lagen des Seebodens, die seismisch „durchgeschüttelt“ wurden und demgemäß genetisch als Seismit anzusprechen sind.
2. Die liegende gestörte Sequenz (No. 29) ist präzise datiert (Erdbeben 31 v. Chr.).
3. Bei den laminierten Sedimenten zwischen den beiden gestörten Sequenzen handelt es sich um Warven, also saisonale Ablagerungen, sodass die Anzahl der Jahre zwischen den gestörten Sequenzen jahrgenau abgezählt werden kann. Dabei entsprechen i. d. R. 2 Lagen (= 1 Couplet) einem Kalenderjahr.

Entstehung der deformierten Lagen

WILLIAMS et al. (2012) bezeichnen die deformierten Lagen als brekziiert*. Dies ist bei den Textabbildungen ihres Artikels bei Lage No. 29 (31 BC) gut zu erkennen; bei der geringmächtigen Lage No. 28 (31 AD) sind Lagenstörungen deutlich. MIGOWSKI (2001) beschreibt die deformierten Abschnitte im Profil Ein Gedi als bestehend aus „fragmentierten Aragonit- und (...) Gipslagen, von einigen mm bis cm Länge, welche fast regellos in einer feinkörnigen Matrix, einer Mischung aus dunklem mikritischen Mergel, eingebettet sind“. Andere beobachtete Strukturen an anderen Lokationen des Toten Meeres sind Falten und Verwerfungen im mm- und cm-Bereich sowie verflüssigter Sand (KAGAN et al. 2011) und wulstige, wickelige Verfälschungen (ENZEL et al. 2000). In Abb. 3 sind in dem Horizont Event B Brekzien* (weiße, eckige Bruchstücke) gut erkennbar.

Sofern andere Bildungsbedingungen ausgeschlossen werden können (z. B. subaquatische Gleitung), wird solchen deformierten (zum Zeitpunkt der Entstehung unverfestigten) Sedimenten nicht nur in Ablagerungen des Toten

Meeres eine seismische Ursache zugesprochen (z.B. SEILACHER 1984, PASCUA et al. 2003). AGNON et al. (2006) beschreiben als Mechanismen der Brekzienentstehung u. a. Bodenbeschleunigung, Verflüssigung und Wasserentweichung.

Ein Seismit ist eine Ereignislage, denn je nach Erdbebenstärke ist ein Teil oder der gesamte Seeboden zur gleichen Zeit erfasst worden. Allerdings sind bei einem Seismit bisher keine Eigenschaften festgestellt worden, welche seine eindeutige Identifizierung zulassen würde (beispielsweise im Vergleich zu vulkanischen Aschelagen mittels Geochemie oder Kristallmorphologie). Eine Korrelation gleichzeitig entstandener Seismite aufgrund eigener Merkmalseigenschaften in entfernten Profilen ist daher nicht möglich.

Fazit. Die Interpretation der deformierten Sequenzen als Seismit in den Ablagerungen des Toten Meeres ist sehr gut begründet, insbesondere durch die Strukturelemente der Deformation sowie dem Vorkommen in einem seismisch aktiven Gebiet. Wie viele der ehemals unverfestigten Lagen deformiert worden sind, kann häufig nur geschätzt werden. Eine weitere gut begründete Annahme ist, dass nur Beben mit einer vor Ort erreichten Magnitude $M_L > 5,5$ bis 6 in der Lage sind, die unverfestigten Bodensedimente zu deformieren. Dass es sich bei den Lagen No. 28 und No. 29 um Seismit handelt, ist nahezu sicher.

Das Erdbeben 31 v. Chr.

Zu Recht wird dieses Erdbeben von WILLIAMS et al. (2012) als „Anker“-Beben bezeichnet. Denn ist die zeitliche Zuordnung des Seismits (No. 29)

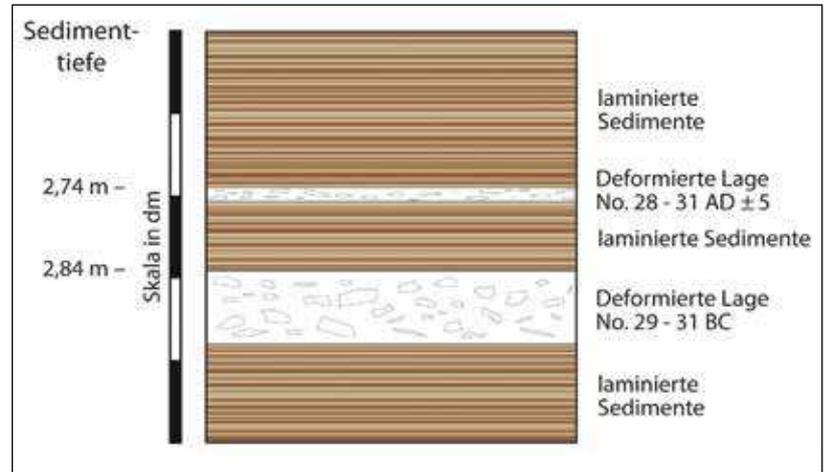


Abb. 2 Schematisches Profil des Bohrkernes von Ein Gedi in einer Sedimenttiefe von etwa 2,6 m bis 3,0 m nach MIGOWSKI et al. (2004); Zuordnung der Jahreszahlen nach WILLIAMS et al. 2012.

an der Basis falsch, stimmen auch alle 62 nachfolgenden Datumsangaben nicht. Als primäre historische Quelle gilt die Beschreibung des Bebens durch den jüdischen Historiker Flavius Josephus (37 – ca. 100 n. Chr.) in seinem zwischen 75 und 79 n. Chr. erschienenen Werk *Geschichte des jüdischen Krieges*. Aufgrund der weitreichenden Zerstörungen und vielen Opfer (JOSEPHUS 1981) u. a. in Qumran, Masada und Jericho wird dem Erdbeben 31 v. Chr. eine Magnitude von $M_L > 6$ bis 7 (KARCZ 2004) und ein Epizentrum in der Nähe von Jericho (RECHES & HOEXTER 1981) zugeschrieben. Im Weiteren verweisen WILLIAMS et al. (2012) auf die Untersuchungen von KENTOR et al. (2001a), MIGOWSKI et al. (2004) sowie KAGAN et al. (2011); alle Bearbeiter der westlichen Uferprofile ordnen dieses „omnipräsente“ Beben jeweils einer gestörten Lage zu. Damit entsteht der Anschein eines „chronologischen Ankers“.

KENTOR et al. (2001a) untersuchten auf der Ze’elim-Terrasse in einem neuen Zufluss zum Toten Meer die (wegen des signifikant gefallenen

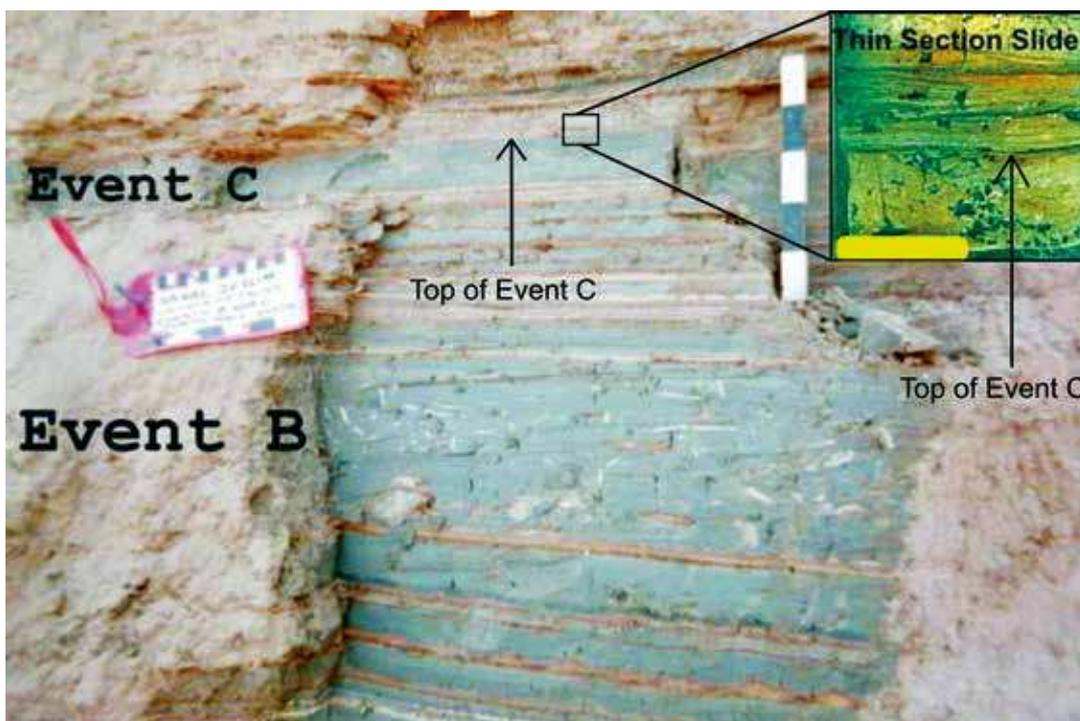


Abb. 3 Laminierte Sedimente bei Nahal Ze’elim am Toten Meer. Die gestörten Lagen Event B und C werden als Seismit interpretiert, Event B wurde dem Erdbeben 31 BC zugewiesen. Event C wird mit dem Seismit korreliert, der im Profil Ein Gedi auf 31 AD \pm 5 datiert wird. Oben rechts Dünnschliff des Ausschnitts. (Foto/Grafik: Jefferson B. WILLIAMS, freundliche Überlassung)

Glossar

AMS: Accelerator mass spectrometry (Beschleuniger-Massenspektrometrie); hier: die Erwähnung des für die ¹⁴C-Datierung eingesetzten Verfahrens.

Alters-Tiefen-Kurve: Modellierung einer Alters-Tiefen-Beziehung; hier: Sedimenttiefe (Bohrkern) [Y-Achse] vs. ¹⁴C-Alter [X-Achse].

Brekzie, brekziieren: Sediment(gestein) mit eckig-kantigen Bruchstücken in einem feinkörnigeren Grundsediment (Matrix); hier: Bildung des brekzierten Gefüges nach Sedimentation an Ort und Stelle durch seismische Erschütterung.

Chronologie: Abfolge von Ereignissen. Eine Datierung der Ereignisse ist nicht zwingend, aber i. d. R. Gegenstand historisch-geologischer Forschung.

Evaporit, evaporitisch: ein durch Verdunstung (Evaporation) gebildetes Gestein.

klastisch: aus den Trümmern anderer Sedimente stammend

laminiert: lagig, feinlagig.

paläo-: alt, hier: die Vergangenheit betreffend; z. B. Paläoklima: Das Klima in früherer Zeit

seismisch: Erdbeben betreffend; hier: von

Erdbeben verursacht

Seismit: Sedimente mit unterschiedlichen Deformationsstrukturen, deren Ursache seismische Erschütterungen sind. Dabei wird der oberste Sedimentkörper des See- oder Meeresbodens im noch unverfestigten Zustand „durchgeschüttelt“ und kann → brekziiert, teilverflüssigt und in Suspension versetzt und erneut abgesetzt werden.

σ (Sigma): Standardabweichung; hier: ¹⁴C-Alter mit Angabe der jeweiligen Standardabweichung, es gelten die Sicherheitswahrscheinlichkeiten: ± 1 σ (68,3% – wahrscheinlich), ± 2 σ (95,5% – sehr wahrscheinlich); je höher die Sicherheitswahrscheinlichkeit, desto breiter ist der Altersbereich (bzw. das Altersfenster).

Transformstörung: Horizontalverschiebung, hier: Sinai-Subplatte und Arabische Platte.

Validität, validieren: im Sinne von Gültigkeit, etwas für gültig befinden.

Warven: Saisonal gebildete laminierte Sedimente, wobei i. d. R. zwei Lagen (ein Hell-Dunkel-Couplet) der Sedimentablagerung eines Jahres entsprechen.

Seespiegels) nunmehr frei liegenden obersten Ablagerungen. Für die zeitliche Verankerung verwendeten die Autoren ¹⁴C-Daten von Pflanzenresten in den Seismiten oder dazwischengeschalteten Sedimenten und interpolierten auf Basis der so gewonnenen durchschnittlichen Sedimentationsraten. Nach ihren Ergebnissen deckt das etwa 7,5 m mächtige zusammengestellte Profil die Sedimentations- und Erdbeben-geschichte (acht große Ereignisse, Event A-H, Event B/C, siehe Abb. 3) der letzten 2200 Jahre ab. Demnach liegt für Seismit „Event B“ ein Radiokarbonalter von 1950 ± 60 Jahren BP³ vor, das entspricht einem kalibrierten ¹⁴C-Alter (2 σ*) von 100 BC – 230 AD. Aufgrund des zuvor ebenfalls ¹⁴C-datierten liegenden Seismits „Event A“ und einer vorgenommenen Einordnung als Beben von 64 BC sowie weiterer stratigraphischer Erwägungen weisen die Autoren das „Event B“ dem Erdbeben von 31 BC zu. In dieser Weise wird das Profil nach oben durchgearbeitet. Seismit „Event C“, 32,5 cm über „Event B“, wird dem Beben von 33 AD zugeordnet. Durch Interpolation der Sedimentationsrate (4–9 mm/Jahr bezogen auf „Event A“) ergibt sich zunächst eine Spanne von 64 BC bis 311 AD, die aufgrund der zuvor vorgenommenen Verankerung von „Event B“ für „Event C“ auf 5 AD bis 50 AD reduziert wird. Hier muss angemerkt werden, dass bereits KEN-TOR et al. (2001a) ein Beben 33 AD als geologisch dokumentiert

betrachteten; ihre „Grobabstimmung“ allerdings erfolgte auf der Grundlage interpolierter Sedimentationsraten. Im Gegensatz dazu basiert die „Feinabstimmung“ von WILLIAMS et al. (2012), auf einer jahrgenauren Abzählung von Warven (Diskussion siehe unten).

Methodisch werden also die historisch bekannten Erdbeben (Aufstufungen beispielsweise bei AMIRAN et al. 1994) gemäß ihrer Erdbebenstärke und Distanz zur Lokalität klassifiziert und nach bestem Ermessen den Seismiten im Rahmen der Radiokarbon-Alterszeitfenster zugeordnet. Wie bereits oben beschrieben, besitzen die Seismiten keine eigenen Erkennungsmerkmale; Auswahl und Zuordnung ist subjektiv. MIGOWSKI et al. (2004) und KAGAN et al. (2011) sind im Wesentlichen gleichermaßen vorgegangen.

Die Verlässlichkeit und Präzision der Radiokarbonatierungsmethode ist allerdings umstritten. NEEV & EMERY (1995) stellen die Validität* der Radiokarbonmethode zur Bestimmung einer präzisen Chronologie* in Frage, zumindest für das Milieu des Toten Meeres. Das ist ihre Schlussfolgerung der Auswertung von Radiokarbonaten an Proben von Kernprofilen der Lisan- und Dead Sea-Formation sowie vom Mount Sedom als auch an nahegelegenen archäologischen Stätten.⁴ KEN-TOR et al. (2001b) dagegen (siehe oben) beanspruchen, hochpräzise (korrekt innerhalb einiger Dekaden) ¹⁴C-Alter zu erzielen. Sie gehen dabei so vor, dass sie die kalibrierten (teilweise großen) Reichweiten (Zeitfenster) derart verkürzen und verfeinern, dass sie mit bekannten historischen Erdbeben abgestimmt und durch stratigraphisches Ermessen weiter eingeschränkt werden. Das Resultat dieser Vorgehensweise ist, dass dann die meisten Erdbeben in das 1 σ-Fenster fallen.

MIGOWSKI (2001) wiederum kann die im Ein Gedi-Profil vorkommenden deformierten Sequenzen erst Erdbeben zuordnen, nachdem die Autorin die Alters-Tiefen-Kurve* entlang der Zeitachse verschiebt (S. 77). Die Verschiebung beträgt bis zu 350 Jahre; dementsprechend sind ihre kalibrierten AMS*-¹⁴C-Alter bis zu 350 Jahre zu hoch. Dieser Versatz wird mit der Umlagerung der Pflanzenreste erklärt; d. h. die Pflanzenreste sind erst bis zu 350 Jahre nach Ausschluss vom Kohlenstoff-Kreislauf eingebettet worden. Sofern MIGOWSKIS Zuordnung korrekt ist, stellt sie die Aussagen von KEN-TOR et al. (2001a, 2001b) in Frage und umgekehrt. Die jeweils angegebenen und deutlich differierenden Zeitspannen für Transport und Sedimentation der Pflanzenreste, an denen die ¹⁴C-Datierungen vorgenommen wurden, können auch als Erklärungsversuch der Abweichung von der Kalibrierungskurve gewertet werden. Wenn für Ein Gedi eine Umlagerung des organischen ¹⁴C-Probenmaterials von bis zu 350 Jahren über einen Gesamtzeitraum von

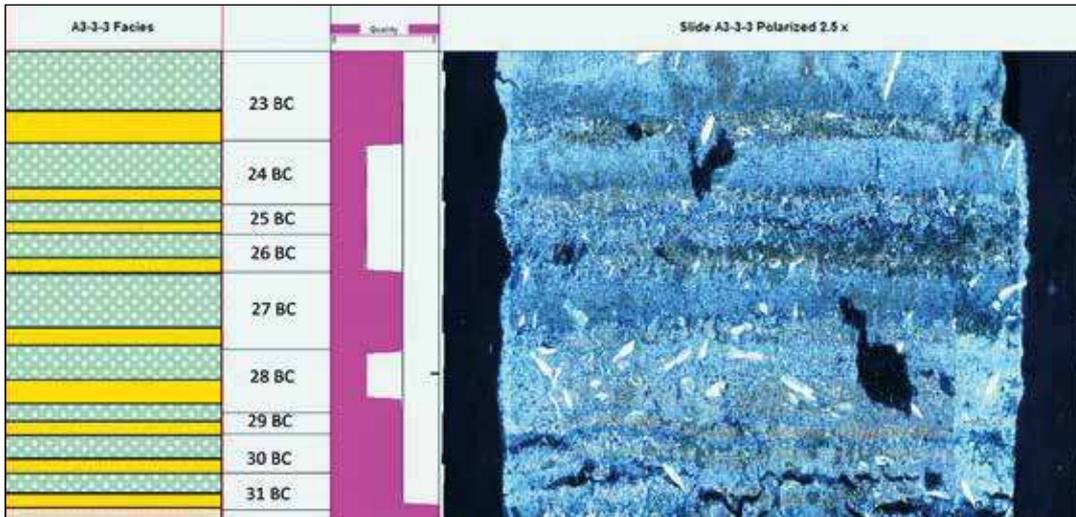


Abb. 4 Dünnschliff des Profils Ein Gedi im Bereich unmittelbar oberhalb des Seismits, der mit dem Erdbeben 31 BC korreliert wird. Interpretation der Laminae als Sommerlage (türkis) und Winterlage (gelb) und entsprechende Zuweisung des Datums (Kalenderjahr). (Foto/Grafik: Jefferson B. WILLIAMS, freundliche Überlassung)
Zur Fazies-Legende (linke Spalte): gelb = klastische (detritische) Körner vorhanden; türkis, weiß gepunktet = Evaporite mit keinen oder wenig Klasten; rosa = Mixed Layer [Seismit]

2000 Jahren tatsächlich zutrifft, so ist dies auch für Ze'elim oder Ein Feshkha nicht auszuschließen. Dann wären die Erdbebenzuordnungen von KEN-TOR et al. (2001a) und KAGAN et al. (2011) wahrscheinlich nicht korrekt. Umgekehrt: Ist deren Zuordnung korrekt und liegt tatsächlich eine kürzere Verweildauer vor⁵, dann kann MIGOWSKIS Zuordnung wahrscheinlich nicht korrekt sein. Allein diese Größe bzw. Unbekannte führt zu

Die Validität von ¹⁴C-Datierungen im Milieu des Toten Meeres ist nicht bekannt.

einer signifikanten Unsicherheit, die eine präzise Datierung nicht zulässt.

Für die vergangenen 2500 Jahre sollte angenommen werden können, dass die Validität der Radiokarbondatierungsmethode durch bekannte historische Ereignisse sehr gut gesichert ist. Fakt ist aber, dass die Verlässlichkeit der ¹⁴C-Datierung an Pflanzenresten und Karbonaten im Milieu des Toten Meeres nicht bekannt ist. Die ¹⁴C-Kalibrierungskurven (INTCAL98, STUIVER et al. 1998; INTCAL04, REIMER et al. 2004) für den diskutierten Zeitraum basieren auf Probensets dendrochronologisch datierter Baumringe, und zwar einem Mix aus Bäumen mittelhoher Breiten der nördlichen Hemisphäre (insbesondere Deutschland, Irland, Washington, Oregon und Kalifornien). Eine Kalibrierungskurve für das extreme Milieu des Toten Meeres gibt es nicht. Dieses Unkenntnis über die Verlässlichkeit lässt keine präzisen Datierungen zu, noch scheinen selbst Einstufungen in der Größenordnung von einigen Hundert Jahren korrekt zu sein. Da die Zuordnung von historischen bekannten Erdbeben zu den Seismiten subjektiv ist, kann auch diese „Seismit-Chronologie“ die ¹⁴C-Datierung weder unterstützen noch validieren. Selbst wenn die ¹⁴C-Datierungen im Rahmen ihrer 2 σ -Unsicherheiten (etwa bis zu ± 150

Jahre) korrekt wären, kann die Zuordnung der Erdbeben falsch sein, beispielsweise: Ein Beben war zu schwach, um am jeweiligen Ort einen Seismit bewirkt zu haben, oder: ein Seismit ist zwar vorhanden, aber das verursachende Beben ist historisch nicht belegt. Es kann auch sein, dass mehrere Erdbeben für das bis zu 300 Jahre umfassende Zeitfenster in Frage kommen, was ohnehin die Regel ist. Auch wenn Seismite über verschiedene Lokalisationen hinweg korreliert werden (z. B. KAGAN et al. 2011), bedeutet dies nicht, dass die o. g. Voraussetzungen erfüllt sind und die Korrelation korrekt ist. Nichtsdestotrotz können die Bearbeiter der Profile einen Treffer oder eine Trefferserie gelandet haben oder dicht am Ziel liegen; doch selbst wenn der Versatz nur einen einzigen Seismit betragen sollte, ist schlussendlich die Datierung falsch.

Fazit: Aus oben genannten Gründen wird die Wahrscheinlichkeit, dass es sich im Profil Ein Gedi bei Seismit No. 29 um das Beben 31 BC handelt, auf unter 50% eingeschätzt.

Können an den Sedimentlagen die Kalenderjahre abgezählt werden?

Entsprechend ihrer Basisannahme interpretieren WILLIAMS et al. (2012) die laminierten Sedimente als saisonale Ablagerungen. Für den zu untersuchenden Profildetailabschnitt (Tiefe 271,5 cm bis 283,3 cm) sind in ihrem Artikel zwei sich überlappende Groß-Dünnschliffe, die dazugehörige Auswertung der Mikrostratigraphie und ihre graphische Darstellung, also der Ausweis der Lagen und der Lagencouplets (= Warven), sowie eine dreiklassige Warvenqualitätsbestimmung abgebildet (Teilausschnitt siehe Abb. 4). Die Aufbereitung ist so gut, dass die Annahmen bis zu einem gewissen Grade nachvollzogen werden können. In einigen Bereichen sind die Lagen sehr dünn und/oder diffus, ein Erkennen einer

Lage daher schwierig oder nicht möglich. Gemäß den Abbildungen können in dem Profilabschnitt von 10,2 cm 119 Lagen bzw. 59,5 Warvenjahre gezählt werden, zuzüglich 2,5 Warvenjahre für deformierte Lagen bzw. Anteile des Bebens „31 AD“. Insgesamt sind die Kalenderjahre 31 BC bis 31 AD fortlaufend beschriftet. Die Autoren beziehen sich auf MIGOWSKI et al. (2004) und nehmen einen Zähl- bzw. Interpretationsfehler von 7,1% an, d. h. bei 62 Warvenjahren einen Fehlerwert von $\pm 4,4$ (gerundet 5) Warvenjahren. Daraus erschließt sich das Datum 31 AD mit einer Unsicherheitsangabe von ± 5 Jahren. Obwohl WILLIAMS et al. (2012) über die Hälfte der Warven als diskontinuierlich und nicht eindeutig charakterisieren, erhalten sie nach eigenen Aussagen unabhängig das gleiche Zählergebnis, nämlich 31 AD versus ~ 33 AD (MIGOWSKI et al. 2004).

WILLIAMS et al. (2012) diskutieren nicht ihre Annahme, dass es sich um Warven handelt; sie verweisen auf MIGOWSKI et al. (2004) sowie HEIM et al. (1997)⁶, die diesen Nachweis erbracht hätten. So liegt nach MIGOWSKI (2001) eine Warvierung nur für den (in Rede stehenden) Bereich unterhalb 0,78 m bis 3,04 m Sedimenttiefe vor⁷. Aufgrund der petrographischen Merkmale interpretiert sie (S. 46–47) die Sedimentbildungsbedingungen am Beckenrand des Toten Meeres als Winter-Flutereignisse aus den unmittelbar angrenzenden Wadis. Dabei wird Detritus in den See transportiert und als klastische* Lage sedimentiert; die evaporitischen* Lagen entstehen abhängig vom Ioneneintrag des Frischwassers sowie der Evaporationsrate. Reine Aragonit- und Gipslagen werden als Fällungsprodukte der niederschlagsfreien Monate angesehen. Die auftretenden Kombinationen (Muster) von klastischen Lagen, Aragonit- und Gipslagen (weniger häufig) ordnet die Autorin jeweils einem Jahr zu, wobei nie mehr als drei Lagen pro Jahr gebildet wurden. So wird beispielsweise bei einer Abfolge aus *klastischer Lage* und *Aragonitlage*, die von einer klastischen Lage überdeckt wird, dem ersten Lagenpaar ein Jahr zugewiesen. Folgt dagegen eine *Gipslage*, bilden alle drei Lagen zusammen ein Jahr. Definitionsgemäß beginnt jeweils ein Jahr mit einer klastischen Lage. Zwei gut ausgeprägte, unmittelbar übereinanderliegende klastische Lagen werden als zwei Flutereignisse innerhalb eines Jahres interpretiert.

Der Übergang von einem Flutereignis zu einer Jahresschichtung wird von MIGOWSKI (2001) allerdings nicht ausreichend vertieft und begründet. Einerseits beobachtet und folgert sie (S. 35–36): „Die Hypothese der unmittelbaren Ausfällung von Aragonit als Folge von Ioneneintrag durch Flutereignisse (STEIN et al. 1997, BARKAN et al. 2001) wird von der Beobachtung gestützt, dass bei den Abschnitten mit alternie-

render Ablagerung von klastischen und evaporitischen Lagen die Basis der Aragonitlagen unter dem Mikroskop häufig als dichtkristallisiert, von klastischem Material verunreinigt erscheint. Das bedeutet, dass die Ausfällung und Ablagerung des Aragonits bereits erfolgt, während sich der feinkörnige klastische Eintrag noch absetzt.“ Andererseits fährt sie unmittelbar fort: „Bei der Ausfällung und anschließenden Ablagerung reiner Evaporitlagen, meist Aragonit, spielt zusätzlich die Verdunstung eine große Rolle. Im Verlauf des Jahres, wenn die Temperaturen und somit auch die Verdunstung hoch genug sind, lagert sich Aragonit als reine Phase ab.“ Doch bereits NEEV & EMERY (1967) zeigten, dass die Bildung von „Aragonit-Warven“ nicht auf die sommerlichen Ausfällereignisse (das sogenannte „whitening“) zurückzuführen sind. Und die oben erwähnten Autoren BARKAN et al. (2001) folgern aufgrund ihrer Untersuchungen, dass zumindest ein Großteil der Aragonitausfällungen durch „Winterfluten“ (Eintrag durch den Jordan und Wadis) bedingt sind (HCO_3^- -Ionen eintrag des Frischwassers in den Ca_2^+ -reichen hypersalinen See). Sie widersprechen damit auch der weithin akzeptierten Auffassung, dass die „Aragonitwarven“ des Lisan-Sees⁸ (dem Vorgängersee des Toten Meeres) während der Sommermonate zu Zeiten erhöhter Evaporation gebildet wurden. MIGOWSKI (2001) entwickelt die Flutereigniskette nicht zu Ende, insbesondere ob die reine(re) Aragonitlage nämlich als Abschluss des Flutereignisses zu interpretieren ist, nachdem sich der feinkörnige klastische Eintrag abgesetzt hat. Demzufolge wäre die nächste Sequenz, die mit einer klastischen Lage beginnt, nicht als Beginn eines neuen Jahres zu interpretieren, sondern zunächst einmal als ein nächstes Flutereignis. Weder werden die Ausfällgeschwindigkeiten für Aragonit noch die Ausfällvolumina diskutiert. Vor allem wird nicht auf den Umstand von mehr als zwei Flutereignissen (ausgelöst durch heftige Regengüsse) in der niederschlagsreichen Herbst-/Winter-/Frühlings-Saison eingegangen. Denn mehrere, in der Anzahl schwankende Flutereignisse (oder auch keine) pro Regen-Saison würden das Konzept der Jahresschichtung bzw. der jahrgenaue Auflösung der Sedimentfolge unwahrscheinlich machen.

Ungeachtet der unsicheren und umstrittenen Sachlage ist MIGOWSKI (2001, 52) der Ansicht, ihre Arbeit habe den Nachweis einer Warvierung erbracht: „Die Übereinstimmung der Sedimentationsraten beider Modelle (Warven- und ^{14}C -Chronologie) bestätigt die Richtigkeit des jährlichen Ablagerungscharakters für die ausgezählten Abschnitte des Profils. Auf der Basis des in dieser Arbeit aufgestellten Sedimentationsmodells kann die Schlussfolgerung gezogen werden, dass in

allen Profilabschnitten, in denen eine Ausbildung von reinen karbonatisch-evaporitischen Lagen alternierend mit klastischen Lagen vorherrscht, eine Warvierung des Sedimentprofils vorliegt.“ Wird allerdings die Vorgehensweise nachverfolgt, ist einzuwenden, dass die „Warven-Chronologie“ und die daraus folgende Berechnung der Sedimentationsraten nicht unabhängig von der „¹⁴C-Chronologie“ entwickelt wurde. MIGOWSKI beschreibt (S. 48), wie sie in einer Voruntersuchung anhand von Detailaufnahmen zunächst die Lagen zwischen den ¹⁴C-Daten der Tiefen 2,50 m und 0,22 m in Schritten von 0,5 mm vermessen und gezählt hat. Die Zählung ergab für diesen zuvor ¹⁴C-datierten Zeitraum von 1190–1450 Jahren (2 σ) 1303 ausgezählte Einzellagen, darunter 432 Aragonitlagen, die mit 432 (Warven)jahren gleichzusetzen sind (in diesem Sinne wären nur etwa ein Drittel der Jahre repräsentiert). Sie stellt fest, dass im Vergleich mit dem ¹⁴C-datierten Zeitraum von 1190–1450 Jahren eine Diskrepanz vorliegt und „die Identifikation der einzelnen Lagen nur anhand der Farben auf

Jahresschichten können nicht nachgewiesen werden.

dem Foto nicht ausreicht“. Dies veranlasste sie, eine größere Auflösung vorzunehmen. Anschließend wurde der Abschnitt zwischen den ¹⁴C-Daten der Tiefen 3,04 m und 0,78 m nunmehr in Schritten von 0,1 mm gezählt. Diese Zählung ergab für den ebenfalls zuvor ¹⁴C-datierten Zeitraum von 1130–1500 Jahren (2 σ) 2690 Lagen; das Ergebnis (S. 48) lautet: „Die zugehörige Anzahl von Jahren (¹⁴C-Datierung) beläuft sich für diesen Abschnitt auf 1130–1500 Jahre, was dem Zählergebnis von 1505 Jahren relativ nahe kommt.“ Später heißt es (S. 51): „Da es sich bei dem aus der Zählung des warvierten Abschnittes resultierenden Alters-Tiefen-Modell um eine schwebende Chronologie handelt, wurde sie in die anhand der AMS-¹⁴C-Datierungen erstellten Alters-Tiefen-Kurve eingehängt (Abb. 5.6).“ Die Beschriftung zu Abb. 5.6 lautet sodann: „Das durch die Warvenvermessung aufgestellte Alters-Tiefen-Modell stimmt mit den AMS-¹⁴C-Daten innerhalb ihrer 2 σ -Bereiche relativ gut überein.“ Hier wird eine von ¹⁴C-Datierungen unabhängig erstellte Warven-Chronologie suggeriert, was aber anhand der zuvor erwähnten Voruntersuchung nicht der Fall ist.

Fazit. WILLIAMS et al. (2012) sehen eine Warvierung als gegeben an und haben keine eigenen diesbezüglichen Untersuchungen vorgenommen. Der Nachweis einer Warvierung im Ein Gedi-Profil im Sinne einer Jahresschichtung ist von MIGOWSKI (2001), der Originalbearbeiterin des Profils, nicht schlüssig erbracht worden. Alle Beobachtungen schließen auf eine Ereignisket-

Weitere deformierte Sequenzen unklarer Stellung

Eine Zusammenschau von MIGOWSKIS Tabellen (Tab. 1) für den relevanten Profilabschnitt gibt Rätsel auf. 1. Vier deformierte Sequenzen (vgl. MIGOWSKIS Tabellen E1 und 2) zwischen Lage No. 29 und No. 28 (Tiefe 2,742 m) erfahren keine Zuordnung und werden nicht weiter erwähnt. Auch die naheliegende deformierte Sequenz in einer Tiefe von 2,76 m beispielsweise könnte vom Beben 33 n. Chr. herrühren. Da theoretisch mehrere Seismite für das Beben 33 n. Chr. in Frage kommen, ist eine Aufstellung und Bewertung der Ereignisfolge oberhalb der Bezugslage No. 29 von

grundlegender Bedeutung. Doch WILLIAMS et al. (2012) nehmen keinen Bezug auf diese vier deformierten Lagen (sie weisen keine weiteren deformierten Lagen in dem von ihnen untersuchten Profilabschnitt aus). 2. Lage No. 28 ist bei der Originalbearbeitung des Profils (vgl. MIGOWSKIS Tabelle E1) nicht als deformierte Lage ausgewiesen. Die „Herkunft“ wird von MIGOWSKI et al. (2004) nicht erklärt (z. B. Revision des Profils in diesem Abschnitt). Dabei handelt es sich aber ausgerechnet um den Seismit, welchem sie das Datum 33 n. Chr. (Kreuzigung Jesu Christi) zuordnen.

Migowski 2001

Tab. E1

Deformierte Sequenzen

Anfang [cm]	Ende [cm]	Mächtigkeit [cm]	mixed layer
266,5	266,8	0,3	ML
268,2	268,6	0,4	ML
270,0	271,0	1,0	–
276,0	276,2	0,2	ML
276,5	276,7	0,2	ML
277,0	277,2	0,2	ML
278,0	278,2	0,2	ML
283,9	292,7	8,8	ML

Tab. D Warvenzählung (mit ausgewiesenen deformierten Sequenzen)

#	Tiefe [0,1 mm]	Dicke [0,1 mm]	Kalenderjahr
1263	26645	49	95 AD
1277	26820	38	80 AD
1430	28386	891	31 BC
1451	29493	91	90 BC
1500	30248	82	140 BC

Migowski et al. 2004

Tab. 2 Deformierte Sequenzen und ihre Zuordnung zu den Erdbeben

No.	Tiefe [m]	Dicke [cm]	Datum
26	2,6645	0,5	-90 AD
27	2,6820	0,4	76 AD
28	2,7420	0,2	33 AD 19 AD
29	2,8386	9,0	31 BC überprägt 64 BC
30	2,9493	1,0	92 BC
31	3,0248	1,0	140 BC

te im Zusammenhang mit Frischwassereintrag in der niederschlagsreichen Herbst-/Winter-/Frühlings-Saison. Ob überhaupt und wenn ja, wie häufig Flutereignisse innerhalb eines Jahres stattgefunden haben, ist nicht bekannt. Das heißt, solange nicht eine Jahresschichtung nachgewiesen ist, können auch keine Jahre abgezählt werden. Es kann allerdings sein, dass zu einem späteren Zeitpunkt der Nachweis einer Jahresschichtung noch erbracht wird.

Zusammenfassung und Ergebnis

Insgesamt geben WILLIAMS et al. (2012) einen vollumfänglichen, offenen und zu würdigenden Einblick in ihre Arbeit. Vorbildlich legen sie ihre Vorgehensweise dar und führen den Leser Schritt für Schritt durch ihre Annahmen, Ergebnisse und Schlussfolgerungen.

Sind die von WILLIAMS et al. (2012) aufgestellten Annahmen gegeben (das sind die o. g. Annahmen 1 und 3), wovon die Autoren ausgehen, so besteht eine hohe Wahrscheinlichkeit, dass sich zwischen 26 und 36 n. Chr. in dieser Region ein Erdbeben (M_L etwa ≥ 6) ereignete. So betrachtet gehen die Autoren nur ein geringes

Tab. 1 Ausschnitt und Zusammenschau des Ausweises deformierter Sequenzen im Profil Ein Gedi, Erklärung siehe Kasten. Datenbasis: MIGOWSKI (2001) und MIGOWSKI et al. (2004).

Bibel und Geologie

Der Artikel von WILLIAMS et al. (2012) hat, ohne es darauf abgesehen zu haben, für ein kurzes Aufsehen gesorgt. Am 24. 5. 2012 titelte *Discovery News*⁹: „Day of Jesus' Crucifixion Believed Determined. It's been debated for years, but researchers say they now have a definitive date of the crucifixion.“ Das zeugt von Oberflächlichkeit und Unverständnis, denn der Artikel hatte die Absicht, ein Erdbeben zu datieren, nicht das Datum der Kreuzigung Jesu Christi zu bestimmen. Auf diese Weise kann schnell die wissenschaftliche Integrität der Autoren in Zweifel gezogen werden.

Insbesondere sind die Schlussfolgerungen der Autoren (auf Basis ihrer gegebenen Annahmen, Diskussion s. o.) wissenschaftlich korrekt:

„Danach verbleiben drei Möglichkeiten als Ursache für das im Ein Gedi-Profil beobachtete 26-36 AD Erdbeben:

a) das im Matthäusevangelium beschriebene Erdbeben geschah mehr oder weniger wie berichtet;

b) das im Matthäusevangelium beschriebene Erdbeben war in Wirklichkeit von einem Erdbeben „entliehen“, welches sich irgendwann vor oder nach der Kreuzigung, aber während der Regierungszeit von Pontius Pilatus, ereignete;

c) das im Matthäusevangelium beschriebene Erdbeben ist eine allegorische Fiktion und der 26-36 AD Seismit wurde von einem Erdbeben verursacht, von welchem in noch vorhandenen historischen Aufzeichnungen nicht berichtet wird.“

Die genannten „Ursachen“ (b) und (c), theoretisch möglich, doch selbst schon Fiktion, zeugen vom Zeitgeist heutiger

Wissenschaft, übertriebene Vorsicht im Grenzbereich Naturwissenschaft und Theologie walten zu lassen. Das war nicht immer so und ist auch heute nicht durchgängig verbreitet. Die Bibel, zunächst einmal als historische Quelle, hatte und hat in der Geologie ihren Stellenwert. So beispielsweise bei BLANCKENHORN (1914, 141): „Schon die biblische Angabe des Vorkommens von ‚Pechbrunnen‘ in der Siddimau vor der Katastrophe von Sodom und Gomorrha beweist die Existenz von Erdöl- oder Asphaltquellen in der Umgebung des Toten Meeres in der Vergangenheit.“ Oder bei NEEV & EMERY (1995, 3): „[Die] Kenntnis von dem regionalen geologischen Hintergrund erlaubt die Übertragung der biblischen Beschreibungen in wissenschaftliche Ausdrucksweise, die nahelegt, dass die Geschichten von Sodom, Gomorrha und Jericho reale Ereignisse beschreiben, welche im Altertum stattfanden, bevor viel über Geologie bekannt war.“ Bemerkenswert dagegen Claudia MIGOWSKI, die das Erdbeben bei Jesu Kreuzigung in ihren Studien von 2001 nicht berücksichtigt, es sodann aber in der Zusammenarbeit mit ihren israelischen Kollegen in 2004 in ihrer „Seismit-Chronologie“ ergänzt.

Ein geologischer Artikel, der diese Kombination von Schlagworten aufweist – Totes Meer, Holozän, Warven, Erdbeben, Kreuzigung, Neues Testament – und welcher die Textstellen Mt 27,50-51; 28,1-2 sowie Apg 16,25-26 zitiert und im Rahmen des historischen Gesamtkontextes der Kreuzigung beschreibt und geologisch „auslegt“¹⁰, ist außergewöhnlich.

Risiko ein. Selbst wenn ein größerer Fehler bei der Warvenzählung berücksichtigt wird, z. B. 62 ± 20 Warvenjahre ($\pm 32\%$), gibt es in dem Zeitraum von 11 bis 51 n. Chr. kein historisch bezeugtes und qualifizierendes Erdbeben, sodass es wahrscheinlich bleibt, dass es sich um das Erdbeben bei Jesu Kreuzigung handelt.

Anders verhält es sich, wenn eine oder mehrere der Basisannahmen nicht oder nur einschränkend gegeben sind. Das ist nach dieser Analyse der Fall. Zusammenfassend wird festgestellt:

1. Die deformierten Sequenzen sind mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit Seismiten.

2. Die Datierung des Seismits an der Basis des Profilabschnitts (No. 29) ist nicht sicher. Die Validität der ¹⁴C-Datierung an organischem Material und Karbonaten im Milieu des Toten Meeres ist nicht bekannt. MIGOWSKIS „Warven-Chronologie“ validiert die ¹⁴C-Datierung nicht; vielmehr wurde sie vom zeitlichen Rahmen der

¹⁴C-Datierung abgeleitet. Die Zuordnung von historisch bekannten Erdbeben zu den Seismiten ist subjektiv; auch eine „Seismit-Chronologie“ kann die ¹⁴C-Datierung weder unterstützen noch validieren.

3. Die laminierten Sedimente in dem diskutierten Profilabschnitt werden als Ereignislagen interpretiert. Eine Saisonalität im Sinne einer Warvierung ist nicht nachgewiesen. Ein Ereignis (heftiger Regenfall, Sturzflut) könnte mehrmals in einem Jahr stattgefunden haben oder auch ausgeblieben sein. Eine Abzählung der Sedimentlagen als Kalenderjahre ist mit sehr hoher Unsicherheit behaftet.

4. Es besteht Unklarheit über vier weitere Seismiten zwischen Lage No. 29 und No. 28, des Weiteren über die „Herkunft“ der Lage No. 28 selbst, welche bei der Originalaufnahme des Profils nicht ausgewiesen wurde.

5. Insgesamt wird die Wahrscheinlichkeit, dass es sich bei dem fraglichen Seismit (No. 28) um das Erdbeben bei Jesu Kreuzigung (30-33 n. Chr.) handelt, mit deutlich kleiner 50% eingeschätzt. Das soll nicht bedeuten, dass das Beben keine seismische Deformationen an Bodensedimenten des Toten Meeres hervorgerufen haben könnte. Davon ist durchaus auszugehen. Der Einwand soll vielmehr besagen, dass nach gegenwärtigem Erkenntnisstand bei grundlegender Betrachtung eine Datierung nicht möglich bzw. mit zahlreichen signifikanten Unsicherheiten behaftet ist.

Was fehlt, sind eine oder mehrere unabhängige Zeitmarken, beispielsweise identifizierbare Aschelagen (Thera-Eruption?, auch wenn etwa 1500 Jahre früher) oder, was an der Lokalität nicht auszuschließen ist, datierbare zivilisatorische Überreste. Nur durch solche Verankerungen könnten die bisherigen Datierungsversuche validiert werden. Die aktuogeologische Situation könnte durch Aufstellen von Sedimentfallen und der weiteren Analyse des Aragonit-Ausfallmechanismus untersucht werden. Sodann müsste evaluiert werden, ob die Ergebnisse auf die Vergangenheit übertragen werden können. Weiterhin könnte der Versuch unternommen werden, die Radiokarbondatierungsmethode für das Milieu des Toten Meeres zu kalibrieren.

Es ist zu wünschen, dass die angesprochenen Datierungsunsicherheiten durch neue Erkenntnisse eingegrenzt oder beseitigt werden können. Jefferson B. WILLIAMS will seine Forschungen fortsetzen. Im Interview mit *Discovery News* äußerte er, dass er einem weiteren Naturereignis bei der Kreuzigung Jesu Christi nachspüre, der Finsternis. Solch eine Finsternis könnte von einem Staubsturm ausgelöst worden sein. So gilt es, die Ablagerungen auf Windeinträge hin zu überprüfen.

Dank

Dr. Martin ERNST und Dr. Reinhard JUNKER danke ich für die Durchsicht des Manuskripts und wertvolle Hinweise, Jefferson B. WILLIAMS für die Zurverfügungstellung der Abbildungen 3 und 4.

Anmerkungen

- 1 <http://www.deadseaquake.info/home/>, Abfrage 8.1. 2013
- 2 Wahlweise werden anstelle von „v./n. Chr.“ auch die internationalen Abkürzungen AD (Anno Domini) und BC (Before Christ) verwendet.
- 3 BP = before present, bezogen auf 1950
- 4 Eine Diskussion von ¹⁴C-Datierungsergebnissen nahegelegener archäologischer Stätten würde über den Rahmen dieses Artikels hinausgehen.
- 5 KEN-TOR et al. (2001a): „... the lag period due to transport and deposition of vegetation debris is very short in this arid environment, probably not more than a few decades.“ KAGAN et al. (2011): „... transport time very short ...“
- 6 HEIM et al. (1997) kennen aber die Ergebnisse von BARKAN et al. (2001) noch nicht und konstruieren eine Jahresschichtung: „Thus the pollen data confirms that the dark layers formed in autumn-winter-spring while the light layers were deposited during summer.“
- 7 MIGOWSKI et al. (2004) übernehmen die Ergebnisse von MIGOWSKI (2001).
- 8 Eine Diskussion der Bildung der Lisan-Formation würde über den Rahmen dieses Artikels hinausgehen.
- 9 <http://news.discovery.com/history/jesus-crucifixion-120524.html>, Abfrage 21. 12. 2012
- 10 Beispielsweise: Das Beben in Mt 28,1-2 wird als Nachbeben interpretiert. Die Dicke des Vorhangs zum Allerheiligsten wird diskutiert.

Literatur

- AGNON A, MIGOWSKI C & MARCO S (2006) Intraclast breccia layers in laminated sequences: Recorders of paleo-earthquakes. *Geol. Soc. Am. Spec. Pap.* 401, 195-214.
- AMIRAN DHK, ARIEH E & TURCOTTE T (1994) Earthquakes in Israel and adjacent areas: Macroseismic observations since 100 B.C.E. *Israel Exploration Journal* 44, 260-305.
- BARKAN E, LUZ B & LAZAR B (2001) Dynamics of the carbon dioxide system in the Dead Sea. *Geochimica et Cosmochimica Acta* 65, 355-368.
- BLANCKENHORN M (1914) Syrien, Arabien und Mesopotamien. *Handbuch der Regionalen Geologie*, V. Band, 4. Abteilung, Heidelberg.

- ENZEL Y, KADAN G & EYAL Y (2000) Holocene earthquakes inferred from a fan-delta sequence in the Dead Sea Graben. *Quat. Res.* 53, 34-48.
- JOSEPHUS F (1981) *The Jewish war*. Revised edn. by SMALLWOOD EM of WILLIAMSON GA translation, New York.
- HEIM C, NOWACZYK NR, NEGENDANK JFW, LEROY SAG & BEN-AVRAHAM Z (1997) Near East desertification: Evidence from the Dead Sea. *Naturwissenschaften* 84, 398-401.
- HUMPHREYS CJ & WADDINGTON WG (1983) Dating the crucifixion. *Nature* 306, 743-746.
- KAGAN E, STEIN M, AGNON A & NEUMANN F (2011) Intra-basin paleoearthquake and quiescence correlation of the late Holocene Dead Sea. *Journal of Geophysical Research* 116, B04311, doi:10.1029/2010JB007452.
- KARCZ I (2004) Implications of some early Jewish sources for estimates of earthquake hazard in the Holy Land. *Annals of Geophysics* 47, 759-792.
- KEN-TOR R, AGNON A, ENZEL Y, & STEIN M (2001a) High resolution geological record of historic earthquakes in the Dead Sea Basin. *Journal of Geophysical Research* 106, B, 2221-2234.
- KEN-TOR R, STEIN M, ENZEL Y, AGNON A, MARCO S & NEGENDANK JFW (2001b) Precision of calibrated radiocarbon ages of historic earthquakes in the Dead Sea Basin. *Radiocarbon* 43, 1371-1382.
- MIGOWSKI C (2001) Untersuchungen laminierter holozäner Sedimente aus dem Toten Meer. Rekonstruktionen von Paläoklima und -seismizität. Potsdam.
- MIGOWSKI C, AGNON A, BOOKMAN R., NEGENDANK JFW & STEIN M (2004) Recurrence pattern of Holocene earthquakes along the Dead Sea transform revealed by varve-counting and radiocarbon dating of lacustrine sediments. *Earth and Planetary Science Letters* 222, 301-314.
- NEEV D & EMERY KO (1967) The Dead Sea, depositional processes and environments of evaporites. *Geol. Surv. Israel Bull.* 41, 1-147.
- NEEV D & EMERY KO (1995) *The Destruction of Sodom, Gomorrah, and Jericho. Geological, Climatological, and Archaeological Background*. New York.
- RECHES Z & HOEXTER DF (1981) Holocene seismic and tectonic activity in the Dead Sea area. *Tectonophysics* 95, 75-89.
- REIMER PJ et al. (2004) IntCal04 terrestrial radiocarbon age calibration, 0-26 cal kyr BP. *Radiocarbon* 46, 1029-1058.
- STEIN M, STARINSKY A, KATZ A, GOLDSTEIN SL, MACHLUS M & SCHRAMM A (1997) Strontium isotopic, chemical, and sedimentological evidence for the evolution of Lake Lisan and the Dead Sea. *Geochimica et Cosmochimica Acta* 61, 3975-3992.
- STUIVER M, REIMER PJ, BARD E, BECK JW, BURR GS, HUGHEN KA, KROMER B, MCCORMAC G, VAN DER PLICHT J & SPURK M (1998a) IntCal98 radiocarbon age calibration, 24,000-0 cal BP. *Radiocarbon* 40, 1041-1083.
- WILLIAMS JB, SCHWAB MJ & BRAUER A (2012) An early first-century earthquake in the Dead Sea. *International Geology Review* 54, 1219-1228.

Anschrift des Verfassers:

*Michael Kotulla, SG Wort und Wissen,
Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn;
email: m.kotulla@wort-und-wissen.de*

Ältester fossiler Wald ist „überraschend komplex“

Der Weg von kleinen krautigen Pflanzen zu gestandenen Bäumen im Laufe des Devons scheint unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen beachtlich schnell verlaufen zu sein. Nun hat sich herausgestellt, dass der älteste Wald sehr viel komplexer war als bisher angenommen. Der bereits 1920 entdeckte Gilboa-Wald aus dem Mitteldevon Nordamerikas konnte neu untersucht werden und bot einige Überraschungen.

Reinhard Junker

Zur Zeit des Devons vor 359–416 Millionen Jahren gemäß Isotopen-Datierungen sollen sich nach evolutionstheoretischen Vorstellungen viele Schritte der Eroberung des Landes durch Pflanzen ereignet haben. Der Weg von niedrigen krautigen Pflanzen bis zu Bäumen, die es der Größe nach mit heutigen Bäumen aufnehmen konnten, wurde dabei erstaunlich schnell zurückgelegt. Bereits ab dem oberen Mitteldevon (ca. 380 Millionen Jahre) sind Überreste der baumförmigen Gattung *Archaeopteris* („alter Farn“) bekannt, die bis 30 m hoch werden konnte und zu den Progymnospermen gerechnet wird. Diese Gruppe zeichnet sich durch eine ungewöhnliche Kombination aus gymnospermenartigem Holz (vergleichbar heutigen Nacktsamern) und dem Besitz von Sporen als Verbreitungsmittel aus (was u. a. für Farne typisch ist; Gymnospermen bilden dagegen Samen). *Archaeopteris* war Hauptbestandteil oberdevonischer Wälder.

Die *Archaeopteris*-Wälder halten aber nicht den Altersrekord. Im Jahr 1920 wurden bei Gilboa in den Catskill Mountains im Bundesstaat New York (USA) bei Bauarbeiten fossile Überreste eines mitteldevonischen Waldes ausgegraben. Es waren hunderte Ausgüsse von Baumstümpfen hohler Bäume entdeckt worden, die auf etwa 8–10 m Wuchshöhe schließen ließen. Sie erhielten den Gattungsnamen *Eospermatopteris* („alter Samenfarne“). Es wurde vermutet, dass der Gilboa-Wald einfach aufgebaut war und nur aus dieser einen Art bestand. Erst im Jahr 2007 konnte eine Verbindung zu den oberen Teilen der Pflanze, also ihrer Baumkrone nachgewiesen werden: es handelte sich um die

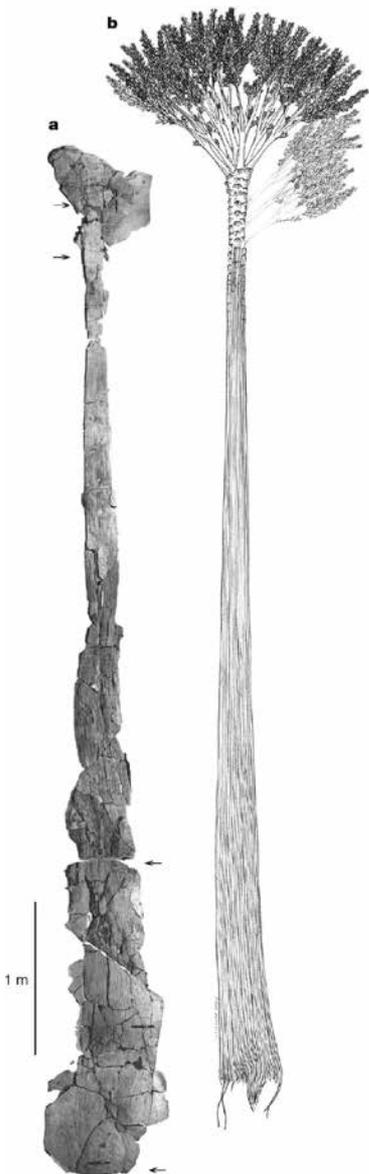
Gattung *Wattieza* (Abb. 1) aus der Ordnung der Pseudosporochnales (Klasse Cladoxylopsida), die als Farnvorläufer diskutiert werden (STEIN et al. 2007). Bemerkenswert ist die Ähnlichkeit der rekonstruierten Pflanzengestalt (Habitus) mit heutigen Baumfarne und Cycadeen, mit denen die devonischen Pseudosporochnales aber nicht verwandt sind. Der Habitus (die Gestalt) muss als konvergent angesehen werden. Er unterscheidet sich deutlich von *Archaeopteris*. STEIN et al. (2007) vermuten auch eine andere Ökologie: Während *Eospermatopteris*/*Wattieza* zu einer Art Auenlandschaft passen, sei *Archaeopteris* ein Besiedler von Ufergebieten.

Neue Untersuchungen

Vor zwei Jahren bot sich nun die Möglichkeit, den Gilboa-Wald erneut zu untersuchen. Der Steinbruch, aus dem seine Überreste stammten, war nach dem Bau eines Damms verfüllt worden. Im Zuge von Wartungsarbeiten am Damm wurde das Material teilweise wieder abgeräumt, so dass die Fundstelle genauer untersucht werden konnte – insgesamt etwa 1200 Quadratmeter.

Dabei zeigte sich, dass der Gilboa-Wald „sehr viel komplexer aufgebaut war als bislang angenommen“ (MEYER-BERTHAUD & DECOMBEIX 2012, 41). Eine Forschergruppe um den Paläobotaniker Bill STEIN registrierte alle Pflanzenfossilien, die auf der freigelegten Ebene konserviert worden waren (STEIN et al. 2012). Neben den bekannten Baumstümpfen unterschiedlichen Alters und dazugehörigen Wurzelsystemen fanden sie waagrecht verlaufende, etwa 15 cm dicke und bis 4 m lange rhizomartige Holzstämme, die den Stämmen von Progymnospermen aus der Ordnung der Aneurophytales ähneln. Diese Pflanzengruppe ist mit den Pseudosporochnales nicht

Abb. 1 Links: Aus mehreren fossilen Bruchstücken zusammengesetzter Stamm von *Eospermatopteris*, rechts eine Rekonstruktion von Stamm und Krone, die bis zum Jahr 2007 nur als Formgattung *Wattieza* bekannt war. Höhe ca. 8 m, South Mountain, New York. (Aus STEIN et al. 2007)



näher verwandt. An den waagerechten Stämmen befanden sich Adventivwurzeln (sprossbürtige Wurzeln), die einen Durchmesser von etwa 5 mm aufweisen. Darüber hinaus wurde ein Baum mit einer Rinde eines baumförmigen Bärlappgewächses gefunden (vgl. MEYER-BERTHAUD & DECOMBEIX 2012). Solche Bärlappbäume sind vor allem als Bestandsbilder der Karbonwälder bekannt. Damit finden sich Vertreter dreier sehr verschiedener Pflanzengruppen im Gilboa-Wald.

Vertreter dreier sehr verschiedener Pflanzengruppen kommen im Gilboa-Wald vor.

Erstaunlicherweise besaßen die rhizomartigen Stämme der Aneurophyten „modern“ anmutendes bifaziales Kambium. Das Kambium ist eine Wachstumsschicht in den Stämmen und sorgt für das sekundäre Sprosswachstum. „Bifazial“ bedeutet, dass diese Schicht nach innen und außen Gewebe produziert: Wasserleitungsgewebe nach innen (Holzteil, Xylem) und Nährstoffleitungsgewebe (Phloem) nach außen. Eine Reihe von Aneurophyten war aus dem Mitteldevon bereits bekannt, nun aber wurden erstmals als moderne Merkmale sekundäres Holz und ein bifaziales Kambium bei einer Art nachgewiesen. Bemerkenswert ist, dass sekundäres Xylem nur in den Rhizomen, also den waagerechten Sprossen gefunden wurde, nicht jedoch in den Luftzweigen. Damit ist – so MEYER-BERTHAUD & DECOMBEIX (2012) – in Frage gestellt, dass Holz zur Verbesserung der Festigkeit evolvierte, da die Luftsprosse gar nicht in der Lage waren, sich selbst zu stützen. Vermutlich wanden sich diese Pflanzen an den *Eospermatopteris*-Bäumen als Kletterpflanzen hoch. Die Merkmale der Pflanzen des Gilboa-Waldes erklären sich demnach aus ihrer ökologischen Rolle und nicht notwendigerweise aus evolutionstheoretischen Mutmaßungen.

Aufgrund der neuen Forschungsergebnisse ergibt sich als Gesamtbild, dass es sich um eine ehemalige tropische Auenlandschaft handelte, bestehend aus großen, hohlen *Eospermatopteris*-Bäumen, die schwächtigen, hohlen, bambusartigen Bäumen glichen und Wurzeln besaßen, die in alle Richtungen abgingen und anderen Pflanzen Halt boten. Die basalen, waagrecht verlaufenden Teile der Aneurophyten waren um diese Wurzeln herum angeordnet, die Triebe kletterten lianenartig an den Stämmen hoch, besaßen dreidimensionale Wedel und bildeten eine den heutigen Farnen vergleichbare Schicht. Die Bärlappbäume waren offenbar seltener; ihre Kronen und basalen Teile wurden nicht gefunden. Die Rekonstruktion dieses Waldes brachte es immerhin auf das Cover der *Nature*-Ausgabe vom 1. März 2012.

Abbildung online nicht verfügbar

Eine spezielle ökologische Nische

Darauf, dass der Gilboa-Wald eine spezielle ökologische Nische innehatte, weisen auch die rekonstruierten Lebensbedingungen hin. Schräggeschichtete Sandsteine im Gilboa-Gebiet, die mehrere Lagen mit *Eospermatopteris* enthalten, legen nahe, dass es wiederholt zu möglicherweise katastrophalen Prozessen und häufigen Störungen der Lebewelt kam (STEIN et al. 2012, 81). Der Wurzelhorizont ist ein dunkler, grauer, sandiger Tonstein, in den die Wurzeln nur wenig eindringen (STEIN et al. 2012, 78). Die Forscher

Die frühere Deutung als Besiedler von stabilen, ruhigen Sumpfbereichen muss aufgegeben werden.

vermuten aufgrund der Sedimentationsverhältnisse, dass der Wald an der Küste bei tektonisch instabilen Verhältnissen mit starken Wasserspiegelschwankungen („brutal episodes of sea-level rise“, MEYER-BERTHAUD & DECOMBEIX 2012, 42) wuchs, so dass die Pflanzen immer wieder überschwemmt und mit Sediment bedeckt wurden. Daher konnten die Bäume nicht allzu sehr in die Höhe wachsen, und wahrscheinlich waren sie schnellwüchsig. Unter diesen Umständen konnten sie auch nicht als Kohlebildner fungieren. Die frühere Deutung als Besiedler von stabilen, ruhigen Sumpfbereichen muss daher aufgegeben werden.

Abb. 2 Frühere einfachere Rekonstruktion eines *Wattieza*-Waldes. Mittlerweile ist klar, dass der „erste Wald“ komplexer aufgebaut war. (www.renderosity.com/mod/bcs/wattieza-dr/96120)

Schlussfolgerungen

Im oberen Mitteldevon sind bereits verschiedene Typen von Bäumen und mindestens zwei „Typen“ von Wäldern nachgewiesen. Angesichts der Tatsache, dass im Unterdevon vorwiegend krautige Landpflanzen fossil überliefert sind, erscheint in evolutionstheoretischer Perspektive das Tempo, in dem Wälder mit Arten entstanden, die z. T. modern anmutendes Holz besaßen, erstaunlich. Mitte des 20. Jahrhunderts diskutierte AXELROD (1959) die Möglichkeit, dass es sich bei den devonischen Lebensräumen nicht um Evolutionsstadien, sondern um ökologische Abfolgen und Einwanderungen in Überlieferungsgebiete handelt. Dieser Ansatz wurde kaum weiterver-

folgt. Das insgesamt relativ plötzliche Auftreten eines „überraschend komplexen“ Waldes könnte diese Deutungsmöglichkeit aber neu beleben.

Literatur

- AXELROD DI (1959) Evolution of the psilophyte paleoflora. *Evolution* 13, 264-275.
- MEYER-BERTHAUD B & DECOMBEIX AL (2012) In the shade of the oldest forest. *Nature* 483, 41-42.
- STEIN WE, MANNOLINI F, VAN ALLER HERNICK L, LANDING E & BERRY CM (2007) Giant cladoxylopid trees resolve the enigma of the Earth's earliest forest stumps at Gilboa. *Nature* 446, 904-907.
- STEIN WE, BERRY CM, VAN ALLER HERNICK L & MANNOLINI F (2012) Surprisingly complex community discovered in the mid-Devonian fossil forest at Gilboa. *Nature* 483, 78-81.

„Vormensch“ verliert seinen Status

Australopithecus erweist sich als guter Kletterer

Die Australopithecinen werden trotz ihrer im allgemeinen recht großaffenähnlichen Schädel- und Zahnstruktur als „Vormenschen“ gedeutet, denn Körperstamm und Extremitätenskelett seien schon deutlich zum Menschen hin evolviert. Diese behauptete Menschenähnlichkeit wird durch neue Untersuchungen in Frage gestellt, die frühere Forschungsergebnisse unterstützen, nach denen die Australopithecinen keine Ahnen des Menschen sind.

Michael Brandt

Einleitung

Die beiden Forscher David J. GREEN und Zeresenay ALEMSEGED haben 2012 in *Science* eine bemerkenswerte Untersuchung zum Schulterblatt von *Australopithecus afarensis* publiziert. Mit dieser Analyse wurde eine seit Jahrzehnten kontrovers diskutierte Frage zur Fortbewegung der Australopithecinen vermutlich entschieden: Haben diese Tiere einen wesentlichen Teil ihres Lebens in Bäumen verbracht?

Unbestritten war, dass *Australopithecus afarensis* im Schulterbereich großaffenähnliche Merkmale besitzt. Aber wie sicher sind diese Merkmale und wie sind sie zu interpretieren?

Einige Forscher sahen in den großaffenähnlichen Merkmalen der oberen Extremitäten von *Australopithecus afarensis* eine Anpassung an eine Fortbewegung in Bäumen (STERN & SUSMAN 1983, SUSMAN et al. 1984, SUSMAN & STERN 1991, STERN 2000). Andere Forscher behaupteten einfach, dass die Klettermerkmale

funktionslose Überbleibsel von Lebewesen seien, von denen sie abstammen (LOVEJOY 1988, LATIMER 1991, WARD 2002). Dies ist eine recht willkürliche, kaum falsifizierbare Interpretation. Die Selektion müsste solche funktionslosen Merkmale eigentlich ausgemerzt haben. Und es wurde behauptet, dass bei *Australopithecus afarensis* („Lucy“) die mehr nach oben ausgerichtete Schultergelenkspfanne ein allometrischer Effekt sei, d. h. durch die geringe Körpergröße hervorgerufen. Mit anderen Worten: Menschenähnliche Formen mit einer geringen Größe wie „Lucy“ besaßen auch eine mehr nach oben ausgerichtete Schultergelenkspfanne (MENSFORTH et al. 1990, INOUE & SHEA 1997).

Das Schulterblatt (Scapula) ist ein Schlüsselknochen in der Beurteilung der Fortbewegungsweise von Primaten. Aber dieses Knochenelement ist fossil sehr selten und wenn, dann nur bruchstückhaft erhalten. Mit der Entdeckung des *Australopithecus afarensis*-Teilskelettes von Dikika (DIK-1-1), Äthiopien, veränderte sich die Datenlage grundlegend. Man besitzt nun ein

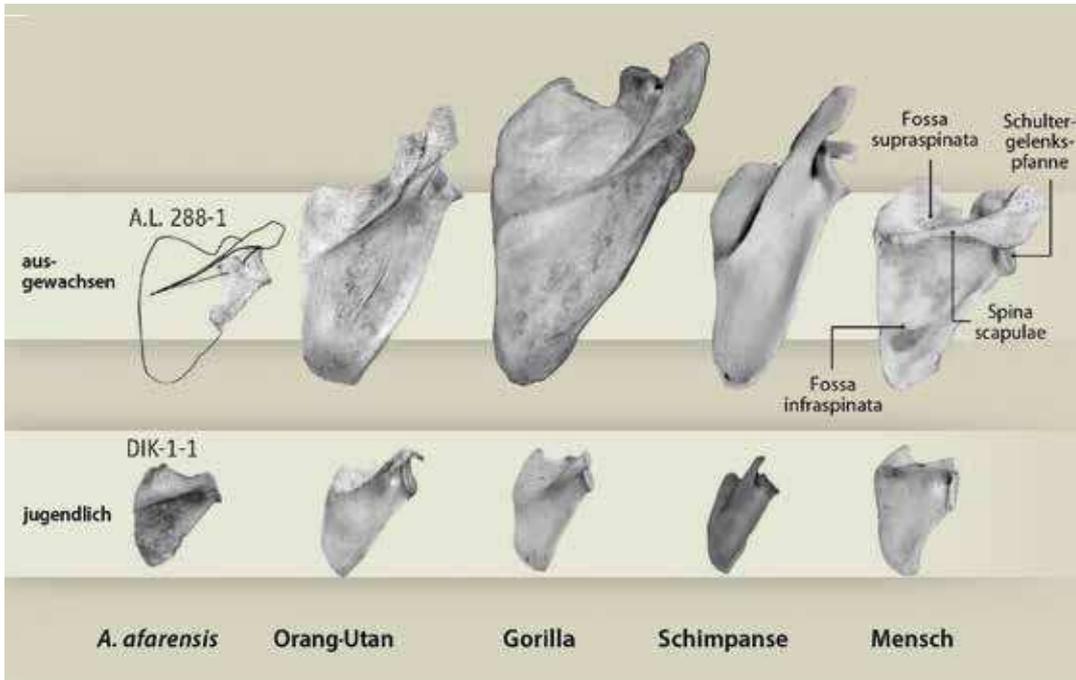


Abb. 1 Das Schulterblatt der Großaffen, des Menschen und von *Australopithecus afarensis* im Kindheits- und Erwachsenenalter. Die nach unten ausgerichtete Schultergelenkspfanne und die mehr horizontale Spina scapulae des juvenilen (jugendlichen) Menschen stehen im Gegensatz zur nach oben ausgerichteten Schultergelenkspfanne und schrägen Spina scapulae der juvenilen Großaffen und des juvenilen *Australopithecus afarensis*. Bei den adulten (ausgewachsenen) Großaffen und *Australopithecus afarensis* ist weiterhin die Schultergelenkspfanne nach oben ausgerichtet und die Spina scapulae verläuft schräg, beim adulten Menschen ist gegenüber dem juvenilen Menschen die Schultergelenkspfanne mehr nach außen ausgerichtet und die Spina scapulae verläuft noch stärker horizontal. Die Rekonstruktion des adulten Schulterblattes von *Australopithecus afarensis* basiert auf AL 288-1 und Merkmalen von DIK-1-1. Die adulten Schulterblätter sind angenähert maßstabsgetreu. (AUS LARSON 2012)

nahezu vollständig erhaltenes rechtes Schulterblatt eines juvenilen (kindlichen) Individuums von *Australopithecus*.

Schulter von *Australopithecus gut zum Klettern*

Die erste Analyse des teilweise in Sandstein eingebetteten Schulterblattes zeigte eine große Ähnlichkeit mit dem juvenilen Gorilla (ALEMSEGED et al. 2006). Sechs Jahre später legen GREEN & ALEMSEGED (2012) eine ausführliche Analyse der rechten und linken Scapula von DIK-1-1 frei von Sandsteinmaterial vor. Sie vergleichen diese Schulterblätter mit denen anderer Funde von *Australopithecus afarensis* (AL 288-1, KSD-VP-1/1), *Australopithecus africanus* (Sts 7, Stw 162), fossilen Menschen (*H. ergaster* KNM-WT 15000, *H. floresiensis* LB6/4), lebenden Großaffen und Menschen.

Manche Forscher interpretierten die Klettermerkmale einfach als funktionslose Überbleibsel von Vorläuferformen.

Es gibt zwei wesentliche Unterschiede in der Schulterblattmorphologie zwischen den lebenden Großaffen und Menschen (Abb. 1):

1. Die Spina scapulae (Knochenkamm auf der Rückseite des Schulterblattes) verläuft bei den Großaffen schräg und beim Menschen mehr horizontal. Die schräg verlaufende Spina scapulae geht mit einer craniocaudal (in Längsrichtung) engen Fossa infraspinata und einer breiten

Fossa supraspinata einher (Begriffe s. Abb. 1). Bei einer mehr horizontal verlaufenden Spina ist das Größenverhältnis der beiden Gruben umgekehrt. Eine schräg verlaufende Spina mit entsprechendem Größenverhältnis der beiden Gruben ermöglicht eine optimale Wirkung der Muskeln, die ein Auskugeln des Oberarmkopfes beim Klettern verhindern.

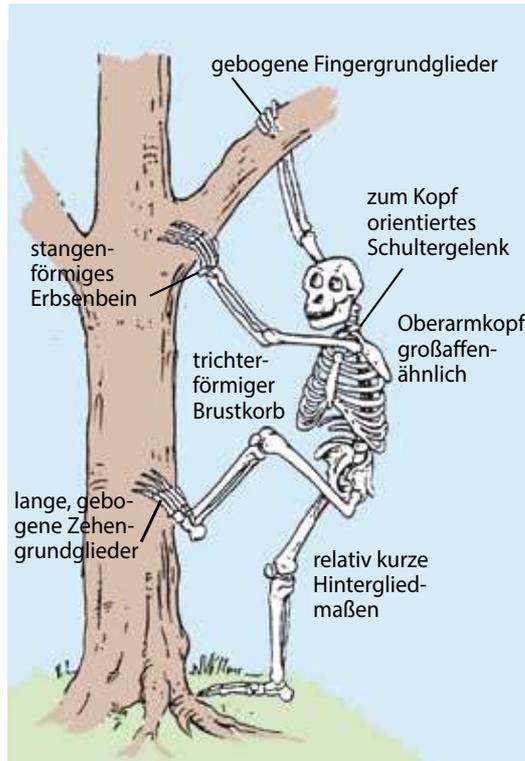
2. Die Cavitas glenoidalis (Schultergelenkspfanne) ist bei den Großaffen mehr nach oben, beim Menschen mehr zur Seite ausgerichtet. Die Ausrichtung mehr nach oben ermöglicht eine effektive Verteilung der Belastung des Gelenkes während des Kletterns bei Belastung der oberen Gliedmaßen.

Die Untersuchung von GREEN & ALEMSEGED (2012) zeigt, dass das Schulterblatt von *Australopithecus* eine von *Homo* deutlich verschiedene großaffenähnliche Struktur besitzt. Mit der erstmaligen Untersuchungsmöglichkeit eines juvenilen Schulterblattes konnte auch das Entwicklungsmuster der Schulter von *Australopithecus afarensis* bestimmt werden.

Die mehr kopfwärts gerichtete Schultergelenkspfanne der adulten (ausgewachsenen) Australopithecinen ist auch beim juvenilen *Australopithecus* nachweisbar. Während des Wachstums bleibt also die Ausrichtung der Schultergelenkspfanne wie bei den Großaffen erhalten. Beim Menschen dagegen ist zunächst die Schultergelenkspfanne etwas nach unten gerichtet. Mit zunehmendem Wachstum verändert sich diese Ausrichtung dann mehr nach außen. Damit ist nachgewiesen, dass die Ausrichtung der Schultergelenkspfanne von „Lucy“ nicht wie behauptet durch die geringe Körpergröße bedingt ist.

Auch die Spina scapulae war bei den

Abb. 2 Mögliche Fortbewegung bei *Australopithecus afarensis*: Stemmgreifklettern, Watschelgang und charakteristische morphologische Merkmale. (Nach FLEAGLE 1988)



Australopithecinen das ganze Leben lang wie bei den Großaffen schräg ausgerichtet. Das menschliche Wachstumsmuster ist wiederum von dem der Australopithecinen und Großaffen verschieden. Die Spina scapulae richtet sich im Verlauf des Wachstums mehr nach schräg aus, ohne aber großaffenähnliche Verhältnisse zu erreichen.

Die Morphologie der Schulter ist die Grundlage für den Bewegungsbereich der oberen Extremität. Die Haltung der oberen Extremitäten oberhalb des Kopfes während des Kletterns beginnt bei den Großaffen frühzeitig und bleibt auch bei großen Tieren bestehen. Der Mensch benutzt seine oberen Extremitäten für verschiedene Aufgaben, aber kaum in Überkopfhaltung. Deshalb hat die Schulter des Menschen ein anderes Wachstumsmuster als die der Großaffen und Australopithecinen.

Neue Untersuchung des Oberarms von *Australopithecus afarensis*

ARIAS-MARTORELL et al. (2012) haben in einer jüngsten Analyse das proximale (körpernahe) Ende des Oberarmknochens (Humerus) der lebenden Großaffen und Menschen sowie von *Australopithecus afarensis* untersucht. Es wurden signifikante Unterschiede zwischen diesen Lebewesen festgestellt, die bisher nicht bekannt waren. Die proximale Humerusmorphologie des Menschen unterscheidet sich deutlich von der der Großaffen und von *Australopithecus afarensis*, wobei letztere dem Orang-Utan am ähnlichsten sind!

Alte Untersuchungsergebnisse bestätigt

Interessant ist, dass bereits vor vier Jahrzehnten Forscher um Charles OXNARD zu ähnlichen Ergebnissen wie GREEN & ALEMSEGED (2012) und ARIAS-MARTORELL et al. (2012) gekommen sind. Untersuchungsobjekte waren ein nur bruchstückhaft erhaltenes Schulterblatt von *Australopithecus africanus* aus Sterkfontein (Sts 7) und ein Teil eines Schlüsselbeines von „*Homo*“ *habilis* aus Olduvai (OH 48) (OXNARD 1968a, b). Die Schulter der Australopithecinen unterscheidet sich nach OXNARD (1975) in einmaliger Weise von der Schulter des Menschen und der afrikanischen Großaffen. Sie unterscheidet sich aber auch von der aller anderen lebenden Primaten, wobei die größte Ähnlichkeit mit der Schulter des Orang-Utans (*Pongo*), der sich akrobatisch-kletternd fortbewegt, besteht. Dieses Ergebnis war überraschend. Da es auf bruchstückhaften Fossilien basierte, wurde es von OXNARD als nur vorläufig angesehen. Jedoch konnte dieses Ergebnis auf der Basis umfangreicherer Analysen, an denen OXNARD ebenfalls beteiligt war, bestätigt werden. ZUCKERMAN et al. (1973) und ASHTON et al. (1981) untersuchten das Becken von *Australopithecus africanus* (Sts 14) und kamen zu dem Schluss, dass *Australopithecus* einer Anzahl von Hinterextremitäten-Akrobaten (z.B. *Pongo*) ähnelt. Diese fossilen Wesen unterscheiden sich ungefähr in gleichem Maß vom Menschen und von den afrikanischen Großaffen und nehmen keine Intermediärstellung zwischen ihnen ein (Übersicht bei BRANDT 1995).

Aus gegebenem Anlass wäre ein Verweis auf die wegweisenden Arbeiten der Forscher um Charles OXNARD durch die heutigen Paläanthropologen angebracht gewesen. Dies wurde unterlassen. GREEN & ALEMSEGED (2012) zitieren lediglich zwei Arbeiten über die Schultermorphologie lebender Primaten von ASHTON & OXNARD (1964) und OXNARD (1967), ohne auf ihre Untersuchungsergebnisse zu *Australopithecus* einzugehen. Sie hätten erwähnen müssen, dass nicht der damalige paläanthropologische Mainstream, sondern Außenseiter auf der richtigen Spur waren. Und sie hätten den Leser darüber informieren müssen, dass die Forschungsergebnisse von OXNARD und seinen Kollegen gegen die Vorstellung sprechen, dass die Australopithecinen Ahnen des Menschen (frühe Homininen) sind.

Schlussfolgerungen

LARSON (2012) schreibt in einem Kommentar zur Veröffentlichung von GREEN & ALEMSEGED (2012), dass die Schulterblätter der Australopithecinen zwar eine grundsätzlich großaffenähnliche

Struktur besitzen, aber von denen der lebenden Großaffen verschieden sind. Dies widerspiegelt die Tatsache, dass die Australopithecinen Wesen waren, die sich *habituell* (gewohnheitsmäßig) biped auf dem Erdboden fortbewegten, also auf zwei Beinen. Diese Interpretation von LARSON ist aus zwei Gründen unwahrscheinlich. Zum einen sind bei den Australopithecinen bestimmte bipede Merkmale des Menschen nicht vorhanden (siehe z. B. BRANDT 1995; 2012). Zum anderen sprechen die guten Kletteranpassungen gegen eine habituelle Fortbewegung auf zwei Beinen. Die Australopithecinen dürften sich wahrscheinlich nur *fakultativ* (gelegentlich) und in einer *nichtmenschlichen* Weise auf zwei Beinen fortbewegt haben. Eine fakultative, nicht menschliche zweibeinige Fortbewegung ist auch bei heute lebenden Primaten bekannt. Entgegen LARSON (2012) dürften die Unterschiede in der Morphologie des Schulterblattes der Australopithecinen und der lebenden Großaffen darin begründet sein, dass die Australopithecinen ein Fortbewegungsrepertoire mit einer Art zu klettern besaßen, die heute kein Affe praktiziert (Abb. 2).

Die großaffenähnliche Schulter von *Australopithecus* ist durch eine große morphologische Kluft von der menschenähnlichen Schulter des fossil frühesten nachgewiesenen echten Menschen *Homo ergaster* getrennt.

Das Schulterblatt des frühen *Homo erectus* (*H. ergaster*), des Jungen von Turkana (KNM-WT 15000), ist menschlich strukturiert: Die Schultergelenkspfanne ist nach außen gerichtet, die Spina scapulae liegt quer und die Fossa infraspinata ist breit (GREEN & ALEMSEGED 2012). LARSON (2012) kommentiert diesen Sachverhalt so: Vor 1,8 Millionen Jahren hat die Schulter der Ahnen des Menschen eine dramatische Transformation durchgemacht. Ohne Zugrundelegung der Makroevolutionshypothese ist der Befund jedoch so zu beschreiben: Die großaffenähnliche Schulter von *Australopithecus* ist durch eine große morphologische Kluft von der menschenähnlichen Schulter des fossil frühesten nachgewiesenen echten Menschen *Homo ergaster* getrennt.

Die Schultermorphologie von *Australopithecus* bestätigt die Hypothese, dass diese fossilen Wesen sich nicht auf einem evolutionären Entwicklungsweg hin zum Menschen befanden, sondern ausgestorbene Großaffen repräsentieren, die in keinem historisch-verwandtschaftlichen Verhältnis zum echten Menschen stehen.

Literatur

- ALEMSEGED Z, SPOOR F, KIMBEL WH, BOBE R, GERAADS D, REED D & WYNN JG (2006) A juvenile early hominin skeleton from Dikika, Ethiopia. *Nature* 443, 296-301.
- ARIAS-MARTORELL J, POTAU JM, BELLO-HELLEGOUARCH G & PÉREZ-PÉREZ AM (2012) 3D geometric morphometric analysis of the proximal epiphysis of the humerus of hominoids: Functional interpretation, locomotor evolution and variability. *Am. J. Phys. Anthropol.* 47, Suppl. 54, 85.
- ASHTON EH, FLINN RM, MOORE WJ, OXNARD CE & SPENCE TF (1981) Further quantitative studies of form and function in the primate pelvis with special reference to *Australopithecus*. *Trans. Zool. Soc. Lond.* 360, 1-98.
- ASHTON EH & OXNARD CE (1964) Functional adaptations in primate shoulder girdle. *Proc. Zool. Soc. Lond.* 142, 49-66.
- BRANDT M (1995) Der Ursprung des aufrechten Ganges. Neuhausen-Stuttgart.
- BRANDT M (2012) Wie sicher sind paläanthropologische Deutungen? *Stud. Int. J.* 19, 70-79.
- FLEAGLE JG (1988) Primate Adaptation and Evolution. San Diego.
- GREEN DJ & ALEMSEGED Z (2012) *Australopithecus afarensis* scapular ontogeny, function, and the role of climbing in human evolution. *Science* 338, 514-517.
- INOUE SE & SHEA BT (1997) What's your angle: Size correction and bar-glenoid orientation in "Lucy" (A.L. 288-1). *Int. J. Primatol.* 8, 629-650.
- LARSON S (2012) Did australopiths climb trees? *Science* 338, 478-479.
- LATIMER B (1991) Locomotor adaptations in *Australopithecus afarensis*: the issue of arboreality. In: COPPENS Y, SENUT B (eds) Origine(s) de la bipédie chez les hominidés. *Cah. Paléoanthrop.*, CNRS, Paris, pp 169-176.
- LOVEJOY CO (1988) Evolution of human walking. *Sci. Am.* 259, 82-89.
- MENSFORTH RP, LATIMER B & SENTURIA S (1990) A review of the functional significance of the AL-288 axillo-glenoid angle. *Am. J. Phys. Anthropol.* 81, 267-268.
- OXNARD CE (1967) The functional morphology of the primate shoulder as revealed by comparative anatomical, osteometric and discriminant function techniques. *Am. J. Phys. Anthropol.* 26, 219-240.
- OXNARD CE (1968a) A note on the fragmentary Sterkfontein scapula. *Am. J. Phys. Anthropol.* 28, 213-217.
- OXNARD CE (1968b) A note on the Olduvai clavicular fragment. *Am. J. Phys. Anthropol.* 29, 429-431.
- OXNARD CE (1975) Uniqueness and diversity in human evolution: Morphometric studies of australopithecines. Chicago.
- STERN JR, JT (2000) Climbing to the top: A personal memoir of *Australopithecus afarensis*. *Evol. Anthropol.* 9, 113-133.
- STERN JT, JR. & SUSMAN RL (1983) The locomotor anatomy of *Australopithecus afarensis*. *Am. J. Phys. Anthropol.* 60, 279-317.
- SUSMAN RL & STERN JT, JR. (1991) Locomotor behavior of early hominids: Epistemology and fossil evidence. In: COPPENS Y, SENUT B (eds) Origine(s) de la bipédie chez les hominidés. *Cah. Paléoanthrop.*, CNRS, Paris, pp 121-131.
- SUSMAN RL, STERN JT, JR. & JUNGERS WL (1984) Arboreality and bipedality in the Hadar hominids. *Folia Primatol.* 43, 113-156.
- WARD CV (2002) Interpreting the posture and locomotion of *Australopithecus afarensis*: Where do we stand? *Yearb. Phys. Anthropol.* 45, 185-215.
- ZUCKERMAN S, ASHTON EH, FLINN RM, OXNARD CE & SPENCE TF (1973) Some locomotor features of the pelvic girdle in primates. *Symp. Zool. Soc. Lond.* 33, 71-165.

Modernes Denken im Kambrium

Nicht nur bei Fossilien von vermuteten Vorfahren des Menschen ist es schwierig, die Leistungsfähigkeit des Gehirns einzuschätzen. Größe allein zum Beispiel kann spätestens seit dem Fund des sogenannten „Hobbit-Menschen“ (*Homo floresiensis*) kein verlässlicher Indikator mehr sein; die strukturelle Architektur hingegen lässt eher Aussagen zur Leistungsfähigkeit zu (falls Schädel-Innenabdrücke vorhanden sind). Aber auch bei einfacheren Lebewesen, wie z. B. Krebstieren, war die Situation nicht leichter. Neue Beschreibungen ungewöhnlich gut erhaltener Fossilien sehr früher Gliederfüßer lassen allerdings auf ein bereits sehr modernes Nervensystem schon im Kambrium schließen.

Hans-Bertram Braun

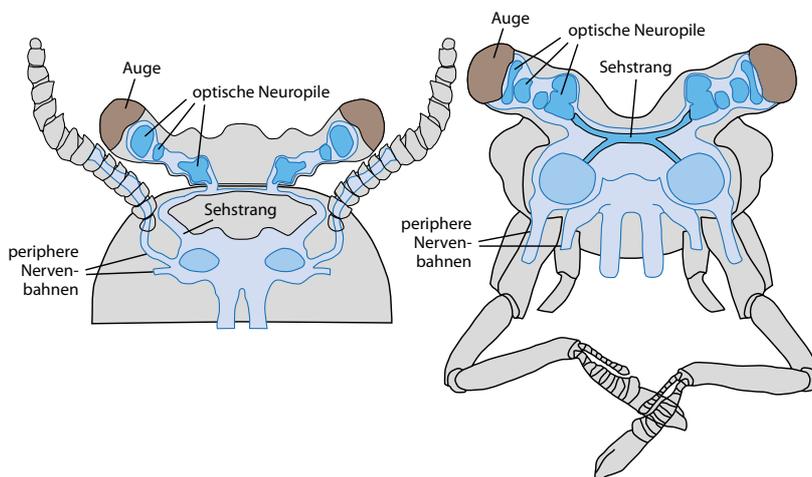
Rückschlüsse auf Fähigkeiten oder die Organisation des Nervensystems bei frühen, fossil erhaltenen Gliederfüßern (Arthropoden, zu ihnen gehören Insekten, Spinnen, Krebstiere u. v. a.) zu ziehen, war bisher nicht einfach, man war auf indirekte Hinweise angewiesen. Ausgehend von der Gehirn-Organisation bei heute lebenden Krebstieren ging man davon aus, dass der letzte gemeinsame Vorfahr aller Gliederfüßer wahrscheinlich ein einfaches, zweigliedriges Gehirn aufwies, wie man es heute noch bei Branchiopoden (Kiemenfußkrebse, z. B. der Wasserfloh, *Daphnia*) findet. Fossile Funde von großen leistungsfähigen Komplexaugen bei sehr frühen kambrischen Lebewesen (*Anomalocaris*) legten allerdings schon einige Zeit die Annahme nahe, dass die neurologischen Fähigkeiten ihrer Träger nicht wesentlich geringer sein konnten als die der heutigen Vertreter, denn die Komplexaugen waren denen heutiger Lebewesen weder in Größe noch in der Form noch in der optischen Auflösung unterlegen (PATERSON et al. 2011).

Sehr gut erhaltene kambrische¹ Fossilien von Gliederfüßern aus der südwestchinesischen Provinz Yunnan gewähren nun detaillierte Einblicke in die Organisation des Nervensystems von Lebewesen, die man als dem letzten

gemeinsamen Vorfahren aller Gliederfüßer sehr nahe stehend einstuft (*Fuxianhuia*). Sie werden auf mehr als eine halbe Milliarde radiometrische Jahre datiert (520 Millionen Jahre). Schon an Fossilien des berühmten kanadischen Burgess Schiefers (ebenfalls Kambrium) konnte gezeigt werden, dass fossilisierte interne Strukturen sehr gut vergleichbar sind mit Gehirn und Ganglien (Ansammlung von Nervenzellen) heutiger Gliederfüßer. Offensichtlich konnte ihr Nervengewebe, obwohl es als sehr anfällig für schnellen Zerfall angesehen wird, in seltenen Fällen doch gut fossil erhalten werden. An den ca. 7,5 cm langen Fossilien der Art *Fuxianhuia protensa* aus China (Abb. 2) lässt sich die Gliederung dieses Nervensystems jetzt besonders gut studieren (vgl. Abb. 1).

Ganglien und Nervenstränge sind in den in Kalkstein erhaltenen Fossilien als dunkle, eisenhaltige Strukturen erkennbar. Erstaunlicherweise ist das Gehirn von *Fuxianhuia* wie bei vielen heute lebenden Höheren Krebsen und Insekten dreigliedrig in Proto-, Deutero- und Tritocerebrum, und nicht nur zweigliedrig wie eigentlich erwartet. Paarige Nervenstränge versorgen die auf Stielen sitzenden Komplexaugen, die dahinter liegenden Antennen und eine dritte, noch nicht eindeutig identifizierte paarige Struktur, wahrscheinlich Anhänge des Verdauungssystems. An der Basis der Stielaugen kann man insgesamt drei untereinander verbundene optische Neuropile erkennen, signalverarbeitende Nervenstrukturen mit einer hohen Dichte an Nervenfasern, die wiederum typisch sind für heutige höhere Krebse und Insekten. Sie fehlen dagegen bei den als primitiver eingestuften Kiemenfußkrebsen. Die relativ großen Augen besitzen einen gegliederten optischen Aufbau und sind offensichtlich wie bei heutigen Krebsen auf ihren Stielen gut beweglich. Außerdem haben diese Komplexaugen vorne einen größeren Radius als seitlich, was eine bessere Auflösung in die Hauptsehrichtung erlaubt, wiederum genau wie man es bei heutigen

Abb. 1 Rekonstruiertes Gehirn von *Fuxianhuia* (links) mit den Sehlappen, Sehstrang und Nervensträngen im Vergleich mit dem Gehirn des Einsiedlerkrebse *Coenobita clypeatus* (rechts) mit homologen Strukturen. (Nach MA et al. 2012)



Insekten und Krebstieren findet. Der Körperbau von *Fuxianhuia* ist ansonsten – deutlich unterschiedlich von heute lebenden Gliederfüßern – recht einfach aus ca. 30 Segmenten aufgebaut, was dann mit dem Etikett „primitiv“ versehen wird. Die ersten Kopfsegmente sind von einem zweigeteilten Schild geschützt.

Die hohe Komplexität im Gehirn sehr früher, äußerlich einfacher gebauter Gliederfüßer ist evolutionstheoretisch unerwartet.

Die hohe Komplexität im Gehirn sehr früher, äußerlich einfacher gebauter Gliederfüßer, die bisher als dem postulierten letzten gemeinsamen Vorfahren aller Gliederfüßer sehr nahestehend eingestuft wurden, ist evolutionstheoretisch unerwartet. Ein Stammbaum der Gliederfüßer, der sich am Merkmal „Komplexität des Nervensystems“ orientiert, lässt sich nicht in Einklang bringen mit dem Stammbaum, der vom Merkmal „Komplexität der äußeren Erscheinung“ abgeleitet wird. Das hat zur Konsequenz, dass entweder heute neurologisch einfacher strukturierte Gliederfüßer wie die oben genannten Kiemenfußkrebse, aber auch Spinnen und Skorpione, die zuvor evolvierte Komplexität im Laufe der Zeit wieder eingebüßt haben müssten. Andernfalls müsste, wenn man die einfach strukturierten Kiemenfußkrebse weiterhin als „primitiv“ und Modell für den letzten gemeinsamen Vorfahren der Gliederfüßer einstufen will, das dreigliedrige Gehirn heutiger höherer Krebse und Insekten als konvergent zu dem von *Fuxianhuia* angesehen werden. Das heißt, es muss sich später noch einmal unabhängig von *Fuxianhuia* entwickelt haben.

Beide Szenarien sind wenig plausibel. Vielmehr zeigen sie, zu welcher problematischen Hypothesen der hier diskutierte objektive Datenbefund zwingt, wenn man eine Evolution von nichts zu etwas, von einfach zu komplex, wie sie gemäß dem naturalistischen Weltbild als gegeben gesetzt ist, bei Berücksichtigung aller Merkmale aufrechterhalten will.

Interessanterweise ist es ein Spezialist auf dem Gebiet der kambrischen (Burgess Schiefer) Fossilien, der sich angesichts der Merkmalverteilung in der belebten Natur genötigt sieht, diese Verkomplizierung der Hypothesen (in diesem Fall die Annahme vielfacher konvergenter Evolution) zum System zu erheben (BRAUN 2012a).

Auf den ersten Blick scheint der allgemeine Fossilbefund durch äußerlich einfachere Fossilien in älteren Schichten tatsächlich eine Entwicklung von einfachen zu „höheren“ Organismen nahelegen. Dagegen zeigt sich wie im hier beschriebenen Fall bei neuen Fossilfunden regelmäßig an vielen Details, dass selbst äußerlich



Abb. 2 *Fuxianhuia protensa* aus dem Unterkambrium von Chengjiang, Südchina. (Wikimedia Commons)

einfach erscheinende Lebewesen hochkomplex sind und dies bereits zu Beginn ihrer fossilen Überlieferung. Ein weiteres sehr aktuelles Beispiel findet sich bei ZHANG (2013), wonach Kelchtiere (Entoprocta) ebenfalls schon im frühen Kambrium nachgewiesen wurden (520 Millionen Jahre wie *Fuxianhuia*), wobei diese Fossilien sogar auf einen komplexeren Körperbau hinweisen, als ihn die heutigen Vertreter des Stammes haben. Die Evolution hin zu diesen komplexen Strukturen muss noch früher in der Erdgeschichte postuliert werden, ohne dass dazu bisher fossile Hinweise existieren. Sie wird im Evolutionsmodell vorausgesetzt, bisher ist sie nicht durch Daten gestützt.

Fuxianhuia jedenfalls zeigt, dass das dreigliedrige Gehirn der heutigen höheren Krebse und Insekten schon seit mehr als einer halben Milliarde radiometrischen Jahren existiert und sich zumindest morphologisch nicht erkennbar geändert hat. Man könnte es damit als ein weiteres Beispiel für sogenannte „lebende Fossilien“ anführen, analog zu Quastenflosser und Pfeilschwanzkrebse.

Beide Befunde sind sperrig gegenüber einem Modell allmählicher Evolution im Sinne einer Höherentwicklung von einfach zu komplex. Wie auch schon bei ähnlichen Beobachtungen (BRAUN 2012b) können sie einfacher schöpfungstheoretisch, im Sinne eines der geschaffenen Natur zugrunde liegenden „Baukastensystems“ gedeutet werden, dessen Komponenten keine größeren Abwandlungen über die Zeit mehr erfahren.

Anmerkung

¹ Das Kambrium besteht aus geologischen Schichten, die konventionell auf etwa eine halbe Milliarde Jahre

datiert werden. Bekannt ist dieses geologische System vor allem durch die sogenannte „Kambrische Explosion“, das unvermittelte Auftreten von Fossilien der meisten bekannten Tierstämme ohne klar zuordenbare Vorläufer im Präkambrium, den unmittelbar darunterliegenden Schichten.

Literatur

- MA X, HOU X, EDGEcombe GD & STRAUSFELD NJ (2012) Complex brain and optic lobes in an early Cambrian arthropod. *Nature* 490, 258-261.
- BRAUN HB (2012a) Warten auf einen neuen Einstein. *Stud. Int. J.* 19, 12-18.
- BRAUN HB (2012b) Kryptische Krebse: Moderne Crustaceen-Fossilien aus dem Kambrium. *Stud. Int. J.* 19, 93-94.
- BUDD GE (2012) Cambrian nervous wrecks. *Nature* 490, 180-181.
- PATERSON RJ, GARCÍA-BELLIDO DC, LEE MSY, BROCK GA, JAGO JB & EDGEcombe GD (2011) Acute vision in the giant Cambrian predator *Anomalocaris* and the origin of compound eyes. *Nature* 480, 237-240.
- ZHANG Z, HOLMER LE et al. (2013) A sclerite-bearing stem group entoproct from the early Cambrian and its implications. *Scientific Reports* 3, doi:10.1038/srep01066

Rätselhafter Ursprung des Linsenauges der Wirbeltiere

Vergleichende genetische Studien am sehr einfach gebauten Frontalauge des Lanzettfischchens zeigen eine Reihe von Gemeinsamkeiten mit Linsenaugen der Wirbeltiere. Die Augentypen sind aber morphologisch weit voneinander entfernt. Das Linsenauge der Wirbeltiere erscheint im Fossilbericht in fertiger Form.

Reinhard Junker

Abb. 1 Das gut 2 cm lange Lanzettfischchen (*Amphioxus*). (Foto: Hans HILLEWAERT, Wikimedia Commons)



Die evolutionäre Entstehung des Auges gilt in populären Darstellungen häufig als im Wesentlichen geklärt. Meist wird auf eine Reihe verschiedener Augentypen verwiesen (Flachauge – Grubenaug – Lochkameraauge – verschiede-

ne Typen von Linsenaugen), um die schrittweise Entstehung beispielsweise unseres Linsenauges als plausibel erscheinen zu lassen. Wie schon an anderer Stelle dargestellt, sind diese Reihen aus mindestens zwei Gründen bei weitem nicht beweiskräftig für Evolution: 1. Die Unterschiede zwischen den einzelnen (mutmaßlichen) Stufen sind teilweise so enorm, dass die Übergänge völlig neue Konzepte erfordern würden. 2. Diese Serien sind nur modellhaft und nicht gleichbedeutend mit phylogenetischen Abfolgen (vgl. ULLRICH et al. 2006).

Im Fossilbericht tauchen zudem die Komplexaugentypen bereits sehr früh auf (vgl. LEE et al. 2011), aber auch die Linsenaugen sind – gemessen am Fossilbericht – von Anfang an fertig. Daher beginnen die Autoren einer aktuellen Studie ihren Artikel über das

„Frontalauge“ (Pigmentbecherauge) des Lanzettfischchens (*Amphioxus*) mit der Feststellung, dass der Ursprung der Wirbeltieraugen immer noch rätselhaft sei (VOPALENSKY et al. 2012). Das klingt überraschend, wenn man sich die eingangs genannten Behauptungen vor Augen hält. Weiter stellen die Autoren fest, dass ein Teil des Problems im Mangel heutiger Tierstämme mit brauchbaren Abstufungen liege, die ein Szenario zur Entstehung des Wirbeltierauges ermöglichen könnten. So sei beispielsweise das Auge ausgewachsener Neunaugen (Petromyzontidae, die als ursprüngliche Vertreter der Wirbeltiere gelten) den Augen von kiefertragenden Wirbeltieren im Gesamtaufbau, den Zelltypen der Netzhaut und in vielen Klassen der Opsine (Proteinanteil eines Sehpigments) bemerkenswert ähnlich. Eine Serie von Augentypen zunehmender Komplexität zum Linsenauge der Wirbeltiere hin ist also bloße Hypothese.

Es sind kaum brauchbare Abstufungen von Augen bekannt, die ein Szenario zur Entstehung des Wirbeltierauges ermöglichen könnten.

Eine Hypothese zur Entstehung der Linsenaugen der Wirbeltiere besagt, dass das Pigmentbecherauge am vorderen Ende von *Amphioxus* ein Vorläufer dafür gewesen sein könnte. Allerdings ist es vergleichsweise sehr einfach gebaut und besteht aus einfachen bewimperten Zellen, unähnlich den Zapfen und Stäbchen der Wirbeltieraugen, die ausgefilterte Cilien über der Oberfläche besitzen (Abb. 2). Der einzige Hinweis darauf, dass die Becheraugen lichtempfindlich sind, bestand bisher darin, dass die bewimperten mutmaßlichen Sinneszellen in unmittelbarer Nähe zu dunklen Pigmentzellen angeordnet sind (VOPALENSKY et al. 2012).

In ihrer Studie verglichen VOPALENSKY et al. (2012) das Pigmentbecherauge von *Amphioxus* in Bezug auf Gemeinsamkeiten mit Linsenaugen von Wirbeltieren in molekularer Hinsicht und fanden viele Gemeinsamkeiten bei Transkriptionsfaktoren (Proteine, die bei der Regulation wichtig sind), Opsinen (s. o.) und Proteinen der Phototransduktionskaskade (Umwandlung eines äußeren Lichtreizes in ein physiologisches Signal). Außerdem fanden sie molekulare Gemeinsamkeiten zwischen den Pigmentzellen von *Amphioxus* und dem retinalen Pigment-Epithel der Wirbeltieraugen (Melaningehalt, Regulationsgene). Und schließlich ähneln Nervenfortsätze des Frontal Auges Strukturen im Vorderhirn der Wirbeltiere.

Damit können die Autoren eine (vor allem molekular begründete) Homologie zwischen dem Frontalauge von *Amphioxus* und dem

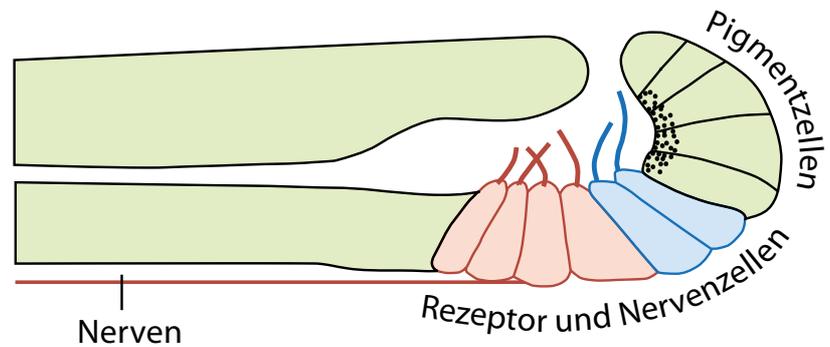


Abb. 2 Schematische Darstellung des *Amphioxus*-Auges. (Nach MIT OpenCourseWare)

Wirbeltier-Linsenauge begründen. Ein stammesgeschichtlicher Zusammenhang kann daraus jedoch nicht abgeleitet werden; die verglichenen Strukturen sind, trotz der erstaunlichen Ähnlichkeiten auf biochemischer bzw. molekularbiologischer Ebene, morphologisch weit voneinander entfernt. Zur Klärung der Frage nach den Mechanismen der stufenweisen Entstehung und Abwandlung des Wirbeltierauges sind bloße Vergleiche überfordert (das war allerdings auch nicht das Ziel der Untersuchungen). Die Studie von VOPALENSKY et al. steuert jedoch ein weiteres interessantes Beispiel dafür bei, dass die ontogenetische Entwicklung morphologisch verschiedener Organe unterschiedlicher Tierstämme oder -klassen auf der Basis ähnlicher molekularer Grundlagen erfolgt – ein Befund, der bei vielen anderen Organsystemen verschiedener Tierstämme bekannt ist.

Aus den Befunden kann geschlossen werden, dass bereits im hypothetischen Ausgangsindividuum die molekularen Grundlagen des Sehens in Form funktionierender hochkomplexer biochemischer Kaskaden existiert haben müssen. Wie diese entstanden sind, liegt ebenso weiterhin im Dunkeln wie der Ursprung der Sehorgane, die sich ihrer zur Lichtwahrnehmung bedienen.

Anmerkung

- ¹ Zum retinalen Pigment-Epithel vgl. die Ausführungen in ULLRICH et al. (2006).

Literatur

- LEE MSY, JAGO JB, GARCÍA-BELLIDO DC, EDGEcombe GD, GEHLING JG & PATERSON JR (2011) Modern optics in exceptionally preserved eyes of Early Cambrian arthropods from Australia. *Nature* 474, 631–634.
- VOPALENSKY P, PERGNER J, LIEGERTOVA M, BENITO-GUTIERREZ E, ARENDT D & KOZMIK Z (2012) Molecular analysis of the amphioxus frontal eye unravels the evolutionary origin of the retina and pigment cells of the vertebrate eye. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, early ed., doi: 10.1073/pnas.1207580109.
- ULLRICH H, WINKLER N & JUNKER R (2006) Zankapfel Auge. *Stud. Int. J.* 13, 3–14.

Enzymfreie Replikation im Labor – ein plausibles Modell für erste Replikationssysteme?

Die Entstehung und Reproduktion von RNA-Molekülen in Abwesenheit von Proteinen werden aktuell von Biogeneseforschern als grundlegende Schritte zur Entstehung des Lebens angenommen. Die dazu erforderlichen chemischen Prozesse stellen jedoch eine große Herausforderung für diese Hypothese dar und werden daher intensiv erforscht. In einer aktuellen Arbeit der Forschungsgruppe um RICHERT wurde ein chemisches System untersucht, das ein Modell für die enzymfreie Replikation unter präbiotischen Bedingungen darstellen soll. Die Ergebnisse bestätigen jedoch die schwerwiegenden Probleme, die bereits in früheren Arbeiten auf diesem Gebiet beschrieben worden sind.

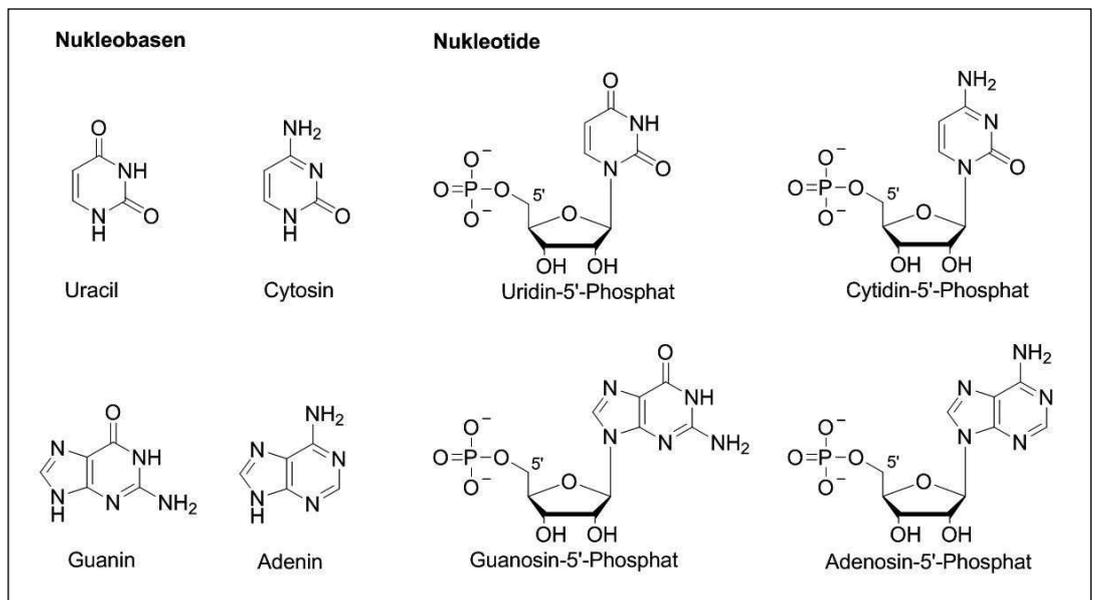
Boris Schmidtgal

Im Rahmen der Evolutionstheorie wird als mögliches Zwischenstadium des Übergangs von einfachen, kleinen Molekülen zu den ersten Organismen die „RNA-Welt“ in Betracht gezogen (GILBERT 1986). Gemäß dieser Hypothese entstanden zuerst RNA-Moleküle*, die sowohl katalytische* als auch genetische* Eigenschaften in sich vereinen. Erst später wurden demnach Proteine rekrutiert, die zu einer größeren Vielfalt der ersten physiologischen Vorgänge und zur Steigerung ihrer Effizienz geführt haben sollen. Schließlich sollen die stabilisierenden DNA-Moleküle das System vervollständigt haben, sodass die molekularen Grundlagen heutiger Zellen entstanden seien. Erste notwendige Schritte in einem solchen Szenario wären die Entstehung und Replikation* von Nucleinsäuren durch chemische Prozesse in Abwesenheit von Proteinen. Sowohl bei der Entstehung als auch der Replikation von Nucleinsäuren handelt es sich um

sehr anspruchsvolle chemische Vorgänge, deren Realisierbarkeit unter präbiotischen* Bedingungen eine entscheidende Herausforderung für die RNA-Welt-Hypothese darstellt. Schon die Bildung der kanonischen Nucleobasen Adenin, Guanin, Cytosin und Uracil sowie der entsprechenden Nucleotide (Abb. 1) durch Reaktion der Nucleobasen mit dem Zucker Ribose und nachfolgender Einführung der Phosphatgruppe ist kein trivialer Vorgang und gilt nach bisherigem Kenntnisstand der Biogeneseforschung als ungeklärt (POWNER et al. 2009, BINDER 2009, SCHMIDTGALL 2012).

Dennoch sind zahlreiche Versuche unternommen worden, um hypothetische präbiotische Bedingungen zu finden, unter denen aus einzelnen Nucleotiden (Monomere) kettenförmige Nucleinsäuren (Polymere) gebildet und repliziert werden können. Vor 14 Jahren konstatierte ESCHENMOSER, dass nach wie vor

Abb. 1 Strukturformeln der vier kanonischen Nucleobasen und mit Ribose-5'-Phosphat gebildeter Ribonucleotide.



der experimentelle Beleg für die Möglichkeit einer spontanen Entstehung und Replikation von Nucleinsäuren fehlt (ESCHENMOSER 1999). In einer aktuellen Publikation der Forschungsgruppe um RICHERT wurde hingegen basierend auf deren Untersuchungen die kühne Behauptung aufgestellt, „dass Oligoribonucleotide* in einer präbiotischen Welt gebildet und repliziert werden konnten“ (DECK et al. 2011).

Bisherige Probleme der enzymfreien Nucleinsäure-Synthese

Ein zentrales Problem stellt zunächst die chemische Aktivierung der Nucleotide dar. Organismen realisieren diesen Schritt unter Verbrauch von chemischen Energieäquivalenten (Adenosin-triphosphat, ATP) durch Enzyme (Kinasen). Bei diesem Vorgang werden unreaktive Nucleosid-Monophosphate (NMP) **1** zu reaktionsfähigen Nucleosid-Triphosphaten (NTP) **2** (Abb. 2) umgesetzt. Diese Bausteine können anschließend durch Enzyme (Polymerasen) zur Synthese langer Kettenmoleküle (DNA, RNA) unter Bildung von Phosphatdiesterbindungen verwendet werden. Die Enzyme verhindern Nebenreaktionen, z. B. durch Ausschluss von Wasser und anderer Moleküle aus dem reaktiven Zentrum* und sorgen zudem dafür, dass die Nucleosid-Triphosphate eine für die Reaktion geeignete räumliche Anordnung einnehmen. Aufgrund ihrer hohen Reaktivität weisen aktivierte Moleküle, die für den Einbau in Polymere bereitgestellt werden, eine kurze Lebensdauer auf. So haben sich die Nucleosid-Triphosphate in Abwesenheit von Enzymen als ungeeignet für die Bildung von langen Kettenmolekülen erwiesen (PRABAHAR & FERRIS 1997). Der Grund hierfür ist deren schnellere Konkurrenzreaktion mit dem natürlichen Lösungsmittel Wasser (Hydrolyse) (WIEMANN et al. 1968).

Aufgrund ihrer hohen Reaktivität weisen aktivierte Moleküle, die für den Einbau in Polymere bereitgestellt werden, eine kurze Lebensdauer auf.

Daher wurden alternative „aktivierte“ Nucleotide wie Methylimidazolid-Nucleotide (2MeImpN) oder 1-Methyladeninium-Nucleotide (1-MeadpN) (Abb. 3) konzipiert und experimentell auf die Eignung zur Polymerisation unter potentiell präbiotischen Bedingungen untersucht (INOUE & ORGEL 1983, FERRIS et al. 1996; FERRIS & HUANG 2006). Diese haben sich aber auch wie alle anderen aktivierten Nucleotide, die bisher vorgeschlagen worden sind, in

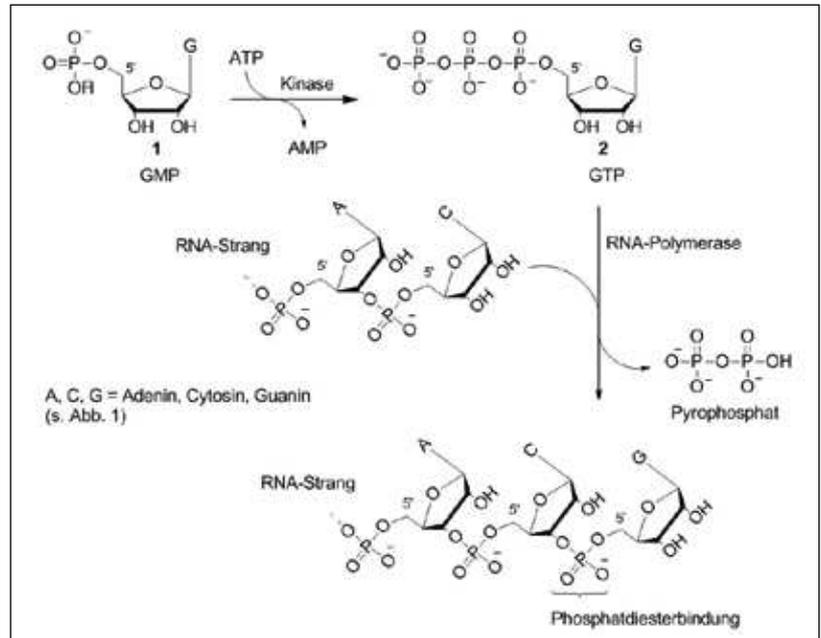


Abb. 2 Chemische Aktivierung und RNA-Synthese in Organismen am Beispiel der Addition von GMP an einen RNA-Strang mit Adenosin und Cytidin an den letzten Positionen.

wässriger Lösung als instabil erwiesen. Lediglich in der Geschwindigkeit des hydrolytischen Zerfalls unterscheiden sie sich. Es überrascht also nicht, dass in bisherigen wissenschaftlichen Arbeiten auf diesem Gebiet oft nach aktivierten Nucleotiden gesucht wurde, die einen Kompromiss zwischen genügend hoher Reaktivität zur Bildung von Oligonucleotiden auf der einen Seite und ausreichender Beständigkeit unter „natürlichen“ Bedingungen, d. h. in wässrigem Milieu auf der anderen darstellen. Des Weiteren zeigt die Erfahrung früherer Arbeiten, insbesondere von ORGEL, dass die Zusammensetzung der

Glossar

genetische Eigenschaft: Fähigkeit zur Speicherung und Übertragung biologischer Information. Diese wird, ähnlich wie im Fall der Wortbildung, durch die Zeichenabfolge der vier Einzelbausteine festgelegt. Diese Funktion ist grundlegend für die Vererbung biologischer Eigenschaften.

katalytische Eigenschaft: Fähigkeit eines Moleküls, chemische Reaktionen zu beschleunigen, ohne bei der Reaktion verbraucht zu werden.

molekularer Linker: Verknüpfende Einheit zwischen der Oberfläche der Eisenoxid-Partikel und dem RNA-Molekül. In der Arbeit von RICHERT wurden Biotin-Linker verwendet.

Oligoribonucleotide: Aus einigen (wenigen), d. h. ca. 3-30 Ribonucleotiden bestehendes Kettenmolekül

präbiotisch: Vor dem Vorhandensein von Organismen.

Primer: kurzer RNA-Strang, der bereits am Templat anliegt und für den Beginn der Oligonucleotid-Synthese notwendig ist.

reaktives Zentrum: Raum innerhalb eines Enzyms, in dem die chemische Reaktion stattfindet.

Replikation: Bildung von Nucleinsäuren durch Anlagerung und Verknüpfung von Nucleotiden an einem bereits vorhandenen Nucleinsäure-Strang. Die Anlagerung geschieht durch attraktive Wasserstoffbrücken-Kräfte zwischen komplementären Nucleotiden. Cytosin bindet an Guanosin (3 Wasserstoffbrücken), Adenosin an Uridin (2 Wasserstoffbrücken).

RNA (ribo nucleic acid): Kettenförmiges Molekül aus vier Nucleotiden. Diese Moleküle übernehmen zentrale Aufgaben in den Zellen aller heute bekannten Organismen.

stromabwärts: in Richtung des Wachstums einer Nucleinsäure-Sequenz, d. h. in 3'-5'-Richtung des Templats.

Templat: bereits vorhandenes Nucleinsäure-Oligomer, an welchem durch sukzessives Binden und Verknüpfen ein neues Nucleinsäure-Oligomer entstehen kann.

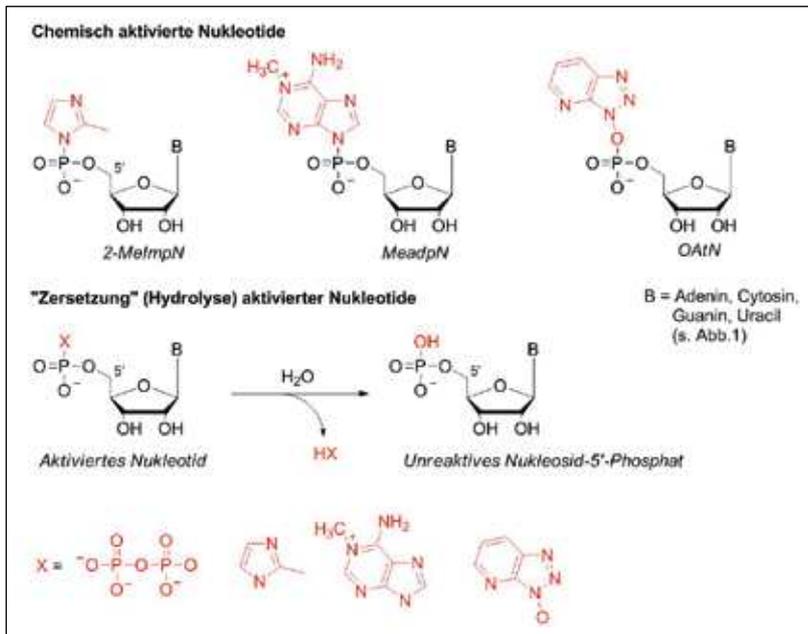
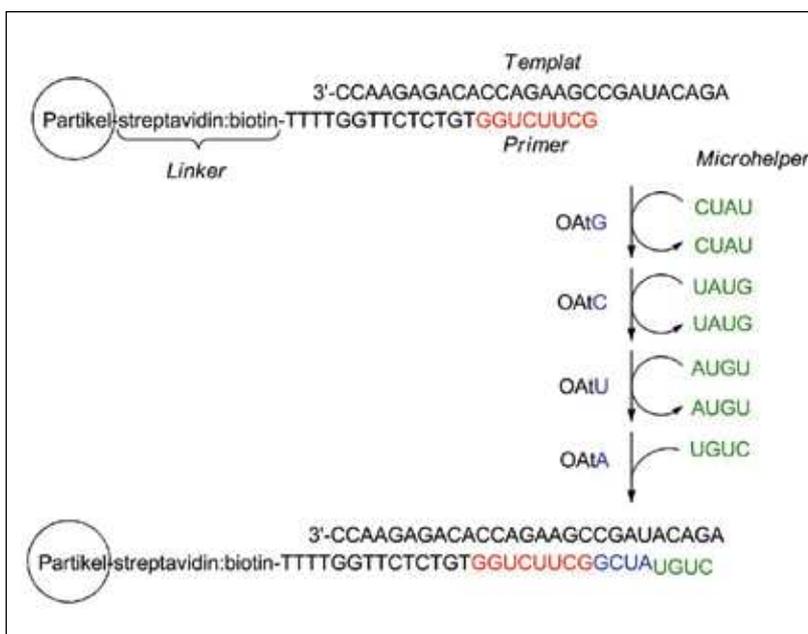


Abb. 3 Strukturformeln einiger „alternativ“ chemisch aktivierter Nucleotide und die Zersetzung aktivierter Nucleotide in wässriger Lösung (Hydrolyse).

Template* (Matrizen) große Unterschiede in der Effizienz der Kupplungsreaktion der aktivierten Nucleotide verursacht (INOUE & ORGEL 1983). Demnach erweisen sich Cytidin-arme Template für die Vermittlung der chemischen Replikation als ungeeignet. Dies würde jedoch die systematische Replikation eines Pools aus RNA-Sequenzen, die aus vier verschiedenen Bausteinen bestehen, unmöglich machen, denn: „Für die chemische Selbstreplikation stellt dies ein ernsthaftes Hindernis dar, weil es bedeutet, dass Cytidin-reiche Polynucleotide, welche als gute Template dienen können, Cytidin-arme, komplementäre Sequenzen erzeugen, die ihrerseits ungeeignet sind, weitere Syntheszyklen zu vermitteln“ (JOYCE et al. 1984). Es stellt sich folglich die Frage, welche Verbesserungen von RICHERT et al. eingeführt worden sind und ob die gewählten Reaktionsbedingungen wirklich als präbiotisch gewertet werden können.

Abb. 4 Schematische Darstellung der enzymfreien Replikation nach RICHERT et al. In vier Schritten wurde an einen Primer eine Sequenz der vier kanonischen Nucleotide geknüpft. Der gesamte Vorgang dauerte 17 Tage.



Die Ergebnisse von RICHERT et al.

Der Forschungsgruppe von RICHERT ist es tatsächlich gelungen, Oligonucleotide, die alle vier kanonischen Ribonucleotide (A/C/G/U) enthalten, unter wässrigen Bedingungen und in Abwesenheit von Enzymen mit sehr hoher Effizienz (quantitative Umsetzung) zu replizieren („enzyme-free primer extension“, Abb. 4). Dies ist ein bisher unerreichter Erfolg und kann vor allem im Hinblick auf die Experimentiertechnik als beachtliche Arbeit angesehen werden. RICHERT et al. haben die Template mitsamt Primer* über einen molekularen Linker* an Eisenoxid-Partikeln verankert. Diese wurden mit periodisch ausgetauschten Lösungen aktivierter Nucleotide in Kontakt gebracht. Der regelmäßige Austausch der Nucleotide-Lösung war erforderlich, da die durch Reaktion mit Wasser zersetzten Monomere das Templat blockierten und dadurch geringere Ausbeuten an Oligonucleotiden verursachten. Die Austauschrate der Lösung war abhängig von der Hydrolysegeschwindigkeit der aktivierten Nucleotide; selbst bei $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ wurde die Lösung einmal täglich gewechselt. Zusätzlich wurden so genannte „microhelper“ den Reaktionslösungen zugesetzt. Es handelt sich dabei um Tri- oder Tetranucleotide, die stromabwärts* am Templat binden und die Ausbeute der Addition erhöhten (s. Abb. 4). Sie gelten jedoch nicht als unverzichtbar für Replikationen mit hoher Ausbeute. Sämtliche Reaktionen wurden bei $20\text{ }^{\circ}\text{C}$, $0\text{ }^{\circ}\text{C}$ oder $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ durchgeführt. Die niedrigste Temperatur war für die vollständige Addition von aktivierten Uridin-Bausteinen notwendig, die insgesamt schlechtere Resultate bei der Kupplungsreaktion aufwiesen als die anderen Nucleotide. Die maximalen Ausbeuten der Kupplungsreaktionen lagen je nach Bedingungen bei 80-100%. Als aktivierte Bausteine wurden zum einen Methylimidazolid-Nucleotide (2MeImpN, s. Abb. 3) und zum anderen die bisher noch nicht für diese Art von Experimenten verwendeten 7-Azabenzotriazolid-Nucleotide (OAtN, s. Abb. 3) eingesetzt. Die ersteren wurden bereits von ORGEL untersucht und im Hinblick auf die chemische Evolution als nicht relevant beurteilt: „Während die Entstehung von 2-Methylimidazol unter Bedingungen der primitiven Erde möglich war, glauben wir nicht, dass die Oligomerisation von 2-MeImpG und 2-MeImpA auf poly(C, U)-Templaten ein geschichtlich relevantes System darstellt.“¹² Die 7-Azabenzotriazole weisen allerdings in wässriger Lösung eine sehr geringe Beständigkeit auf. Ihre Halbwertszeiten liegen je nach aktiviertem Nucleotid bei 5-8 Stunden bei $20\text{ }^{\circ}\text{C}$, 28-40 Stunden bei $0\text{ }^{\circ}\text{C}$ und 51-86 Stunden bei $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$. Die längsten Halbwertszeiten der aktivierten Monomere weist das Cytidin-OAt auf, die kürzesten das Guanosin-OAt.

Probleme früherer Arbeiten werden durch die Ergebnisse von RICHERT et al. bestätigt

Ein besonderes Charakteristikum dieser überaus beeindruckenden Arbeit ist das hohe Maß an *Optimierung*. Nahezu alle für die Reaktion relevanten Parameter wie Zusammensetzung der Pufferlösung, Konzentration der Reaktanden, Temperatur und Reaktionszeit wurden im Hinblick auf die Verbesserung der Reaktionsergebnisse variiert. Dies zeugt von einer hohen Empfindlichkeit dieser Reaktion, die unter unspezifischen Bedingungen auf einer Urerde wohl kaum hätte stattfinden können. Das von RICHERT und Mitarbeitern etablierte Reaktionssystem basiert dagegen auf zielgerichteter Arbeit unter Einsatz von Expertise zur enzymfreien Synthese und Selbstreplikation von RNA-Oligomeren. Weiterhin können die neuen aktivierten Nucleotide (7-Azabenzolide) angesichts ihrer extrem kurzen Halbwertszeiten in wässriger Lösung keinesfalls als präbiotische Reagenzien gelten. Schon ihre Synthese geschieht unter Bedingungen, die nach bisherigem Wissen in der Natur unmöglich sind (VOGEL et al. 2005). Auch der regelmäßige Austausch der Reaktionslösung trägt nichts zur Lösung dieses grundlegenden Problems bei und ist ebenfalls für natürliche Verhältnisse unrealistisch.

Diese Arbeit bestätigt frühere Ergebnisse von ORGEL, indem wiederum die Unterschiedlichkeit in der Reaktivität der aktivierten Monomere aufgezeigt wird. Auch wenn diese Unterschiede in dem von RICHERT etablierten System geringer ausfallen als in früheren Arbeiten, wäre die systematische Replikation langer Oligonucleotide aus den vier kanonischen Nucleotiden über lange Zeiträume nicht möglich. Besonders die geringere Ausbeute bei der Kupplung von Uridin-OAT wirft die Frage auf, wie auf einer solchen molekularen Basis überhaupt eine Sorte genetischer Moleküle aus vier verschiedenen Bausteinen entstanden sein kann, wenn das System über längere Zeiträume evolvierte. Es wäre bei einem solchen Szenario eher zu erwarten, dass die Nucleotide Cytidin und Guanosin, deren Addition mit höheren Ausbeuten verläuft, hauptsächlich zum Aufbau der Oligomeren beitragen und so die weniger gut reagierenden Bausteine Adenosin und Uridin allmählich verdrängt werden.

Selbst wenn die ungesteuerte Entstehung von Nucleinsäuren möglich wäre, ergäben sich weitere, noch größere Schwierigkeiten.

Doch selbst wenn die Entstehung und erste Replikation von Nucleinsäuren auf diesem Wege

abgelaufen sein könnte, ergeben sich weitere und noch größere Schwierigkeiten. Wie stellte sich das System von unnatürlich aktivierten Nucleotiden auf die natürlichen Triphosphate um? An welcher Stelle könnten die Enzyme ins Spiel gekommen sein, vor oder nach der Einführung von Triphosphaten? Kann die Replikation auch zuverlässig funktionieren, wenn zwei auf verschiedene Weise aktivierte Arten von Nucleotiden vorliegen?

Alle bekannten, natürlichen Systeme, in denen die Replikation stattfindet, bestehen aus zwei Typen unterschiedlicher Biopolymere: Nucleinsäuren *und* Proteine (Enzyme). Selbstreplizierende Systeme auf der Basis von nur einer Sorte von Biopolymer sind jedoch nicht bekannt. Der im Sinne der Evolution erster Organismen erforderliche schrittweise Weg von einfachen Biomolekülen hin zu komplexeren sich selbst erhaltenden (autokatalytischen) molekularen Systemen ist auch anhand bisheriger Modellsysteme nicht nachgewiesen worden. Die bisherigen Erkenntnisse über solche Systeme deuten eher darauf hin, dass eine solche Entwicklung nicht plausibel ist.

Literatur

- BINDER H (2009) Neue Synthese für Nucleinsäure-Bausteine – ein plausibler Weg zu ersten Nucleinsäuren? *Stud. Int. J.* 16, 111-113.
- DECK C, JAUER M & RICHERT C (2011), Efficient enzyme-free copying of all four nucleobases template by immobilized RNA. *Nat. Chem.* 3, 603-608.
- ESCHENMOSER A (1999) Chemical Etiology of Nucleic Acid Structure. *Science* 284, 2118-2124.
- FERRIS JP, HILL AR JR, LIU R & ORGEL LE (1996) Synthesis of long prebiotic oligomers on mineral surfaces. *Nature* 381, 59-61.
- FERRIS JP & HUANG W (2006) One-Step, Regioselective Synthesis of up to 50-mers of RNA Oligomers by Montmorillonite Catalysis. *J. Am. Chem. Soc.* 128, 8914-8919.
- Gilbert W (1986) The RNA world. *Nature* 319, 618.
- INOUE T & ORGEL LE (1983) A Nonenzymatic RNA Polymerase Model. *Science* 219, 859-861.
- JOYCE GF, INOUE T & ORGEL LE (1984) Non-enzymatic Template-directed Synthesis on RNA Random Copolymers. *J. Mol. Biol.* 176, 279-306.
- POWNER MW, GERLAND B & SUTHERLAND JD (2009) Synthesis of activated pyrimidine ribonucleotides in prebiotically plausible conditions. *Nature* 459, 239-242.
- PRABAHAR KJ & FERRIS JP (1997) Adenine Derivatives as Phosphate-Activating Groups for the regioselective Formation of 3',5'-Linked Oligoadenylates on Montmorillonite: Possible Phosphate-Activating Groups for the prebiotic Synthesis of RNA. *J. Am. Chem. Soc.* 119, 4330-4337.
- SCHMIDTGALL B (2012) Neues zur präbiotischen Entstehung von Stickstoffbasen. *Stud. Int. J.* 19, 118-119.
- VOGEL SR, DECK C & RICHERT C (2005) Accelerating chemical replication steps of RNA involving activated ribonucleotides and downstream-binding elements. *Chem. Comm.* 4922-4924.
- WIEMAN BJ, LOHRMANN R, ORGEL LE, SCHNEIDER-BERNELOEHR H & SULSTON JE (1968) Template-Directed Synthesis with Adenosine-5'-Phosphorimidazolide *Science* 161, 387.

Detaillierte Gemeinsamkeiten der Gehörorgane von Heuschrecke und Mensch

Das Gehörorgan einer Laubheuschrecke weist einen ganzen Komplex von Ähnlichkeiten im Bauplan und in der Funktionsweise mit dem Gehörorgan des Menschen auf. Die Wissenschaftler, die das mit Hilfe von Mikro-Tomographen herausfanden, sprechen – evolutionstheoretisch orientiert – von einer „Serie konvergenter Lösungen“. Das heißt: Ohne Zielorientierung (die es im Rahmen evolutionstheoretischer Modellierungen nicht gibt) soll zweimal unabhängig eine bis in die Details sehr ähnliche komplexe Struktur und Funktionsweise bei stammesgeschichtlich weit voneinander entfernten Tiergruppen erreicht worden sein – eine außerordentliche Konvergenz.

Reinhard Junker

Abb. 1 Konvergente Mechanismen beim Hörvorgang von Säugetieren und Katyriden-Heuschrecken. Dargestellt sind die drei Stadien Schallaufnahme über das Trommelfell, Impedanzwandelung im Mittelohr und Frequenzanalyse in einem flüssigkeitsgefüllten Medium. Näheres im Text. (Nach MONTEALEGRE-ZAPATA et al. 2012)

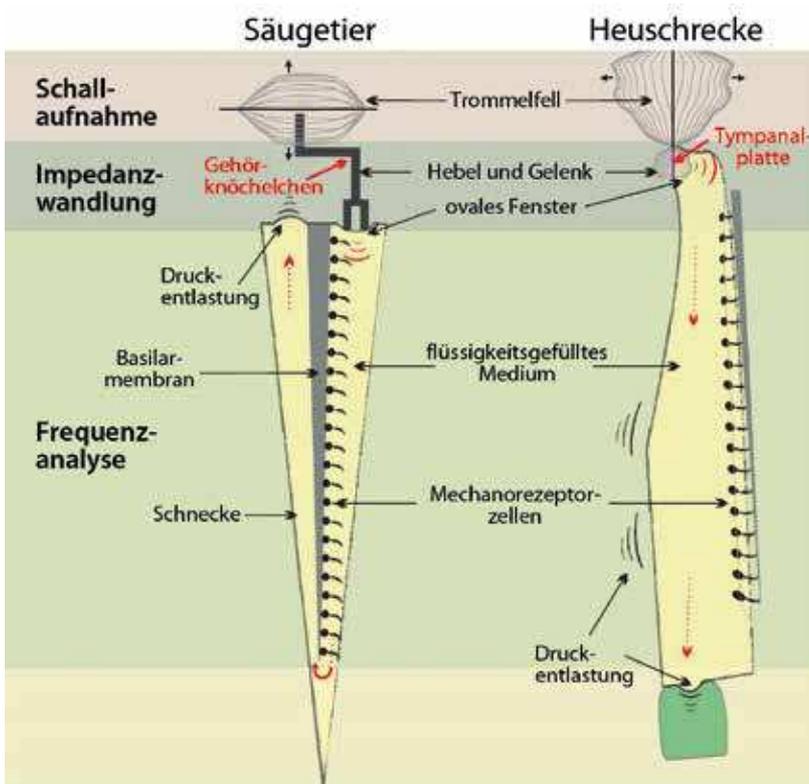
Eine höchst erstaunliche Entdeckung hat ein Forscherteam um Fernando MONTEALEGRE-ZAPATA, Insektenforscher an der Universität von Bristol in Großbritannien gemacht. Die Wissenschaftler fanden mit Hilfe von Mikro-Tomographen heraus, dass das Gehörorgan der im Regenwald lebenden Laubheuschrecke *Copiphora gorgonensis* aus der Gruppe der Katyriden ganz ähnlich funktioniert wie das menschliche, und zwar sowohl in anatomischer als auch in physiologischer Hinsicht. Das an den Beinen befindliche Insektenohr ist wie beim Menschen funktionell dreigeteilt, im Vergleich dazu jedoch extrem miniaturisiert, nämlich etwa 60 mal klei-

ner (das Insektenohr ist insgesamt nur 0,6 mm groß). Legt man eine evolutionäre Entstehungsgeschichte des Lebens zugrunde, handelt es sich hier um ein Beispiel für eine extrem detailgetreue Konvergenz, deren Tragweite für die Frage nach dem „Wie“ der Entstehung kaum überschätzt werden kann.

Aufbau des menschlichen Ohres

Um die weitreichenden Ähnlichkeiten der beiden Sinnesorgane zu verstehen, soll zunächst der Aufbau des menschlichen Ohres beschrieben werden. Außen-, Mittel- und Innenohr ermöglichen Schallaufnahme, Schallumwandlung und Frequenzanalyse. Die Schallwellen erreichen über den äußeren Gehörgang das Trommelfell, das in Schwingung versetzt wird. Daran schließen sich im Mittelohr die bekannten drei Gehörknöchelchen Hammer, Amboss und Steigbügel an. Diese kleinsten Knochen unseres Skeletts leiten die durch die Schallwellen ausgelösten Schwingungen des Trommelfells zum sehr viel kleineren ovalen Fenster weiter. Von dort werden die Schwingungen an die mit Flüssigkeit (Perilymphe) gefüllten Gänge der Schnecke übertragen. Die Gehörknöchelchen haben zusammen mit dem Trommelfell die Funktion eines Impedanzwandler, d.h. sie ermöglichen die Umwandlung niedriger Schalldrücke und hoher Auslenkungen der Luft in hohe Drücke und geringe Auslenkungen in der Perilymphe des Innenohrs. Diese Verstärkung des Schalldrucks wäre nicht möglich, wenn die Flüssigkeit des Innenohres direkt an das Trommelfell angrenzen würde.

In der Schnecke stecken winzige Härchen mit Sinneszellen, die durch die erzeugten Wanderwellen in der Flüssigkeit verbogen werden.



Dadurch werden in den Sinneszellen des Innenohres elektrische Signale erzeugt, was zur Erregung des Hörnervs führt. Auf diese Weise wird letztlich der ankommende Schall in Nervenimpulse umgesetzt und über den Hörnerv sowie die zentralen Hörbahnen ans Gehirn weitergeleitet. In der Schnecke sind die Sinneshaarzellen linear der Länge nach auf einer Membran angeordnet. Jede Zelle reagiert entsprechend ihrer Lage auf der Membran auf eine bestimmte Frequenz, wobei die niedrigsten Frequenzen am einen und die höchsten am anderen Ende erfasst werden – wie bei einem Klavier (tonotopische Repräsentanz).

Ähnliche Verhältnisse bei einer Heuschrecke

MONTEALEGRE-ZAPATA et al. (2012) berichten nun, dass die anatomischen und funktionellen Aspekte des Hörvorgangs beim Menschen außerordentlich ähnlich den Verhältnissen beim Gehörorgan einer Heuschrecke des Regenwaldes sind. Sie zeigten, dass bei diesen Insekten trommelfellartige Membranen des Außenohres mit einer steifen, hebelartigen Struktur, der Tympanalplatte verbunden sind. Diese ist ihrerseits mit einer verlängerten flüssigkeitsgefüllten Kammer des Innenohres verbunden und entspricht damit den Gehörknöchelchen der Säugetiere. Die Impedanzverstärkung ist ähnlich stark wie bei den Säugetieren. Und im Innenohr der Heuschrecke zeigt sich wie bei Säugetieren eine lineare Abfolge von Sinnesrezeptoren, die von Flüssigkeit umgeben sind, ähnlich der Situation in der Schnecke des Säugerohres. Besonders bedeutsam ist die Entdeckung der (oben beschriebenen) Impedanzwandlung und -verstärkung durch das den Gehörknöchelchen analoge Element (s. Abb. 1), welches mit den Trommelfellmembranen zusammenwirkt (vgl. HOY 2012). „Insgesamt zeigen die Daten, dass die Impedanzwandlung, die Ausbreitung der Schallwellen und die tonotopische Repräsentanz biophysikalisch analog denselben Eigenschaften des Säugetierohres sind“ (MONTEALEGRE-ZAPATA et al. 2012, 971).

Ein Komplex von Konvergenzen

Angesichts dieser detaillierten Ähnlichkeiten sprechen MONTEALEGRE-ZAPATA et al. (2012) von einer „Serie konvergenter Lösungen“. Es handelt sich nicht um eine einfache Konvergenz eines einzelnen Bauplanelements, sondern um einen Komplex von Konvergenzen. Evolutionstheoretisch werden Konvergenzen gewöhnlich mit gemeinsamen Selektionsdrücken erklärt, doch sind Selektionsdrücke nur notwendige, aber bei

weitem keine hinreichenden Voraussetzungen für Evolution. Als alternative Erklärung werden Entwicklungszwänge genannt. HOY (2012, 895) bemerkt in seinem Kommentar jedoch, dass damit nur im Falle des Säugerohres argumentiert werden könne, nicht aber in Bezug auf die Konvergenz zum Insektenohr. Im Übrigen können aber auch Konstruktionszwänge nicht für die Entstehung von evolutionär Neuem verantwortlich gemacht werden, sondern bilden ebenfalls nur zu berücksichtigende *Randbedingungen*. Letztlich genügen weder externe (Selektion) noch interne (Konstruktionszwänge) Rahmenbedingungen als Triebfedern für die Entstehung der Ohren. Um die Entstehung der frappierend ähnlichen Baupläne und der analogen Funktionsweise des Insekten- und Säugerohres zu verstehen, reichen die bisher bekannten natürlichen Mechanismen offenkundig nicht aus. Darauf weist indirekt auch HOYS (2012, 895) Bemerkung am Schluss seines Kommentars hin, dass die miniaturisierten Ohren der Insekten Vorbilder sein könnten für die Entwicklung der nächsten Generation akustischer Biosensoren.

Weshalb ist Konvergenz in diesem Fall so schwerwiegend?

Es ist schon ein evolutionstheoretisches Problem ersten Ranges, wie Sinnesorgane überhaupt in einzelnen Abstammungslinien entstehen. Man muss sich die Details klarmachen, die zusammenstimmen müssen, damit ein Ohr überhaupt eine minimale Funktion aufweisen kann. Und man muss sich vor Augen halten, dass es in einer natürlich verlaufenden Evolution keine Zielorientierung gibt. Wenn nun aber ohne Zielorientierung *zweimal unabhängig* eine bis in die Details sehr ähnliche komplexe Struktur und Funktionsweise bei stammesgeschichtlich weit voneinander entfernten Tiergruppen erreicht wird, muss das zu denken geben. (Man kann das Problem vielleicht andeutungsweise damit vergleichen, dass zwei Wanderer blind von ganz verschiedenen Ausgangspunkten aus ohne Wissen eines Zieles und ohne Lenkung denselben weit von ihnen entfernten Punkt erreichen sollten.) Bisher bekannte natürliche Evolutionsmechanismen sind für die Erklärung dieses Phänomens ungeeignet, jedoch in einem Schöpfungskontext leicht zu verstehen.

Literatur

- HOY RR (2012) Convergent evolution of hearing. *Science* 338, 894–895.
MONTEALEGRE-Z. F, JONSSON T, ROBSON-BROWN KA, POSTLES M & ROBERT D (2012) Convergent Evolution Between Insect and Mammalian Audition. *Science* 338, 968–971.



Abb. 2 Katyriden-Männchen der Gattung *Scudderia*. (Wikimedia Commons, Foto: Bruce MARLIN)

Weitere Informationen zum „Spiegel der Weisen“

Homochiralität, also das Vorkommen nur einer von zwei spiegelbildlichen Formen beispielsweise bei Aminosäuren, ist für Lebewesen unverzichtbar. Ihre Entstehung widersetzt sich nach wie vor einer naturalistischen Erklärung. In der letzten Ausgabe unserer Zeitschrift wurde ein Erklärungsversuch diskutiert, dem hier einige weitere Informationen angefügt werden sollen. Dabei dreht es sich wieder um die Frage des Eintrags von Biomolekülen durch eine bestimmte Klasse von Meteoriten, die Chondrite.

Peter Imming

In der vorigen Ausgabe von *Studium Integrale Journal (SIJ)* erschien ein Artikel über naturalistische Erklärungsversuche, warum in Lebewesen beispielsweise Aminosäuren homochiral vorkommen (IMMING 2012). Kurz und vereinfacht gesagt: Von zwei spiegelbildlichen Formen, die in der Chemie „Enantiomere“ genannt werden, kommt nur eine vor, bei Aminosäuren das sogenannte L-Enantiomer. Homochiralität ist für biochemische Prozesse eine notwendige Voraussetzung. Bei ungesteuerten chemischen Synthesereaktionen entstehen beide Formen zu gleichen Teilen, als sogenannte Racemate. Wie soll man sich das Vorherrschen der einen Form erklären, wenn nie jemand die Entscheidung für eine Form traf? Oder wie ein Fachartikel formulierte: „There appear to be no biochemical reasons why left-handed amino acids should be favored over right-handed amino acids in enzymes“ (GLAVIN & DWORKIN 2009).

Eine Hypothese hält den Eintrag von Aminosäuren aus Meteoriten für wichtig, was im SIJ-Artikel behandelt wurde. Zeitgleich erschien ein kürzerer Artikel zur selben Thematik in der Zeitschrift „Sterne und Weltraum“ (KONITZER 2012). Die darin referierten Hypothesen und Gedanken sind in der Fachliteratur schon vor Jahren andiskutiert (z. B. GLAVIN & DWORKIN 2009) und jüngst verfeinert worden (GLAVIN et al. 2012). Hier soll als Ergänzung zum SIJ-Artikel auf den Aspekt eingegangen werden, warum überhaupt für einige wenige Aminosäuren ein Enantiomerenüberschuss vorliegt, und es sollen einige weitere Informationen zur „Meteoriten-Hypothese“ gegeben werden.

„Leben“ aus dem All?

Der Murchison-Meteorit und andere kohlige Chondrite enthalten eine Reihe von einfachen

Molekülen, die auch in Experimenten zur präbiotischen Chemie bisher hergestellt wurden (LAZCANO 2012). Die Überlappung betrifft allerdings nur ganz wenige Moleküle. Außerdem wird vorausgesetzt, was erklärt werden soll: Man nimmt ohne echten naturwissenschaftlichen Beleg an, dass die Meteoriten „alt“ sind, und daher Zeugen der Chemie eines ursprünglichen Sonnensystems seien. Die Annahme schließt ein, dass die Zusammensetzung der Meteoriten auch im Detail – es geht ja um winzige Mengen von Aminosäuren – in den letzten Jahren, ja Jahrtausenden keine Veränderungen erlebt hat. Bei extraterrestrischen Bruchstücken ist das empirisch natürlich nicht belegbar.

Abgesehen von der Annahme, die Zusammensetzung dieser Meteorit-Bruchstücke erlaube einen direkten Blick zurück auf die Chemie vor dem Anfang des Lebens, werden diese Bruchstücke auch als Ursprung organischer Materialien auf der Erde und somit als direkte chemische Vorläufer heutiger Lebewesen diskutiert. DARWIN und seine Freunde und Anhänger machten sich noch über die Idee lustig, Leben auf Meteoriten auf die Erde zu bringen (STRICK 2000, S. 92). Das bezog sich auf den Eintrag fertiger, irgendwo spontan entstandener Zellen, wie es beispielsweise WILLIAM THOMSON (Lord Kelvin), HERMANN VON HELMHOLTZ und SVANTE ARRHENIUS annahmen (LAZCANO 2012). Die spontane Generation von Zellen ist derzeit keine gängige naturalistische Hypothese, sondern seit OPARIN und HALDANE wird über eine kleinschrittige Entstehung der „Moleküle des Lebens“ und der ersten Zellen spekuliert und modellhaft experimentiert. Das ist aus dem gegenwärtig in der Naturwissenschaftsphilosophie vorherrschenden Monismus abgeleitet, der keinen Kategorienunterschied zwischen Materie und Leben macht.

Aus präbiotischer Sicht sind vor allem die kohligten Chondrite (carbonaceous chondrites)

interessant. Sie enthalten 1-2 Massen% Kohlenstoffverbindungen (ALEXANDER et al. 2007). Es gibt ca. 700 Bruchstücke, die weltweit verstreut in Sammlungen aufbewahrt werden. Der größte Teil (70-99%) der Kohlenstoffverbindungen weist eine hohe relative Molekülmasse auf (1000 und mehr), ist unlöslich und dem Kerogen ähnlich. Der Rest der Kohlenstoffverbindungen ist niedermolekular und löslich (CLEAVES 2012).

Kohlenstoffverbindungen aus dem All?

Kerogen ist die häufigste Form von organisch gebundenem Kohlenstoff in der Erdkruste. Dort entsteht es durch Zersetzung organischen Materials. Das wird für das Kerogen in Meteoriten nicht angenommen. Eine Kontamination der Meteoriten mit irdischem organischem Material wird aufgrund der unterschiedlichen Isotopenverteilungsmuster ausgeschlossen bzw. als gering angesehen. Als weiterer Hinweis für die nichtterrestrische Herkunft von Kohlenstoffverbindungen in Chondriten wird das Vorkommen von Racematen chiraler Moleküle, beispielweise Aminosäuren, angesehen. Wie im SIJ-Artikel näher ausgeführt (dort auch Literaturangaben), wiesen acht Aminosäuren und eine Hydroxysäure in vielen Proben keinen, in manchen Proben einen Enantiomerenüberschuss bis ca. 19% zugunsten des L-Enantiomers auf. Das ist der Enantiomertyp, der im Wesentlichen die Peptide und Proteine von Lebewesen konstituiert; allerdings betraf er nur nicht-proteinogene Aminosäuren, also solche Aminosäuren, die in Lebewesen nicht vorkommen. Der Enantiomerenüberschuss schwankte z. T. sehr stark; für Isovalin betrug er in Bruchstücken des Murchison-Meteoriten zwischen 0 und 15% in Abhängigkeit davon, welches Bruchstück man untersuchte, und er schwankte auch innerhalb eines Bruchstücks über kleine Abstände hinweg. Auch im Bell-Meteorit wurde weder für Isovalin noch für die anderen darin nachgewiesenen nicht-proteinogenen Aminosäuren ein Enantiomerenüberschuss gefunden. Enantiomerenüberschüsse in Chondriten sind bisher die einzigen, die einem abiotischen Ursprung zugeschrieben werden.

Abiotische Entstehung eines Enantiomerenüberschusses?

Wie kann der Enantiomerenüberschuss überhaupt entstanden sein (s. auch IMMING 2012)? Erstens könnte er auf experimentelle Fehler,

Kontamination etc. zurückgehen, was wegen der starken Schwankungen der Überschüsse in verschiedenen Meteoritenbruchstückteilen nicht ausgeschlossen werden kann. Jedenfalls ist aus den wenigen Daten keine Systematik für die abiotische Entstehung von Enantiomerenüberschüssen ableitbar. Zweitens kann ebenfalls, wie erwähnt, nicht ausgeschlossen werden, dass organisches Material aus bisher unbekanntem, gegebenenfalls wohl einzelligen Lebewesen vorlag und man die Zersetzungsprodukte analysiert. Das organische Material hätte molekulare Homochiralität aufgewiesen, wenn die Lebewesen ähnlich wie terrestrische gebaut waren. Das Vorkommen von Bakterien auch in extremen Habitaten auf der Erde (heiße Quellen; Totes Meer; Tiefseeergräben) erlaubt die Spekulation, dass gewisse, noch unbekannt einzellige auf Meteoriten oder deren größeren Vorgängern existieren konnten. Allerdings würde man dann in den Chondriten noch andere Überreste biochemischer Vorgänge erwarten. Als dritte Möglichkeit kommt schließlich in Betracht, dass sich ein Überschuss eines Enantiomers durch Rekristallisationsprozesse in wässrigen Lösungen aufbaut. Das wird als Ursache der Enantiomerenüberschüsse diskutiert, die in Bruchstücken des Tagish-Lake-Chondriten gefunden wurden (GLAVIN et al. 2012). Allerdings lagen Überschüsse nur bei Asparaginsäure und Glutaminsäure vor, während z. B. Alanin durch genau diesen Prozess racemisiert wird (GLAVIN et al. 2012). Diese Einzelbeobachtung eines Enantiomerenüberschusses von Aminosäuren führt also wiederum nicht zu einem homochiralen System, wie es schon in einfachsten Einzellern, ja Viren etabliert und unerlässlich ist.

Literatur

- ALEXANDER CMOD, FOGEL M et al. (2007) The origin and evolution of chondrites recorded in the elemental and isotopic compositions of their macromolecular organic matter. *Geochim. Cosmochim. Acta* 71, 4380-4403.
- CLEAVES II HJ (2012) Prebiotic chemistry: What we know, what we don't. *Evo. Edu. Outreach* 5, 342-360.
- GLAVIN DP & DWORKIN JP (2009) Enrichment of the amino acid l-isovaline by aqueous alteration on CI and CM meteorite parent bodies. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106, 5487-5492. DOI: 10.1073/pnas.0811618106.
- GLAVIN DP et al. (2012) Unusual nonterrestrial L-proteinogenic amino acid excesses in the Tagish Lake meteorite. *Meteoritics & Planetary Science* 47, 1347-1364. DOI: 10.1111/j.1945-5100.2012.01400.x.
- IMMING P (2012) Auf der Suche nach dem „Spiegel der Weisen“. *Studium Integrale Journal* 19, 84-92.
- KONITZER F (2012) Aminosäuren aus dem All. *Sterne und Weltraum* 1, 23-24.
- LAZCANO A (2012) The origin and evolution of life: Where, when and how? *Evo. Edu. Outreach* 5, 334-336.
- STRICK JE (2000). Sparks of life. Darwinism and the Victorian debate over spontaneous generation. *Endeavour* 33, 147-150.

■ Das älteste vollständige Fossil eines „Insekts“: ein Kleinkrebs?

In der fossilen Überlieferung der ältesten Landwirbeltiere (Vierbeiner, Tetrapoda) gibt es eine markante Lücke, in der vergleichsweise sehr wenige Fossilien bekannt sind, die sogenannte Romer-Lücke. Sie ist nach dem berühmten Wirbeltierpaläontologen Alfred S. ROMER benannt und umfasst mit etwa 15 Millionen Jahren einen Teil des Unterkarbons (oft werden auch 20 Millionen Jahre angegeben). Die Romer-Lücke war schon manches Mal Gegenstand von Artikeln in *Studium Integrale Journal* (vgl. zuletzt JUNKER 2012). Im Blick auf die Gliederfüßer (Arthropoda) ist dieser Abschnitt der Fossilüberlieferung noch spannender, da hier eine sehr viel größere Lücke in der Fossilüberlieferung vorliegt, die nach radiometrischen Datierungen mit dem Zeitraum von 385–325 Millionen Jahren sogar 60 Millionen Jahre umfasst und die Romer-Lücke einschließt (360–345 Millionen Jahre).

Ein Unterschied zur Romer-Lücke ist jedoch, dass vor der Überlieferungslücke bisher nur wenige Fossilien von Insekten – die artenreichste Klasse der Arthropoda – vorliegen und diese zudem nur bruchstückhaft überliefert sind. Dazu gehört das älteste Insekten-Fossil *Rhyniognatha hirsti* aus dem berühmten Rhynie-Chert Schottlands (Unterdevon, auf 402 Millionen Jahre datiert), das für hervorragend erhaltene Funde früher Landpflanzen bekannt ist. Von *Rhyniognatha* ist ein Paar Kiefer fossil überliefert, das von einem geflügelten Insekt stammt, das innerhalb der basalen Ectognathen (Freikiefler) als abgeleitet („höherentwickelt“) eingestuft wird (ENGEL & GRIMALDI 2004; vgl. SHEAR 2012, 34). Über die Entstehung der Insekten kann diese Art kaum Auskunft geben. Im US-Bundesstaat New York wurden Bruchstücke von Insektenfossilien gefunden, die auf 385 Millionen Jahre datiert werden.

Letztes Jahr wurde ein Fund beschrieben, der die Gliederfüßer-Lücke zu verkleinern schien (GARROUSTE et al. 2012) und als das älteste *vollständig erhaltene* Insektenfossil bekanntgegeben wurde. Der Fund erhielt den Namen *Strudiella devonica*, ist acht Millimeter lang und 1,7 Millimeter breit, wurde im Oberdevon des Namur-Dinant-Becken im Südosten Belgiens entdeckt und auf 370 Millionen Jahre datiert. Die Autoren beschrieben dreieckige Mundwerkzeuge, gegliederte Antennen, sechs Beine am Brustkorb sowie einen Hinterleib, der sich in zehn Segmente gliedert. In dieser Kombination sind diese Kennzeichen ausschließlich für Insekten typisch. Das Tier besaß lange Antennen und große Augen. Vermutlich lebte es an Land. Obwohl Flügel fehlen, gingen die Forscher davon aus, dass das Tier Flügel besaß, da es Insekten einer Insektengruppe mit Flügeln ähnelt, und dass es sich beim Fossilfund um eine Nymphe handelt und nicht um ein ausgewachsenes Exemplar.

Eine Nachuntersuchung mit Hilfe hochauflösender Kamertechnik einer Arbeitsgruppe der Universität Göttingen offenbarte jedoch, dass das Fossil mehr als die insektentypischen sechs Beine besaß. (HÖRNSCHEMEYER et al. 2013). Weitere subtilere Details deuteten eher darauf hin, dass es sich um das Fossil eines zerfallenden Kleinkrebss handelt. Für die Interpretation von fossilen Resten als Mundwerke und Augen gebe es keine überzeugenden Hinweise. In einer Replik verteidigen GARROUSTE et al. (2013) jedoch die Möglichkeit, das Fossil als Insekt zu deuten. Es bestehen offenbar mehrere Deutungsmöglichkeiten und ein abschließendes Urteil scheint nicht möglich zu sein.

Ähnlich wie bei den mittlerweile entdeckten Fossilien von Vierbeinern aus der Romer-Lücke (SMITHSON et al. 2012) würde der umstrittene neue Fund zwar eine Überlieferungslücke verkleinern, nicht aber eine morphologische

Lücke (Bauplan-Lücke) zwischen verschiedenen Formen. Nach der Gliederfüßer-Lücke taucht fossil „explosiv“ eine große Vielfalt verschiedener Insektengruppen wie Eintagsfliegen, Proto-Libellen und andere, auch ausgestorbene Formen in großer morphologischer Verschiedenartigkeit auf (SHEAR 2012, 34; GARROUSTE et al. 2012, 84) – eine bemerkenswerte Parallele zum explosiven Auftreten von Vierbeinern nach der Romer-Lücke, wenn auch zu einem späteren Zeitpunkt. Ob die Überlieferungslücke auf besondere atmosphärische Bedingungen zurückzuführen ist oder ob sie gar nicht „echt“ ist, also einfach nur zu wenige Entdeckungen gemacht wurden, ist eine offene Frage. SHEAR (2012, 35) beklagt, dass bisher fast gar nicht nach Insekten in Schichten gesucht worden sei, die älter als diejenigen sind, in denen *Strudiella* gefunden wurde. Bis auf weiteres bleiben daher sowohl die Überlieferungslücke als auch die morphologischen Lücken zwischen Insekten und möglichen Vorläufern in der Fossilüberlieferung herausfordernd groß.

[ENGEL MS & GRIMALDI DA (2004) New light shed on the oldest insect. *Nature* 427, 627-630; GARROUSTE R, CLÉMENT G et al. (2012) A complete insect from the Late Devonian period. *Nature* 488, 82-85; GARROUSTE R, CLÉMENT G et al. (2013) Garrouste et al. reply. *Nature* 494, E4-E5; HÖRNSCHEMEYER T et al. (2013) Is *Strudiella* a Devonian Insect? *Nature* 494, E3-E4; JUNKER R (2012) Eine Lücke weniger? Vierbeiner aus der Romer-Lücke. *Stud. Int. J.* 19, 110-111; SHEAR WA (2012) An insect to fill the gap. *Nature* 488, 34-35; SMITHSON TR, WOOD SP, MARSHALL JEA & CLACK JA (2012) Earliest Carboniferous tetrapod and arthropod faunas from Scotland populate Romer's Gap. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 109, 4532-4537.] R. Junker

■ „Urzeitkrebs“ *Triops* – lebendes Fossil mit unklarer Geschichte

Er gehört zu den Standardbeispielen für „lebende Fossilien“, also Formen, die fossil bekannt sind und heute in kaum veränderter oder unveränder-

ter Form nach wie vor existieren: Der „Urzeitkrebse“ *Triops* (Abb. 1). Der zur Klasse der Kiemenfußkrebse (Branchiopoda) und Ordnung der Rückenschaler (Notostraca) gehörende Krebs besiedelt einen Lebensraum, dessen Bedingungen sich häufig und radikal ändern, nämlich kurzlebige, austrocknende Gewässer, und zwar hauptsächlich im Süßwasser. Solche Lebensräume entstehen beispielsweise nach starken Regenfällen oder bei jahreszeitlichen Überschwemmungen. Um hier überleben zu können, benötigen die Tiere besondere Fähigkeiten. So können ihre Embryonen in einem frühen Entwicklungsstadium (Gastrula) in einem extrem widerstandsfähigen einzystierten (eingekapselten) Zustand jahrelang im Boden ruhen (man spricht auch von „Dauereiern“). Bei einer Überschwemmung schlüpfen dann die Nauplius-Larven (Primär- oder Eilarven). Beim 6-8 cm langen *Triops cancriformis* ist das Überdauern von 27 Jahren Trockenheit im Freiland nachgewiesen.

Der Lebenszyklus dauert entsprechend der Kurzlebigkeit der Lebensräume maximal nur drei Monate. Umso erstaunlicher ist, dass diese Gattung nach gängigen erdgeschichtlichen Theorien vom Karbon bis heute über 300 Millionen Jahre hinweg nahezu unverändert überlebt hat. Vermutlich hilft dabei das große Maß an phänotypischer Plastizität; das ist die Fähigkeit, je nach Umweltbedingungen unterschiedliche Fähigkeiten ausbilden zu können, was den Krebsen ermöglicht, veränderliche Lebensbedingungen meistern zu können. Die winzigen Dauereier könnten durchaus durch Wind und Tiere verbreitet werden; es ist aber nicht nachgewiesen, dass dies auch geschieht. Jedenfalls sind die „Urzeitkrebse“ nahezu weltweit verbreitet und diese Verbreitung dürfte ohne entsprechende Ausbreitungsmöglichkeiten kaum möglich gewesen sein. Neben der Gattung *Triops* gehört auch noch die Gattung *Lepidurus* zur einzigen Notostraca-Familie der Triopsidae; auch sie ist ein lebendes Fossil. Die Ähnlichkeiten zwischen einigen heute lebenden und fossilen *Triops*-Formen aus der Trias sind so weitgehend, dass

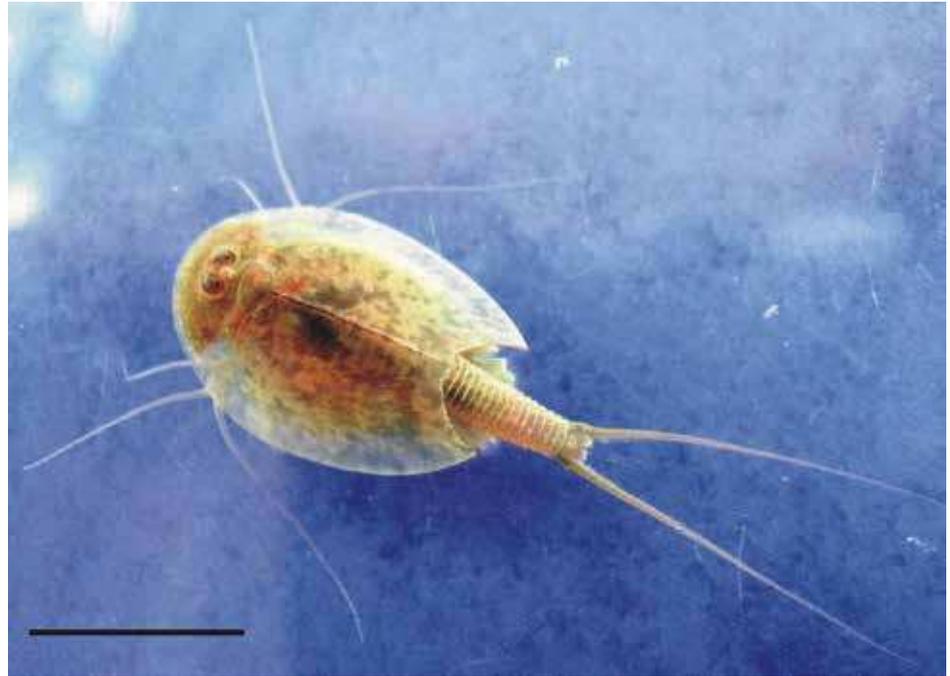


Abb. 1 *Triops cancriformis* (Foto: Aline WATERKEYN; aus VANSCHOENWINKEL et al. 2012), Balken: 2 cm

einige fossile Arten (z. B. *T. cancriformis*) sogar heute lebenden Biospezies zugeordnet werden können.

Eine Forschergruppe (VANSCHOENWINKEL et al. 2012) hat kürzlich DNA-Sequenzen zweier Gene aus den Mitochondrien von Tieren aus 60 Populationen bzw. Arten aus verschiedenen geographischen Regionen der ganzen Welt verglichen. Dabei stellte sich überraschenderweise heraus, dass die molekularen Unterschiede viel geringer (ca. 8 mal geringer) ausfallen als sie nach mehreren hundert Millionen Jahren zu erwarten wären. Die Autoren schlagen vor, diesen Widerspruch zu den evolutionstheoretischen Erwartungen durch die Annahme aufzulösen, dass die heutigen Formen von Vorläufern abstammen, die „erst“ vor etwa 30-55 Millionen gelebt haben und dass die heutigen Formen von einer einzigen damals überlebenden Linie abstammen. Diese Annahme erscheint allerdings recht willkürlich und lässt viele Fragen offen, etwa warum nur eine von mehreren früher schon existenten Linien der Triopsidae überlebt habe und wie es anschließend zu den Ähnlichkeiten zwischen fossilen und heutigen Formen auf Artebene (!) gekommen ist (s. u.). Die Hypothese der Autoren findet jedoch darin eine gewisse Stütze, dass einige Arten von *Triops* auf bestimmte geographische

Regionen begrenzt sind, was bei einer frühen Differenzierung der Arten weniger zu erwarten wäre. Allerdings kommen manche Arten auf verschiedenen Kontinenten vor.

Die Ähnlichkeiten zwischen fossilen und heute lebenden Arten müssten unter der Annahme einer späten Radiation auf Konvergenzen zurückgeführt werden. VANSCHOENWINKEL et al. (2012, 7) schreiben, dass heutige Arten, die in ihrem Körperbau praktisch identisch mit fossilen Formen sind, sehr verschiedene evolutionäre Linien repräsentieren – eine ungewöhnliche Schlussfolgerung, da Ähnlichkeiten gewöhnlich als Hinweise auf gemeinsame Ahnen gewertet werden. Man könnte aber auch in eine andere Richtung fragen: Wie gut sind molekulare Uhren als Marker geeignet? Korrelieren molekulare Unterschiede überhaupt oder generell mit der Zeitdauer der Existenz der betreffenden Arten?

Sollte sich die begrenzte genetische Vielfalt dieser bereits sehr lange existierenden Krebstiere in zukünftigen umfangreicheren genetischen Studien bestätigen, so könnte das auch als ein Hinweis auf begrenzte Variabilität gesehen werden.

[VANSCHOENWINKEL B, PINCEEL T, VANHOVE MPM, DENIS C, JOCQUE M, TIMMS PV & BRENDONCK L (2012) Toward a global phylogeny of the “living fossil” crustacean order of the Notostraca. PLoS ONE 7(4): e 34998; doi:10.1371/journal.pone.0034998.] R. Junker



Abb. 1 Junge Seidenspinne mit Beute (parasitische Wespe) in fossilem Harz: Die Beute ist in Kontakt mit Spinnfäden des Netzes und die Spinne berührt die Wespe mit drei Beinen. Der große Beinabschnitt (fast rechtwinklig) gehört zu der sich in unmittelbarer Nähe befindlichen männlichen Seidenspinne. Mit freundlicher Genehmigung von G. O. POINAR Jr.

■ Jagdszene in Bernstein: Spinne erbeutet Wespe

Es gibt bereits viele Beschreibungen von Spinnen in fossilem Harz (WUNDERLICH 2004). Nun wurde in einem Bernstein (ca. 12 x 5,4 x 3 mm) aus einer Mine in Myanmar (Birma bzw. Burma) eine Jagdszene von Spinnen mit einer Wespe als Beute beschrieben (POINAR & BUCKLEY 2012). Geologisch wird das Vorkommen dieser Mine der Unteren Kreide (Oberes Albien) zugeordnet; dies entspricht einem datierten Alter von 97-110 Millionen Jahren.

In dem Bernstein fanden die Autoren zwei verschiedene Organismen, wobei es sich in beiden Fällen um neue Arten handelt. Die beiden in fossilem Harz erhaltenen Spinnen beschreiben die Autoren als zu den Webspinnen gehörige Seidenspinnen (Araneae: Nephilidae) und benennen sie als *Geratonephila burmanica* (von gr.: geratos, alt, in Verbindung mit dem Gattungsnamen *Nephila*). Es handelt sich dabei um eine Jungspinne und ein erwachsenes männliches Exemplar. Weiter ist eine parasitische Wespe (Hymenoptera: Platygasteridae) in dem Stück fossilen Harzes eingeschlossen, die POINAR & BUCK-

LEY als *Cascoscelio incassus* bezeichnen. Die Wespe ist im Spinnennetz gefangen und die Jungspinne ist mit drei Beinen in direktem Kontakt mit der Beute. Hier ist also ein dramatischer Moment in fossilem Harz mit ganz erstaunlichen Details festgehalten.

Die Autoren erkennen in der festgehaltenen fossilen Szenerie Hinweise für das Sozialverhalten der Spinnen. Das gemeinsame Vorkommen einer erwachsenen männlichen und einer jugendlichen Spinne im selben Netz legt auch die Anwesenheit einer weiblichen Spinne nahe. Sozialverhalten bei Spinnen, die weit überwiegend und typischerweise solitär (als Einzelgänger) leben, wird kontrovers diskutiert. POINAR & BUCKLEY charakterisieren soziale Spinnen durch Zusammenleben von jugendlichen und erwachsenen Spinnen in einem gemeinsamen Netz sowie durch Kooperation beim Netzbau und/oder beim Nahrungserwerb. Mit größeren Netzen kann ein umfangreicherer Raum zum Beutefang genutzt werden. Die erwachsenen und die halbwüchsigen Spinnen tolerieren sich gegenseitig und den gemeinsamen Nachwuchs. Herabgesetzte innerartliche Aggressivität und

reduzierter Kannibalismus sind das besondere Kennzeichen von sozialen Spinnen. Dieser Befund ist insofern erstaunlich, als Sozialverhalten bei Spinnen selten ist; AGNARSSON et al. (2006) nennen nur 23 von mehr als 39 000 Spinnenarten, in denen diese Lebensweise vorkommt. Die genannten Kennzeichen sozialen Verhaltens treten bei heutigen Spinnen in verschiedensten Gruppen auf; sie müssen also mehrfach unabhängig voneinander entwickelt worden sein.

Obwohl die Kooperation gegenüber einem solitären Lebensstil viele Vorteile aufweist, ist dieser bei Spinnen im Gegensatz zu manchen Insekten (z. B. Bienen und Ameisen) nicht verbreitet. POINAR & BUCKLEY (2012) präsentieren den bisher ältesten fossilen Beleg für soziale Spinnen.

Die in dem fossilen Harz erhaltenen Spinnfäden des Netzes zeigen neben den für Seidenspinnen typischen Klebetröpfchen (4-25 µm) auch daran haftende Schmetterlingsschuppen, Pollen, Sporen und Staubpartikel. Dies ist auch von Netzen heutiger Seidenspinnen bekannt, die ihre Netze bei Beschädigung ausbessern, aber nicht in kurzen Zeitabständen komplett erneuern. Dieser „Beifang“ sowie das an den Spinnfäden kondensierende Wasser könnten auch einen Beitrag zur Ernährung von Spinnen bieten.

[AGNARSSON I, AVILES L, CODDINGTON JA & MADDISON WP (2006) Sociality in the Theridiid spiders: repeated origins of an evolutionary dead end. *Evol.* 60, 2342-2351; POINAR G & BUCKLEY R (2012) Predatory behaviour of the social orb-weaver spider, *Geratonephila burmanica* n. Gen., n. Sp. (Araneae: Nephilidae) with its wasp prey, *Cascoscelio incassus* n. Gen., n. sp. (Hymenoptera: Platygasteridae) in Early Cretaceous Burmese amber. *Hist. Biol.* 24, 512-525; WUNDERLICH J (2004) Fossil spiders in amber and copal. *Beitr. Araneol.* 3a und b.]
H. Binder

■ Menschenaffen kaum intelligenter als „niedere“ Affen

Forschungsergebnisse zeigen immer wieder die Intelligenz von Menschenaffen. Wissenschaftlerinnen vom Deutschen Primatenzentrum (DPZ) in Göttingen konnten jetzt nachweisen, dass die weniger menschlichen Anubispaviane und

Javaneraffen ähnlich gut denken können (SCHMITT et al. 2012). Bisher war man davon ausgegangen, dass die Großaffen den „niederen“ Tieraffen geistig überlegen sind.

SCHMITT und ihre Kolleginnen zeigten beispielsweise ihren Versuchstieren zwei Tücher, auf denen sich Bananenscheiben befanden, eines war jedoch zerschnitten. Die Tiere konnten nur an die Nahrung gelangen, wenn sie an dem intakten Tuch zogen. Diese Aufgabe hatten Menschenaffen gelöst. Aber auch die Altweltaffen bewältigten sie mit ähnlichem Ergebnis.

Außer dem Verständnis der Kausalität wurde auch die soziale Intelligenz der Tiere untersucht. Dazu nahmen die Forscherinnen beispielsweise zwei Becher, von denen einer Rosinen enthielt. Vor den Affen deuteten sie auf den Becher mit den Rosinen. Damit wollten sie prüfen, ob die Tiere den Hinweis verstehen. Die Paviane und Javaneraffen verstanden wie die Menschenaffen den Hinweis nicht. Sie entschieden sich wahllos für den einen oder anderen Becher.

Die Ergebnisse der Studie zeigen, dass die Grenze, die in der Forschung oft zwischen Menschenaffen und den übrigen Arten gezogen wird, vermutlich weniger deutlich ist als angenommen. Die Größe des Gehirns ist für die Denkfähigkeit entgegen den bisherigen Erwartungen offenbar nicht so bedeutend. Stattdessen spielt die soziale und ökologische Umwelt eine größere Rolle als die phylogenetischen Verwandtschaftsverhältnisse (DIEDERICH 2012, SCHMITT et al. 2012).

Dieses Ergebnis wirft auch eine grundlegende Anfrage an das makroevolutionäre Denken auf. Denn in diesem Deutungsrahmen werden für die Beurteilung spezifischer Fähigkeiten unterschiedlicher Spezies allzu einfache Bewertungs-Schemata angewandt: Besser-schlechter, höher-niedriger oder fortschrittlicher-primitiver. In der Ursprungsforschung des Menschen praktisch angewendet werden meist Affen gegen Menschen, angenommene Vorläufer gegen hypothetische Nachfolger in ihren Fähigkeiten nach solchen Schemata eingestuft und in eine evolutionä-

re Stufenleiter angeordnet, anstatt die Andersartigkeit der betreffenden Formen möglichst umfangreich sachlich zu beschreiben (HARTWIG-SCHERER 1999).

[DIEDERICH S (2012) Überraschend clevere Paviane. Deutsches Primatenzentrum GmbH – Leibniz-Institut für Primatenforschung. 26.03.2012; <http://idw-online.de/pages/de/news?print=1&id=469292> (Zugriff am 7.12.2012); HARTWIG-SCHERER S (1999) Bemerkenswert alte und komplexe Steinwerkzeuge aus Äthiopien. Stud. Int. J. 6, 82-84; SCHMITT V, PANKAU B & FISCHER J (2012) Old world monkeys compare to apes in the primate cognition test battery. PLoS ONE 7(4): e32024. doi:10.1371/journal.pone.0032024.] M.Brandt

■ Die ersten Kiefer besaßen auch Zähne

Alle heute lebenden kiefertragenden Wirbeltiere besitzen auch Zähne, wenn man von Formen absieht, deren Zahnlosigkeit als späterer Verlust interpretiert wird (wie z. B. bei Schildkröten). Bisher schien das aber nicht für alle fossile Formen zu gelten. Denn die nur fossil bekannten Panzerfische (Placodermi), die aus 420-360 Millionen Jahre alt datierten Schichten stammen, wurden von vielen Forschern als zahnlose Formen angesehen, die nur zahnähnliche Knochenvorsprünge besaßen. Es war umstritten, ob es sich bei diesen Strukturen um echte Zähne handelte.

Neuartige Untersuchungen haben nun eindeutig gezeigt, dass die Panzerfische Zähne hatten. Ein internationales Forscherteam hat Versteinerungen der Gattung *Compagopiscis* mit Hilfe von hochenergetischem Röntgenlicht aus der Synchrotron Lichtquelle des Paul-Scherrer-Instituts (Villigen/Schweiz) durchleuchtet (RÜCKLIN et al. 2012). Auf diese Weise konnten sie zerstörungsfrei dreidimensionale Mikroskopbilder der untersuchten Objekte erzeugen, ähnlich wie bei einer Computertomographie. Dadurch war es möglich, verschiedene Gewebe, Zelltypen und Wachstumslinien innerhalb der knöchernen Kiefer sichtbar zu machen und die Existenz von Zähnen mit Dentin und Zahnmark (Pulpa) nachzuweisen. Es konnten verschiedene Stadien dargestellt werden, die mit der Embryonalentwicklung heutiger Wirbeltiere verglichen wurden.

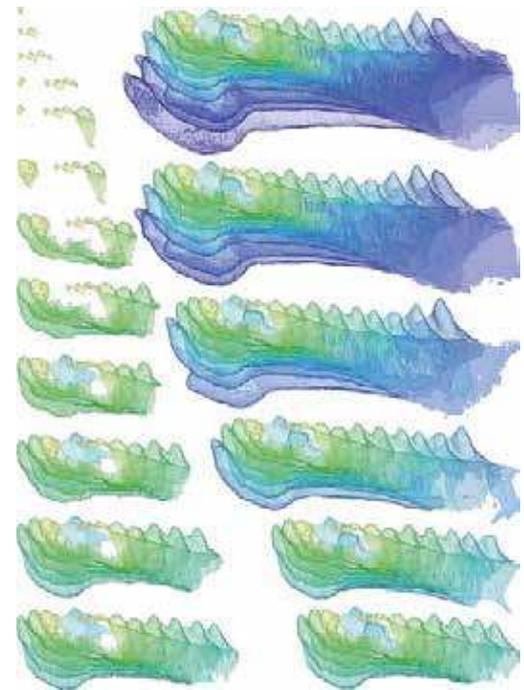


Abb. 1 Virtuelles Modell der Entwicklung von Zähnen und Kiefer des Panzerfisches *Compagopiscis*. Von links oben nach rechts oben sind aufeinanderfolgende Entwicklungsstadien von Zähnen in Zahnreihen und verbindendem Gewebe dargestellt. (Aus RÜCKLIN et al. 2012)

Es gibt aber einen Unterschied zu den meisten heutigen Zähnen von Wirbeltieren. Die Zähne wuchsen nur an der Oberfläche des Kieferknochens und besaßen keine Wurzeln. Daraus kann man schließen, dass die Zähne nicht ersetzt werden konnten, wenn sie abgenutzt oder abgebrochen waren. In dieser Hinsicht gleichen sie am ehesten einigen Stachelhaien (Acanthodii), Holocephalen (eine Gruppe der Knorpelfische) und Lungenfischen (RÜCKLIN et al. 2012, 3).

Damit erscheinen Zähne nach gegenwärtigem Wissensstand gemeinsam mit den Kiefern im Fossilbericht. Evolutionstheoretisch war man bisher davon ausgegangen, dass echte Zähne erst lange nach den Kieferknochen entstanden seien. Die anhand des Panzerfisches gewonnenen Erkenntnisse widerlegen dies nun eindeutig. Insgesamt bleibt die Entstehung von Kiefern unbekannt und dieses Geheimnis ist durch die gleichzeitige Präsenz von Zähnen nicht kleiner geworden.

[RÜCKLIN M, DONOGHUE PCJ, JOHANSON Z, TRINAJSTIC K, MARONE F & STAMPANONI M (2012) Development of teeth and jaws in the earliest jawed vertebrates. Nature, Advance Online Publication 17 October 2012; <http://dx.doi.org/10.1038/nature11555>] R. Junker

■ **Vernanimalcula – „Gnadentod“ für das älteste „Zweiseitentier“**

Vor einigen Jahren wurde von Funden einfachster zweiseitig organisierter Vielzeller (Bilateria) berichtet, die als mögliche älteste fossil dokumentierte Vorläufer der ab dem Kambrium explosionsartig fossil auftretenden Tierstämme diskutiert wurden (Abb. 1). Die Fundschicht der Doushantuo-Formation im Südwesten Chinas wird ca. 50 Millionen Jahre vor den Beginn des Kambriums datiert. Es würde sich damit um die ersten Bilateria handeln, die deutlich unterhalb der Kambrium-Grenze gefunden wurden (CHEN et al. 2004, 218) und die Funde würden damit in Frage stellen, ob es wirklich eine explosive Entstehung der Tierstämme zu Beginn des Kambriums gab (vgl. BOTTJER 2005; JUNKER 2005).

Die Fossilien sind mit ca. 0,2 mm Länge ausgesprochen klein. Dennoch wurden verschiedene Strukturen als



Abb. 1 *Vernanimalcula* – das „Frühlingstierchen“. (Aus CHEN et al. 2004, Copyright 2004 by AAAS; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)



Abb. 2 Mutmaßliche Rekonstruktion von *Vernanimalcula*. Künstlerische Gestaltung: Amadeo BACHAR (www.abachar.com).

Mund, Rachen, Verdauungstrakt, Anus und paarweise Hohlräume entlang des Verdauungstraktes gedeutet und sogar paarig an der Außenhaut vorkommende Beulen als mögliche Positionen von Sinnesorganen angesehen. Es wurde sogar eine dreidimensionale Rekonstruktion veröffentlicht (Abb. 2). Die Forscher nannten diesen frühen Vielzeller *Vernanimalcula*, was soviel bedeutet wie „kleines Frühlingstierchen“ – in Anspielung auf ihr Auftreten nach der globalen „Snowball Earth“-Vereisung im jüngsten Präkambrium (vgl. STEPHAN 2004). Die organismische Natur der Fossilien war allerdings nicht unbestritten. Es könnte sich um dünne Mineralkrusten handeln, die sich rund um die Hüllen toter, einfach aufgebauter Organismen gebildet hätten, so Stefan BENGTON, zumal solche „Mini-Särge“ in den untersuchten Gesteinen im Südwesten Chinas keine Seltenheit seien (STOKSTAD 2004).

Die Ergebnisse einer jüngst veröffentlichten Untersuchung haben die Kritik vollauf bestätigt (BENGTON et al. 2012). Die Autoren stellen nicht nur in Frage, dass *Vernanimalcula* ein Vorfahre der Bilaterier war, sie halten die Fossilien nicht einmal für Reste von Lebewesen, sondern für mineralische Strukturen, die nichts mit Lebewesen zu tun haben – daher die Überschrift ihrer Arbeit: „Ein Gnadentod ... für *Vernanimalcula*“ (BENGTON et al. 2012). Die erkennbare Schichtung sei charakteristisch für Abfolgen diagenetischer Mineralisation, die zu Ausfüllungen von Hohlräumen führe, schreiben die Autoren. (Als Diagenese bezeichnet man den Prozess der Gesteinsverfestigung.) Die Autoren der Erstveröffentlichung hätten die Anzeichen einer Diagenese ignoriert. Die Schlussfolgerung, dass es sich um einfach gebaute Tiere gehandelt habe, sei durch die Befunde von vornherein nicht gedeckt gewesen. Es gebe keine Hinweise darauf, dass es sich um tierische Überreste handle. Damit erübrigen sich alle evolutions-theoretischen Schlussfolgerungen, die unter Bezugnahme auf *Vernanimalcula* getroffen wurden.

BENGTON gehen mit ihrer Kritik noch weiter und unterstellen CHEN

und Kollegen eine Voreingenommenheit bei der Interpretation der Befunde. Sie hätten das gefunden, von dessen Existenz sie von vornherein überzeugt waren: „If you know from the beginning not only what you are looking for, but what you are going to find, you will find it, whether or not it exists“ (BENGTON 2012, 426). Sie schließen ihren Artikel mit der Hoffnung, dass *Vernanimalcula* nun in Frieden ruhen könne, befreit von der schweren Last einer unangemessenen evolutionären Bedeutung. Damit ist auch klar: Die Hoffnung, dass *Vernanimalcula* die kambrische Explosion des Lebens entschärfen könne, muss aufgegeben werden.

[BENGTON S, CUNNINGHAM JA, YIN C & Donoghue PCJ (2012) A merciful death for the earliest bilaterian, *Vernanimalcula*. *Evol. Dev.* 14, 421-427; BOTTJER DJ (2005) The early evolution of animals. *Sci. Am.* 293, 42-47; CHEN JY, BOTTJER DJ, OLIVERI P, DORNBOSS SQ, GAO F, RUFINS S, CHI H, LI CW & DAVIDSON EH (2004) Small Bilaterian Fossils from 40 to 55 Million Years Before the Cambrian. *Science* 305, 218-222; JUNKER R (2005) Die kambrische Explosion des Lebens – entschärft? *Stud. Int. J.* 12, 38-39; STEPHAN M (2004) Eine katastrophische Hypothese: Die „Schneeball-Vereisung“ der Erde. *Stud. Int. J.* 11, 93-97; STOKSTAD E (2004) Controversial fossils could shed light on early animals' blueprint. *Science* 304, 1425.]
R. Junker

■ **Sonnentau-Art mit Katapulteinrichtung zum Insektenfang**

Fleischfressende Pflanzen üben immer wieder eine Faszination auf den Menschen aus. Sie fangen und verdauen Insekten oder andere Kleintiere und haben durch diese Zusatzkost einen Überlebensvorteil auf nährstoffarmen Böden. Bekanntes Beispiel ist etwa die Gattung Sonnentau (*Drosera*), die weltweit ca. 200 Arten umfasst und auch bei uns mit drei Arten vertreten ist. Auffälligstes Merkmal sind die in großer Zahl vorhandenen gestielten Drüsen der Blattoberfläche, die man Tentakel nennt und die an ihrer Spitze je einen großen, klebrigen Tropfen tragen. Diese glitzern im Sonnenlicht, was zum Namen der Gattung geführt hat. Die Tropfen dienen der Anlockung der Insekten, dem Festhalten der Beute und deren Verdauung. Weitere



Abb. 1 Fangblatt der australischen Sonnentau-Art *Drosera glanduligera*. Neben den auch von den mitteleuropäischen Arten bekannten Klebtentakeln, die ein in der Sonne glitzerndes Köpfchen tragen, bildet *D. glanduligera* zusätzlich noch lang ausgestreckte Schnelltentakel aus (am Rand gut zu sehen), die sich hier nach Berührung durch ein Insekt schlagartig einrollen und dabei das Tier in die Mitte des Blattes katapultieren. (Wikimedia Commons)

ungestielte Drüsen auf der Blattfläche dienen dann der Aufnahme der verdauten Stoffe in das Blattinnere.

Meist beteiligen sich mehrere Tentakel am Festhalten der Beute, evtl. krümmt sich auch das Blatt, um weitere Tentakel zum Festhalten bereitzustellen, wozu es einer blattinternen Informationsübertragung bedarf. Es gibt auch Sonnentau-Arten, bei denen gegebenenfalls weitere Blätter zu Hilfe kommen, um die Beute effizient festzuhalten.

Die Situation an sich ist schon sehr komplex. Man muss ja immer bedenken, dass der Vorgang nur dann einen Vorteil bringt, wenn außer der Anlockung der Insekten auch Einrichtungen zum Festhalten und zum Verdauen ausgebildet sind und dafür gesorgt ist, dass die Verdauungsprodukte auch in den Pflanzenkörper

hinein transportiert werden können. Isolierte Teilschritte des Geschehens nutzen der Pflanze nichts.

Nun wurden vor einigen Jahren bei der in Südaustralien weit verbreiteten einjährigen Sonnentau-Art *Drosera glanduligera* zusätzlich zu den üblichen Tentakeln weitere Tentakel entdeckt, die zum Typ der Schnelltentakel zählen (vgl. HARTMEYER & HARTMEYER 2010). Sie sind deutlich länger als die übrigen Leim- oder Klebtentakel (Abb. 1), stehen ganz außen an den Blättern, sind bilateral gebaut, im unteren Teil verbreitert und im oberen Teil im Anschluss an eine Art Gelenk sehr schmal und tragen an ihrer Spitze nur ein winziges Köpfchen. Diese zusätzlichen Tentakel sind an der Spitze berührungsempfindlich und haben eine völlig andere Auf-

gabe als die anderen Tentakel. Bau, Funktion und biomechanische Eigenschaften dieser neu entdeckten Tentakel wurden jetzt in der Plant Biomechanics Group der Universität Freiburg näher untersucht (POPPINGA et al. 2012). Die hochempfindlichen Tentakel ziehen sich nach Berührung durch ein Insekt innerhalb von nur 75 ms explosionsartig zusammen und katapultieren dabei die Beute in die deutlich vertiefte Mitte des Blattes, wo sie schließlich verdaut wird. Die Bewegung gehört zu den schnellsten des Pflanzenreichs und kann z. B. mit der des Fangblattes der zur gleichen Familie gehörenden, ebenfalls fleischfressenden Venusfliegenfalle (*Dionaea*) konkurrieren. Allerdings erfolgt die schnelle Bewegung anders als bei *Dionaea* und den meisten anderen besonders schnellen Pflanzen-

bewegungen nicht durch Auslösen einer unter Spannung stehenden Struktur, also aufgrund von elastischer Energie wie beim Bogenschießen, sondern sehr wahrscheinlich hydraulisch, d. h. durch schlagartige Erhöhung des Zellsaftdruckes (Turgors) auf der Unterseite bei dessen gleichzeitiger Erniedrigung auf der Oberseite. Jedenfalls konnte berechnet werden, dass die Schnelltentakel durch Turgoränderung die gemessenen Geschwindigkeiten theoretisch erreichen können.

Der Mechanismus ist irreversibel, d. h. er kann nur einmal betätigt werden (Einweg-Tentakel). Das gleicht die Pflanze aber durch schnelles Wachstum aus, so dass nach etwa drei bis vier Tagen wieder frische Blätter mit neuen Schnelltentakeln zur Verfügung stehen.

Drosera glanduligera hat dem Boden dicht aufliegende Rosettenblätter und ist insgesamt nur etwa 4 cm im Durchmesser. Ihre Blätter sind nur 2–4 mm breit. Die Pflanze ernährt sich überwiegend von Springschwänzen (Collembolen),

also flügellosen Bodeninsekten, während viele andere Arten der Gattung eher fliegende Beute fangen. Die zwei parallel geschalteten Fangmechanismen haben für die Pflanze den Vorteil, dass auch weiter entfernte und ggf. auch etwas größere (und damit stärkere) Tiere zielsicher in die auf die Verdauung spezialisierte Blattmitte gelangen, wo sie von den zahlreichen Klebtentakeln bestens festgehalten werden können. Außerdem schützt dieses Verhalten vor Beutedieben, das sind in Australien vor allem räuberische Wanzen. Wer sich die Pflanze in Aktion im Video ansehen will, hat dazu die Möglichkeit unter <http://www.youtube.com/watch?v=Zzi3XDQs-i0> oder über die Links in den beiden zitierten Arbeiten.

Schnelltentakel mit Turgorbewegung gibt es zwar mehrfach in der Gattung *Drosera*, aber den oben beschriebenen superschnellen Typ nur bei *D. glanduligera* (HARTMEYER & HARTMEYER 2010). Und auch sonst ist ein solcher zweistufiger Fangmechanismus einmalig bei fleischfressenden Pflanzen. Die Autoren sprechen zu Recht von einer ausgeklügelten Methode. Wie aber all die für so einen komplexen und einmalig schnellen Mechanismus nötigen Baupläne und ihre Regulation in der Pflanze entstanden sind und verankert wurden, bleibt ein Rätsel, das evolutionäre Erklärungsansätze an ihre Grenzen bringt und bei unvoreingenommener Betrachtung eher an einen dahinterstehenden Plan denken lässt.

[HARTMEYER I & HARTMEYER RH (2010) Snap-tentacles and runway lights: summary of comparative examination of *Drosera* tentacles. Carnivorous Plant Newsletter (ICPS) 39 (4), 101-113. <http://www.hartmeyer.de/ArtikelundBerichte/artsnapruncPN2010.html>; POPPINGA S, HARTMEYER SRH, SEIDEL R, MASSELT T, HARTMEYER I & SPECK T (2012) Catapulting tentacles in a sticky carnivorous plant. PLoS ONE 7 (9), e45735. doi:10.1371/journal.pone.0045735] *H. Kutzelnigg*

ökologischer Bedeutung, da sie für zahlreiche Fische und viele andere Tierarten einen idealen Lebensraum bieten. Außerdem stabilisieren sie die sandigen Gezeitenbereiche und dienen damit auch dem Küstenschutz. Leider sind Seegraswiesen seit einiger Zeit vielerorts im Bestand bedroht, so dass eine Beeinträchtigung der Biodiversität befürchtet werden muss.

Seegräser gehören zu den wenigen Arten von Blütenpflanzen, die auch im Meer vorkommen. Sie wurzeln meist im sandigen Meeresboden und entwickeln bandförmige Blätter. Botanisch gesehen sind es keine Gräser, sondern Vertreter verschiedener Familien aus der ebenfalls zu den Einkeimblättrigen gehörenden Ordnung Alismatales = Froschlöffelartige.

Von ihrer Lage her sind Seegraswiesen ein Auffangbecken für organisches Material. Dieses sammelt sich im Sediment an und wird unter den dort herrschenden sauerstoffarmen Bedingungen von Bakterien abgebaut, die statt Sauerstoff das im Meerwasser reichlich vorhandene Sulfat zur Oxidation verwenden. Bei diesem Vorgang entsteht aber reichlich Sulfid, das für die Pflanzen schädlich ist und ihr Wachstum deutlich hemmt. Vor allem in wärmerem Wasser ist die Sulfid-Produktion bedenklich hoch.

Lange Zeit war unklar, wieso Seegraswiesen trotz dieses offensichtlichen Problems so erfolgreich sind. Niederländische Wissenschaftler (VAN DER HEIDE et al. 2012) haben jetzt nachweisen können, dass eine Dreifach-Symbiose zwischen Seegras, den mit ihm assoziierten Mondmuscheln (verschiedene Gattungen der Familie Lucinidae) und deren krankenbewohnenden Bakterien dafür verantwortlich ist.

Zunächst konnte durch eine umfangreiche Literaturobwohl gezeigt werden, dass in den Tropen 97 %, in den Subtropen 90 % und im gemäßigten Klima 56 % der untersuchten Seegraswiesen in ihrem Sediment Mondmuscheln enthalten. Die zugehörige Individuendichte ist dabei mit meist etwa 100 bis mehr als 1000 pro m² beachtlich hoch. Die Muscheln sind im Sediment eingegraben und besitzen in ihren Kiemen Sulfid-oxidierende Bak-

■ Eine Dreifach-Symbiose schützt Seegraswiesen vor Sulfid-Vergiftung

Seegraswiesen säumen in weiten Teilen der Welt die flachen küstennahen Regionen bis in eine Tiefe von etwa 40 m. Sie sind von großer



Abb. 1 Zwergseegras *Zostera noltii* (Aus: Otto Wilhelm Thomé, Flora von Deutschland, Österreich und der Schweiz. Gera, 1885)

terien, mit denen sie in Symbiose zusammenleben.

In Laboruntersuchungen mit dem auch bei uns heimischen Zwerg-Seegras (*Zostera noltii*) und der Mondmuschel-Art *Loripes lacteus* konnten die Autoren zeigen, dass bei Anwesenheit von Sulfid die gemeinsame Aufzucht für beide Partner wesentlich bessere Wachstumsergebnisse liefert als die getrennte Aufzucht.

Insgesamt konnte durch die Literaturobwertung, die Laboruntersuchungen und eine Feldstudie im Nationalpark Banc d'Arguin in Mauretanien gezeigt werden, dass die Seegräser und die Mondmuscheln mit ihren symbiontischen Bakterien eine gut funktionierende Dreifach-Symbiose eingehen. Die Seegräser sorgen indirekt für das Vorkommen von Sulfid und geben aufgrund ihrer Photosynthese über die Wurzeln Sauerstoff an die im Sediment benachbarten Muscheln ab. Diese wiederum transportieren Sulfid und Sauerstoff zu den in ihren Kiemen lebenden Bakterien, die durch die Sulfidoxidation Energie gewinnen und damit Zucker aufbauen, die das Wachstum beider Organismen fördern. Gleichzeitig wird dabei die – besonders in warmem Meerwasser – hohe, für die Seegräser schädliche Sulfidkonzentration herabgesetzt, was wiederum ein deutlich gesteigertes Wachstum der Seegräser zur Folge hat.

Beispiele wie dieses sind immer wieder eindrucksvoll und zeigen ein weiteres Mal, wie in genialer Weise die gegenseitige Ergänzung ganz verschiedener Organismen wesentlich zum Funktionieren komplexer Ökosysteme beitragen kann.

[VAN DER HEIDE T et al. (2012) A three-stage symbiosis forms the foundation of seagrass ecosystems. *Science* 336, 1432. DOI: 10.1126/science.1219973] *H. Kutzelnigg*

■ Extrem kalt, extrem salzig – Mikroben in eisbedeckten Seen der Antarktis

Lake Vida in der Antarktis ist einer der mit Eis bedeckten Seen, die außergewöhnliche Lebensräume darstellen. Bei Expeditionen im Jahr 2005 und 2010 wurde Lake Vida –

auch durch Bohrungen – genauer untersucht. Nun veröffentlichten MURRAY et al. (2012) Resultate zur Geo- und Biochemie. Dabei erwähnen sie auch die Idee, dass der Nachweis von Mikroben in solchen extremen Biotopen Hinweise auf Lebensräume in anderen Eiswelten in unserem Kosmos liefern könnte.

Während der Untersuchungen 2005 wurde eine Bohrung auf 16 m niedergebracht, wobei sich das Bohrloch wiederholt bis 10,5 m unter der Eisoberfläche mit Salzlake füllte. Unter der Eisdecke befinden sich mehrere hundert Meter Permafrost-Boden. Zwischen diesem Boden und der Eisdecke kommt Salzlake vor, die nach Ansicht der Autoren seit mehr als 2800 Jahren isoliert ist (radiometrisch durch ¹⁴C-Analysen anhand von organischem Material aus Eisbohrkernen aus 12 m Tiefe datiert). Nach Aussage der Autoren hat sich das hydrologische System bei beiden Untersuchungen ähnlich verhalten.

Aufgrund der geochemischen und mikrobiologischen Untersuchungen (DOREN et al. 2008) beschreiben die Autoren das Ökosystem Lake Vida nun folgendermaßen:

Die Salzlake hat eine Temperatur von –13,4 °C und einen leicht sauren pH-Wert von 6,2. Die Salinität (PSU) beträgt 188, der NaCl-Gehalt ist größer als 11% (zum Vergleich: Ozeane ca. 3,5 %; für das Tote Meer werden im Durchschnitt 27 % angegeben). Sauerstoff (O₂) konnte nicht nachgewiesen werden (d. h. anoxische Bedingungen), nachgewiesen wurden aber Kohlendioxid (CO₂: 8,9 mmol/l), Lachgas (N₂O: 58,8 μmol/l) und Wasserstoff (H₂: 10,5 μmol/l). Bei den gelösten Metallen fällt der hohe Gehalt an Eisen (Fe: 256–308 μmol/l) auf, dessen Herkunft – wie auch die der anderen Metalle (Sr, Mn, Zn, Al) – aus Verwitterungsprozessen der umgebenden Gesteine vermutet wird.

Mikrobiologische Studien liefern durch elektronenmikroskopische Aufnahmen Hinweise auf verschiedene Bakterien. Anhand molekularbiologischer Analysen der kleinen Untereinheit der bakteriellen ribosomalen RNA (rRNA) konnten anhand von 32 Sequenzen

Bakterien aus acht verschiedenen Bakterienstämmen zugeordnet werden: Proteobacteria, Lentisphaera, Firmicutes, Spirochaeta, Bacteroides, Verrucomicrobia, TM7 und Actinobacteria. Genetische Hinweise auf Eukaryonten und Archaeobakterien konnten nicht gefunden werden. Die Zusammensetzung der Mikrobengemeinschaft im Lake Vida unterscheidet sich deutlich von derjenigen in anderen Salzseen und in den antarktischen Seen.

MURRAY et al. (2012) interpretieren das untersuchte Ökosystem als eines, in dem seit Jahrtausenden Mikroorganismen zusammen mit photosynthetisch erzeugten organischen Kohlenstoffverbindungen in Isolation existieren. Die Stoffwechselraten sind durch die tiefen Temperaturen limitiert. Der vorhandene Wasserstoff (unabhängig davon ob er abiotisch oder durch biochemische Prozesse entstanden ist) reicht aus, dass die Mikroorganismen die biochemische Herausforderungen bestehen können, so dass z. B. in der Lage sind, Schädigungen der Polynukleinsäuren (Depurinierung) in diesem extremen Lebensraum zu reparieren.

Die Autoren deuten sehr vorsichtig an, dass dieses Ökosystem als Beispiel für andere Eiswelten auf anderen Planeten oder Monden angesehen werden könnte. Um jedoch von diesen irdischen Befunden auf mögliche Ökosysteme auf andere Planeten schließen zu können müssen die hier vorliegenden Zusammenhänge noch besser verstanden werden. In dem von Eis bedeckten See der Antarktis gehen die Autoren von überlebenden Mikroorganismen aus; aus extraterrestrischen Systemen liegt bisher kein Nachweis von Lebewesen vor. Es werden allenfalls Randbedingungen diskutiert, die mit der Existenz von Organismen verträglich wären.

[DORAN PT, FRITSEN CH, MURRAY AE, KENIG F, MCKAY CP & KYNE JD (2008) Entry approach into pristine ice sealed – Lake Vida, East Antarctica, a model ecosystem. *Limnol. Oceanogr. Methods* 6, 542–547; MURRAY AE, KENIG F, FRITSEN CH, MCKAY CP, CAWLEY KM, EDWARDS R, KUHN E, MCKNIGHT DM, OSTROM NE, PENG V, PONCE A, PRISCUE JC, SAMARKIN V, TOWNSEND AT, WAGH P, YOUNG SA & DORAN PT (2012) Microbial life at –13 °C in the brine of an ice-sealed Antarctic lake. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, doi:10.1073/pnas.1208607109] *H. Binder*

■ Wie aus vogelartigen Fußspuren Fußspuren von Vögeln werden

Die fossilen Fußabdrücke der Gattung *Gruipedon* aus der Santa Domingo-Formation in Argentinien waren schon zweimal Gegenstand einer kurzen Betrachtung (vgl. *Studium Integrale Journal* 16, 118 und 9, 95-96). Es handelt sich dabei um Fußabdrücke, die Abdrücken heutiger Strandvögel gleichen, jedoch gemessen an evolutionstheoretischen Hypothesen „viel zu alt“ zu sein schienen. Jedenfalls waren die betreffenden Fundschichten ca. 50 Millionen Jahre älter datiert worden als der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx*. Daher war bezweifelt worden, dass die eindeutig vogelartigen Fußabdrücke wirklich von Vögeln stammen. Nun stellt sich heraus, dass die von den Autoren (MELCHOR et al. 2002, GENISE et al. 2009) präsentierten widersprüchlichen Befunde ihre Ursache in Fehleinschätzungen der komplexen stratigraphischen und tektonischen Gegebenheiten haben.

Die ehemals in den Übergang Obertrias/Unterjura (ca. 200 Millionen radiometrische Jahre) gestellte Schichtenfolge mit den vogelartigen Fußabdrücken erhielt kürzlich

aufgrund neuer radiometrischer und paläomagnetischer Daten eine stratigraphische Neudefinition in das Obereozän (37 Millionen radiometrische Jahre; VIZÁN et al. 2013, MELCHOR et al. 2013). Mit dieser Revision bewertet die Autorengruppe ihre Beobachtungen neu: Bei den fossilen Fußspuren handelt es sich nicht um eine Vogelverwandtschaft, sondern sie „gehören zu Vögeln mit einem Verhalten, das heutigen Strandläufern gleicht“.

Der stratigraphischen Neudefinition, nunmehr eine Zuordnung zur Laguna Brava-Formation, waren zahlreiche Untersuchungen vorausgegangen (VIZÁN et al. 2013). Eine Neukartierung entschlüsselte die komplexen Lagerungsverhältnisse mit zahlreichen Überschiebungen. Dies erklärte den fehlerhaften Bezug zu einer „überliegenden“ Einheit mit Basalergüssen, Basis der bisherigen Einstufung in die Obertrias, die aber stratigraphisch älter ist. Final begründet wurde die neue stratigraphische Einstufung in das Eozän durch radiometrische Datierungen an Zirkonmineralien einer Tufflage 38 m unterhalb des ersten Auftretens der Vogelspuren, die ein $^{206}\text{Pb}/^{238}\text{U}$ -Alter von etwa 37 Millionen Jahren (Grenze Bartonium/Priabonium)

ergaben. Für die Revision der paläomagnetischen Daten wurden ebenfalls tektonische Ursachen angeführt. Eine anzunehmende Verstellung des Laguna Brava-Blocks um 16° (im Uhrzeigersinn) war nicht berücksichtigt worden. Wird diese erwogen, erlaubt die radiometrisch geeichte paläomagnetische Zeitskala ebenfalls eine Einstufung in das Obereozän. Dass in diesem Zusammenhang gleich zwei „Fehler“ passierten, ist rätselhaft. Und – die biostratigraphische Stellung der Sedimentfolge ist trotz allem noch nicht befriedigend geklärt. Auch bleibt abzuwarten, wie andere, bisher als triassisch-jurassisch eingeordnete „vogelartige“ Fußspuren, z. B. in Südafrika (ELLENBERGER 1972, LOCKLEY et al. 1992), erklärt werden.

[ELLENBERGER P (1972) Contribution à la classification des pistes de Vertébrés du Trias: Les types du Stormberg d'Afrique du Sud. Palaeovertebrata. Memoire Extraordinaire, Montpellier; GENISE JF, MELCHOR RN, ARCHANGELSKY M, BALA LO, STRANECK R & DE VALAIS S (2009). Application of neotechnological studies to behavioural and taphonomic interpretation of fossil bird-like tracks from lacustrine settings: the Late Triassic–Early Jurassic? Santo Domingo Formation, Argentina. Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology 272, 143-161; LOCKLEY MG, YANG S-Y, MATSUKAWA M, FLEMING F & LIM S-K (1992). The track record of Mesozoic birds: evidence and implications. Philosophical Transactions of the Royal Society of London B 336, 113-134; MELCHOR RN, DE VALAIS S & GENISE JF (2002) Bird-like fossil footprints from Late Triassic. Nature 417, 936-938; MELCHOR RN, BUCHWALDT R & BOWRING SA (2013) A Late Eocene date for Late Triassic bird tracks. doi:10.1038/nature11931; VIZÁN H, GEUNA S, MELCHOR R, BELLOSI ES, LAGORIO SL, VÁSQUEZ C, JAPAS MS, RÉ G & DO CAMPO M (2013) Geological setting and paleomagnetism of the Eocene red beds of Laguna Brava Formation (Quebrada Santo Domingo, northwestern Argentina). Tectonophysics 583, 105-123.] M. Kotulla



Abb. 1 Früher als vogelartig beschriebene Fußspuren aus der Santo Domingo-Formation werden nun als Spuren von Vögeln anerkannt, nachdem sie neu datiert wurden. Balken: 10 cm. (© Ricardo N. MELCHOR, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

■ Biologische Information und Interaktion einer Zelle

Biologische Information ist u. a. durch biologische Funktion gekennzeichnet. Dazu gehört bei Enzymproteinen beispielsweise die Fähigkeit, chemische Reaktionen zu katalysieren. Darüber hinaus müssen Proteine aber auch miteinander und mit anderen Zellkomponenten (Nukleinsäuren, Zuckermoleküle etc.) interagieren, also in einer Wech-

selwirkung zueinander stehen. Die Gesamtheit dieser Interaktionen der Komponenten einer Zelle nennt man *Interaktom*. Nun können die Komponenten einer Zelle auf unvorstellbar viele Arten miteinander interagieren: Wenn eine Zelle nur aus 50 verschiedenen Teilen bestünde (heutige Zellen haben tausende von Komponenten), gäbe es theoretisch rund 10^{32} paarweise Interaktionsmöglichkeiten. Wie viele davon für eine Funktion der Zelle nötig sind, ist unbekannt.

TOMPA & ROSE (2011) haben darauf hingewiesen, dass die bloße Mischung der passenden Zahl aller chemischen Komponenten einer heutigen Zelle nicht „lebt“, wenn man sie mit einer Hülle umgibt (obwohl die Einzelteile das Potential für die notwendigen Interaktionen aufweisen sollten). Anders ausgedrückt: Leben kann nicht auf die Präsenz der notwendigen chemischen Komponenten einer Zelle reduziert werden, diese müssen zusätzlich auf eine hochspezifische Weise im Interaktom konzentriert zusammenwirken. Das Interaktom repräsentiert demnach eine besondere Art biologischer Information, die von einer Mutterzelle an eine Tochterzelle weitergegeben wird und die auf zahlreichen hierarchisch geordneten, energiegetriebenen und raumzeitlich gesteuerten Proteinassamblierungssystemen beruht. Man hat bisher keine Hinweise darauf, dass diese „Information“ aus den reinen Komponenten einer Zelle durch zufällige Interaktionen („self-assembly“) von selbst entsteht.

Dieses Prinzip dürfte auch für eine hypothetische erste, primitive Zelle aus relativ wenigen Bestandteilen gelten. Für die Entstehung eines ersten zellulären Replikators reicht es daher wahrscheinlich nicht aus, wenn nur dessen chemische Bestandteile (auf unbekannte Weise) entstehen und (auf ebenfalls unbekannte Weise) zusammen in ein Kompartiment gelangen. Neben der Frage der Chemie der Lebensentstehung, der Entstehung von chemischen Molekülen als Informationsträger, der selektiv durchlässigen Umhüllung von Zellen und anderen Fragen gesellt sich zur Frage der Lebensentstehung also auch die Frage nach der Entstehung

der Wechselwirkungen der molekularen Komponenten von Zellen.

[TOMPA P & ROSE GD (2011) The Levinthal paradox of the interactome. *Protein Science* 20, 2074-2079.] S. Scherer

■ Die Verschiedenartigkeit der Priapuliden

Die Priapulida (Priapwürmer) sind ein Stamm von fleischfressenden, im Meer lebenden Würmern, von denen vier Familien heute noch vorkommen. Mehrere nah verwandte Formen sind aus dem Kambrium bekannt, nämlich die sog. Archaeopriapulida und Palaeoscolecida, die heute ausgestorben sind (vgl. Abb. 1). Da von den letztgenannten viele Fossilien gefunden wurden, eignen sie sich gut für paläontologische Untersuchungen.

Die Arbeitsgruppe um Matthew WILLS von der University of Bath veröffentlichte letztes Jahr eine Studie, in der sie das Maß der Verschiedenartigkeit der kambrischen bzw. modernen Priapulida verglichen. Mit *Verschiedenartigkeit* (*disparity*) wird die morphologische Variation, also die Unterschiedlichkeit von Bauplänen innerhalb einer größeren Formengruppe bezeichnet, während mit *Vielfalt* (*diversity*) die Variabilität und damit die Zahl der Äste am Stammbaum innerhalb eines engeren Verwandtschaftskreises gemeint ist. Beispielsweise würde man zehn Hunderassen als *vielfältig* bezeichnen, dagegen zehn sehr verschiedene Säugetierarten (etwa von Fledermaus bis Blauwal) als *verschiedenartig*.

Interessanterweise stellten die Forscher fest, dass sich die Verschie-

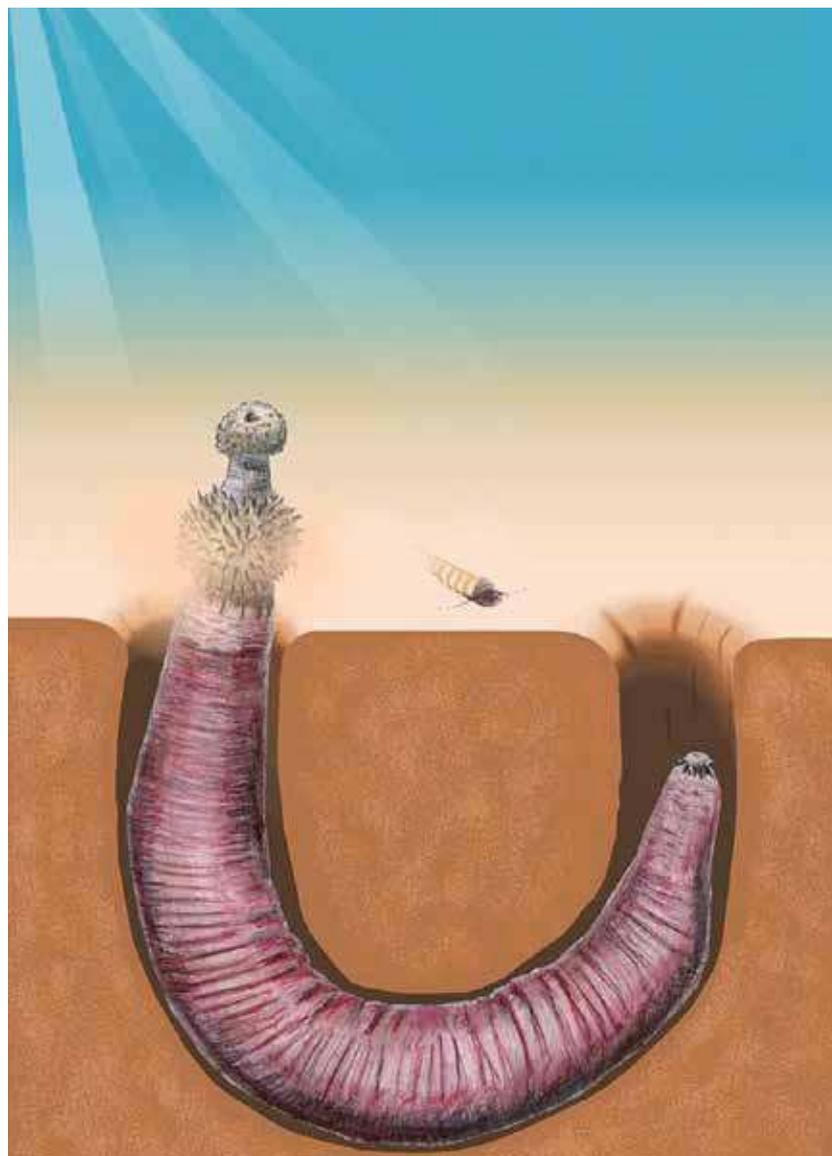


Abb. 1 Zeichnerische Rekonstruktion des ausgestorbenen Priapuliden *Ottoia* aus dem kambrischen Burgess-Schiefer. (Wikimedia Commons, smokeybjb)

denartigkeit der Priapulida seit dem Kambrium kaum vergrößert hat. Das bedeutet, dass dieser Stamm schon wenige Millionen Jahre geologischer Zeit nach seinem Erscheinen im Fossilbericht (zu Beginn des Kambriums) eine Variationsbreite erreicht hatte, die der heutigen annähernd gleichkommt. Dieser Befund scheint statt des traditionellen „Kegel der zunehmenden Verschiedenartigkeit“-Modells („cone of increasing diversity“) viel eher einen „Zylinder der gleichbleibenden Verschiedenartigkeit“ zu stützen, wie die Autoren es selbst ausdrücken. Dies stellt aber ein Problem für die Evolutionsforschung dar, da dieser Zylinder in sehr kurzer Zeit (nach evolutionären Maßstäben) bereits in großer Breite vorhanden war. Wie und wann sich diese anfänglich schon vorhandene Verschiedenartigkeit hätte entwickeln können, bleibt unbekannt. Somit wird wieder einmal der Eindruck einer „kambri-schen Explosion“ verstärkt.

Die hier vorgestellte Publikation berichtet über eine Nachfolgestudie. Bereits 1998 hatte WILLS eine Studie zur gleichen Fragestellung veröffentlicht, in der er größtenteils zu densel-

ben Schlussfolgerungen gelangt war wie jetzt (WILLS et al. 2012). In den zwischendurch verflossenen Jahren sind viele neue Fossilien und einige neue Spezies entdeckt worden, so dass die zweite Studie Zugriff auf ein signifikant größeres Datenset hatte als die erste. Die beobachtete Kontinuität der Verschiedenartigkeit lässt sich also schwer mit mangelnden Daten erklären.

Zusätzlich zu den morphologischen Analysen versuchten die Forscher auch, Stammbäume zu erstellen, um die evolutionären Beziehungen der verschiedenen Gattungen untereinander aufzuzeigen. Diese waren jedoch sehr instabil, d. h. je nach benutztem Datenset oder Gewichtung der verwendeten Merkmale entstanden verschiedene Stammbäume. Es ist möglich, dass schlecht erhaltene Fossilien zu Datenlücken geführt haben, die wiederum für die Instabilität verantwortlich sind. Die Autoren halten dies allerdings für unwahrscheinlich. Da sie aber keine andere Erklärung haben, wirft dies die Frage nach der grundsätzlichen Möglichkeit der Erstellung eines solchen Stammbaums auf.

Auffällig ist auch folgender Befund: Während das Maß der Verschiedenartigkeit über die Zeit hinweg konstant blieb, überlappen sich die tatsächlich im Kambrium ausgeprägten morphologischen Merkmale kaum mit denen, die wir heutzutage anfinden. Aus diesem Grund ordnen WILLS et al. die von ihnen untersuchten Spezies in drei „clades“ (=Abstammungslinien) ein: zwei aus dem Kambrium und eine mit allen späteren Spezies. Dies zu erklären ist für alle Ursprungsmodelle eine Herausforderung.

Abschließend ist festzuhalten, dass diese Studie ein weiteres Beispiel dafür liefert, dass eine Tiergruppe bereits kurz nach ihrem erstmaligen Auftritt im Fossilbericht so viel Verschiedenartigkeit aufweist wie heute noch. Und trotz einer Menge neuer Daten hat sich in den letzten 15 Jahren an diesem Bild nichts Grundsätzliches geändert.

[WILLS MA (1998) Cambrian and recent disparity: the picture in priapulids. *Paleobiology* 24, 177; WILLS MA, GERBER S, RUTA M, HUGHES M (2012) The disparity of priapulid, archaeopriapulid and palaeoscolecid worms in the light of new data. *J. Evol. Biol.* 25, 2056-2076] *D. Vedder*

Schimpanse und Mensch: Affen äffen nicht nach

In Veröffentlichungen über vergleichende Verhaltensstudien wird häufig die Ähnlichkeit zwischen Schimpansen und Menschen herausgestellt. Eine Studie des Verhaltensbiologen Claudio TENNIE stellt diese Ähnlichkeiten in Bezug auf eine wesentliche Fähigkeit massiv in Frage: Schimpansen sind nicht zum Lernen durch Nachahmen in der Lage. Diese These hat weitreichende Folgen. TENNIE'S Ergebnisse werfen auch Fragen zum Wissenschaftsbetrieb auf: Gibt es eine Selektion bei der Veröffentlichung von Forschungsergebnissen?

Reinhard Junker

In den Kontroversen um Schöpfung und Evolution gehören die Ähnlichkeiten von Menschen und Menschenaffen zu den Befunden, die sich eines besonders großen Publikumsinteresses erfreuen. Das ist so seit Charles DARWIN und erhielt in jüngster Zeit vor allem durch die Genomforschung Auftrieb (vgl. den Artikel von Harald BINDER in dieser Ausgabe).

Ein weiteres Gebiet, auf dem die besondere Nähe des Menschen zum Tierreich behauptet wird, ist die Verhaltensbiologie. In der Öffentlichkeit wird meistens ein Bild von den Menschenaffen gezeichnet, wonach diese

den Menschen sehr ähnlich seien; mit dem Fortschritt der Forschung zeigen sich aber markante qualitative Unterschiede. Von den Menschenaffen werde ein sehr menschliches Bild gezeichnet, schreibt ZEIT ONLINE-Autor Frederik JÖTTEN: „[S]ie trauern, trösten, malen, artikulieren, benutzen Werkzeuge und verfügen über eine Kultur“. Doch dieses Bild stimmt wahrscheinlich nicht.

Claudio TENNIE, Verhaltensforscher vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig, hat dieses Bild durch eine aufwändige Studie überprüft. Vor elf Jahren habe er als Diplomand seine Arbeiten mit dem



Ziel begonnen, zu zeigen, wie ähnlich Schimpansen den Menschen sind, so JÖTTEN – und veröffentlichte nun ein Ergebnis, das seinen Erwartungen klar widersprach.

Können Schimpansen nachahmen?

TENNIE untersuchte freilebende Schimpansen auf ihre Fähigkeit hin, Verhalten anderer Schimpansen nachzuahmen. Menschen lernen ständig durch Nachahmen – tun Schimpansen das auch? Um das herauszufinden brachte TENNIE in einem zweistufigen Versuch einem Schimpansen zunächst eine bestimmte in der Natur nicht vorkommende Geste bei, um im zweiten Schritt zu sehen, ob andere Affen diese Geste nachahmen. Er wählte als Geste eine Gebetshaltung aus und konditionierte das Tier darauf, indem er es mit einer Erdnuss belohnte, wenn es diese Haltung einnahm. Dann wurde ein weiterer Affe hinzugebracht, der den ersten eine Weile dabei beobachtete, wie er zu den Erdnüssen gelangt. Als dieser zweite Affe dann alleine gelassen wurde, kam er nie auf die Idee, mit einer nachgeahmten Gebetshaltung ebenfalls zur ersetzten Erdnuss zu kommen. Er kreischte und trat gegen die Tür, da er offensichtlich an die Erdnuss gelangen wollte, aber es kam ihm nicht in den Sinn, zu diesem Zweck den ersten Affen nachzuahmen.

Insgesamt wurden 15 Tiere auf diese Weise getestet; bis zu 170 Beobachtungen des Vorbilds halfen nicht; kein Affe ahmt den anderen nach. Eine verbreitete Überzeugung der Verhaltensforscher scheint widerlegt zu sein: Schimpansen beherrschen das sprichwörtliche „Nachäffen“ gerade nicht. TENNIE war mit der Absicht angetreten, den Beweis der Nachahmefähigkeit anzutreten, und bewies stattdessen das Gegenteil. Schimpansen schauen auch nützliche Handgriffe wie eine bestimmte Art des Nüsseknackens nicht voneinander ab, sondern jedes Tier entwickelt sie von selbst, so dass jedes Individuum sozusagen das Rad neu erfindet. Der Unterschied der fehlenden Nachahmung dürfte ein wesentlicher Grund dafür sein, dass Schimpansengesellschaften sich so stark von der menschlichen unterscheiden, schreibt F. JÖTTEN in ZEIT ONLINE.

„Kratzen am Mythos der unvoreingenommenen Wissenschaft“

Über die verhaltensbiologischen Ergebnisse der Studien von TENNIE hinaus thematisiert ZEIT ONLINE-Autor F. JÖTTEN den Wissenschaftsbetrieb. Der

Ausgang der Experimente war – gemessen an den Erwartungen und der bislang dominierenden Auffassung – negativ. Negative Ergebnisse seien aber sehr viel schwerer in Fachzeitschriften zu veröffentlichen als positive. Außerdem würden negative Ergebnisse der *scientific community* viel kritischer auf methodische Fehler abgeklopft. JÖTTEN zitiert Eric-Jan WAGENMAKERS, Professor für Methodische Psychologie an der Universität Amsterdam, dass negative Ergebnisse oft nicht zur Publikation gelangten. Vielleicht seien deshalb „95 Prozent aller publizierten Studienergebnisse in der Psychologie, zu der auch TENNIES Forschungsgebiet zählt, positiv“. Wenn das so ist, repräsentiere die wissenschaftliche Literatur nicht die Wirklichkeit.

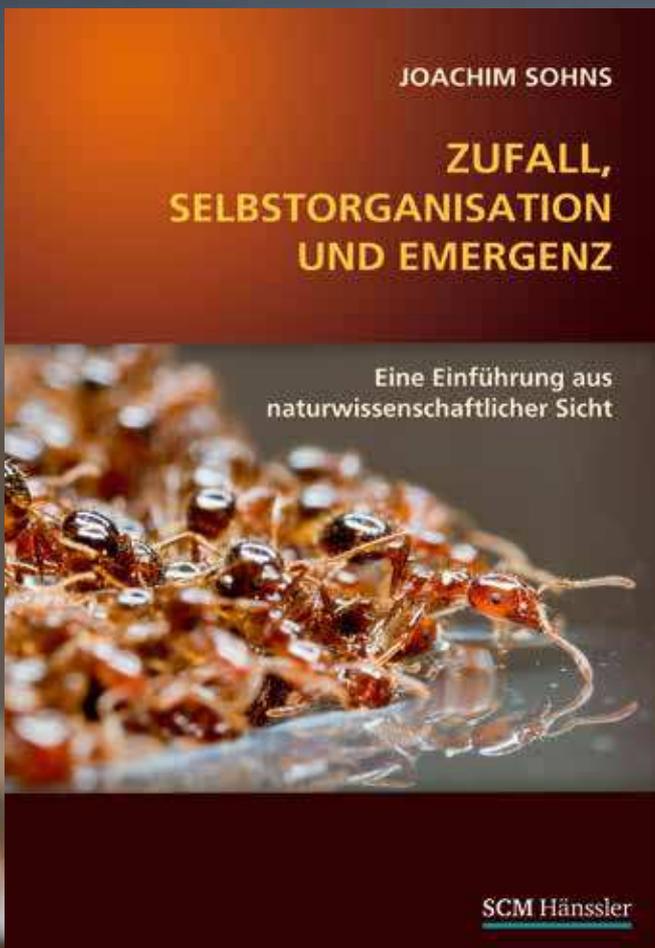
Dies gelte offenbar auch für die Schimpansenforschung. „Wir lieben es, Ähnlichkeiten zwischen Menschenaffen und Menschen zu finden“ wird Brian HARE, Professor für Evolutionäre Anthropologie an der Duke University in North Carolina zitiert. Ähnlichkeiten zwischen Schimpansen und Menschen würden womöglich überbetont. Bei TENNIE sei es wohl deshalb besser gelaufen, weil sein Doktorvater einer der renommiertesten Forscher in der evolutionären Anthropologie ist und weil das frei zugängliche, angesehene Internetjournal *PLOS ONE* negativen Resultaten eine gleichberechtigte Chance auf Veröffentlichung ermögliche.

Dass Wissenschaftler interessengeleitet arbeiten und entsprechende Fragestellungen entwickeln, ist selbstverständlich. Die Orientierung auf erwartete Ergebnisse ist jedoch der Wahrheitsfindung abträglich. Sich dessen bewusst zu sein könnte helfen, Ergebnisse besser einzuordnen und nicht überzubewerten. Frederik JÖTTEN in ZEIT ONLINE wird deutlich: Die Arbeiten von TENNIE „kratzen auch am Mythos der unvoreingenommenen Wissenschaft und erwecken den Verdacht, dass sie vor allem das zur Kenntnis nimmt, was zu den herrschenden Moden passt.“ Es ist freilich nicht „die Wissenschaft“, sondern es sind die *Wissenschaftler*. Gut aber, dass Korrekturen möglich sind, wenn Publikationsmöglichkeiten nicht von sachfremden Interessen behindert werden.

Literatur

- TENNIE C, CALL J & TOMASELLO M (2012) Untrained Chimpanzees (*Pan troglodytes schweinfurthii*) Fail to Imitate Novel Actions. *PLoS ONE* 7(8): e41548. doi:10.1371/journal.pone.0041548
- JÖTTEN F (2013) Von wegen menschlich. ZEIT ONLINE, 4. 3. 2013; <http://www.zeit.de/2013/09/Wissenschaft-Schimpansen-Menschen>

Zufall, Selbstorganisation und Emergenz



Die Mehrheit der Naturwissenschaftler geht davon aus, dass die Entstehung und Entwicklung des Lebens alleine auf natürliche Vorgänge zurückzuführen ist. Dabei sollen zufällige Prozesse eine wichtige Rolle gespielt haben. In diesem Zusammenhang werden häufig die Begriffe „Emergenz“ und „Selbstorganisation“ verwendet. Der Physiker Joachim Sohns erläutert anhand von Beispielen die Bedeutung dieser Begriffe. Darauf aufbauend geht er der Frage nach, welche Rolle Selbstorganisation und Emergenz bei der Lebensentstehung und der biologischen Evolution gespielt haben könnten. Die Analyse verschiedener wissenschaftlicher Modelle macht deutlich, dass keine pauschale und endgültige Antwort auf diese Frage möglich ist. Es ist wissenschaftlich derzeit nicht entscheidbar, ob Leben auf natürliche Weise entstehen konnte. Andererseits können Selbstorganisation und Emergenz nicht herangezogen werden, um Lücken in chemischen oder biologischen Modellen zu schließen oder durch unbekannte Mechanismen zu ersetzen.

Joachim Sohns

Zufall, Selbstorganisation und Emergenz

Eine Einführung aus naturwissenschaftlicher Sicht

SCM Hänssler, 2011

158 Seiten, 24 Abbildungen, Format 16,5 x 25, Paperback.

19,95 EUR [D] / 20,60 EUR [A] / 30,80 CHF

ISBN 978-3-7751-5382-9

**Jetzt neu im Buchhandel
oder direkt unter
www.wort-und-wissen.de**

Erhältlich auch bei:

Studiengemeinschaft Wort & Wissen · Rosenbergweg 29 · 72270 Baiersbronn

Telefon (0 74 42) 8 10 06 · Fax (0 74 42) 8 10 08 · email sg@wort-und-wissen.de

