

JOURNAL

STUDIUM

INTEGRALE

**10.000 Katapulte
an einem Farnwedel**



Eiskerndatierungen



Konvergenzrekord



Systematik der
Säugetiere

20 Millionen Jahre geologischer Dauerstillstand?

Die Schmiedefeld-Formation im Ordovizium von Thüringen ist nach Isotopen-Datierungen in ca. 20 Millionen Jahren entstanden. Trotzdem ist die Formation einerseits sehr geringmächtig und die Geländedaten belegen zudem schnelle Ablagerung, andererseits lassen sich paradoxerweise keine Langzeit-Schichtlücken finden. Ein weiteres Problem ist nahezu fehlende Abtragung auf dem nahen Festland, was fast zu einem Totalausfall von Sediment-Eintrag in das Gebiet der Formation führte. Hinzu kommt, dass sowohl für das Abtragungs- als auch das Ablagerungsgebiet praktisch ein Erlöschen tektonischer Hebung bzw. Senkung ermittelt wurde.

Für Ablagerungsraum und festländisches Liefergebiet der Formation bedeuten diese Befunde nahezu ereignislosen geologischen Dauerstillstand, faktisches Fehlen von 20 Millionen Jahren. Das Fehlen von Langzeit-Prozessen ist somit auch eine ernsthafte Anfrage an die Isotopen-Datierungen. Die Problematik folgt aus dem geologischen Langzeit-Paradigma; dagegen vermeidet eine kurzzeitige Entstehung der Formation diese Widersprüche.

Die Schmiedefeld-Formation ist kein Einzelfall. Im zweiten Teil des Buches wird eine Anzahl ähnlich problematischer Schichtfolgen vorgestellt und am Schluss in einer wissenschaftstheoretischen Diskussion der methodologische Ansatz des Buches begründet.

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

Manfred Stephan
20 Millionen Jahre geologischer
Dauerstillstand?
Die ausweglosen Widersprüche
der Schmiedefeld-Formation
und ähnliche Beispiele
SCM Hänssler, 2012
Hardcover 16,5 x 24, 265 Seiten,
zahlreiche farbige Abbildungen.
ISBN 978-3-7751-5403-1
29,95 EUR [D]/30,90 EUR [A]/
46,50 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**



Eines der zählebigsten und am häufigsten gebrauchten Argumente in den Kontroversen um Schöpfung und Evolution ist das „Unvollkommenheitsargument“. Dabei wird behauptet, dass in Lebewesen Organe, Stoffwechselvorgänge oder auch Entwicklungsabläufe vorkämen, die eine Diskrepanz zwischen ihrem Aufbau und ihrer Funktion zeigten. Wären die Lebewesen dagegen *zielgerichtet konstruiert* worden, müsste man deutlich bessere Lösungen für ihre Organe vorfinden – so wird es häufig behauptet. „Konstruktionsfehler“ oder „Design-Fehler“ sprächen gegen die Existenz eines Designers und für die „Tatsache“ der Evolution. Das Argument ist so alt wie DARWINs Abstammungstheorie. Charles DARWIN hat es in *Origin of Species* ausführlich behandelt; es ist auch unter dem Stichwort „Rudimentäre Organe“ geläufig.

Diesem Argument misst man auch heute große Bedeutung bei. Nicht zuletzt wird dies daran sichtbar, dass man es auch dann unbedingt zu retten versucht, wenn es durch neue Erkenntnisse geschwächt wird. In jüngerer Zeit war dies beim Nachweis der Funktionalität nicht-codierender DNA beobachtbar. Die sogenannte „junk DNA“ (DNA als „evolutionärer Abfall“) schien sich früher besonders gut als Beispiel für schlechtes, dysfunktionales Design zu eignen, doch die Tendenz der Forschung ging zuletzt dahin, dass dem Konstruktionsfehler-Argument hier zunehmend der Boden entzogen wurde. Das Argument von einem Design-Fehler wird dennoch auch in diesem Fall nach wie vor verteidigt.

Die Liste von Beispielen, die als Belege für Konstruktionsmängel angeführt wurden, ist lang und wird laufend ergänzt. Vor diesem Hintergrund befasst sich Henrik ULLRICH in dieser Ausgabe in *grundsätzlicher* Weise mit der Behauptung von Konstruktionsfehlern und widmet sich Fragen wie: Ist es möglich, naturwissenschaftliche Kriterien zu definieren, die Fehlkonstruktionen als solche erkennbar machen? Werden diese Kriterien der Komplexität der untersuchten biologischen Struktur und deren Individualentwicklung gerecht? Hat sich im Verlauf der biologischen Forschung die Behauptung von Fehlkonstruktionen bewährt? Geht man diesen Fragen nach, wird unter anderem deutlich, dass die Argumentation mit vermeintlichen Design-Fehlern erst durch die Inanspruchnahme spezifischer theologischer Vorgaben Kraft gewinnt.

In einem eigenen Beitrag wird die Problematik um Design-Fehler am wohl berühmtesten Beispiel eines mutmaßlich rudimentären Organs ausgeführt, dem Wurmfortsatz des menschlichen Blinddarms, der seine ursprüngliche Form und Funktion im Verlauf der Evolution verloren habe und deshalb in einer zurückgebildeten Version vorliege. Die Forschungen der letzten Jahre haben dieses traditionelle Bild vom Wurmfortsatz zunehmend in Frage gestellt und mittlerweile widerlegt. Im Artikel „Der Wurmfortsatz: Vom Nichtsnutz zum Mysterium“ erklärt Henrik ULLRICH, warum das so ist.

Das Dauerbrenner-Thema „Konvergenzen“ bzw. „Baukastensystem“ begleitet uns auch in dieser Ausgabe. Mit diesen Begriffen wird das Auftreten bauplanähnlicher Strukturen in nicht-verwandten Formen bezeichnet. Man muss es sich immer wieder klar machen: Wo es um komplexe funktionale Strukturen geht, ist nicht zu erwarten, dass natürliche Prozesse, die keine Ziele verfolgen können, von verschiedenen Startpunkten aus zu sehr ähnlichen Resultaten führen. Dass unter den Bedecktsamigen Blütenpflanzen (Angiospermen) besonders häufig Konvergenzen auftreten, ist schon lange bekannt. Durch neue Untersuchungen wurde nun bei zwei Merkmalen ein immenses Ausmaß an Konvergenzen nachgewiesen. Herfried KUTZELNIGG berichtet darüber in seinem Beitrag über den „Konvergenzrekord“.

In der in der letzten Ausgabe begonnenen Reihe über das Genom (Erbgut) des Menschen befasst sich Harald BINDER mit der Frage, ob sich Spuren der Auseinandersetzung des Organismus mit Infektionskrankheiten im Erbgut von Menschengruppen nachweisen lassen, die über Generationen hinweg mit bestimmten Erregern kontinuierlich konfrontiert waren. Durch diese Belastung entsteht ein starker Selektionsdruck, was in der konventionellen Synthetischen Evolutionstheorie als eine wichtige Triebfeder für den evolutionären Wandel angesehen wird. Es zeigt sich bislang jedoch, dass die Dauerbelastung durch Infektionskrankheiten die Entstehung neuer genetischer Information nicht fördert.

Mit Eisbohrkernen des grönländischen Inlandeises als Mittel zur Datierung befasst sich Michael KOTULLA. Er zeigt, dass die Eiskerndatierung in ihrer Gesamtheit weder ein unabhängiges noch ein absolutes Datierungsverfahren ist. Denn die Eisschichten sind nicht durchgängig sicher mit Jahren gleichzusetzen und es erfolgt eine Eichung mittels radiometrischer Daten.

In weiteren Beiträgen wird eine Reihe interessanter Entdeckungen vorgestellt, so zum Beispiel die erstaunlichen Ähnlichkeiten des Gehirns von Fliege und Mensch, unerwartete Diskrepanzen zwischen morphologischen und molekularen Ähnlichkeiten oder die ausgeklügelten Feinheiten des Miniatur-Sporangien-Katapults bei Farnen und vieles mehr. Für spannende und lehrreiche Lektüre ist also gesorgt.

■ IMPRESSUM

Herausgeber

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

Redaktion

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

Korrespondenzadresse

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

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

Tüpfelfarn mit rundlichen Sporangienhau-
fen im Gegenlicht. Die Farn-Sporangien
erweisen sich neuen Untersuchungen
zufolge als ausgesprochen ausgeklügelte
Miniatur-Katapulte. (Foto: W. Borlinghaus)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

H. Ullrich	„Die Narben der menschlichen Evolution“. Der Körper des Menschen: Ein evolutionärer Kompromiss oder ein geschaffenes Wrack?	68
H. Kutzelnigg	Rekordverdächtige Konvergenzen. Beziehungen zwischen Pflanzen und Ameisen	76
M. Kotulla	Eiskerndatierung: 100 000 Jahre und mehr?	84
H. Binder	Der Mensch und sein Genom. II. Einfluss schwerer Infektionskrankheiten auf das Erbgut des Menschen	94

■ REZENSIONEN

M. Widenmeyer	Geist und Kosmos. Warum die materialistische neodarwinistische Konzeption der Natur so gut wie sicher falsch ist (Thomas Nagel)	124
H. Kutzelnigg	Die Evolution der karnivoren Pflanzen: Was die Selektion nicht leisten kann: Das Beispiel Utricularia (Wasserschlauch) (Wolf-Ekkehard Lönning)	127



■ KURZBEITRÄGE

H. B. Braun	Fliegen mit Parkinson?	99
R. Junker & H. Ullrich	Erstaunliches Experiment: Flosse zu Bein umgewandelt?	101
H. Binder	Genomdaten aus fossilem Pferdeknochen	104
W. Borlinghaus	Das Sporangien-Katapult – ein miniaturisierter Schleudermechanismus	106
R. Junker	Morphologie und Moleküle in scharfem Widerspruch	109
H. Ullrich	Der Wurmfortsatz: Vom Nichtsnutz zum Mysterium	111

■ STREIFLICHTER

Spinnennetze reagieren auf elektrostatisch geladene Insekten	116
Springspinne – Sprung durch Spinnfaden stabilisiert	116
Überraschende Befunde an der Basis des Tierreichs	117
Eichelwürmer – eine weitere Tiergruppe der kambrischen Explosion	118
Das Genom von Kalkalgen – neue Einsichten in deren Ökologie	119
Moleküle und Anatomie im Konflikt? Die Systematik der Säugetiere	119
Tiefgreifende Veränderung von Plattengrenzen in Sekunden oder Minuten – Folge des verheerenden Erdbebens vom 11. März 2011	121
Klein aber oho: Eine Mottenart hört höhere Töne als alle anderen Tiere	122
Knoblauchsrauke bereits vor mehr als 6000 Jahren als Gewürz genutzt	123

„Die Narben der menschlichen Evolution“

Der Körper des Menschen: Ein evolutionärer Kompromiss oder ein geschaffenes Wrack?

Evolutionenbiologen verweisen häufig auf eine lange Liste ingenieurtechnischer Fehlleistungen des menschlichen Körpers. Wenn der Mensch als Produkt der Evolution verstanden wird, muss er an allen Ecken und Enden entsprechende Narben seiner natürlichen Entstehungsgeschichte tragen, so die Hypothese. Zwingt uns die Naturwissenschaft, konkret das biologische Wissen über die Individualentwicklung, den Bau und die Funktionen des Menschen, Abschied zu nehmen von einem weisen und genialen Schöpfer?

Henrik Ullrich

Einleitung

„Unsere Füße sind eine Katastrophe, der Rücken ein absonderlich gebogenes Konstrukt, ... Die Zähne stecken in einem viel zu kleinem Kiefer. Die Augen sind falsch verdrahtet. Das Becken

zwingt Frauen zu einer Geburt unter gewaltigen Schmerzen ... Und dann sind die Neugeborenen auch noch extrem unreif“ (Christian Schrader, SZ vom 18. 2. 2013).

Die Liste der ingenieurtechnischen Fehlleistungen der Evolution beim menschlichen Körper scheint lang. Unser Körper trägt an allen Ecken und Enden Narben seiner natürlichen Entstehungsgeschichte. So zumindest lautete der Tenor eines Symposiums auf der diesjährigen Konferenz der amerikanischen Wissenschaftsorganisation AAAS vom 14.-18. 2. 2013 in Boston, glaubt man der Berichterstattung durch die Süddeutsche Zeitung. Sechs Forscher berichteten in Vorträgen u.a. über die Weisheitszähne und die sie tragenden, angeblich viel zu kleinen Kieferknochen beim Menschen, über seine Wirbelsäule (Abb. 1) und ihre Not mit dem aufrechten Gang, über den verletzungsanfälligen Fuß mit seinen Gelenken, über die Konsequenzen, die sich für unseren Körper aus unserer Langlebigkeit ergeben, über den problematischen Geburtsvorgang und die Unreife von Neugeborenen. In der anschließenden Diskussion wurde auch auf das fehlerbehaftete Auge (Abb. 2 und 4) u.a.m. verwiesen. Matt CARTMILL (Boston University) klagte z.B. über den „dämlichen Mechanismus“, das Auge zu fokussieren, was durch eine Veränderung der Linsenkrümmung durch kleine Muskeln erreicht wird. „Dieser Mechanismus lässt etwa nach 40 Jahren nach, dann braucht man

Abb. 1 Die Wirbelsäule ist ein häufig genutztes Beispiel, um evolutionär bedingte Fehlkonstruktionen des menschlichen Körpers zu belegen. Insbesondere Bandscheibenvorfälle im unteren Drittel der Wirbelsäule (Bandscheiben blau markiert) werden als Folge einer inkompletten Anpassung an den aufrechten Gang interpretiert. Diese Einschätzung wird jedoch nicht von allen Forschern geteilt. Nach jahrzehntelanger Erforschung der Biomechanik des menschlichen Skeletts sagte z.B. Reinhard PUTZ, Leiter am Anatomischen Institut der Ludwig-Maximilians-Universität in München: Die Wirbelsäule ist ein „Meisterstück“ der Evolution (FAZ vom 5. 4. 2006).
(© Fotolia, Robert KNESCHKE)





eine Brille“ und das „...liegt nur daran, dass sich die Primaten aus Tieren entwickelt haben, die das Fernsehen irgendwann einmal aufgegeben haben“ (zit. nach SZ vom 18.2.2013).

Die Einsicht, dass viele Organe unseres Körpers früher oder später Schwächen zeigen, ist nicht neu. Embryonale Fehlentwicklungen, genetische Schädigungen, Alterungsprozesse, Fehlbelastungen, Ernährungsgewohnheiten, Umwelteinflüsse, unser Lebensstil u.a.m. sind als verursachende Komponenten durch die Medizin detailliert beschrieben worden. Die o.g. Forscher wollten aber darüber hinaus auf einen viel grundsätzlicheren Aspekt unseres Seins hinweisen: Unser Körper sei ein Flickenteppich der Evolution, voller Narben und damit kein Produkt eines weisen Schöpfers.

Und diese Einsicht würde auch durch unser heutiges Wissen über solche Organe des menschlichen Körpers bestätigt, die wir vermeintlich als geniale Konstruktionen kennzeichnen würden.

„Weit weg davon ein Produkt von Intelligentem Design zu sein ist klar, dass die menschliche Biologie und das Verhalten des Menschen Konsequenzen eines evolutionären Prozesses sind. Dies bedingt eine Anzahl von Kompromissen, die zu den vielen Problemen führen, an die unsere menschliche Konstitution gebunden ist“ (<http://aaas.confex.com/aaas/2013/webprogram/Session5714.html>).

Quod erat demonstrandum: Was zu beweisen war.

Und somit gelangen wir auf eine Ebene der Argumentation, wo die zahlreichen behaupteten Konstruktionsmängel des Lebens als Argument gegen den Schöpfer, wie er in der Bibel bezeugt

wird, oder gegen das Konzept des „Intelligent Design“ empirisch belegbar zu sein scheinen und effektiv zitiert werden können. Entgegen allen wissenschaftstheoretischen Grundsätzen behaupten Naturwissenschaftler hier nun doch, Gott in die Schranken weisen zu können. Steve JONES brachte dies vor einigen Jahren in einem Zeitungsbeitrag am 11.8.2005 in der „Zeit“ so auf den Punkt: „Kein grandioser Ingenieur hat Augen und alles andere in der Welt des Lebens geschaffen. Es war ein Kesselflicker. Ob es einen großen Designer da draußen gibt, ist nicht Gegenstand der Wissenschaft. Wenn es ihn geben sollte, beweist die Evolution vor allem eins: Er erledigt seinen Job miserabel.“ Charles DARWIN wies bereits in seinem Hauptwerk „Über die Entstehung der Arten“ 1859 auf den Zusammenhang zwischen der zu erwartenden Unvollkommenheit oder Nutzlosigkeit von Organen und seinem Prinzip der Abstammung

Abb. 2 Ausgerechnet das faszinierende Sinnesorgan Linsenauge soll nach Ansicht mancher Biologen Pfusch sein. Doch genaues Hinsehen offenbart das genaue Gegenteil. (Foto:Wikipedia, Friedrich BÖHRINGER)

Kompakt

Als Narben der Evolution oder evolutionär bedingte Konstruktionsmängel bezeichnet man häufig Merkmalskonstellationen im Bauplan von Organismen, die z.B. besonders anfällig für Erkrankungen sind oder deren funktioneller Status „unvollkommen“ erscheint. Beim Menschen wird in diesem Zusammenhang häufig auf die Wirbelsäule, das Sprunggelenk oder den engen Geburtskanal verwiesen. DARWIN war überzeugt, dass solche Merkmale als Ergebnis der Evolution zu erwarten sind und gegen die Existenz eines weisen Schöpfers sprechen. Ist es tatsächlich möglich, naturwissenschaftliche Kriterien zu definieren, die Fehlkonstruktionen als solche erkennbar machen? Werden diese Kriterien der Komplexität der untersuchten biologischen Struktur und dessen Individualentwicklung (Ontogenese) gerecht? Hat sich im Verlauf der biologischen Grundlagenforschung die Anzahl der entdeckten Fehlkonstruktionen erhöht? Der Beitrag analysiert das widersprüchliche methodische Fundament des Argumentes vom evolutionären Konstruktionsmangel. Dabei wird auch deutlich, dass die Argumentation für diese Sichtweise ohne Inanspruchnahme spezifischer theologischer Rahmenbedingungen kraftlos ist. Unterdessen verkürzt sich die Liste der scheinbar ingenieurtechnischen Fehlleistungen des menschlichen Körpers durch die biologische Forschung immer weiter.

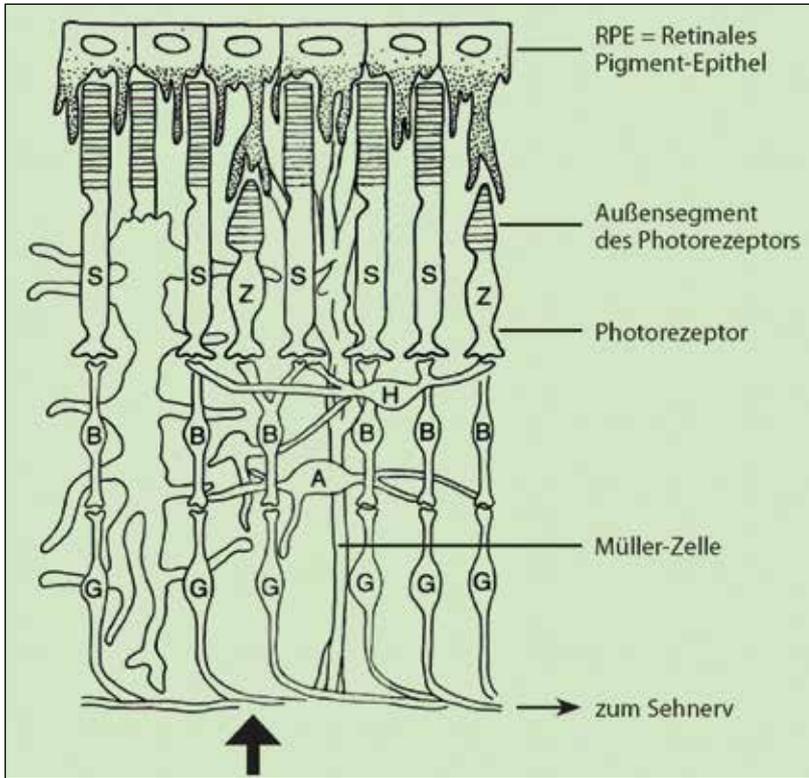


Abb. 3 Schematisches Diagramm der Netzhaut bei Wirbeltieren (Retina). Die Anordnung der Zellschichten in der Netzhaut ist invers, d.h. die lichtempfindlichen Zellen (Zapfen, Stäbchen) liegen auf der dem Licht abgewandten Seite des Zellverbundes. Diese Konstellation wird sehr häufig als Konstruktionsfehler gewertet, obwohl man schon lange weiß, dass diese Anordnung u. a. günstig für den Stoffwechsel der Sinneszellen (das RPE dient der Versorgung der Retinazellen) und ontogenetisch begründet ist. Vor einigen Jahren konnten Forscher die Funktion radial durch die Netzhaut verlaufender Fortsätze von Müller-Zellen klären. Sie fungieren als Lichtleiter, die einen nahezu verlustfreien Transport des Lichts zu den äußeren Segmenten der Sinneszellen garantieren. Darüber hinaus korrigieren sie optisch bedingte Verzerrungen. Die inverse Konstruktion der Netzhaut der Wirbeltiere ist genial und hinsichtlich ihrer Funktion hochgradig optimiert. Der dicke Pfeil zeigt die Richtung des einfallenden Lichts an.
 A Amakrine Zelle, B Bipolarzelle, G Ganglienzelle, H Horizontalzelle, S Stäbchen, Z Zapfen.
 (Nach ADLER & FARBER 1986 und ergänzt nach FRANZE et al. 2007)

durch Veränderung mittels Auslese hin. Der berühmte deutsche Physiologe Hermann VON HELMHOLTZ bestätigte diese Ansicht DARWINS 1865 im Detail mit einer langen Fehlerliste des Auges, die er dessen „Sündenregister“ nannte.

Die Argumentationskette wirkt eingängig und schlüssig. Die Evolution, so die Theorie, kann nur mit dem arbeiten, was verfügbar ist. Sie konstruiert keine neuen Körperteile von Grund auf neu. Organe, Gewebestrukturen, Zellen, Eiweiße, Gene usw. werden über Generationen hinweg mit geringfügigen Änderungen weitergegeben. Ändern sich die Lebensbedingungen und damit die Selektionsdrücke, werden nur die Organismen überleben, die über Potentiale verfügen, sich den neuen Bedingungen durch vererbte Veränderungen ihrer Stoffwechselprozesse, ihrer Organe oder deren Funktionen erfolgreich zu stellen, was sich in einem größeren Fortpflanzungserfolg niederschlägt. Der Wandel von Organen ist dabei aber nicht beliebig, sondern wird u.a. durch embryonale und genetische Rahmenbedingungen begrenzt oder kanalisiert. Ein einmal in der Evolution eines Organs oder eines Körperteils eingeschlagener Weg wird in

der Regel grundsätzlich beibehalten. Deshalb finden wir Grundbaupläne bei den Wirbeltieren z.B. bezüglich ihrer Gliedmaßen, ihrer Wirbelsäule oder ihrer Schädelknochen, die bei den einzelnen Individuen zwar im Detail extrem abgewandelt sein können, aber immer in den vorgegebenen biologisch fixierten Spielräumen ihrer Vorfahren bleiben. Damit stellen unsere eigenen menschlichen Organe keine neu erfundenen individuellen Lösungen für das menschliche Leben dar, sondern sind lediglich funktionierende Abwandlungen früherer Konstruktionen unserer Vorfahren. Und von diesen übernehmen wir auch deren Schwächen, wie zum Beispiel immer wieder in Bezug auf die inverse Konstruktion der menschlichen Netzhaut behauptet wird (Abb. 3). Deshalb passen unsere Körperteile nie zu 100 % auf das, was sie leisten müssen; sie sind suboptimale Kompromisse zwischen den früheren, aber mittlerweile abgelegten Bedürfnissen der Ahnen und den neuen Anforderungen ihrer Nachfahren. Aber nicht nur der Mensch – alle Organismen tragen solche Narben, so die Forscher weiter. Beim Menschen fallen sie nur stärker ins Gewicht. Unsere Sozialisierung, unsere kulturellen und wissenschaftlichen Leistungen vor allem in der Medizin und die damit verbundene deutlich verlängerte Lebenszeit bringt diese Narben der Evolution wie z.B. einen Bandscheibenvorfall oder den Bluthochdruck, sehr viel eindrucksvoller zur Geltung.

Im Jahr 2005 hatte das Wissenschaftsmagazin *Science* dazu aufgefordert, die Medizin endlich auf evolutionäre Fundamente zu gründen. Führende sogenannte Evolutionsmediziner wie Randolph M. NESSE und Stephen C. STEARNS beklagten sich damals darüber, dass, obwohl die Evolutionsbiologie die essentielle Basis für die Medizin darstelle, nur wenige Ärzte und medizinische Forscher mit ihren grundsätzlichen Prinzipien vertraut seien (NESSE & STEARNS 2008, 28; vgl. dazu auch NEESE 2006, LINDEMANN 2000, ULLRICH 2006). Mit dem obigen Symposium hofft man, diesem Ziel wieder einen Schritt näher gekommen zu sein.

Quod esset demonstrandum: Was zu beweisen ist

Das eingängige Argument pro Evolution und contra Schöpfer wird jedoch fragwürdig, wenn nicht unhaltbar, sobald man in die Details geht und sich folgenden Fragen stellt.

1. Welche Begründungsstrukturen liegen dem Argument der Konstruktionsmängel zu Grunde? Sind Begründungen allein auf naturwissenschaftlicher Ebene überhaupt möglich?

2. Was wird als empirische Basis genutzt und wird man dabei auch der Komplexität des

Organismus gerecht?

3. Wie gesichert ist im Einzelfall die evolutionäre Rekonstruktion des betreffenden Organs?

4. Existieren aus menschlicher Perspektive theoretisch oder experimentell bessere Konstruktionen für die zur Debatte stehenden angeblich mangelhaften Lösungen der Evolution?

1. Die Begründungsstrukturen

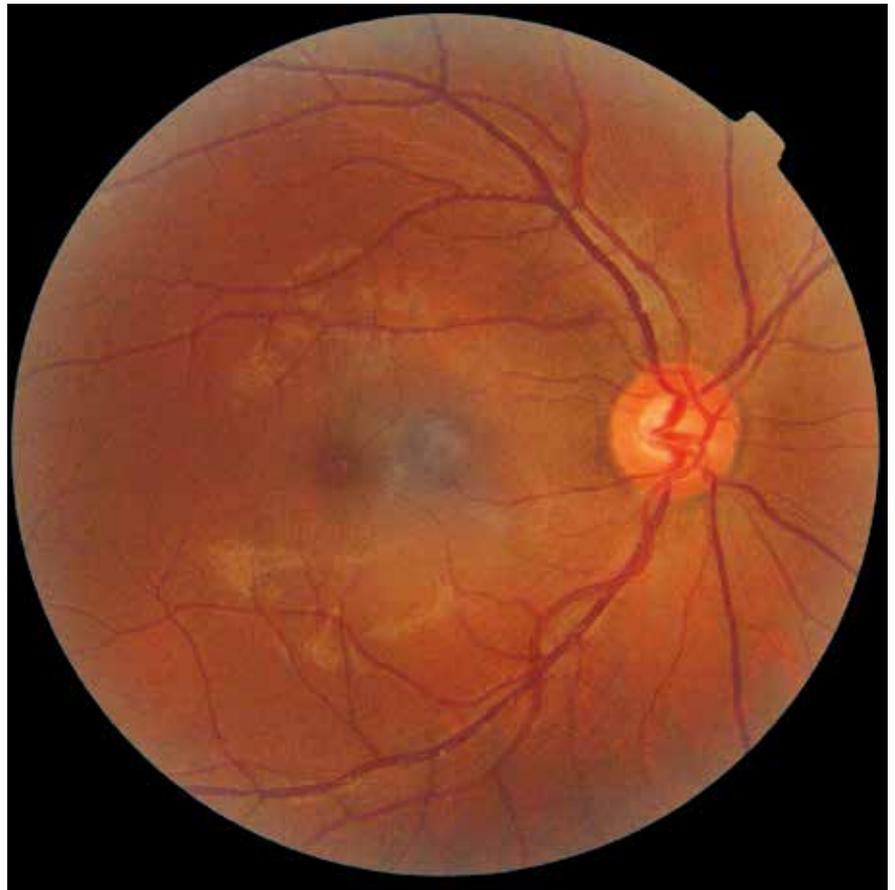
Das oben wiedergegebene Zitat von Steve JONES bringt es auf den Punkt. Die argumentative Verknüpfung biologischer Phänomene (inverse Netzhaut) mit einem spezifisch begründeten Ursprungsmodell (Evolution, Schöpfung) zur Kennzeichnung eines wie auch immer gearteten Schöpfers („Kesselflicker“, „großer Designer“) ist grenzüberschreitend. So zu argumentieren ist nicht unzulässig, wenn die Grenzüberschreitung des Argumentes über das hinaus, was der Naturwissenschaft zu sagen möglich ist, offengelegt wird. Es ist jedoch nicht gerechtfertigt, abgeleitete Schlussfolgerungen (Konstruktionsmängel) als rein naturwissenschaftlich begründetes Ergebnis zu deklarieren („beweist die Evolution vor allem eins“). Denn wenn ein Argument nur mit Bezugnahme auf ein bestimmtes Gottesbild formuliert werden kann, handelt es sich offenkundig um ein theologisches und nicht um ein naturwissenschaftliches Argument.

Unabhängig vom vertretenen Ursprungsmodell liefert uns die funktional-analytisch arbeitende Biologie durch Beobachtung und Experiment Daten und Fakten über die Lebewesen, von der

Der Nachweis des Fehlens einer funktionalen Erklärung dürfte kaum zu führen sein, und Behauptungen von Mängeln oder Fehlern wurden in der Vergangenheit oft widerlegt.

molekularbiologischen bis zur physiologischen und anatomischen Ebene. Die Biologie beschreibt, systematisiert und erklärt die Organe unter Nutzung einer funktional ausgerichteten Sprache. Dabei fallen häufig Phänomene auf (z.B. die Anordnung der Lichtsinneszellen in der untersten Zellschicht der Retina oder die Existenz des Wurmfortsatzes), die funktionell zunächst teilweise unverständlich bleiben, oder es werden funktionelle Phänomene entdeckt, deren strukturelle oder molekulargenetische Grundlagen noch unklar sind (z.B. embryonale Formbildung der Linse).

In Bezug auf das Argument eines evolutionär bedingten Konstruktionsfehlers muss klar gemacht werden, dass darin drei Ebenen wissenschaftlichen Schließens miteinander verwoben werden.



Zunächst ist es entscheidend zu klären, ob für ein bisher unverstandenes biologisches Phänomen tatsächlich keine Erklärung innerhalb der funktional-analytisch arbeitenden Biologie gegeben werden kann. Dieser Nachweis dürfte kaum zu führen sein, und Behauptungen von Mängeln oder Fehlern wurden in der Vergangenheit oft widerlegt. Die o. g. „Narben“ der Evolution gewinnen jedoch nur dann argumentative Kraft, wenn der Bau oder die Funktion der betreffenden Struktur tatsächlich wenigstens teilweise unverständlich oder fehlerhaft ist (s.o.).

Die zweite Ebene nimmt Bezug auf die evolutionäre Herkunft des vermeintlichen mit funktionellen oder morphologischen Mängeln versehenen Merkmals. Das aktuell von der Wissenschaft favorisierte Ursprungsmodell Evolution verfolgt das Ziel, die Vielfalt des Lebens auf natürliche, gesetzmäßig beschreibbare Vorgänge zurückzuführen. Die dabei entwickelten Evolutionstheorien stellen hypothetische Rekonstruktionen der Geschichte einer Tierart oder spezieller der Entstehung eines einzelnen Organs dar. Sie basieren u. a. auf dem Datenpool der funktional-analytisch arbeitenden Biologie. Ihre Ergebnisse besitzen in Form von konkurrierenden Einzeltheorien (z. B. unterschiedliche Ansätze zur Entstehungsgeschichte des Wirbeltierauges) einen mehr oder weniger großen Grad an Wahrscheinlichkeit. Einen unmittelbaren Zugriff durch Experiment oder

Abb. 4 Paradebeispiel für einen vermeintlichen Konstruktionsfehler: Die als „blinder Fleck“ bezeichnete Sehnervenpapille der Netzhaut im Augenhintergrund des menschlichen Auges (heller Bereich). Dort laufen zahlreiche Nervenfortsätze (ca. 1 Million) zusammen und verlassen das Auge als Sehnerv Richtung Gehirn. An dieser Stelle ist das Auge „blind“. (Bild: Wikipedia)

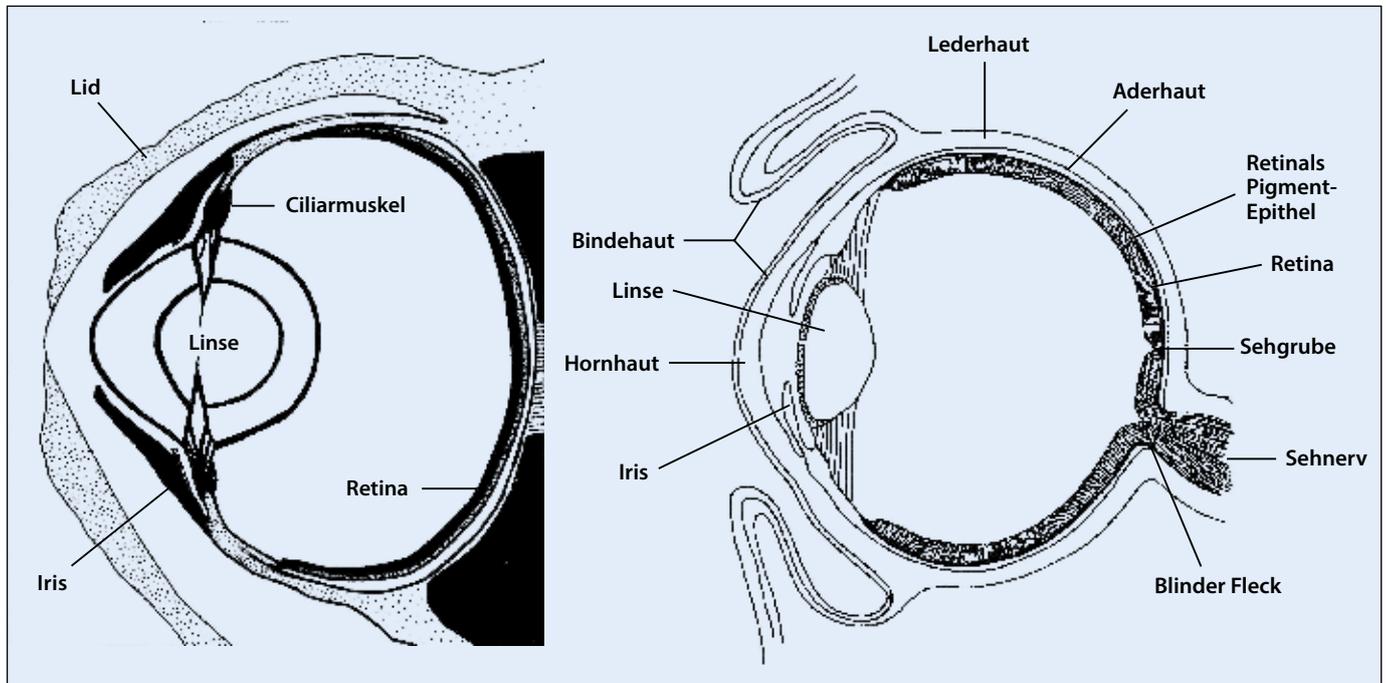


Abb. 5 Vergleich von Tintenfischauge und Wirbeltierauge. Links: Querschnitt durch ein Tintenfischauge (nach BUDELMANN 1994); rechts: Querschnitt durch ein Wirbeltierauge (nach ADLER & FARBER 1986).

Beobachtung auf den Forschungsgegenstand der Ursprungsforschung (die evolutionäre Geschichte des Auges) gibt es im Gegensatz zum Forschungsgegenstand der rein funktional-analytischen Biologie (Erforschung von Bau und Funktion des Wirbeltierauges und seiner Bestandteile) nicht. In Bezug auf das Argument eines evolutionär bedingten Konstruktionsfehlers ist es deshalb entscheidend, auf welche spezifische evolutionäre Entstehungstheorie man sich dabei konkret beruft (siehe Abschnitt „Zur Sicherheit spezifischer evolutionstheoretischer Rekonstruktionen“ weiter unten).

Die dritte Ebene implementiert – zumeist unbewusst – *theologische* Vorgaben. Aussagen über die Fähigkeiten eines Schöpfers oder Designers lassen sich nicht allein unter Berufung auf das funktional-analytische biologische Basiswissen und einer darauf aufbauenden evolutionären hypothetischen Rekonstruktion zwingend ableiten. Dafür ist eine bestimmte Charakterisierung des Schöpfers als theologische Vorgabe nötig, die dann in Konflikt mit den Fakten und Hypothesen geraten könnte. Wie will man allein auf der Grundlage der oben angesprochenen Ebenen biologischer Forschung Qualitäten eines Designers festmachen? Warum sollte sich ein Schöpfer

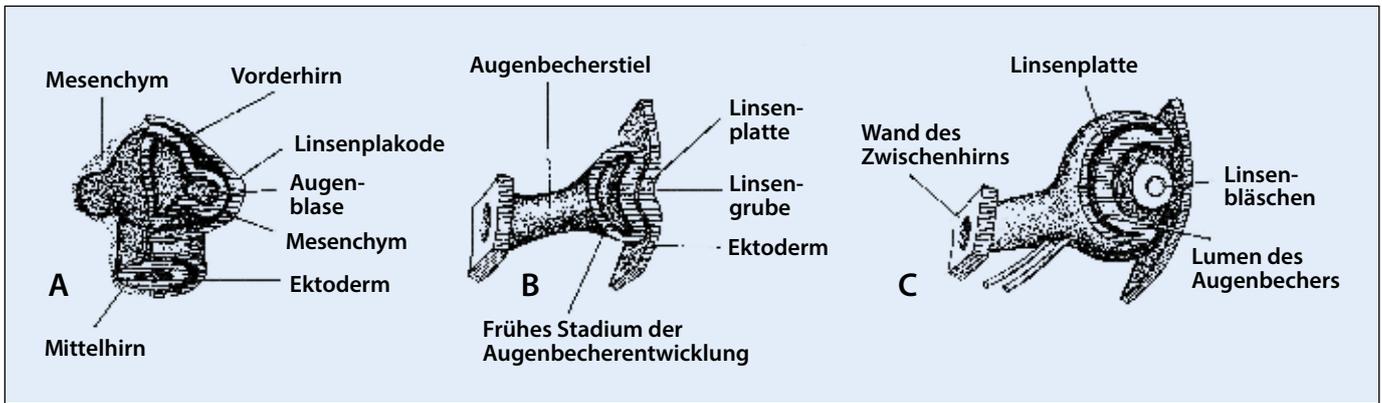
Ohne eingehende Analyse wird das Argument vom evolutionär bedingten Konstruktionsfehler einer Struktur zu einem bloßen Lückenbüßer unserer funktional-analytischen Unwissenheit und bleibt ohne jede wissenschaftlich relevante Aussagekraft.

an menschlichen Kriterien orientieren müssen, um als solcher erkannt oder abgelehnt zu werden? Könnte nicht gerade in der vermeintlichen Flickschusterei das Wesen seiner Schöpferweisheit verborgen liegen?

Festzuhalten bleibt in Bezug auf die Behauptung eines durch einen Schöpfer verursachten Konstruktionsfehlers, dass man sich dafür auf ein spezifisches Bild des Schöpfers oder Designers stützen muss. Dieses Bild speist sich aus theologischen Quellen und sollte im Vorfeld benannt werden.

2. Die empirische Basis

Wie bereits erwähnt gewinnen besondere biologische Phänomene als mutmaßliche Narben der Evolution ihre argumentative Kraft, wenn der Bau oder die Funktion der betreffenden Struktur unverständlich oder fehlerbehaftet erscheinen. Solange die Struktur-Funktions-Beziehungen von Organen unverstanden waren, wurden (und werden bis heute) häufig Konstruktionsfehler behauptet. Diese Behauptungen haben sich aber schon oft als vorschnell und unbegründet erwiesen. Die Forschungsgeschichte der von DARWIN und anderen so benannten rudimentären Organe liefert dafür eindrucksvolle Belege (z.B. die Geschichte der Erforschung des Wurmfortsatzes des menschlichen Blinddarms, vgl. ULLRICH 2013). Am Beispiel von Eigenschaften des immer wieder zitierten Wirbeltierauges werden nachfolgend Kriterien genannt, nach denen unbedingt bei der Analyse scheinbar „absonderlicher Konstrukte“ zu fahnden ist. Ohne diese Analyse wird das Argument vom evolutionär bedingten Konstruktionsfehler einer Struktur zu



einem bloßen Lückenbüßer unserer funktional-analytischen Unwissenheit und bleibt ohne jede wissenschaftlich relevante Aussagekraft.

Erfolgte die Bewertung der Struktur oder Eigenschaft isoliert oder im Gesamtrahmen der vorliegenden biologischen Komplexität?

Der bereits genannte H. VON HELMHOLTZ wies nach, dass die Linse des menschlichen Auges so gekrümmt ist, dass Lichtstrahlen in Abhängigkeit von ihrem Abstand vom Mittelpunkt der Linse unterschiedlich stark gebrochen werden (sogenannte sphärische Aberration), wenn sie auf die Linse treffen. Ebenso werden Lichtstrahlen unterschiedlicher Wellenlängen an derselben Stelle unterschiedlich stark gebrochen (sogenannte chromatische Aberration). Beides führt zu einer unscharfen Abbildung des Bildpunktes auf der Netzhaut und damit zu einer deutlichen Beeinträchtigung der Sehschärfe – so VON HELMHOLTZ. Isoliert betrachtet erschien die Augenlinse unter diesem Aspekt für VON HELMHOLTZ nachlässig gestaltet. Dieses Urteil wird aber sofort haltlos, wenn man die Linse als ein Element im System des optischen Apparates betrachtet, bei dem anatomische und physiologische Anforderungen exakt aufeinander abgestimmt sind. Biochemische Aspekte der Verformbarkeit des Linsenkörpers, das Zusammenspiel mit den kleinen Muskeln, die deren Abflachung bewirken, die trichterförmige Gestaltung von Ausläufern spezieller Netzhautzellen (Müllerzellen) oder die Funktion der Regenbogenhaut sind Details, die hervorragend auf die Funktion der Linse abgestimmt sind. Die isolierte Betrachtung eines biologischen Details ist ein falscher Ansatz, um seine Funktionalität korrekt und vollständig zu erfassen.

Welche Rolle spielte bei der Bewertung der Struktur oder Eigenschaft deren spezifische Einpassung in die jeweilige Lebensumwelt?

In dem Buch von NESSE & WILLIAMS (1997) wird behauptet: „Die umgekehrte Retina ist ein universaler Konstruktionsfehler bei allen Vertebraten, der keinen funktionellen Sinn ergibt

... Im funktionell analogen Auge des Tintenfisches ist die Retina vernünftiger orientiert“ (S. 153; vgl. Abb. 5). Die Forschung der letzten zwei Jahrzehnte hat jedoch gezeigt, wie hoch spezialisiert und funktionell sinnvoll die Retina bei den Wirbeltieren tatsächlich konstruiert ist. Und dabei bestätigt sich immer wieder eine enge Kopplung des jeweiligen Merkmalsgefüges an die Anforderungen, die die Lebensumwelt an das jeweilige Individuum stellt. Die Entdeckung der Müller-Zellen oder der fokussierenden Wirkung von Zellkernen in der Netzhaut ergänzten die bereits vorhandenen Kenntnisse über das Vorliegen mehrerer Zentren scharfen Sehens bei Vögeln oder das bei Vögeln und einigen Säugetieren realisierte Prinzip einer avaskulären¹ Netzhaut. In auffälliger Übereinstimmung der Aktivitätszeiten von Organismen (z.B. tagaktiv oder nachtaktiv) oder ihres unmittelbaren Lebensraumes (z.B. an Land oder im Wasser) finden sich mehr oder weniger Stäbchen- oder Zapfenzellen in der Netzhaut verteilt. Letztere dienen dem Farbsehen und sind dabei vor allem in den Frequenzbereichen hochsensibel, die den Lichtverhältnissen entsprechen, unter denen sich der Organismus zurechtfinden muss. Es steht außer Frage, dass die Konstruktion des Tintenfischauges für seinen Träger die optimale Voraussetzung bietet, um in seiner Umwelt auf optische Reize aufmerksam zu werden. Aber es gibt keine empirische Grundlage, dieses Konstruktionsprinzip als besser konstruierte Variante gegenüber der bei den Wirbeltieren invertierten Netzhaut zu deklarieren.

Eine vergleichende, von den funktionellen Anforderungen der Lebensumwelt losgelöste Bewertung biologischer Merkmale führt zu empirisch nicht gedeckten Wertungen.

Welche Rolle spielte bei der Bewertung der Struktur oder Eigenschaft deren Funktion und Bildungsgeschichte während der Ontogenese (frühe Individualentwicklung)?

Egal ob es um die Netzhaut, die Linse oder die Blutgefäßanordnung im Auge geht – jedes Bauelement ist das Ergebnis eines raumzeitlich exakt abgestimmten individuellen Entwick-

Abb. 6 Embryonalentwicklung der Augenanlage beim Menschen.

- A** Vorderhirn mit umgebendem Mesenchym und Ektoderm bei einem 28 Tage alten Embryo.
- B** Frühes Stadium der Augenbecherentwicklung (ca. 30. Tag), Induktion der Linsenplakode.
- C** Augenbecher und Linsenbläschenbildung sowie Anlage der Retina (ca. 35. Tag). (Nach MOORE 1990)

lungsprozesses. Dabei werden von der molekulargenetischen bis zur strukturellen Ebene ineinandergreifende Regulations- und Steuerungskaskaden aktiv, deren multidirektionale Wechselwirkungen nicht nur für das jeweilige Organ, sondern für den gesamten Organismus von entscheidender Bedeutung sind. Der Aufbau der Netzhaut bei Wirbeltieren leitet sich aus ihrer ontogenetischen Herkunft aus der Gehirnanlage ab (vgl. Abb. 6). Störungen in der Netzhautbildung führen umgekehrt zu Fehlentwicklungen des Gehirns. Das heißt, das Konstruktionsprinzip der Wirbeltiernetzhaut ist nicht nur im ausgebildeten Zustand sinnvoll (s.o.), sondern auch eine wesentliche Voraussetzung einer normalen Individualentwicklung.

Die Vernachlässigung der individuellen Ontogenese bei der isolierten Bewertung vollständig ausgebildeter biologischer Merkmale verschleiert entscheidende Zusammenhänge ihrer Funktionalität und ihres Erscheinungsbildes. Darüber hinaus ist es ein atemberaubendes Phänomen, dass z.B. Augen nicht nur das Sehen ermöglichen, sondern auch entscheidenden Einfluss auf die embryonale Gestaltung unseres Angesichtes nehmen.

Mutmaßungen über evolutionäre Zusammenhänge spielen in der Medizin keine Rolle.

Welche Rolle spielte bei der Bewertung der Struktur oder Eigenschaft die Abgrenzung des Normalzustandes von pathologischen Veränderungen? Der Graue Star ist Folge einer Trübung der klaren, lichtdurchlässigen Linse. Die Linsenproteine (z.B. Crystalline) verändern mit zunehmendem Alter ihre Konfiguration und damit ihren Brechungsindex. Ist die gesunde Linse deshalb schlecht konstruiert?

Die Abgrenzung des gesunden und normal funktionierenden Merkmals vom pathologisch veränderten ist eine nicht zu unterschätzende empirische Herausforderung, die sicher nicht in jedem Fall exakt gelingen wird.

Zum Leben in seinem heutigen Erscheinungsbild gehört neben dem Werden auch sein Vergehen, zum Funktionieren auch die Möglichkeit einer Funktionsstörung oder des Funktionsverlustes bis hin zum Tod. Dass grundsätzlich unterschiedliche weltanschauliche Zugänge zu diesem bedrückenden Phänomen des Lebens möglich sind, ist offenkundig und das sollte auch deutlich gemacht werden.

Es ist eine logische Konsequenz der evolutionären Weltanschauung, auftretende krankheitsbedingte Veränderungen als notwendige Voraussetzung für den Fortbestand und die Weiterentwicklung des Lebens zu deklarieren. Denn wo sonst sollte die Selektion angreifen?

Krankheitsbedingte Veränderungen als Konstruktionsmängel einem Schöpfer anzulasten, setzt auch hier voraus, dass ein spezifisches, außerwissenschaftlich gewonnenes Bild vom Schöpfer und seiner Schöpfung importiert wird, um es dann zu demontieren (s.o.).

In Bezug auf die Vorbeugung, Diagnostik und Therapie von Krankheiten hilft es der Medizin und dem Patienten übrigens nicht (auch nicht mittelbar), gesagt zu bekommen, dass unsere evolutionäre Geschichte ihre Leiden letztlich verursacht haben könnten. Medizin ist angewandte Wissenschaft, welche die Ergebnisse der funktional-analytischen und nicht der Naturgeschichtsforschung nach empirischer Prüfung zum Wohle des Patienten einsetzt. Mutmaßungen über evolutionäre Zusammenhänge spielen dabei keine Rolle.

3. Zur Sicherheit spezifischer evolutionstheoretischer Rekonstruktionen

Es ist relativ leicht, die Aussage zu formulieren: Die Evolution habe das Wirbeltierauge hervorgebracht und deshalb seien auftretende Unzulänglichkeiten natürliche Folgen ihrer ziellosen Flickschusterei. Die Argumentation steht und fällt jedoch mit der Sicherheit, mit der man die evolutionäre Geschichte eines mutmaßlich fehlkonstruierten Organs wie z.B. des Auges rekonstruieren kann inklusive der dabei wirksamen Mechanismen.

Es fällt auf, dass beim Verweis auf Konstruktionsmängel eine wie auch immer geartete Evolution als Faktum vorausgesetzt wird, ohne dass diese im Detail solide begründet wäre. Für die Situation der Augenevolution kommt Gregory (2008) zu folgendem Schluss: „Zusammenfassend muss festgehalten werden: Die Frage ob ‚Augen‘ einmal oder mehrfach evolvierten, bleibt offen. Die verfügbaren Antworten hängen jedoch mehr von Definitionen und den Ebenen der Analysen als von irgendetwas anderem ab. Genau genommen scheint es nicht nützlich, komplexe Organe in dieser Weise zu betrachten. Stattdessen ist es deutlich produktiver, den Fokus auf einzelne Komponenten des Auges zu legen, auf deren Evolution und die große Bandbreite ihrer Kombinationen und Modifikationen in den verschiedenen Gruppen.“²

Wenn es also offen ist, auf welchen Wegen die Evolution eines Organs – wie des Auges – verlaufen ist, steht die Kennzeichnung einer Merkmalskonstellation als evolutionär bedingtem Konstruktionsmangel auf empirisch schwachem Fundament. Wenn der Weg zum Ziel unbekannt ist, aus welchem Grund kann man dann diesen unbekanntem Weg dafür verantwortlich machen, wenn das Ziel vermeintlich nicht erreicht wurde?

Wo sind die Alternativen, die erwiesenermaßen besser funktionieren?

Geht es doch besser?

Auf einen häufig übersehenen Aspekt bei der Debatte um die „Narben der Evolution“ möchte ich abschließend hinweisen.

Wenn einerseits von Fehlkonstruktionen gesprochen wird, die Belege für eine zukunftsblind verlaufende Evolution seien und gegen ein intelligentes Schöpferhandeln sprächen, wo bleiben die Alternativen, die erwiesenermaßen besser funktionieren? Gibt es in Bezug auf die Weisheitszähne, das Sprunggelenk, das Becken, die Wirbelsäule oder die Netzhaut des Menschen alternative und bessere Konstruktionsvorschläge auf der Basis des heutigen naturwissenschaftlichen Wissens? Diese sollten sich daran prüfen lassen, dass sie hinsichtlich ihrer Einpassung in den Organismus mindestens ebenso verträglich sind und dabei den Herausforderungen der äußeren und inneren Umwelt gleichermaßen gewachsen sind. Ein weiteres entscheidendes Kriterium wird es sein, inwieweit die ontogenetische Realisierung der Alternativlösung bereits in der befruchteten Eizelle abrufbereit integriert werden kann und im Folgenden auch alle ontogenetischen Funktionen abdeckt, ohne dabei selbst zu Fehlentwicklungen zu führen. Eine solche Alternativkonstruktion wurde trotz der unermüdlich vorgebrachten Behauptungen von Fehlkonstruktionen in keinem Fall vorgelegt. Und solange dies nicht möglich ist, gibt es gute Gründe davon auszugehen, dass die Vielfalt der Organismen mit ihren faszinierenden Strukturen und Funktionen für ihr spezifisches Umfeld ein erstaunliches Optimum erreicht haben. Und das, obwohl Krankheit und Tod dem Leben ihren Stempel unverkennbar aufdrücken.

Unser begrenztes Wissen steht oft staunend, fragend oder verständnislos vor der Komplexität und Genialität des Lebens in seinen vielfältigen Erscheinungsformen. Gerade diese Situation treibt die wissenschaftliche Forschung immer wieder voran. Und das ist gut so. Es ist demgegenüber ein schwer nachvollziehbarer Irrweg, unser begrenztes Wissen oder Nichtwissen als Argument dafür zu nutzen, dem Leben irgendwelche Mängel zu unterstellen. Solange den Argumenten von vermeintlichen evolutionär bedingten Konstruktionsmängeln eine empirisch begründete Basis fehlt, sind sie nichts anderes als Lückenbüßer im evolutionären Theoriengebäude.

Anmerkungen

- ¹ Während bei nahezu allen Säugetieren Blutgefäße auf und hinter der Netzhaut verlaufen, zeigen die Vögel und einige Säugetiere keine Gefäße auf der dem Licht zugewandten Seite der Netzhaut (= avaskuläre Netzhaut). Die Versorgung der extrem energiehungrigen Netzhaut mit Sauerstoff und Nährstoffen wird hier u.a. über die Gefäße hinter der Netzhaut und von der Flüssigkeit im Augapfel realisiert.
- ² „Overall, the question of whether ‘eyes’ evolved once or many times remains an open one, though the available answers depend more than anything on definitions and levels of analysis. In fact, it may not be useful to consider complex organs in this way at all. Instead, it is more productive to focus on the components of eyes, which have evolved and been combined and modified in a variety of ways in different groups.“

Literatur

- ADLER R & FARBER D (1986) *The Retina*. New York.
- BUDELMANN BU (1994) Cephalopod sense organs, nerves and the brain: adaptations for high performance and life style. *Mar. Fresh. Behav. Physiol.* 25, 13–33.
- CULOTTA E & PENNISI E (2005) Breakthrough of the year: Evolution in action. *Science* 310, 1878–1879.
- FRANZE K, GROSCHE J et al. (2007) Müller cells are living optical fibers in the vertebrate retina. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 8287–8292.
- GREGORY TR (2008) The evolution of complex organs. *Evo. Edu. Outreach* 1, 358–389.
- HEYN G (2008) Bluthochdruck-Evolution hilft Krankheiten zu verstehen. *Pharm. Z.* 153, 36–38.
- LINDEMANN WB (2000) Rezension zu: NESSE RM, WILLIAMS GC (1997) Warum wir krank werden – Die Antworten der Evolutionsmedizin. *Stud. Int. J.* 7, 46–48.
- MOORE KL (1990) *Embryologie* Stuttgart, 3. Auflage.
- NESSE RM & STEARNS SC (2008) The great opportunity: Evolutionary applications to medicine and public health. *Evol. Appl.* 1, 28–48.
- NESSE RM, STEARNS SC & OMENN GS (2006) Medicine Needs Evolution. *Science* 311, 1071.
- NEUHAUS K & ULLRICH H (2000) Das Wirbeltierauge – Ein Konstruktionsfehler ohne funktionellen Sinn? *Stud. Int. J.* 7, 3–11.
- THORPE SKS, HOLDER RL & CROMPTON RH (2007) Origin of human bipedalism as an adaptation for locomotion on flexible branches. *Science* 316, 1328–1331.
- ULLRICH H (2006) Braucht die Medizin die Evolution als Basiswissenschaft? *Stud. Int. J.* 13, 103.
- ULLRICH H (2013) Der Wurmfortsatz. Vom Nichtsnutz zum Mysterium. *Stud. Int. J.* 20, 111–115.
- ULLRICH H, WINKLER N & JUNKER R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. *Stud. Int. J.* 13, 3–14.
- VON HELMHOLTZ H (1865) Die neueren Fortschritte in der Theorie des Sehens. Populäre wissenschaftliche Vorträge von H. Helmholtz. 1. Heft, Braunschweig.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Henrik Ullrich, Dr.-Scheider-Str. 53a, 01589 Riesa, ullhen.embryo@t-online.de

Rekordverdächtige Konvergenzen

Beziehungen zwischen Pflanzen und Ameisen

Pflanzen und Ameisen stehen untereinander in zahlreichen Wechselbeziehungen. Die zugehörigen Anpassungen treten in den unterschiedlichsten Pflanzengruppen auf, die nicht in näheren verwandtschaftlichen Beziehungen stehen. Die betreffenden Merkmale werden daher als evolutionäre Konvergenzen interpretiert. Rekordverdächtig hohe Anzahlen von Konvergenzen lassen daran aber mehr denn je Zweifel aufkommen.

Herfried Kutzelnigg

Abb. 1 a Löwenzahn-Blütenkörbchen mit Ameisen, die zwar Nektar aufnehmen (rauben), sich aber nicht an der Bestäubung beteiligen. Foto: THEBOMBZEN (Wikipedia)

b Das bei uns in Gärten kultivierte Duft-Steinkraut (*Camponotus micans*) oder „Alyssum“ gehört zu den wenigen Pflanzen, deren Blüten durch eine Ameisen-Art bestäubt werden, nämlich durch die Rossameisen-Art *Camponotus micans*. In Mitteleuropa kommt diese Ameisen-Art allerdings nicht vor. Foto: E. BALOCCHI (Wikipedia).

c Auch bei der Zypressen-Wolfsmilch erfolgt eine Bestäubung durch Ameisen, sie ist aber dort von untergeordneter Bedeutung. Foto: R. BARTZ (Wikipedia).

Zwischen Ameisen und Pflanzen gibt es vielfältige Wechselbeziehungen (vgl. BRONSTEIN et al. 2006). Wer die Natur genau beobachtet, wird dort, wo Pflanzen wachsen, auch schnell Ameisen finden. Das ist nicht nur am Boden so, sondern oft auch auf den Stängeln und Blättern, und selbst in den Wipfeln hoher Bäume kann man Ameisen antreffen, nicht selten in großer Zahl.

Ameisen als Bestäuber

Oft wird vermutet, Ameisen würden einen wichtigen Beitrag zur Bestäubung von Blüten leisten. Das stimmt aber nicht, denn Ameisen sind als Bestäuber denkbar ungeeignet. Das liegt an ihren eher glatten Körpern, an denen Pollen kaum haften bleibt, und daran, dass einige Ameisen aus Körperdrüsen antibiotische Substanzen abgeben, die für Pollen schädlich sind, ja diesen evtl. sogar schnell abtöten. Dessen ungeachtet nutzen man-

che Ameisen dennoch bei einigen Blüten Nektar oder Pollen, tragen aber nicht zur Bestäubung bei (Abb. 1a), so dass man auch von Nektar- oder Pollenraub sprechen könnte. Aber es gibt seltene Ausnahmen. So wird etwa im Mittelmeerraum das auch bei uns als Bodendecker kultivierte Duft-Steinkraut (*Lobularia maritima* = *Alyssum maritimum*, Abb. 1b) durch die Rossameisen-Art *Camponotus micans* bestäubt (GÓMEZ 2000). Auch bei der heimischen Zypressen-Wolfsmilch (Abb. 1c) wurde eine Bestäubung durch Ameisen nachgewiesen, ist aber dort von untergeordneter Bedeutung (PFUNDER 1999).

Ameisen und Honigtau

Ameisen besuchen u. a. auch deshalb gerne Pflanzen, besonders Bäume und Sträucher, um dort Honigtau aufzunehmen; das sind süße Säfte, die oft in großen Mengen als Ausscheidungspro-



dukte von Blattläusen, Rindenläusen und Schildläusen entstehen. Die Blattläuse entnehmen dem Siebteil (Phloem) der Leitungsbahnen in den Blättern oder Zweigen die dort zur Verfügung stehenden Assimilate (von den Pflanzen produzierte Stoffe), die u.a. Aminosäuren und Zucker enthalten. Dabei ist für die Ernährung der Läuse der Zuckeranteil im Überschuss, so dass diese einen Großteil davon wieder ausscheiden. Diese nährstoffreichen Ausscheidungsprodukte nehmen Ameisen gerne an, z.B. indem sie die Läuse „betrillern“, damit diese den Honigtau gezielt abgeben (Abb. 2). Man spricht auch vom „Melken“ der Läuse. Tatsächlich liegt hier eine Symbiose vor, denn die Ameisen schützen die Läuse vor Fressfeinden. Gleichzeitig schützen sie aber auch die Pflanzen vor Feinden. Berühmt sind auch die Fälle, in denen Ameisen Blattläuse wie Haustiere halten, gut versorgen, beschützen und zu den Pflanzen transportieren, wo sie dann Assimilate entnehmen. Gelbe Wiesenameisen (*Lasius flavus*) halten sogar fast ausschließlich „Wurzelläuse“ in ihren Nestern, in denen die Läuse Zugang zu Pflanzenwurzeln haben und dort die Leitungsbahnen anzapfen, um letztendlich ihren Wirten Honigtau liefern zu können.

Nebenbei bemerkt, stellt Honigtau auch für Bienen eine wichtige Nahrungsgrundlage dar; der entsprechende Honig hat also keinen Blütennektar als Basis. Er wird als Waldhonig bzw. Blatthonig oder im Falle von Nadelbäumen als „Tannenhonig“ bezeichnet; jedenfalls ist er kein Blütenhonig! Auch bei mindestens einer weiteren Honigsorte gibt es eine feine Unterscheidung: Lindenhonig hat mehr Anteil an Laushonig und Lindenblütenhonig hat mehr Anteil an Blütenhonig. Im Übrigen leben auch zahlreiche weitere Kleintiere vom Honigtau.

Bei starkem Blattlausbefall können auch parkende Autos unliebsame Erfahrungen mit Honigtau machen. Aber das „Zuckerwasser“ lässt sich leicht abwaschen.

Weniger appetitlich ist der Anblick, wenn die klebrige Flüssigkeit von Rußtaupilzen (z.B. *Capnodium*) infiziert wird, wodurch dunkelgraue Überzüge entstehen, die man als Rußtau bezeichnet.

Extraflorale Nektarien

Viele Pflanzen bieten eine weitere wichtige Attraktion für Ameisen. Sie geben nämlich Nektar ab, der nicht von den Blüten gebildet wird, entsprechend als extrafloral bezeichnet wird und auch nichts mit einer Bestäubung zu tun hat (vgl. BRONSTEIN et al. 2006, WEBER &



KEELER 2013, MARAZZI et al. 2013). Vielmehr hat dieser Nektar die Aufgabe, gezielt Ameisen anzulocken, die im Gegenzug schädliche Raupen, Insekteneier usw. entfernen und dadurch die Pflanze vor Fressfeinden schützen. Man spricht daher auch von „Polizistenfutter“. Gewöhnlich schützen sich Pflanzen vor Fressfeinden durch chemische Substanzen, die für die an ihnen fressenden Tiere giftig sind. Durch die Anlockung von Ameisen haben sie parallel dazu eine zweite Schutzmöglichkeit; es handelt sich also quasi um eine „biologische Schädlingsbekämpfung“ in Ergänzung zur „chemischen Keule“.

Extraflorale Nektarien kennt man schon lange, aber ihre Bedeutung war in vielen Fällen umstritten. Schon länger bekannt sind z.B. die auffälligen Symbiosen einiger tropischer *Acacia*-Arten mit den sie beschützenden Ameisen, die

Abb. 2 Ameise, die von einer Rindenlaus einen Honigtautropfen erhält, also ein zuckerreiches Ausscheidungsprodukt. Foto: F. BÖHRINGER (Wikipedia).

Kompakt

Pflanzen und Ameisen stehen untereinander in zahlreichen, oft symbiotischen Wechselbeziehungen. Darüber soll hier ein kurzer Überblick gegeben werden. Auffällig ist, dass die zugehörigen morphologischen und biochemischen Anpassungen in den unterschiedlichsten Pflanzengruppen auftreten, also nach gängiger evolutionstheoretischer Vorstellung sehr oft unabhängig voneinander entstanden sind.

In zwei Fällen ist die Anzahl der Konvergenzen sogar rekordverdächtig hoch. Das gilt zum einen für die Samenausbreitung durch Ameisen (Myrmekochorie), die über 100-mal konvergent entstanden sein soll. Zum anderen gilt es für die Ausbildung von extrafloralen Nektarien, also Geweben, die außerhalb der Blüte Nektar produzieren: Diese dienen vor allem der Anlockung von Ameisen, die im Gegenzug die Pflanzen vor Fressfeinden schützen; dieses Phänomen soll über 450-mal konvergent entstanden sein. Konvergenzen, also die unabhängige Neubildung ähnlicher oder gleicher Strukturen und Funktionen in unterschiedlichen Abstammungslinien stellen evolutionstheoretisch seit jeher ein Problem dar. Die hier festgestellten Zahlen von mehr als 100 oder sogar mehr als 450 Konvergenzen stellen ohne Zweifel eine Herausforderung an Erklärungsversuche dar, die deren parallele Entstehung auf ungerichtete Zufallsprozesse zurückführen wollen.

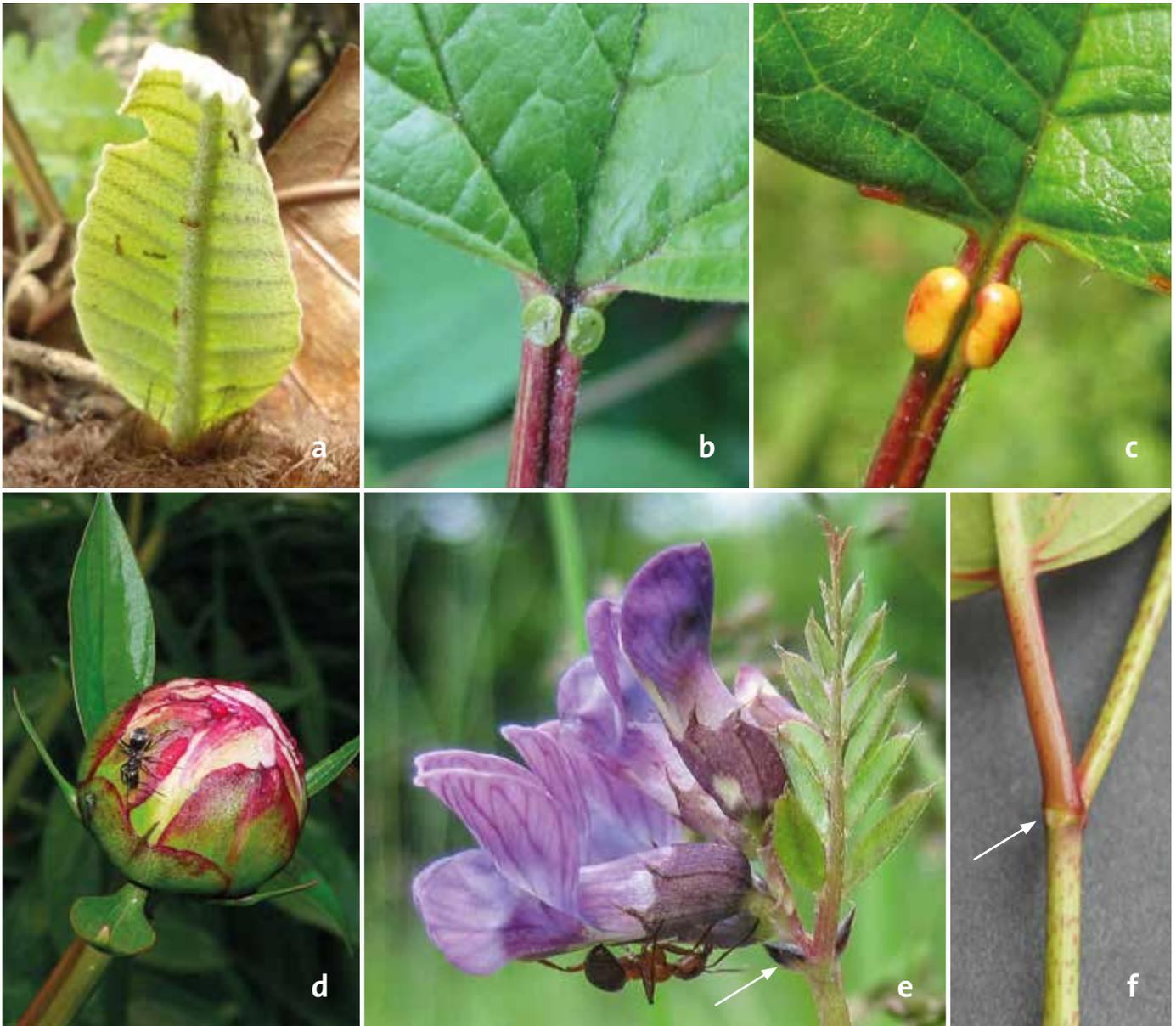


Abb. 3 Extraflorale, d. h. außerhalb der Blüte befindliche, Nektarien. Sie geben eine zuckerhaltige Flüssigkeit ab, die u. a. von Ameisen gerne aufgenommen wird. Die Gegenleistung der Ameisen ist der Schutz der Knospen vor Tierfraß.

a Der Farn *Drynaria quercifolia* mit mikroskopisch kleinen, Nektar produzierenden Drüsenhaaren. **b** Schneeball (*Viburnum opulus*) und **c** Süß-Kirsche (*Prunus avium*) mit den typischen roten Nektarien am oberen Ende des Blattstiels. **d** Pfingstrose (*Paeonia*) mit Ameise, die den von den Kelchblatträndern produzierten Nektar aufnimmt. **e** Zaun-Wicke (*Vicia sepium*) mit Ameise. Der Nektar wird hier an der Unterseite der Nebenblätter angeboten (Pfeil). Man vergleiche auch den Videoclip unter ohioplants.org/families-fabaceae; **f** Japanischer Staudenknöterich (*Fallopia japonica*): napfförmiges, extraflorales Nektarium am unteren Ende des Blattstiels außen. Fotos: O. SOUL (Wikipedia) (a), R. JUNKER (b, c, e), G. HUME (Wikipedia) (d), H. KUTZELNIGG (f).

sogar in speziellen Höhlungen der Pflanze Unterschlupf finden und auch sonst gut versorgt werden und im Gegenzug von der sie beherbergenden Pflanze ganz individuell Feinde abhalten.

Inzwischen ist aber auch für viele weitere Arten der Nachweis erbracht worden, dass die Nektarproduktion wesentlich mit dem Schutz durch Ameisen zu tun hat. Allerdings wird die zuckerhaltige Flüssigkeit in einigen Fällen auch von weiteren Insekten aufgenommen, die dann oft ebenfalls eine Schutzfunktion übernehmen.

Der extraflorale Nektar wird meist aus spezialisierten Blattdrüsen abgegeben, die sich in

Bau und Herkunft stark unterscheiden (Abb. 3). Sie können sich z.B. am Blattstiel oder auf der Blattspreite befinden, an Nebenblättern, Keimblättern, Kelchblättern, Früchten, Stängeln usw. Sie können aber auch als isolierte Drüsen unterschiedlicher Größe auftreten oder in Form von drüsigen Blattzähnen oder von unauffälligen, mikroskopisch kleinen Strukturen (Abb. 3 a) bis hin zu einzelligen Drüsenhaaren. Oft sind die extrafloralen Nektarien nur in bestimmten Entwicklungsstadien der Pflanze tätig, vor allem bei jungen Trieben. Das dürfte damit zusammenhängen, dass junge Pflanzenteile besonders schutzbedürftig sind, weil sie einerseits noch zart sind und andererseits noch nicht ausreichend Abwehrstoffe gebildet haben.

Bekannte Beispiele aus der heimischen Flora sind: Süß-Kirsche und Schneeball (oberes Ende des Blattstiels; Abb. 3b, c), Sauer-Kirsche (unterer Teil der Blattspreite), Pfingstrose (Kelchblattränder; Abb. 3d), Schmalblättrige Wicke und Zaun-Wicke (Unterseite der Nebenblätter; Abb. 3e), Staudenknöterich (unteres, äußeres Ende

Unter der Voraussetzung von unabhängigen Entstehungsereignissen ist die Ausbildung extrafloraler Nektarien mindestens 457-mal konvergent entstanden.

des Blattstiels; Abb. 3f) und Adlerfarn (untere Blattfiedern).

Weltweit wurden extraflorale Nektarien bisher bei etwa 4000 Pflanzenarten in 745 Gattungen aus 108 verschiedenen Pflanzenfamilien nachgewiesen, also weit verstreut über das Pflanzenreich (KEELER 2008, WEBER & KEELER 2013). Trägt man ihr Vorkommen in das von der Angiosperm Phylogeny Group (2009) herausgegebene Kladogramm der Blütenpflanzen ein, so zeigt sich, dass unter der Voraussetzung von unabhängigen Entstehungsereignissen die Ausbildung extrafloraler Nektarien mindestens 457-mal konvergent entstanden ist. Diese Zahl dürfte alle bisher beschriebenen Fälle von Konvergenzen weit in den Schatten stellen. Auch bei einigen Farnen (s.o.) gibt es entsprechende Strukturen (Abb. 3a).

Samenausbreitung durch Ameisen = Myrmekochorie

Ein weiteres wichtiges Beispiel für eine Symbiose zwischen Ameisen und Pflanzen ist die Ausbreitung von Samen und Früchten durch Ameisen, auch Myrmekochorie genannt (SER-NANDER 1906, BRESINSKY 1963, BEATTIE 1983, 1985, BONN & POSCHLOD 1998, BRONSTEIN et al. 2006, LENGYEL et al. 2010). Auch dieses Phänomen findet man weltweit. Der Schwerpunkt liegt in den wärmeren Gebieten, aber auch in der heimischen Flora spielt Ameisenausbreitung eine gewisse Rolle, hier besonders bei Frühblühern.

Im typischen Fall wird den Ameisen als „Belohnung“ für die Ausbreitung ein nährstoffreiches Anhängsel am Samen angeboten (Abb. 4), das gewöhnlich erst im Ameisennest entfernt wird. Da häufig fette Öle dargeboten werden, spricht man allgemein von Ölkörpern oder Elaiosomen, auch wenn in Einzelfällen z.B. Zucker überwiegen. Die chemische Zusammensetzung ist im Einzelnen verschieden, es können auch einzelne Komponenten fehlen. Neben Ölen sind vor allem Zucker, Aminosäuren und Proteine von

Abb. 4 Verschiedene Elaiosomen (Ölkörper), die Ameisen zur „Belohnung“ für die Ausbreitung der Samen angeboten werden. **a** Haselwurz (*Asarum*), **b** Schöllkraut (*Chelidonium*), **c** Schneeglöckchen (*Galanthus*), **d** Waldlilie (*Trillium*), **e** Hohler Lerchensporn (*Corydalis cava*), **f** Herzblume, Tränendes Herz (*Dicentra spectabilis*), **g** März-Veilchen (*Viola odorata*). Fotos: W. BORLINGHAUS (a), R. JUNKER (e), H. KUTZELNIGG (c, f, g), Wikipedia (b, d)





Abb. 5 Wald-Veilchen (*Viola reichenbachiana*).

a blühend, **b** junge Frucht zu Beginn der Öffnung, **c** leicht geöffnete Frucht, **d** voll geöffnete Frucht, kurz bevor die Samen herausgeschleudert werden; die Elaiosomen befinden sich unten am Samen und sind daher im Bild nicht zu erkennen.

e Samen mit kleinen Elaiosomen. Fotos: R. WISKIN (a), R. JUNKER (b-d), H. KUTZELNIGG (e).

Bedeutung; aber auch Vitamin B₁ und C sind oft enthalten. FISCHER et al. (2008) verglichen bei 15 mitteleuropäischen Arten die Nährstoffzusammensetzung von Samen und zugehörigen Elaiosomen und stellten fest, dass die in den Elaiosomen dargebotenen Substanzen optimal für die Ernährung der Ameisenlarven sind, so z.B. was den hohen Anteil an Aminosäuren betrifft.

Nach Entfernung der Anhängsel werden die Samen nicht mehr benötigt. Meist werden sie dann sorgfältig aus dem Nest heraus transportiert und keimen in der Nähe des Nestes, wo sie wegen des dortigen Nährstoffreichtums oft günstige Wachstumsbedingungen vorfinden. Manchmal keimen sie aber auch im Nest. Für die Ausbreitung ist es für die Pflanzen bereits ein Vorteil, wenn die Samen irgendwo beim Transport verloren gehen. Die abgetrennten Elaiosomen werden meist an die Larven verfüttert oder seltener auch von den Imagines als Futter aufgenommen. Sie werden immer sehr vorsichtig entfernt, so dass die Samen unversehrt die Aktion überstehen.

Eine erste ausführliche Monographie der Myrmekochorie, die in ihren Grundzügen noch heute Beachtung findet, wurde von dem Schweden SERNANDER (1906) vorgelegt. Er unterteilte vor allem nach Herkunft und Lage der

Elaiosomen. So können bei Samen folgende Teile umgewandelt sein: der Samenstiel, verschiedene Teile der Samenanlage wie etwa der Mikropylbereich (also dort, wo ehemals die Öffnung zur Aufnahme der Pollenschläuche lag) oder Teile der Samenschale oder der Samenmantel. Da als Ausbreitungseinheiten auch kleine 1-samige Früchte in Frage kommen, können auch der Fruchtsiel (Abb. 7), Teile der Fruchtwand oder die Blütenachse (so bei den Klausenfrüchten der Raublattgewächse und Lippenblütler) zu Ölkörpern umgebildet sein. Aber auch ganz andere Möglichkeiten sind gelegentlich verwirklicht. So sind etwa beim Perlgras Teile des Blütenstandes als Elaiosom ausgebildet. Insgesamt gesehen ist es erstaunlich, welche unterschiedlichen Strukturen in den Dienst der Bildung von Elaiosomen gestellt werden, die letztendlich alle die gleiche Funktion ausüben.

Entscheidend für eine funktionierende Symbiose ist, dass die Elaiosomen durch die Ameisen leicht entfernt werden können und somit zur

Unterschiedlichste Strukturen werden in den Dienst der Bildung von Elaiosomen gestellt, die letztlich alle die gleiche Funktion ausüben.

Verfütterung an die Larven auch tatsächlich zur Verfügung stehen. Die Anlockung der Ameisen erfolgt auf chemischem Weg durch freie Fettsäuren (vor allem Ölsäure bzw. das Diglycerid Diolein, aber auch Ricinolsäure, Linolsäure, Linolensäure, Palmitinsäure usw.) (vgl. FISCHER et al. 2008, PFEIFFER et al. 2010). Von der Ricinolsäure weiß man übrigens, dass diese oft auch für den Abtransport von Tierleichen durch Ameisen verantwortlich ist. Die eigentliche Bedeutung der Ölsäuren liegt darin, dass sie ganz allgemein die Sammeltätigkeit der Ameisen vor Ort stimulieren. Vor dem Abtransport ist aber offenbar noch ein direkter Kontakt mit den Elaiosomen, also ein Betasten mit den Fühlern, erforderlich.

In Mitteleuropa ist Myrmekochorie ziemlich verbreitet. Man findet sie bei über 130 Arten in etwa 70 verschiedenen Gattungen aus zahlreichen Pflanzenfamilien (BONN & POSCHLOD 1998, DÜLL & KUTZELNIGG 2011). Einen Schwerpunkt bilden die Frühblüher. Das passt insofern gut, als die Nahrung für die Larven vor allem in den Monaten Juni und Juli benötigt wird und die Frühblüher zu diesem Zeitpunkt bereits reife Samen entwickelt haben. Und auch Herbstblüher wie die Herbstzeitlose warten mit der Fruchtreife bis zur entsprechenden Zeit im Folgejahr. Bei vielen Arten (Schneeglöckchen, März-Veilchen, Krokus, Goldstern, Haselwurz, Alpenveilchen u.a.) neigt sich der Fruchtsängel bei der Reife zu Boden (wo der normale Betrachter keine Früchte erwarten würde), so dass nach Öffnung der Früchte die Samen direkt am Boden den Ameisen zur Verfügung stehen (Abb. 4e, 6). In anderen Fällen fallen die Samen aus den Früchten heraus zu Boden, z.B. beim Lungenkraut oder Lerchensporn. Manche Arten halten aber ihre Früchte bei der Reife aufrecht, so z.B. Thymian, Günsel, Besenginster und die Kornblume, so dass die Ameisen sich schon bis dorthin bemühen müssen. Bei Taubnesseln müssen die Tierchen sogar die Teilfrüchte (Klausen) mühsam aus den Kelchen herausziehen.

Nicht selten ist der Ameisenausbreitung eine andere Ausbreitung vorgeschaltet, so vor allem ein Streu- oder Schleudermechanismus. Als Beispiel sei das Wald-Veilchen genannt, bei dem – ganz anders als beim März-Veilchen – die Samen aus den aufrechten Früchten herauskatapultiert werden (Abb. 5) und nach Streuweiten von mehreren Metern auf dem Boden landen, von wo aus sie dann von Ameisen weiter ausgebreitet werden. Im Übrigen ist Ameisenausbreitung für die davon betroffenen Pflanzen oft nicht die einzige Alternative zur Samenausbreitung. So werden etwa die Ausbreitungseinheiten des Nickenden Perlgrases oder der Witwenblume auch durch den Wind verbreitet. Selten ist die Situation, dass die Samenausbreitung einer Pflanze ausschließlich durch Ameisen erfolgt.



Abb. 6 Schneeglöckchen: Zur Reifezeit am Boden liegende (und sich dann dort öffnende) Frucht.
Foto: H. KUTZELNIGG.

Innerhalb einer Gattung können Vorkommen und Größe der Elaiosomen stark variieren. Bei den Veilchen (*Viola*) z.B. hat das aus Gärten bekannte März- oder Duftveilchen besonders große Elaiosomen (Abb. 4g), während diese beim Wald-Veilchen deutlich kleiner sind (Abb. 5e) und beim Sumpf-Veilchen (dem Standort entsprechend) sogar nur schwach ausgebildet sind. Die Zypressen-Wolfsmilch hat einen ausgeprägten Ölkörper, der Sumpf-Wolfsmilch fehlt ein solcher.

Welche Ameisenart welche Samen ausbreitet, ist meist nicht genau festgelegt. In Deutschland sind etwa 18 verschiedene Ameisen an Myrmekochorie beteiligt (s. BONN & POSCHLOD 1998), allen voran Waldameisen (*Formica*), Wegameisen (*Lasius*), Rossameisen (*Camponotus*) und Gartenameisen (*Myrmica*).

Der Transport der Samen durch die Ameisen beträgt bei uns meist nur wenige Meter, ausnahmsweise sind es auch 15 m oder selten bis zu 80 m. Dennoch ist dieser Ausbreitungstyp offensichtlich sehr erfolgreich, besonders auch weil die Ameisen sehr eifrig sammeln und die Samen unversehrt lassen.

Betrugsfälle: Einen Sonderfall stellen einige myrmekochore Arten dar, bei denen die Elaiosomen nicht von den Ameisen entfernt werden können und entsprechend nur der Anlockung, nicht aber der Belohnung dienen. PFEIFFER et al. (2010) haben sich mit diesen schon länger bekannten Typen näher beschäftigt und herausgefunden, dass hier offensichtlich chemische Mimikry vorliegt, indem die Ameisen zwar durch die Fettsäuren angelockt werden, aber nicht in der Lage sind, die vermeintlichen Elaiosomen zu entfernen. Die Öle befinden sich z.B. in der äußeren Samenschale und stehen den Insekten nicht oder nur in geringem Maße zur Verfügung.

Abb. 7 Leberblümchen: Pro Blüte entwickeln sich zahlreiche kleine Früchte (Nüsse), die bei der Reife zu Boden fallen. Die Ameisen transportieren zwar meist die Früchte, können aber die vermeintlichen Elaiosomen nicht abtrennen, d. h. sie werden „um ihre Belohnung betrogen“. Foto: <http://antsbeesbutterfliesnature.blogspot.de/2011/05/hepatuca-seed-mymecochory-fail.html>



Abb. 8 Ernte-Ameisen der Gattung *Messor*, die Getreidekörner gesammelt haben, um sie an ihre Larven zu verfüttern (Granivorie). Foto: Wikipedia.

Allerdings ist die Bereitschaft, solche Samen abzutransportieren, oft geringer als bei echten Elaiosomen. Beispiele aus der heimischen Flora sind Buschwindröschen und Leberblümchen (Abb. 7) sowie Bärlauch und Hasenglöckchen. Die Situation erinnert an die mannigfaltigen Betrugsfälle in der Blütenökologie, wo die Pflanzen ihre Bestäuber austricksen, ohne sie zu belohnen (s. KUTZELNIGG 2012).

Abb. 9 „Die Ameise und die Heuschrecke“: Illustration von Milo WINTER zur gleichnamigen Fabel von Äsop. Die Ameisen sammeln Getreidevorräte. (Wikipedia bzw. Gutenberg-Projekt)



Aus evolutionstheoretischer Sicht wäre Myrmekochorie mehr als 100-mal konvergent entstanden.

Über das weltweite Vorkommen von Myrmekochorie im Pflanzenreich haben jetzt LENGYEL et al. (2010) eine zusammenfassende Analyse vorgelegt. Danach wurde das Phänomen bisher in 334 Gattungen aus 77 Familien beobachtet, das sind zusammen ca. 11.000 Arten. Wie bei den extrafloralen Nektarien wurden auch bei den Elaiosomen die Vorkommen in ein aktuelles Kladogramm der Blütenpflanzen eingetragen. Es ergab sich die hohe Zahl von mindestens 106 unterschiedlichen Herkünften. Das heißt, aus evolutionstheoretischer Sicht wäre Myrmekochorie mehr als 100-mal konvergent entstanden.

Ernte-Ameisen

Von der Ameisenausbreitung zu unterscheiden ist das Sammeln von Samen als Vorrat durch Ernte-Ameisen (Granivorie; vgl. de.wikipedia.org). In diesen Fällen sind keine Elaiosomen vorhanden, dafür aber müssen die Tiere in der Lage sein, die Samen bzw. Früchte mit entsprechenden Beißwerkzeugen aufzubrechen. Die Samenvorräte werden gewöhnlich durch spezielle Sekrete am Keimen gehindert. Ernte-Ameisen sind in warmen Ländern von Bedeutung. Für sie sind die gesammelten Samen wesentliche Nahrungsgrundlage. Bekannt ist etwa das Sammeln von Getreidekörnern durch Vertreter der artenreichen Gattung *Messor* (Abb. 8). Schon in den Sprüchen Salomos (6, 6–8) werden der Fleiß und die Vorsorge dieser Tiere gerühmt, oder ähnlich auch in der bekannten Fabel von Äsop „Ameise und Heuschrecke“ (vgl. Abb. 9). Eine Ausbreitung der Samen geschieht indirekt durch verlorene oder vergessene Samen.

In Mitteleuropa ist diese Erscheinung eher selten. So sammeln z. B. Rasenameisen (*Tetramorium*) verschiedene Samen oder kleine Früchte, besonders von Gräsern oder Korbblütlern. Diese Tiere haben daneben aber auch andere Nahrungsquellen. Die einzige Art der Gattung *Messor* in Deutschland ist *M. structor*, die am Rhein von Koblenz bis ins Mainzer Becken und am Kaiserstuhl vorkommt.

Schlussbetrachtung zu den Konvergenzen

Wie wir gesehen haben, gibt es zahlreiche ein-drucksvolle Beziehungen zwischen Pflanzen und Ameisen. Dabei fällt auf, dass viele solcher Beziehungen in ganz unterschiedlichen Pflanzen-gruppen in ähnlicher Weise auftreten. Aus evolutionstheoretischer Sicht sind diese Beziehungen unabhängig voneinander entstanden, haben sich also konvergent entwickelt.

Solche Konvergenzen sind immer eine Herausforderung an evolutionäre Vorstellungen, zeigen sie doch, dass ein fein abgestimmtes Zusammenwirken nicht nur einmal, sondern auch ein weiteres oder vielleicht sogar ein drittes Mal unabhängig und ohne jede Zielgerichtetheit durch Zufallsprozesse entstanden ist. Die hier beobachteten Situationen sind aber von einer ganz anderen Größenordnung, wenn es heißt, dass die Samenausbreitung durch Ameisen oder Myrmekochorie mindestens 100-mal und die Ausbildung von extrafloralen Nektarien sogar mehr als 450-mal unabhängig entstanden sein soll. So ist etwa im Falle der Myrmekochorie zu bedenken, dass die morphologische Struktur eines Elaiosoms nichts nützt, wenn nicht die geeignete Kombination von Inhaltsstoffen vorhanden ist, und dass ein vollständiges Elaiosomen nichts nützt, wenn die spezifischen Duftstoffe zur Anlockung des Symbiosepartners fehlen. Auch ist – wie oben geschildert – sehr erstaunlich, dass ganz unterschiedliche Pflanzenorgane wie Samenstiel, Samenschale, Blütenachse oder Fruchtsiel zu Elaiosomen umgewandelt sein können und dennoch eine ähnliche Funktion ausüben. Auch bei den extrafloralen Nektarien fällt auf, welche unterschiedliche Herkunft sie haben können, seien es gut erkennbare Gebilde an Blättern, Blattstielen usw. oder z. B. mikroskopisch kleine Drüsenhaare. Man kann angesichts der weiten Verbreitung von Ameisen sicherlich auf hohe Selektionsdrücke hinweisen. So wird etwa betont, dass die energetischen Kosten für die Ausbildung von Ölkörpern gering seien und der Nutzen groß (LENGYEL et al. 2010). Aber auch hier darf nicht vergessen werden, dass durch Selektion nur bereits Vorhandenes gefördert wird, wodurch aber nicht die Entstehung neuer Strukturen und Funktionen erklärt wird. Selektionsdrücke sind (meist) notwendig, aber keine hinreichenden Voraussetzungen dafür, dass Neues evolutiv entstehen kann.

Literatur

- ANGIOSPERM PHYLOGENY GROUP (2009) An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG III. *Bot. J. Linnean Soc.* 161, 105–121.
- BEATTIE AJ (1983) Distribution of ant-dispersed plants. S. 249–270 in KUBITZKI K (ed) *Dispersal and distribution*. Berlin etc.: Parey. Sonderbände des Naturwiss. Ver. Hamburg.
- BONN S & POSCHLOD P (1998) *Ausbreitungsbiologie der Pflanzen Mitteleuropas*. Wiesbaden: Quelle & Meyer.
- BEATTIE AJ (1985) *The evolutionary ecology of ant-plant mutualisms*. Cambridge: Cambridge University Press.
- BRESINSKY A (1963) *Bau, Entwicklungsgeschichte und Inhaltsstoffe der Elaiosomen-Studien zur myrmekochoren Verbreitung von Samen und Früchten*. Bibliotheca Botanica. Stuttgart: E. Schweizerbartsche Verlagsbuchhandlung.
- BRONSTEIN JL, ALARCON R & GEBER M (2006) The evolution of plant-insect mutualisms. *New Phytol.* 172, 412–428.
- DÜLL R & KUTZELNIGG H (2011) *Taschenlexikon der Pflanzen Deutschlands und angrenzender Länder*. 7. Aufl. Wiebelsheim: Quelle & Meyer.
- FISCHER RC, RICHTER A, HADACEK F & MAYER V (2008) Chemical differences between seeds and elaiosomes indicate an adaptation to nutritional needs of ants. *Oecologia* 155, 539–547.
- GÓMEZ JM (2000) Effectiveness of ants as pollinators of *Lobularia maritima*: Effects on main sequential fitness components of the host plant. *Oecologia* 122, 90–97.
- KEELER KH (2008) World list of angiosperms with extrafloral nectaries. <http://biosci-labs.unl.edu/Emeriti/keeler/extrafloral/Cover.htm>
- KUTZELNIGG H (2012) An der Nase herumgeführt. *Stud. Int. J.* 18, 89–93; Orchidee trickst Bestäuber aus – Fall 1 und Fall 2. *Stud. Int. J.* 18, 111–112.
- LENGYEL S, GOVE AD, LATIMER AM, MAJER JD & DUNN RR (2010) Convergent evolution of seed dispersal by ants, and phylogeny and biogeography in flowering plants: A global survey. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* 12, 43–55.
- MANZANEDA AJ, FEDRIANI JM & REY PJ (2005) Adaptive advantages of myrmecochory: the predator-avoidance hypothesis tested over a wide geographic range. *Ecography* 28, 583–592.
- MARAZZI B, BRONSTEIN JL & KOPTUR S (2013) The diversity, ecology and evolution of extrafloral nectaries: current perspectives and future challenges. *Ann. Bot.* 111, 1243–1250.
- PFEIFFER M, HUTTENLOCHER H & AYASSE M (2010) Myrmecochorous plants use chemical mimicry to cheat seed-dispersing ants. *Functional Ecology* 24, 545–555.
- PFUNDER M (1999) Genetic variation, spatial distribution, and reproductive biology of pseudoflower-forming rust fungi (*Uromyces pisi* and relatives) on *Euphorbia cyparissias*. Dissertation ETH Zürich. <http://e-collection.library.ethz.ch/eserv/eth:23187/eth-23187-02.pdf>
- SERNANDER R (1906) Entwurf einer Monographie der europäischen Myrmekochoren. *K. Svenska Vet.-Akad. Handl.* 41, 1–410. <http://archive.org/stream/svenskavetenskap41kung#page/n431/mode/2up>
- WEBER MG & KEELER KH (2013) The phylogenetic distribution of extrafloral nectaries in plants. *Ann. Bot.* 111, 1251–1261.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Herfried Kutzelnigg, Nelly-Sachs-Str. 26,
40882 Ratingen, Herfried.Kutzelnigg@uni-due.de

Eiskerndatierung: 100 000 Jahre und mehr?

Die Eiskerndatierung wird als eine unabhängige Methode absoluter Datierung auf der Basis der Zählung von Jahresschichten dargestellt. Mit dieser Methode erfolgte auch die Datierung der in 2008 formal festgelegten Pleistozän/Holozän-Grenze in einem grönländischen Eisbohrkern in einer Tiefe von 1492 m mit abgezählten 11 703 Jahren vor heute. – Aber können „Jahresschichten“ mit Kalenderjahren gleichgesetzt werden?

Michael Kotulla

Die Tiefbohrungen in das grönländische Inlandeis dienen hauptsächlich dem Zweck, das Klima der Vergangenheit zu rekonstruieren. Ohne eine zeitliche Verankerung aber sind die gewonnenen Klimadaten, so glaubt man, nutzlos. Der Aufstellung von Eiskernchronologien* und deren absolut-zeitlichen (jahrgenaue) Eichung kommt deshalb eine essentielle Bedeutung zu. Die dabei angewendeten Datierungsmethoden sind überwiegend Eigenentwicklungen der Eiskern-Bearbeiter. HAMMER et al. (1986) definieren Eiskerndatierung methodisch ausschließlich bezogen auf eine Jahresschichtenzählung: „Eiskerndatierung ist eine unabhängige Methode absoluter Datierung auf der Basis der Zählung

von individuellen Jahresschichten in großen Eisschilden.“ Werden die Altersangaben zu den gewonnenen Eiskernen betrachtet – 100 000 Jahre und mehr –, stellt sich die Frage, wie diese Alter konkret ermittelt worden sind, was sie bedeuten und ob es sich in der Tat und ohne Einschränkung um eine unabhängige als auch absolute Datierungsmethode handelt.

Der grönländische Eisschild

Das grönländische Inlandeis bedeckt eine Fläche von 1,8 Millionen km² und umfasst ein Volumen von 2,9 Millionen km³; sowohl die Fläche als

Abb. 1 Bohrkopf mit Eiskern.
(Foto: Sepp KIPFSTUHL; NEEM
ice core drilling project,
<http://www.neem.ku.dk>)



	Camp Century	DYE-3 (tief)	GISP2	GRIP	NGRIP	NEEM
Bohrkampagne, Kalenderjahre	1963-66	1979-81	1989-93	1990-92	1996-2003	2008-12
Höhe über NN	1890 m	2490 m	3230 m	3238 m	2917 m	2450 m
Mittlere Oberflächentemperatur	-24 °C	-20 °C	-32 °C	-32 °C	-31,5 °C	-29 °C
Oberflächenakkumulation (1)	0,38 m	0,56 m	0,23 m	0,23 m	0,19 m	0,22 m
Tiefe der Bohrung	1390 m	2035 m	3027 m	3028,8 m	3085 m	2540 m
Bodennähe/Untergrunderbohrung	ja/nein	ja/nein	ja/ja	ja/nein	ja/nein	ja/nein
Stratigraphische Interpretation (2)	Eem	Eem	Eem	Holstein	Eem	Eem
[radiometrische] Jahre	~ 120 000	~ 90 000	> 110 000	~ 250 000	~ 123 000	> 128 500

Tab. 1 Fakten und Zahlen zu sechs Tiefbohrungen in die grönländische Eisdecke, Abkürzungen und Quellen: Camp Century (DANSGAARD et al. 1969); Dye 3 (DANSGAARD et al. 1982); GISP2: Greenland Ice Sheet Project 2 (MEESE et al. 1997); GRIP: Greenland Ice Core Project (GRIP MEMBERS 1993); NGRIP: North Greenland Ice Core Project (NORTH GREENLAND ICE CORE PROJECT MEMBERS 2004); NEEM: The North Greenland Eemian Ice Drilling (NEEM COMMUNITY MEMBERS 2013). (1) Eis-Äquivalent, (2) Gegenwart bis Eem- bzw. Holstein-Warmzeit.

auch die Masse nehmen gegenwärtig insgesamt ab (KARGEL et al. 2012). Der Eisschild baut sich auf aus atmosphärischen Niederschlägen von Schnee sowie, in geringem Umfang, Staub und vulkanischer Asche (Tephra). Unter dem Druck der Auflast (Luftentweichung, Dichtezunahme, Rekristallisation) erfolgt schrittweise eine Umwandlung der angesammelten (akkumulierten) Schneeniederschläge in Firn und sodann in Eis.

Geologisch lässt sich die bis zu über 3000 m mächtige Eisdecke nur durch Tiefbohrungen (Tab. 1, Abb. 2) erschließen. Die erbohrte Eissäule (Abb. 1) gibt zunächst Aufschluss über die physische und lithologische* Beschaffenheit; beispielhaft von oben nach unten am GISP2-Eiskern (Gow et al. 1997): Firn (bis etwa 75 m), Eis (75–650 m), sprödes Eis (650–1400 m), plastisches Eis (1400–3040 m), bodennahes „verschlammtes“ Eis (3040–3054 m). Maximale Dichte ($\geq 0,92 \text{ Mg/m}^3$) und größte Kristalle ($\geq 4 \text{ mm}$) werden in einer Tiefe zwischen etwa 1000 m und 2000 (1700) m erreicht (abgesehen von der alleruntersten Einheit). Die teilweise lagige Ausbildung („Schichtung“) wird im oberen Bereich (< 1300 m) des Eiskerns vorwiegend von einem Wechsel blasenreichen und blasenfreien Eises hervorgerufen, im unteren Bereich durch einen Wechsel staubreichen und staubarmen Eises.

Stratigraphie und Alterskalkulation – wegweisende Erstinterpretation

Die erste Vollbohrung durch die grönländische Eisdecke wurde 225 km östlich Thule, am US-amerikanischen Militärstützpunkt Camp Century niedergebracht (Tab. 1, Abb. 2). Entlang des 1390 m langen Eiskerns wurden zahlreiche chemische und physikalische Reihenmessungen vorgenommen.

Die stratigraphische* Verknüpfung (DANSGAARD et al. 1970) erfolgte durch Vergleich und Korrelation der Intervalle extremer Sauerstoffisotopen-Oszillationen (gedeutet als extreme Klimaschwankungen) der Eissäule mit denen

des terrestrischen* und marinen* Milieus. Dabei waren zwei Ankerpunkte maßgeblich: Das Ende der Jüngeren Dryas (entspricht dem Ende der Weichsel-Kaltzeit und der Pleistozän/Holozän-Grenze, vgl. Kasten) mit einem markanten Anstieg der Sauerstoffisotopenwerte ($\delta^{18}\text{O}^*$) und der Übergang Eem-Warmzeit/Weichsel-Kaltzeit mit einem markanten Abfall der $\delta^{18}\text{O}$ -Werte (Tab. 2).

Für die Interpretation des Eisalters übernahmen DANSGAARD et al. für diese zwei Ankerpunkte die bereits bestehenden Alterswerte, nämlich etwa 10 000 [^{14}C]-Jahre v. h. (nach TAUBER 1970) in 1120 m Tiefe und 80 000–85 000 [radiometrische] Jahre v. h. (gemäß Emiliani-Kurve, EMILIANI 1966, sowie BROECKER et al. 1968) in 1358 m Tiefe (extremes Warmhoch am Ende der Eem-Warmzeit). Über ein adaptiertes physikalisches

Kompakt

Eiskerne des grönländischen Inlandeises erlauben über geochemische Indikatoren (Chemo-, Isotopenstratigraphie) und vulkanische Aschelagen (Tephrostratigraphie) eine Einbindung in die Quartärstratigraphie (oberstes Pleistozän, Holozän).

Die Datierung von Eiskernen erfolgt hierarchisch: 1. Klimatostratigraphische Korrelation und Verankerung in die Quartärstratigraphie; 2. Übernahme von zwei radiometrisch geeichten Altersfixpunkten der quartär-geologischen Zeitskala und Übertragung auf konkrete Ereignispunkte der Eissäule, Konstruktion (Approximation) einer meter- bzw. „jahr“genauen Alters-zu-Tiefen-Beziehung durch Kalkulation unter Anwendung physikalischer Eisflussmodelle; 3. „Jahresschichtenzählung“: Die Anzahl auszuweisender Einzel-„Jahre“ ist durch die radiometrische Eichung im Wesentlichen vorbestimmt. Durch Fixierung der notwendigen Skalen- bzw. „Jahre“einheiten über entsprechende Auflösungen stratigraphischer und/oder physikochemischer Signale wird eine „jahr-genaue“ Zeitskala konstruiert (Eiskernchronologie). Die Signale werden mit „Jahren“ und „Jahresschichten“ assoziiert bzw. als solche interpretiert.

Bei den Altersangaben zu den ältesten Abschnitten der gewonnenen Eiskerne, 100 000 bis über 250 000 Jahre, handelt es sich nicht um Kalenderjahre, sondern um radiometrische bzw. radiometrisch geeichte „Jahre“. Dasselbe gilt für das Datum der Pleistozän/Holozän-Grenze; die 11 700 [Eiskern]-Jahre sind ^{14}C -begründet. Es ist nicht bekannt, in welcher Beziehung ^{14}C -Alter und andere radiometrische Alter dieser Größenordnungen zum realen Alter stehen.

Davon zu unterscheiden sind die Sauerstoffisotopen-Feinoszillationen, die sich vom Top des Eisschildes je nach Lokalität bis wenige Hundert Meter Tiefe erhalten haben. Hier ist eine echte jahreszeitliche Prägung wahrscheinlich; eine unabhängige Bestätigung, z. B. durch Identifizierung von vulkanischen Aschelagen historisch bekannten Alters, steht für diesen obersten Abschnitt jedoch noch aus.

Die Eiskerndatierung in ihrer Gesamtheit ist folglich weder ein unabhängiges noch ein absolutes Datierungsverfahren.

Glossar

Akkumulation, akkumuliert: (An)samm- lung, (an)gesammelt.

Eiskernchronologie: Abfolge definierter Ereignisse im Eiskern, hier im engeren Sinne: „jahr“-genaue Chronologie durch Datierung der Ereignisse.

„Jahr“, „Jahresschicht“, „Jahresschichten- zählung“, „jahrgenau“: In Anführungszeichen, um deutlich zu machen, dass es sich nicht um echte Kalenderjahre handelt; häufig in [] ergänzend, welche Methode die „Jahre“ bedingen, z.B. [Eiskern-]Jahre für die Eiskernchronologie.

Lithologisch: Die Lithologie (Gesteins- kunde) betreffend; umfasst auch weitere Merkmale, z.B. Gefüge, Schichtung.

Marin: Das Meer betreffend; bezieht sich auf im (oder durch das) Meer (verursachte) ablaufende Prozesse und Bildungen.

Marine Isotopenstufen (MIS): Auch Sauerstoffisotopenstufen (OIS); Gliederung der abstrahierten Sauerstoffisotopen- Chronologie in Stufen (Oszillationen interpretiert als relativ wärmere bzw. relativ kältere Perioden) von der Gegenwart bis

über die Grenze des Pleistozän/Pliozän hinaus (Grenze: Stufe 103), aktueller Standard LRO4 (LISIECKI & RAYMO 2005).

Sauerstoffisotopenverhältnis: Verhältnis von schweren zu leichten Isotopen in Relation zu einem internationalen Standard, $\delta^{18}O = (((^{18}O/^{16}O)_{probe} / (^{18}O/^{16}O)_{standard}) - 1) \times 1000 \text{ ‰}$; in Eiskernen werden höhere $\delta^{18}O$ -Werte als im Verhältnis wärmer, niedrigere $\delta^{18}O$ -Werte als im Verhältnis kälter interpretiert.

SPECMAP: Spectral Mapping (Projekt), in den 1980er-Jahren entwickelte Standardchronologie/-zeitskala für den Sauerstoffisotopenbericht mariner Sedimente. Die Kompositkurve ist radiometrisch geeicht, geglättet, gefiltert und auf astronomische Zyklen getuned (eingephasst). Weiterentwicklung vgl. MIS.

Stratigraphisch: Die (relative) Altersfolge der (Schicht)gesteine betreffend; hier bezogen auf die Quartärgliederung (vgl. Tab. 2).

Terrestrisch: Das Land betreffend; bezieht sich auf Prozesse, Kräfte und Bildungen, die auf dem Festland auftreten.

Eisflussmodell kalkulierten sie sodann annäherungsweise jahrgenau die Alter über die gesamte Eissäule hinweg. Die „Eintausend Jahrhunderte der Klimaaufzeichnung von Camp Century“ (DANSGAARD et al. 1969) sind demnach nicht durch Zählung ausgebildeter und identifizierter Jahresschichten begründet, sondern durch eine Alterskalkulation auf Basis einer Vorgabe durch ¹⁴C- und weitere radiometrische Alter.

Tab. 2 Gliederung der jüngeren Abschnitte des Quartärs und Eis/Land/Meer-Korrelation.

Serie Epoche	Terrestrisch	Terrestrisch	Eiskern (Grönland)	Marin Isotopenstufen (MIS)
	Glazial- Gliederung NW-Europa	Kalt-/Warmschwankungen „Klimatostratigraphie“ NW-Europa	Ereignis- Stratigraphie	
Holozän	Postglazial (Warmzeit)	Subatlantikum Subboreal Atlantikum Boreal Präboreal		MIS 1 [w]
	Pleistozän	Weichsel- Kaltzeit	Jüngere Dryas [k] Alleröd [w] Ältere Dryas [k] Bölling [w] (weitere)	G. Stadial 1 (GS-1) G. Interstadial 1 (GI-1) G. Stadial 2 (GS-2) G. Interstadial 2 (GI-2) (weitere)
Eem- Warmzeit		Gliederung nicht ausgewiesen		MIS 5e [w]
Saale- Kaltzeit			MIS 6 - MIS 7d	
Holstein- Warmzeit			MIS 7e [w]	
(...)	(weitere)			

[w] = relativ wärmer; [k] = relativ kälter; G = Grönland

Das Alter der Eissäule wird über radiometrisch datierte Altersfixpunkte kalkuliert.

Über das Eisflussmodell wird eine durchgängige Alters-zu-Tiefen-Beziehung hergestellt; d.h. jedem Meter und Zentimeter der Eissäule wird ein rechnerisches Alter zugewiesen. Den Modellen (mehrere Varianten) liegt die (nicht nachgewiesene!) Basisannahme einer gleichbleibenden jährlichen durchschnittlichen Akkumulationsrate zu Grunde¹ (entspricht der aktuellen Oberflächenakkumulation, vgl. Tab. 1); spätere Verfeinerungen der Modelle variieren abschnittsweise die Akkumulationsrate in begrenztem Umfang. Die Modelle gehen des Weiteren von einer plastischen Deformierung und zunehmenden Ausdünnung mit der Tiefe aus.

Diese methodische Vorgehensweise war weitgehend für alle nachfolgenden Tiefbohrungen. Die zwei Altersverankerungen für den GRIP-Eiskern (DANSGAARD et al. 1993, 219) waren erneut das Ende der Jüngeren Dryas (nunmehr 11 500 [kalibrierte ¹⁴C-]Jahre v.h., 1624 m Tiefe) sowie die marine Isotopenstufe (MIS)* 5d (nunmehr 110 000 [radiometrische] Jahre v.h., nach dem Ende der Eem-Warmzeit, MIS 5e, 2788 m Tiefe) mit einem markanten Abfall der $\delta^{18}O$ -Werte (Abb. 3). So bezieht sich das „Zeugnis einer generellen Instabilität des Klimas der Vorzeit von einem 250 000 Jahre-Eiskernbericht“ (Titel von DANSGAARD et al. 1993) ebenfalls auf eine Alterskalkulation auf Basis einer Vorgabe durch ¹⁴C- und weitere radiometrische Alter.

Die klimatostratigraphische Deutung (Korrelation der $\delta^{18}O$ -Profile) ist erst drei Jahrzehnte später durch die Identifizierung von Tephralagen (NGRIP- und GRIP2-Eiskern) über eine nord- und mitteleuropäische Land/Meer/Eis-Korrelation in Teilen bestätigt worden. Es sind dies die Vedde- (ehemals Z1) und Saksunarvatn-Asche im Grenzbereich Pleistozän/Holozän sowie die Z2-Asche in der Weichsel-Kaltzeit (GRÖNVOLD et al. 1995, MORTENSEN et al. 2005; Vedde-Asche inzwischen nachgewiesen bis in die Julischen Alpen, Slowenien, LANE et al. 2011). Die Stratigraphie des grönländischen Eisschildes beruht demnach in der Hauptsache auf geochemischen Indikatoren (Chemostratigraphie) sowie vulkanischen Aschenlagen (Tephrostratigraphie).

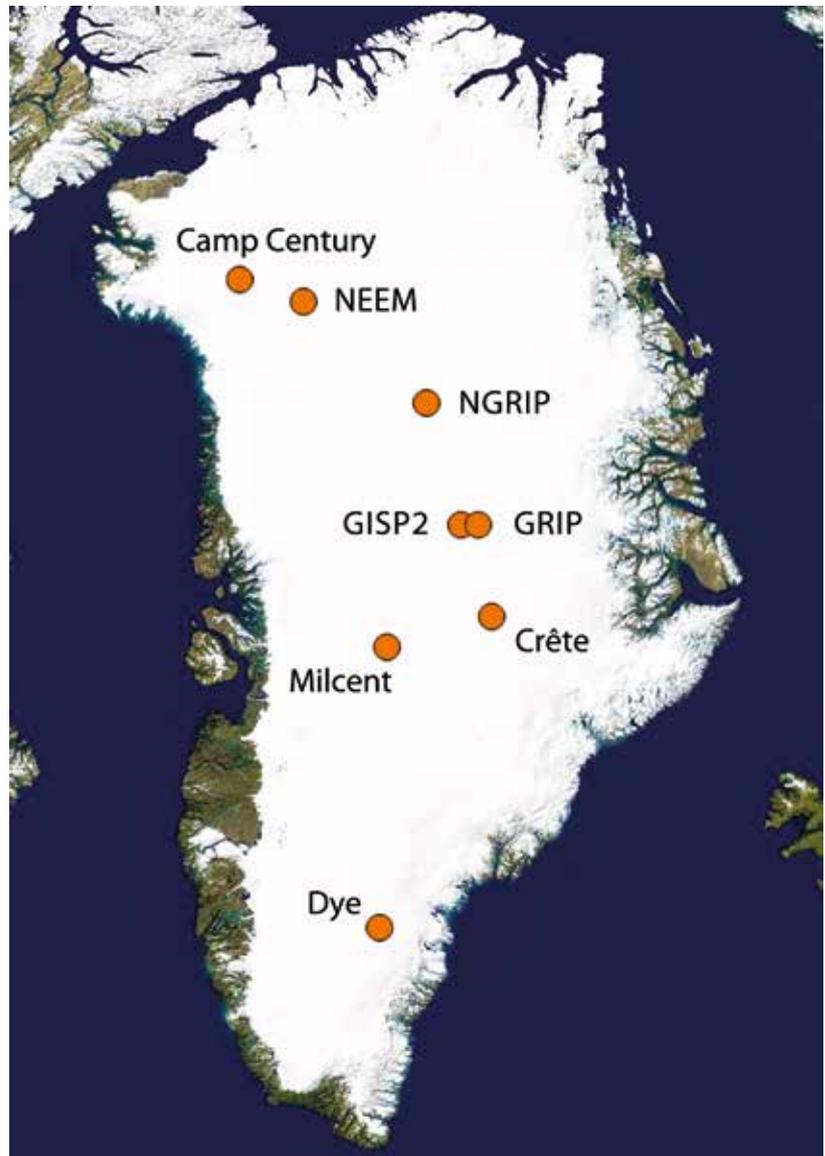
Ereignislagen und Jahresschichten

In einem Teil der Eiskern-Publikationen ist seit Anfang der 1990er-Jahre ein überproportional häufiges Auftreten von Jahr-Worten wie jährlich (annual), Jahresschicht (annual layer) und Jahresschichtenzählung (annual layer counting)

auffällig. So formulieren beispielsweise WALKER et al. (2009, 7): „Eisschilde bilden sich durch die jährlich inkrementelle Akkumulation von Schnee.“ Das Wort „jährlich“ ist hier irritierend. Denn Schnee fällt nicht einmal im Jahr bzw. wird nicht in Jahrespaketen dem Eisschild „zugefügt“. Wohl werden meteorologisch Niederschläge in monatlichen oder jährlichen Mengen angegeben; hier handelt es sich aber im geologischen Sinne um ein Sediment, welches, sofern keine „Erosion“ (Verdunstung, Abschmelzung, Ausblasung) erfolgt, sich an der Oberfläche des Eisschildes durch Schneefallereignisse oder Schneeverwehungsereignisse ansammelt. So gilt es, zwischen einem Ereignis (und der dazugehörigen Ereignislage) und der Abgrenzung und Identifizierung von Lagen eines Jahres zu unterscheiden.

Mit dem bloßen Auge können in Eisprofilen zahlreiche lagige Gefüge beobachtet werden. Sie sind Ausdruck von Veränderungen der Dichte oder der Korngröße oder von Einschlüssen wie Gasblasen oder Staubpartikel. Anhand von Beobachtungen an der Eisoberfläche und in Schneegruben (Abb. 4) werden diese Veränderungen den jeweiligen atmosphärischen Bedingungen zugeschrieben, z. B. der Bildung von Oberflächen- und Tiefenreif, partieller Schmelze, Schneeverwehungen, Sturmablagerungen. So beschrieb bereits BENSON (1962) für die vier untersuchten Jahre 1952–1955, dass die Sommerlagen geringfügig weicher waren als die Winterlagen. Die erkennbaren Schichten an der Lokalität „Site A“ (die obersten 2 m) wurden nach ALLEY & KOCI (1988) von Sturmtagen dominiert (15–16 pro Jahr). Diese dichten, feinkörnigen Lagen wechselten mit Lagen grobkörnigeren Materials (Oberflächenreifwachstum), mit Lagen aus Ruhe-Schneefall oder mit Bildungen der oberflächendiagenese (Verfestigung). Eine stärkere grobkörnige Lage (etwa 5 cm) interpretierten sie als Herbstfirn (die Gesamtmächtigkeit für das untersuchte Jahr 1983 betrug etwa 1 m). Mit diesen oberflächennahen Beobachtungen war das Ausweisen einer „Jahresschicht“ verknüpft, einer Akkumulation (Summe) zahlreicher Lagen und dem „Jahressignal Herbstfirn“. Es wurde weiter angenommen, dass diese Merkmale bei der Umwandlung in Firneis und Eis (Rekristallisation) sowie einer Ausdünnung erhalten bleiben.

ALLEY et al. (1997, 26378) behaupteten, für den GISP2-Eiskern eine visuelle Identifizierung („visuelle Stratigraphie“) von der Gegenwart (Oberfläche) bis 50 000 [Eiskern-]Jahre zurück anwenden zu können. Bis in etwa 1300–1400 m Tiefe schieden sie „Jahresschichten“ anhand gasblasenreicher und grobkörniger Lagen aus (die im Durchlicht hell erscheinen), u. a. anhand staubreicher Lagen. Diesen Einzellagen bzw. Lagenpaaren wurden *einfach* „Jahre“ zugewiesen. Die Methode ist allerdings selbst unter den



Eiskern-Bearbeitern sehr umstritten; HAMMER et al. (1978, 5) beispielsweise messen dieser Art der Datierung nur für die jüngsten 200 Jahre eine Gültigkeit bei.

In diesem Zusammenhang ist erwähnenswert, dass eine Eisbohrkampagne lange und intensiv vorbereitet wird. Dazu gehören auch die Vorausberechnungen der Alters-zu-Tiefen-Beziehung anhand des Eisflussmodells und daraus folgend die Dicken der „Jahresschichten“. Anhand dieser Modellrechnungen „weiß“ der Stratigraph, wie viele „Jahresschichten“ er in einem Bohrkernabschnitt aus einer bestimmten Tiefe zu erwarten hat. Mit zunehmender Tiefe (spätestens nach ca. 200 m, s. o.) ist eine Identifizierung bzw. eine Abgrenzung (Interpretation) eines Jahres ohne Zusatzinformation jedoch nicht mehr möglich. Diese Zusatzinformation liefert – abgesehen von den limitierten Feinoszillationen (s. u.) – das Modell. Scheinbar lassen sich aber visuell nicht genügend Lagen (Signale) finden, die in das Modell passen. ALLEY et al. (1997, 26371) drücken ihre Unsicherheit dabei so aus: „Die Indikationen für jährliche Schichtung sind häufig ziemlich

Abb. 2 Satellitenaufnahme von Grönland. Eingefügt sind die Orte ausgewählter Bohrungen in den Eisschild. (Foto: NASA)

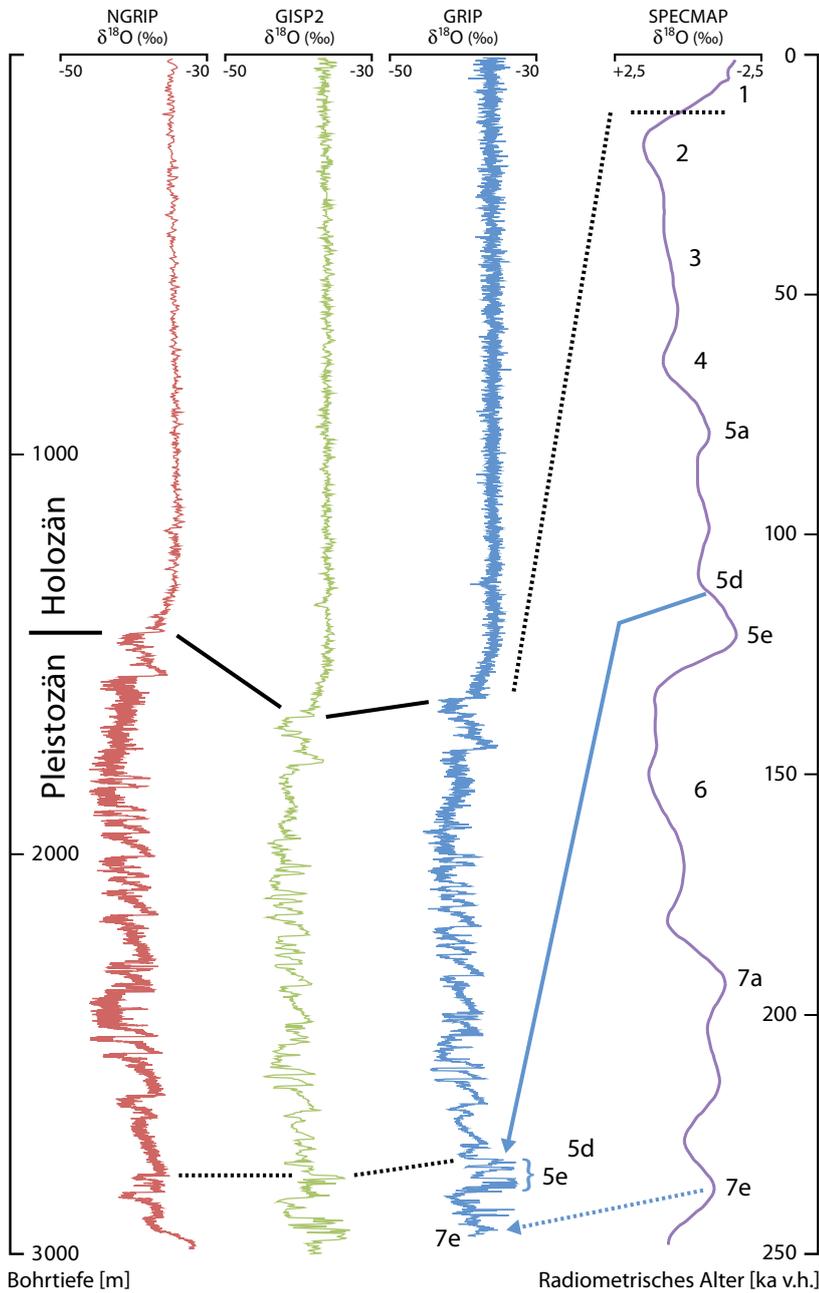


Abb. 3 Sauerstoffisotopenwerte ($\delta^{18}\text{O}$) des NGRIP-, GISP2- und GRIP-Eiskerns, abgetragen mit der Tiefe, und Ausweis der Pleistozän/Holozän-Grenze, formal definiert am NGRIP-Eiskern (vgl. Kasten). Das Holozän zeichnet sich durch eine stabile, im Wesentlichen enge $\delta^{18}\text{O}$ -Bandbreite aus; das liegende Pleistozän dagegen zeigt einen instabilen Verlauf stark schwankender $\delta^{18}\text{O}$ -Oszillationen. Die $\delta^{18}\text{O}$ -Signatur ist in allen drei Eiskernen im Wesentlichen identisch, sodass bei der Korrelation markanter Abschnitte/Ausschläge von zeitgleichen Bildungen ausgegangen werden kann (z. B. graue durchgezogene und gepunktete Linie). Nach DANSGAARD et al. (1993) erfolgte die Verankerung des GRIP-Eiskerns mit der marinen SPECMAP-Kurve durch Übertragung des radiometrisch geeichten Alterswertes von 110 000 [radiometrischen] Jahren an der Wende der marinen Isotopenstufen (MIS) 5e (Eem-Warmzeit)/5d, Beginn des Weichsel-Glazials (blauer durchgezogener Pfeil); auch erfolgte eine jedoch „unsichere“ Übertragung von 7e, Holstein-Warmzeit (blauer gepunkteter Pfeil). Die mit der Verankerung verbundene Übertragung radiometrischer Altersdaten auf die Eissäule erfordert unter der von den Eiskern-Bearbeitern vorgenommenen Annahme einer (nicht nachgewiesenen!) gleichbleibenden Akkumulationsrate die Annahme einer zunehmenden bis extremen Ausdünnung des Eises zur Basis hin (dies wird in den Eisflussmodellen abgebildet). – Datennachweis, s. Textende.

schwach.“ Gemeint ist damit, dass es schwierig ist, überhaupt ein lagiges Gefüge zu erkennen und dementsprechend eine Zeitskala auf der Basis von „Jahresschichten“ zu konstruieren. Doch wichtiger ist die Feststellung, dass für die Ansprache dieser Lagen als Jahresschichten kein Nachweis erbracht worden ist.

Sauerstoffisotopenkonzentrationen und limitierte Feinoszillationen

Die massenspektrometrische Messung von ^{18}O - und ^{16}O -Konzentrationen an geschmolzenen Eisproben und die Ermittlung des $\delta^{18}\text{O}$ -Verhältnisses dient in erster Linie der Rekonstruktion der Temperatur des Schnees zum Zeitpunkt des Niederschlages auf die Oberfläche der Eisdecke (JOHNSON et al. 1972). Es wird eine strenge $\delta^{18}\text{O}$ /Temperatur-Beziehung angenommen. Sie fußt auf aktuellen Beobachtungen der Isotopenfraktionierung des atmosphärischen Wasserkreislaufs (Meer \rightarrow Eisschild). Monatliche Messungen der letzten Jahrzehnte an grönländischen Wetterstationen belegen eine jährliche $\delta^{18}\text{O}$ -Periodizität (Feinoszillation) mit einem Maximum im Sommer und einem Minimum im Winter. Direkte Vergleiche von $\delta^{18}\text{O}$ -Werten in Abhängigkeit von der Temperatur weiter in die Vergangenheit sind aber nicht möglich (WHITE et al. 1997). Und erst kürzlich wurde festgestellt, dass keine Beziehung zwischen $\delta^{18}\text{O}$ -Werten und Akkumulationsraten besteht (BUCHARD et al. 2012).

Eine echte jahreszeitliche Prägung ist nur für den obersten Teil der Eissäule wahrscheinlich.

Kontinuierliche $\delta^{18}\text{O}$ -Profile (mit ≥ 8 Proben pro modellkalkuliertem „Jahr“) sind nur für die obersten hunderte Meter publiziert (z. B. Milcent-Eiskern, 398 m Tiefe, bis 1197 n. Chr., HAMMER et al. 1978; Lokalität Abb. 2). Für diesen Bereich scheint dem Werte- und Kurvenverlauf folgend eine jährliche Periodizität vorzuliegen; die Alter sind aber nicht durch unabhängige, zeitlich bekannte Ereignisse bestätigt (s.u.). Für anschließende, tiefere Bereiche, insbesondere bis zur Pleistozän/Holozän-Grenze, sind keine kontinuierlichen $\delta^{18}\text{O}$ -Profile in entsprechender Auflösung veröffentlicht. Es überlagern sich zahlreiche Einflüsse, die eine Datengewinnung und Interpretation erschweren oder unmöglich machen: Aufbereitungstechnisch problematische Zone des spröden Eises; Diffusion, dadurch Nachlassen bis Ersterben der $\delta^{18}\text{O}$ -Feinoszillation (bzw. Fehlinterpretation der $\delta^{18}\text{O}$ -Oszillation, ggf. entsprechen die größeren Periodizitäten echten Jahren); nicht nachgewiesene Annahme einer gleichbleibenden jährlichen durchschnittlichen Akkumulationsrate (Eisflussmodelle); keine Kenntnisse über Oszillationen mit einer Dauer < 1 Jahr; keine Kenntnisse über die Isotopenfraktionierung in der Vergangenheit; Mindestakkumulationsrate von 0,25 m/Jahr. Für diese Tiefenbereiche ist von den Eiskern-Bearbeitern kein Nachweis dafür erbracht worden, dass die

$\delta^{18}\text{O}$ -Werte bzw. -Oszillationen kontinuierlich eine jahreszeitliche Periodizität nachzeichnen und damit Jahresschichten abgezählt werden können.

Physikochemische Signale – Eichung und zielgerichtete Interpretation

Sowohl der Aufwand als auch die Anzahl physikalischer und chemischer Reihenuntersuchungen entlang der Eiskerne hat mit jeder neuen Tiefbohrung zugenommen. Hauptzweck ist die Identifizierung und Ausgliederung von Jahresschichten. Die kombinierte Anwendung mehrerer Verfahren (und ihre Interpretation) wird Multiparameter-Jahresschichtenzählung genannt.

Die am häufigsten eingesetzten Messungen bzw. Verfahren sind:

- Messung der Sauerstoffisotopen- ($\delta^{18}\text{O}$, s.o.) und Deuteriumkonzentrationen (δD);
- Messung der elektrischen Leitfähigkeit (Electrical Conductivity Measurement, ECM) direkt am Eiskern und Bestimmung des Säuregehaltes (Azidität);
- Messungen von Spurenstoffen, u. a. NH_4^+ , Ca^{2+} , NO_3^- , Na^+ , und SO_4^{2-} sowie der elektrolitischen Leitfähigkeit des Schmelzwassers, mit CFA-Systemen (Continuous Flow Analysis);
- Messung der Lichtintensität zur Identifizierung von Fremdbestandteilen, insbesondere Staub: LASER-gestützte optoelektronische Visual-Stratigraphie (Visual Stratigraphy, VS);
- Messung von Staubkonzentrationen (Laser Light Scattering, LLS).

Für die Interpretation der erhobenen Daten bedarf es weiterer Informationen; die Daten können nicht für sich selbst sprechen. Das Aziditätsprofil (oder ECM-Profil) kann sich nicht selbst erklären; es muss zuvor jahrgenau geeicht werden (HAMMER et al. 1980). Für CFA (Abb. 5) bedarf es der Vorinformation der zu erwartenden Dicken der Jahreslage im entsprechenden Profilabschnitt (RASMUSSEN et al. 2005). Das VS-Profil des NGRIP-Kerns ist an einer bereits bestehenden Chronologie geeicht worden. Wäre dies nicht der Fall gewesen, hätten die Autoren nach eigener Einschätzung von einer (neuen) absoluten Datierungsmethode berichten können (SVENSSON et al. 2005): „Weil unsere Methode geeicht ist, beanspruchen wir nicht, dass unsere Resultate eine absolute Datierung des NGRIP-Eiskerns liefern.“

Für die LLS-Methode liegt ein besonders aussagekräftiges Beispiel einer zielgerichteten Anpassung von 25 000 „Jahresschichten“ bzw. „Jahren“ vor. Auf Basis ihrer „Jahresschichtenzählung“ datierten MEESE et al. (1994, 66) den GISP2-Eiskern bis in eine Tiefe von 2800 m auf 85 000 [Eiskern-]Jahre. SOWERS et al. (1993)

allerdings erhielten für das Alter des Eises in 2800 m Tiefe 110 000 Jahre (radiometrisch geeicht) durch Einphasung (Einpassung) der $\delta^{18}\text{O}$ -GISP2-Daten in die marine SPECMAP-Zeitskala* (vgl. Abb. 3). Die offensichtliche Diskrepanz führte durch MEESE und Gow zu einer Nachprüfung des Abschnittes zwischen 2300 m und 2800 m und einer Nachmessung mit einer höheren LLS-Auflösung (1 mm anstelle 8 mm); sie wiesen sodann zusätzliche 25 000 „Jahre“ aus (MEESE et al. 1997, 26419).

RAM & KÖNIG (1997, 26647) konnten sogar noch nachlegen: Für die tiefsten rund 200 GISP2-Eiskernmeter interpretieren sie die Staubpartikel-Signale je nach Auflösung der Apparatur (1 mm vs. 0,5 mm) als 66 000 „Jahresschichten“ oder über 120 000 „Jahresschichten“.

Es zeigt sich zweierlei: Die gewünschte Anzahl von Signalen (Ausschlägen) kann über die Auflösung (bzw. Kontrasteinstellung bzw. -verstärkung) der Apparatur eingestellt werden. Erst durch eine zeitliche Rahmenvorgabe, eine zeitliche (hier: radiometrisch begründete) Eichung, wird die Apparatur passgenau eingestellt; anschließend werden die Signale mit „Jahresschichten/Jahren“ assoziiert bzw. als solche interpretiert.

Eiskernchronologie nicht verifiziert

Die mit „Jahresschichtenzählung“ konstruierte Eiskernchronologie GICC05 (Greenland Ice Core Chronology 2005) bildete die Grundlage für die formale Festlegung der Pleistozän/Holozän-Grenze (vgl. Kasten und Abb. 6) am NGRIP-Eiskern in 1492 m Tiefe (WALKER et al. 2009). Für den holozänen Teil erstellten VINTHER et al. (2006) mit den DYE-3-, GRIP- und NGRIP-Eiskernen eine „synchronisierte strati-

Abb. 4 Firn im Durchlicht. Zwischen zwei Schnee gruben (double pit) wird eine schmale Wand stehen gelassen. Im Durchlicht (Sonne) werden die Schichten (Ereignislagen) in der abgedunkelten Schnee gruben sichtbar; NGRIP. (Foto: Department of Geophysics, Niels Bohr Institute, University of Copenhagen; aktuell unter: http://www.gfycu.dk/~www-glac/ngrip/index_eng.htm)



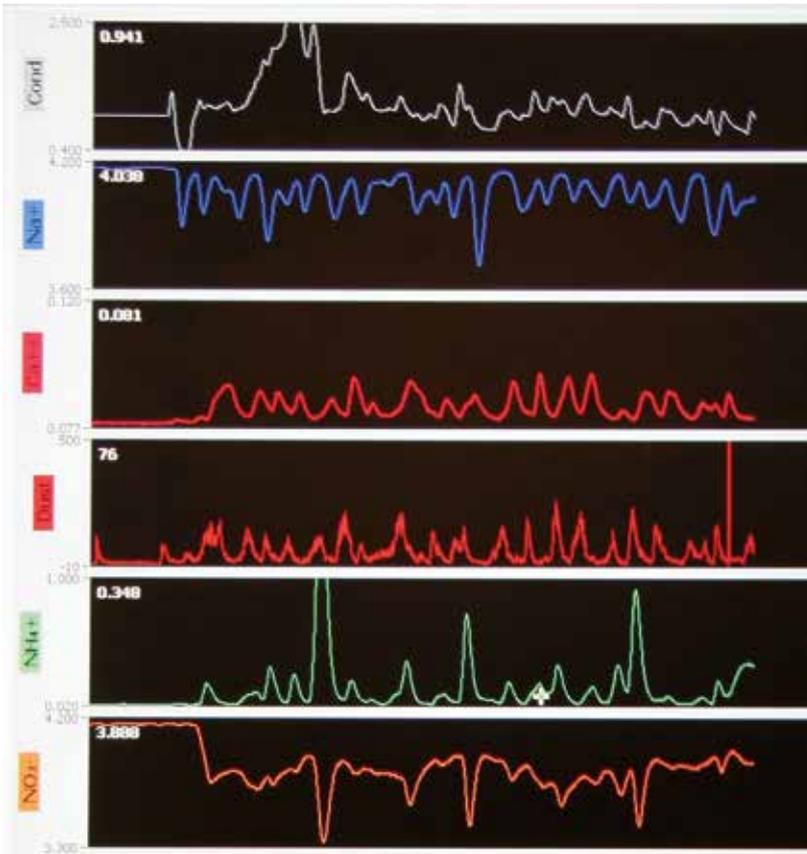


Abb. 5 Eiskernschmelzwasser-Reihenmessungen von Spurenstoffen, u. a. NH_4^+ , Ca^{2+} , NO_3^- , Na^+ , und Staub sowie der elektrolytischen Leitfähigkeit mit CFA-Systemen (Continuous Flow Analysis). (Foto: Marie Kjaergaard; NEEM ice core drilling project, <http://www.neem.ku.dk>)

graphische Zeitskala“, für den Grenzbereich (und das Ende des letzten Glazials) erfolgte dies durch RASMUSSEN et al. (2006) auf Basis der GRIP- und NGRIP-Eiskerne.

Bereits aus der Konstruktion lassen sich zahlreiche Unstimmigkeiten ableiten (vgl. KOTULLA 2013b). Insbesondere ist ein laxer Umgang mit dem Jahr als wirklichem Kalenderjahr festzustellen. So erfuhr beispielsweise die ehemals absolute, durch Jahresschichtenzählung erstellte holozäne Chronologie des DYE-3-Kernes mit 10 720 [Eiskern-]Jahren (8770 ± 150 [Eiskern-]Jahren B.C., HAMMER et al. 1986) eine Erweiterung um etwa 1000 „Jahresschichten“, um an die Marke von 11 700 [Eiskern-]Jahren v.h. anzuschließen.

Im Folgenden soll die Verifizierung der Chronologie kritisch reflektiert, d.h. es soll die Frage beantwortet werden, ob eine unabhängige Altersbestätigung der konstruierten Zeitskala vorliegt. Eine Verifizierung der Chronologie erachteten auch VINTHER et al. für entscheidend: „[Eine] direkte Abschätzung des Zählfehlers ist möglich für die vergangenen etwa 1900 Jahre, wo historisch datierte vulkanische Referenzhorizonte in den Eiskernen beobachtet werden.“ Als absolutzeitliche Ankerpunkte der Grönland-Eiskern-Chronologie wählten die Autoren die Eruption des Vesuv (79 n. Chr.) sowie des isländischen Öraefajökull (1362 n. Chr.). Die Ausbruchereignisse umschließen eine Zeitspanne von 1282 Kalenderjahren. Aus einer Kombination der (bereits vordatierten) DYE-3-Skala und der GRIP-Skala ermittelten sie 1283 [Eiskern-]Jahre

und folgerten daraus einen maximalen Zählfehler für diesen Skalenbereich von 0,25%.

Vermeintliche Nachweise der Öraefajökull- (1362 n. Chr.) und Vesuv-Eruption (79 n. Chr.) sind nicht überzeugend.

Zur Frage der Identifikation dieser „vulkanischen Referenzhorizonte“ erfolgte ein Verweis auf den Co-Autor CLAUSEN (et al. 1997). Dieser Arbeit zufolge wurden für die besagten DYE-3- und GRIP-Eiskerne anhand der $\delta^{18}\text{O}$ - und ECM-Profile für die vergangenen 4000 Jahre jahrgenaue Chronologien erstellt. Dabei wurden die ECM-Ausschläge (Aziditätsspitzen, vulkanische Säureniederschläge) benutzt, um an diesen historisch bekannte Vulkaneruptionen zu dokumentieren. Den prominenten Ausschlägen (Signalen) wurden 27 Eruptionereignisse entweder zugewiesen („assigned“) oder bereits genannte Vorschläge einer Korrelation durch andere Autoren übernommen („has been suggested that they correspond to“). Das jüngste Ereignis, 1912 A. D. („Event 1“), die Katmai-Eruption in Alaska, galt scheinbar als wirklich nachgewiesen („the eruption is found“). Ereignis 26, 1636 B. C., wurde der minoischen Thera-Eruption zugeordnet. In Tabelle 5 ihrer Arbeit wurden keine chemischen Signale für 1362 A. D. (Öraefajökull) und 79 A. D. (Vesuv) ausgewiesen.

Es ist allerdings festzustellen, dass für kein einziges der 27 Eruptionereignisse ein Nachweis darüber erbracht wurde, dass es sich tatsächlich um Säureniederschläge der zugewiesenen Vulkaneruptionen handelt. Die Aziditätsspitzen alleine sind keine eindeutigen Fingerabdrücke einer Vulkaneruption. Die Zuordnung erfolgte auf Basis eines „best guess“. Das bedeutet, dass die mit „Jahresschichten“ konstruierte „absolute“ Grönland-Eiskern-Chronologie nicht mit Zuweisungen vulkanischer Eruptionen verifiziert werden kann.

Um die offenbar bekannten Unsicherheiten zu entkräften, berichteten VINTHER et al. im Weiteren auch von Aschefunden: „Beide Eruptionen, die des Vesuv 79 n. Chr. und die des Öraefajökull 1362 n. Chr., sind unlängst in Tephra des GRIP-Eiskerns identifiziert worden (C. BARBANTE, persönliche Mitteilung, 2005; V. A. HALL und J. R. PILCHER, persönliche Mitteilung, 2006).“ Zu beiden Fällen liegen weitere Ergebnisse vor; in beiden Fällen konnte der Nachweis aber nicht erbracht werden, wie nachfolgend gezeigt wird.

Öraefajökull (1362 n. Chr.). Bereits 1991 hatten PALAIS et al. eine Partikelkonzentration vulkanischen Glases im GISP2-Eiskern in einer

Tiefe von 174,1 m untersucht, die sie aufgrund der geochemischen Analyse dem Öraefajökull-Ausbruch 1362 n. Chr. zuwies (,is believed to have originated from“). Die geochemischen Daten allerdings weichen signifikant von anderen sicheren Vorkommen ab. SELBEK & TRÖNNE (2007, 51) führten diese Diskrepanz auf analytische Fehler zurück. Eine andere Erklärung hierfür könnte ganz einfach sein, dass es sich bei den Partikeln nicht um Material des Öraefajökull-Ausbruchs von 1362 handelt. Somit bleibt eine Bestätigung offen und eine Publikation von HALL und PILCHER ist abzuwarten.

Vesuv (79 n. Chr.). BARBANTE et al. (2013) veröffentlichten (erst) kürzlich ihre Untersuchungsergebnisse zu den in 429,3 m Tiefe aufgefundenen Tephrapartikeln des GRIP-Eiskerns. Aufgrund der geochemischen Zusammensetzung folgern („strongly suggest“) die Autoren, dass die Partikel von der Vesuv-Eruption 79 n. Chr. stammen. Obwohl die (nur) sechs Partikel wie auch die Ausbruchprodukte des Vesuvs geochemisch der phonolithischen Klasse angehören, zeigen die Partikel eine relativ hohe Heterogenität und weichen in ihrer Zusammensetzung in Teilbereichen (Verhältnisse FeO und TiO₂ zu CaO) deutlich von den präsentierten Vergleichswerten ab (S. 1227). BARBANTE et al. sehen aber im Zeitraum zwischen 50 und 100 n. Chr. keine wirkliche Alternative zum Vesuv-Ereignis. Da für sie der zeitliche Rahmen durch die bestehende Eiskernchronologie festlag, haben sie darüber hinaus (in einem größeren zeitlichen Rahmen) keine weiteren alternativen Eruptionen untersucht. Aufgrund des unsicheren Befundes (geochemischer Vergleich) kann die Schlussfolgerung nicht nachvollzogen werden. Das Vesuv-Ereignis wurde nicht eindeutig nachgewiesen; eine Verifizierung der Chronologie mit dem Vesuv-Ereignis ist demnach nicht gegeben.

Für den Zeitraum > 3845 [Eiskern]-Jahre wurden von VINTHER et al. keine Verifizierungsmöglichkeiten angegeben. Das zugewiesene (nicht nachgewiesene, s. o.) Thera-Ereignis (etwa 1600-1650 v. Chr.) galt als zusätzliche Überbrückung. Im Weiteren implizierten die Autoren, dass ihre Chronologie für den gesamten Abschnitt bis 11 703 (Eiskern)-Jahre (Pleistozän/Holozän-Grenze) valide ist (mit Feinadjustierungen und Fehlerabschätzungen für selektierte, ältere Teilbereiche insgesamt ein Zählfehler von ± 99 ([Eiskern]-Jahren), und zwar deshalb weil die jüngsten 1900 Jahre durch eindeutig identifizierte Niederschläge historisch bekannter Vulkaneruptionen bestätigt wurden. Dies ist aber nicht zutreffend. Ebenso überzeugt formulierten auch RASMUSSEN et al. (2006): „Die letzten 1900 Jahre sind ohne kumulierte Unsicherheit datiert worden insofern, als der Referenzhorizont des Vesuv (79 n. Chr.) durch historische Aufzeichnungen

Pleistozän/Holozän-Grenze

Die formale Grenzziehung der Pleistozän/Holozän-Grenze im NGRIP-Eiskern in einer Tiefe von 1492,45 m erfolgte in dem Bereich, welcher das klarste Signal einer klimatischen Erwärmung ($\delta^{18}\text{O}$ -, δD -Anstieg) zeigt (WALKER et al. 2009). Darüber hinaus liegen zwei weitere signifikante Merkmale beim Übergang vom Glazial zum Postglazial vor: Ein unvermitteltes Sauerwerden des Eises sowie eine unvermittelte Beendigung staubreichen Eintrags (sehr helle Lagen, jeweils in den rechten Bildteilen). Die zugrunde liegende Zeitskala basiert nach Aussagen der Autoren auf einer Jahresschichtenzählung, die für die Basis des Holozäns ein Alter von 11 700 Kalenderjahren (vor 2000 n. Chr.) mit einem Maximalzählfehler von 99 Jahren liefert. Nach Ansicht des Verfassers handelt es sich allerdings nicht um echte Kalenderjahre, sondern um abgezählte Ereignisse

(Signale), deren jahreszeitliche Prägung weder über das gesamte Profil noch über große Teile davon nachgewiesen wurde, aber im Gesamtkontext der bereits vordatierten Zeitskala als „Jahre“ interpretiert wird (siehe Haupttext).

Alle Stufen- bzw. Epochen-Grenzen werden durch die Internationale Stratigraphische Kommission (ICC), einer Unterorganisation der International Union of Geological Sciences (IUGS), methodologisch und formal durch Referenzpunkte (GSSP) definiert. GSSP steht für Global Boundary Stratotype Section and Point (Stratotypus-sektion und -punkt einer globalen Grenze). Die Festlegung erfolgt normalerweise an einem zugänglichen Profil, an welchem der Grenzpunkt mit einem „goldenen Nagel“ markiert wird. Bei diesem GSSP liegt allerdings ein besonderer Fall vor. Der NGRIP-Eiskern lagert im Eisschrank der Universität von Kopenhagen.

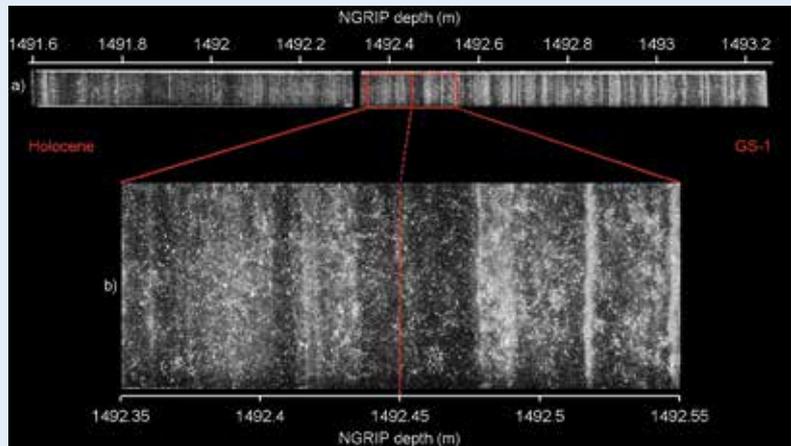


Abb. 6 Fotografie des polierten NGRIP-Eiskerns zwischen 1491,6 und 1493,25 m Tiefe. Die gestrichelte Linie markiert die formale Pleistozän/Holozän-Grenze in einer Tiefe von 1492,45 m. Durch Anwendung des Visual Scanning-Verfahrens zeigt sich klares Eis dunkel, wolkiges Eis hell (durch Einschlüsse, z. B. Staubpartikel). GS-1 = Grönland Stadial 1, oberster Abschnitt des Pleistozäns (Eiskern), letztes Kaltereignis der Weichsel-Kaltzeit, entspricht etwa der Jüngeren Dryas. (Foto/Grafik: Centre for Ice and Climate, University of Copenhagen; freundliche Überlassung)

exakt datiert ist.“ Hier liegt eine gravierende Fehleinschätzung vor.

Schlussfolgerung

Die von den Eiskern-Bearbeitern ausgewiesenen Alter zu den gewonnenen Eiskernen des grönländischen Eisschildes sind radiometrisch begründet. Bei den Altersangaben von 10 000, 100 000 oder mehr Jahren handelt es sich um radiometrische Jahre. Dies schließt auch die „Datierung“ durch „Jahresschichtenzählung“ ein. Denn die Anzahl auszuweisender Einzel-„Jahre“ ist durch die radiometrische Eichung im Wesentlichen vorbestimmt. Über eine entsprechende Auflösung stratigraphischer und/

oder physikochemischer Signale sowie der kalibrierten Alters-zu-Tiefen-Beziehung (Eisflussmodell) werden die notwendigen Skalen- bzw. „Jahres“einheiten durch die Eiskern-Bearbeiter fixiert und eine zugehörige Zeitskala konstruiert (Eiskernchronologie). Ohne den Nachweis erbracht zu haben, werden diese Signale mit „Jahren“ und „Jahresschichten“ assoziiert bzw. als solche interpretiert.

Da nicht bekannt ist, in welcher Beziehung ^{14}C -Alter und weitere radiometrische Alter dieser Größenordnungen zum realen Alter stehen (KOTULLA 2013a), können radiometrische Alter nicht mit realem Alter gleichgesetzt werden. Die Altersangaben zu den Eiskernen ohne Ausweis der zugrundeliegenden (mittel- oder unmittelbaren) Datierungsmethode, also ohne entsprechende Kennzeichnung, sind irreführend.

Dank

Dr. Harald BINDER, Dr. Martin ERNST und Dr. Reinhard JUNKER danke ich für die Durchsicht des Manuskripts und wertvolle Hinweise, dem Cold Regions Research and Engineering Laboratory (CRREL) der U.S. Army Corps of Engineers für die Zurverfügungstellung des Reports 94-1 und dem Centre of Ice and Climate (Universität Kopenhagen) für die Abdruckerlaubnis des Fotos zur Pleistozän/Holozän-Grenze (Abb. 6).

Anmerkungen

- 1 „Tatsächlich ist λ_H eine Funktion von t und es ist unmöglich, eine Beziehung zwischen diesen beiden Parametern zu finden, (...)“ (DANSGAARD et al. 1969, 341); λ_H = Akkumulationsrate (von Schnee) umgerechnet in Eis-Äquivalent.
- 2 Für eine Tiefe von 1622 m: „Von der vorläufigen NGRIP-Modellzeitskala wird eine mittlere Jahresschichtendicke von etwa 2 cm erwartet“ (RASMUSSEN et al. 2005); vgl. auch <http://www.gisp2.sr.unh.edu/poster/2f.html> (Abfrage 10. 04. 2013).

Datennachweis

Zu Abb. 3, von links nach rechts: a) NGRIP (<http://www.iceandclimate.nbi.ku.dk/data/>): 2010-11-19_GICC05modeltext_for_NGRIP.xls; b, c) GISP2, GRIP: The Greenland Summit Ice Core CD-ROM (<http://www.ncdc.noaa.gov/paleo/icecore/greenland/summit/>): GISPD180.DAT, GRIPD180.DAT; d) SPECMAP (<http://doi.pangaea.de/10.1594/PANGAEA.441706?format=html>), IMBRIE JD & MCINTYRE A (2006) SPECMAP time scale developed by IMBRIE et al., 1984 based on normalized planktonic records (normalized O-18 vs time, specmap.017). doi:10.1594/PANGAEA.441706.

Literatur

- ALLEY RB & KOCI BR (1988) Ice-core analysis at site A, Greenland: Preliminary results. *Annals of Glaciology* 10, 1988.
- ALLEY RB, SHUMAN CA, MEESE DA, GOW AJ, TAYLOR KC, CUFFEY KM, FITZPATRICK JJ, GROOTES PM, ZIELINSKI GA, RAM M, SPINELLI G & ELDER B (1997) Visual-stratigraphic dating of the GISP2 ice core: Basis, reproducibility, and application. *J. Geophys. Res.* 102 (C12), 26367-26381.
- BARBANTE C, KEHRWALD NM, MARIANELL P, VINSTER BM, STEFFENSEN JP, COZZI G, HAMMER CU, CLAUSEN HB & SIGGARD-ANDERSEN M-L (2013) Greenland ice core evidence of the 79 AD Vesuvius eruption. *Clim. Past* 9, 1221-1232.
- BENSON CS (1962) Stratigraphic Studies in the Snow and Firn of the Greenland Ice Sheet. Reprint 1996.
- BROECKER WS, THURBER DL, GODDARD J, KUTTLER, MATTHEWS RK & MESOLETTA KJ (1968) Milankovitch hypothesis supported by precise dating of coral reefs and deep-sea sediments. *Science* 159, 404-406.
- BUCHARD SL, CLAUSEN HB, VINSTER BM & DAHL-JENSEN D (2012) Investigating the past and recent $\delta^{18}\text{O}$ -accumulation relationship seen in Greenland ice cores. *Clim. Past* 8, 2053-2059.
- CLAUSEN HB, HAMMER CU, HVIDBERG CS, DAHL-JENSEN D, STEFFENSEN JP, KIPFSTUHL J & LEGRAND M (1997) A comparison of the volcanic records over the past 4000 years from the Greenland Ice Core Project and Dye 3 Greenland ice cores. *J. Geophys. Res.* 102 (C12), 26707-26723.
- DANSGAARD W, JOHNSON SJ, MOLLER J & LANGWAY CC JR (1969) One thousand centuries of climate record from Camp Century on the Greenland ice sheet. *Science* 166, 377-381.
- DANSGAARD W, JOHNSON SJ, CLAUSEN HB & LANGWAY CC JR (1970) Ice cores and paleoclimatology In: OLSSON IU (ed) Radiocarbon variations and absolute chronology. Proceedings of the Twelfth Nobel Symposium held at the Institute of Physics at Uppsala University. New York, 337-351.
- DANSGAARD W, CLAUSEN HB, GUNDESTRUP N, HAMMER CU, JOHNSON SJ, KRISTINSDOTTIR PM & REEH N (1982) A new Greenland deep ice core. *Science* 218, 1273-1277.
- DANSGAARD W, JOHNSON SJ, CLAUSEN HB, DAHL-JENSEN D, GUNDESTRUP NS, HAMMER CU, HVIDBERG CS, STEFFENSEN JP, SVEINBJÖRNDOTTIR AE, JOUZEL J & BOND G (1993) Evidence for general instability of past climate from a 250-kyr ice-core record. *Nature* 364, 218-220.
- EMILIANI C (1966) Paleotemperature analysis of the Caribbean cores P6304-8 and P6304-9 and a generalized temperature curve for the past 435,000 years. *J. Geol.* 74, 109-126.
- GOW AJ, MEESE DA, ALLEY RB, FITZPATRICK JJ, ANANDAKRISHNAN S, WOODS GA & ELDER BC (1997) Physical and structural properties of the Greenland Ice Sheet Project 2 ice core: A review. *J. Geophys. Res.* 102, 26559-26575.
- GRIP MEMBERS (1993) Climate instability during the last interglacial period recorded in the GRIP ice core. *Nature* 364, 203-207.
- GRÖNVOLD K, ÓSKARSSON N, JOHNSON SJ, CLAUSEN HB, HAMMER CU, BOND G & BARD E (1995) Ash layers from Iceland in the Greenland GRIP ice core correlated with oceanic and land sediments. *Earth and Planetary Science Letters* 135, 149-155.
- HAMMER CU (1980) Acidity of polar ice cores in relation to absolute dating, past volcanism, and radio-echoes. *J. Glaciol.* 25, 359-372.

- HAMMER CU, CLAUSEN HB, DANSGAARD W, GUNDESTRUP N, JOHNSEN SJ & REEH N (1978) Dating of Greenland ice cores by flow models, isotopes, volcanic debris, and continental dust. *J. Glaciol.* 20, 3–26.
- HAMMER CU, CLAUSEN HB & TAUBER H (1986). Ice-core dating of the Pleistocene/Holocene boundary applied to a calibration of the ^{14}C timescale. *Radiocarbon* 28, 284–291.
- JOHNSEN SJ, DANSGAARD W, CLAUSEN HB & LANGWAY CC JR (1972) Oxygen isotope profiles through the Antarctic and Greenland ice sheets. *Nature* 235, 429–434.
- KARGEL JS, AHLSTRÖM AP, ALLEY RB, BAMBER JL, BENHAM TJ, BOX JE, CHEN C, CHRISTOFFERSEN P, CITTERIO M, COGLEY JG, JISKOOT H, LEONARD GJ, MORIN P, SCAMBOS T, SHELDON T & WILLIS I (2012) Greenland's shrinking ice cover: „fast times“ but not that fast. *The Cryosphere* 6, 533–537.
- KOTULLA M (2013a) Gültigkeit und Grenzen geologischer Zeitbestimmung. Online-Loseblattsammlung, Stand: 1. Lieferung 10/2013, www.wort-und-wissen.de.
- KOTULLA M (2013b) Grönländische Eiskerndaten und ihre Interpretation: Absolute Datierung durch Zählung von Jahresschichten? W+W Special Paper G-13-1, Baidersbronn.
- LANE CS, ANDRICH M, CULLEN VL & BLOCKLEY SPE (2011) The occurrence of distal Icelandic and Italian tephra in the Lateglacial of Lake Bled, Slovenia. *Quaternary Science Reviews* 30, 1013–1018.
- LISIECKI LE & RAYMO ME (2005) A Pliocene-Pleistocene stack of 57 globally distributed benthic $\delta^{18}\text{O}$ records. *Paleoceanography* 20, PA1003, doi:10.1029/2004PA001071.
- MEESE DA, ALLEY RB, FIACCO RJ, GERMANI MS, GOW AJ, GROOTES PM, ILLING M, MAYEWSKI PA, MORRISON MC, RAM M, TAYLOR KC, YANG Q & ZIELINSKI GA (1994) Preliminary depth-age scale of the GISP2 ice core. Special CRREL Report 94-1, US.
- MEESE DA, GOW AJ, ALLEY RB, ZIELINSKI GA, GROOTES PM, RAM M, TAYLOR KC, MAYEWSKI PA & BOLZAN JF (1997) The Greenland Ice Sheet Project 2 depth-age scale: Methods and results. *J. Geophys. Res.* 102 (C12), 26411–26423.
- MORTENSEN AK, BIGLER M, GRÖNVOLD K, STEFFENSEN JP & JOHNSEN SJ (2005). Volcanic ash layers from the Last Glacial Termination in the NGRIP ice core. *J. Quaternary Sci.* 20, 209–219.
- NEEM COMMUNITY MEMBERS (2013) Eemian interglacial reconstructed from a Greenland folded ice core, doi:10.1038/nature11789.
- NORTH GREENLAND ICE CORE PROJECT MEMBERS (2004) High-resolution record of Northern Hemisphere climate extending into the last interglacial period. *Nature* 431, 147–151.
- PALAIJS JM, TAYLOR K, MAYEWSKI PA & GROOTES P (1991) Volcanic Ash from the 1362 A.D. Oraefajökull Eruption (Iceland) in the Greenland Ice Sheet. *Geophysical Research Letters* 18, 1241–1244.
- RAM M & KOENIG G (1997) Continuous dust concentration profile of pre-Holocene ice from the Greenland Ice Sheet Project 2 ice core: Dust stadials, interstadials, and the Eemian. *J. Geophys. Res.* 102, (C12), 26641–26648.
- RASMUSSEN SO, ANDERSEN KK, JOHNSEN SJ, BIGLER M & McCORMACK T (2005). Deconvolution-based resolution enhancement of chemical ice core records obtained by Continuous Flow Analysis. *J. Geophys. Res.* 110, D17304, doi:10.1029/2004JD005717.
- RASMUSSEN SO, ANDERSEN KK, SVENSSON AM, STEFFENSEN JP, VINATHER BM, CLAUSEN HB, SIGGAARD-ANDERSEN M-L, JOHNSEN SJ, LARSEN LB, DAHL-JENSEN D, BIGLER M, RÖTHLISBERGER R, FISCHER H, GOTO-AZUMA K, HANSSON M-E & RUTH U (2006) A new Greenland ice core chronology for the last glacial termination. *J. Geophys. Res.* 111, D06102, doi:10.1029/2005JD006079.
- SELBEKK RS & Trønnes RG (2007) The 1362 AD Öraefajökull eruption, Iceland: Petrology and geochemistry of large-volume homogeneous rhyolite. *Journal of Volcanology and Geothermal Research* 160, 42–58.
- SOWERS T, BENDER M, LABEYRIE L, MARTINSON D, JOUZEL J, RAYNAUD D, PICHON JJ & KOROTKEVICH YS (1993) A 135,000-year Vostok-SPECMAP common temporal framework. *Paleoceanography* 8, 737–766.
- SVENSSON A, NIELSEN SW, KIPFSTUHL S, JOHNSEN SJ, STEFFENSEN JP, BIGLER M, RUTH U & RÖTHLISBERGER R (2005). Visual stratigraphy of the North Greenland Ice Core Project (NorthGRIP) ice core during the last glacial period. *J. Geophys. Res.* 110, D02108, doi:10.1029/2004JD005134.
- TAUBER H (1970) The Scandinavian varve chronology and C-14 dating. In: OLSSON IU (ed.) *Radiocarbon Variations and Absolute Chronology. Proceedings of the Twelfth Nobel Symposium held at the Institute of Physics at Uppsala University.* New York, 173–196.
- VINATHER BM, CLAUSEN HB, JOHNSEN SJ, RASMUSSEN SO, ANDERSEN KK, BUCHARDT SL, DAHL-JENSEN D, SEIERSTAD IK, SIGGAARD-ANDERSEN M-L, STEFFENSEN JP, SVENSSON A, OLSEN J & HEINEMEIER J (2006) A synchronized dating of three Greenland ice cores throughout the Holocene. *J. Geophys. Res.*, doi:10.1029/2005JD006921.
- WALKER M, JOHNSEN S, RASMUSSEN SO, STEFFENSEN JP, POPP T, GIBBARD P, HOEK W, LOWE J, ANDREWS J, BJORCK S, Cwynar L, HUGHEN K, KERSHAW P, KROMER B, LITT T, LOWE DJ, NAKAGAWA T, NEWNHAM R & SCHWANDE J (2009). The Global Stratotype Section and Point (GSSP) for the base of the Holocene Series/Epoch (Quaternary System/Period) in the NGRIP ice core. *Episodes* 31, 264–267.
- WHITE JWC, BARLOW LK, FISHER D, GROOTES P, JOUZEL J, JOHNSEN SJ, STUIVER M & CLAUSEN H (1997) The climate signal in the stable isotopes of snow from Summit, Greenland: Results of comparisons with modern climate observations. *J. Geophys. Res.* 102 (C12), 26425–26439.

Dieser Artikel ist ein Auszug aus Kotulla (2013b), s.o., Download unter <http://www.wort-und-wissen.de/download.html>

Anschrift des Verfassers:

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

Der Mensch und sein Genom

II. Einfluss schwerer Infektionskrankheiten auf das Erbgut des Menschen

Leistungsfähige Sequenzierungsmethoden ermöglichen Genomanalysen in einem bisher unvorstellbaren Umfang. Dadurch können neue Fragestellungen aufgenommen werden. Schwere Infektionskrankheiten wie Malaria und Cholera haben Auswirkungen auf das menschliche Genom. Lassen sich Spuren der Auseinandersetzung mit Infektionskrankheiten im Erbgut von Menschengruppen nachweisen, die über Generationen hinweg damit konfrontiert waren? Liegt in der Konfrontation mit Infektionen ein Potential zur Veränderung des menschlichen Genoms? Kann dadurch neue genetische Information entstehen?

Harald Binder

Einleitung und Problemstellung

Aus veröffentlichten Daten der Weltgesundheitsorganisation (WHO) geht hervor, dass von den Todesfällen in der Weltbevölkerung etwa 15 % auf Infektionen durch Bakterien oder Viren und durch Parasiten verursachte Krankheiten zurückgehen, in Afrika bis 41%. Im Bericht von 2012 werden für das Jahr 2011 4,4 Millionen Todesfälle von Kindern unter 5 Jahren aufgrund von Infektionen angegeben (CAGLIANI & SIRONI 2013).

Lebewesen, die mit Infektionen konfrontiert sind, haben im Immunsystem ein sehr leistungsfähiges Instrumentarium, Herausforderungen dieser Art zu begegnen. Darüber hinaus finden sich aber auch im Erbgut (Genom) des Menschen Spuren der Auseinandersetzung mit infektiösen Krankheitserregern. Die modernen und leistungsfähigen Technologien zur Analyse von Genomen eröffnen in diesem Forschungsfeld zunehmend neue Einblicke. Wie kann man be-

sondere Merkmale in DNA-Sequenzabschnitten feststellen und mit entsprechenden Infektionsereignissen in Zusammenhang bringen?

Zunächst müssen viele Genome derselben Art, in diesem Fall Erbgut von Menschen (Humangenome), vollständig und exakt sequenziert werden. Man benötigt viele Proben, die von genau umrissenen Bevölkerungsgruppen stammen müssen. Die beteiligten Personen müssen zu Populationen gehören, die seit vielen Generationen den entsprechenden Infektionen ausgesetzt sind, es sollten möglichst auch Vertreter verschiedener Generationen einer Familie erfasst werden. Als Kontrollen werden DNA-Proben von Menschen eingesetzt, deren Bevölkerungsgruppe nicht oder nur selten der Infektion ausgesetzt waren und sind. Durch umfangreiche vergleichende Analysen sucht man anschließend (in äußerst umfangreichen Datensätzen!) nach Zusammenhängen zwischen von Infektion betroffenen Menschen und entsprechenden Auffälligkeiten in deren

Genom im Vergleich zu Kontrollproben. Die Metapher von der Suche nach einer Nadel im Heuhaufen ist nur ein schwaches Bild für die Herausforderung dieser Aufgabe. Die technischen, bioinformatischen und strategischen Methoden werden jedoch fortwährend verbessert und ermöglichen Projekte dieser Art.

Hier sollen aktuelle Studien zu den beiden bedeutenden Infektionskrankheiten Malaria und Cholera vorgestellt und deren Einflüsse auf das Genom betroffener Menschen dargestellt werden. Anschließend werden verschiedene Auffassungen diskutiert, welche Bedeutung diese Auseinandersetzung zwischen Parasiten und Wirtsorganismen für evolutionäre Entwicklungen haben.

Malaria

In einem Übersichtsartikel stellt der renommierte Kinderarzt und Erforscher von Malaria, Dominik KWIATKOWSKI (2005) fest, dass Malaria nicht nur jährlich allein in Afrika den Tod von mehr als einer Million Kinder verursacht; die Infektionskrankheit übt darüber hinaus auch den stärksten Selektionsdruck auf das menschliche Genom in der jüngeren Geschichte aus. Nachfolgend wird eine Auswahl von genetischen Veränderungen vorgestellt, die die Funktionsfähigkeit von roten Blutkörperchen (Erythrozyten) beeinträchtigen, aber gleichzeitig einen Schutz vor schweren Verlaufsformen von Malaria bieten können. Das bekannteste Phänomen in diesem Zusammenhang ist die Sichelzell-Krankheit. Eine Mutation verändert den roten Blutfarbstoff Hämoglobin (s. u.). Für diesen Blutfarbstoff gibt es aber zwei Gene, eines vom Vater und eines von der Mutter. Ist nur ein Gen verändert so schützt diese Mischung von unverändertem und verändertem Hämoglobin vor massiven Auswirkungen von Malaria. Sind aber beide Gene mutiert, so werden die Eigenschaften der Erythrozyten so verändert, dass diese unter Sauerstoffmangel ihre Form in eine Sichelform (Abb. 1) ändern und sich zusammenlagern (aggregieren). Dadurch können kleine Arterien verschlossen werden, was vielfältige Krankheitserscheinungen auslösen kann. Reinerbige Menschen sterben unbehandelt in der Regel bis zum 30. Lebensjahr an der Sichelzellanämie.

Die veränderte Form der Blutkörperchen ist wie gesagt auf eine Modifikation des roten Blutfarbstoffs Hämoglobin zurückzuführen, der an Aufnahme, Transport und Austausch von Sauerstoff durch das Blut maßgeblich beteiligt ist (vgl. Abb. 2). Hämoglobin ist ein Proteinkomplex, der aus 4 Proteinen (2α - und 2β -Untereinheiten) zusammengesetzt ist. Betrachtet man den genetischen Hintergrund, so führt eine einzige

Kompakt

Das Projekt zur Entschlüsselung des menschlichen Erbguts ist seit 2004 abgeschlossen und mit neuen Schwerpunkten in verschiedenen Folgeprojekten weitergeführt worden. Durch die weiterentwickelten Sequenzierungsmethoden sind heute viele Humangenome komplett oder teilweise analysiert und in Datenbanken abgelegt. Die erweiterten Kenntnisse haben auch die Vorstellungen des Erbguts verändert. Dynamische Aspekte bei der Nutzung der Erbinformation in Zellen und Modifikationen am Genom durch verschiedenste Wechselwirkungen des Organismus mit seiner Umgebung hinterlassen Spuren im Erbgut.

Malaria und Cholera sind zwei Infektionskrankheiten, die in bestimmten geographischen Gebieten die dort lebenden Menschen seit vielen Generationen belasten. Die massiven Auswirkungen der Krankheiten üben einen starken Selektionsdruck aus. Schon lange ist bekannt, dass sich Phänomene wie z. B. die Sichelzellanämie im Zusammenhang mit Malaria in betroffenen Bevölkerungsgruppen etablieren. Trotz der gesundheitlichen Einschränkung für die betroffenen Menschen durch die Blutarmut verstärkt sie die Widerstandskraft gegen Malaria. Durch umfangreiche Studien an Menschen aus betroffenen Bevölkerungsgruppen sind verschiedene genetische Veränderungen bekannt, die im Zusammenhang mit den Infektionskrankheiten stehen. In verschiedenen Veröffentlichungen wird darüber diskutiert, wie weitreichend der Einfluss des Selektionsdrucks auf das Genom ist und inwieweit unter dem Einfluss von Infektionskrankheiten neue genetische Information generiert werden kann.

Nach bisherigen Kenntnissen sind die Auswirkungen der genetischen Veränderungen, die unter dem Selektionsdruck der Infektionskrankheit etabliert wurden, begrenzt. Sie reduzieren die Vitalität der betroffenen Menschen im Vergleich zu gesunden und verbessern nur die Situation von Erkrankten im Vergleich zu denen ohne die entsprechende genetische Veränderung.

Punktmutation (Austausch eines Nukleotids in der DNA-Sequenz auf Chromosom 11) an der Position 6 der Eiweißkette des β -Hämoglobins zum Austausch der Aminosäure Glutaminsäure gegen Valin (kurz: Glu6Val) (Abb. 3). Neben dieser genetischen Veränderung, die auch als single nucleotide polymorphism (SNP; dabei handelt es sich sozusagen um eine etablierte Punktmutation) bezeichnet wird, sind weitere modifizierte DNA-Sequenzen bekannt, die Eigenschaften von Erythrozyten verändern und im Zusammenhang mit Selektion durch Mala-



Abb. 1 Normale und Sichelzellform von Roten Blutkörperchen (Erythrozyten). (University of Michigan Health System)

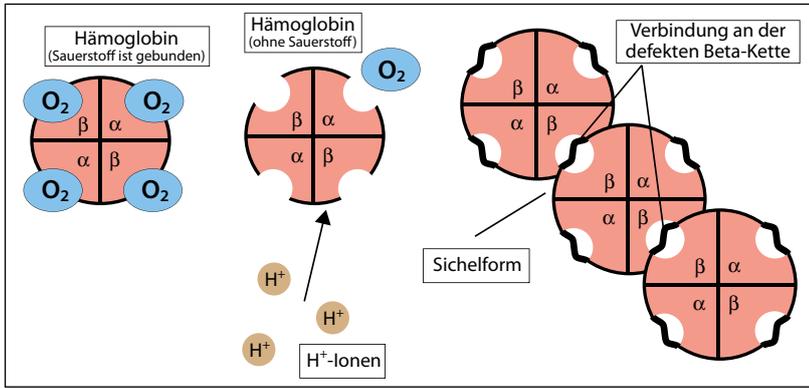


Abb. 2 Schematische Darstellung von Hämoglobin mit und ohne gebundene Sauerstoffmoleküle (O₂) sowie der Aggregation von Hämoglobin bei Sichelzellanämie. H-Ionen begünstigen die O₂ Abgabe und die veränderten β-Ketten können sich verbinden. Es kommt zur Ausbildung von sichelförmigen Erythrozyten. (Nach einer Grafik aus Wikipedia)

ria stehen. Dazu zählt z.B. ein SNP, der auf den Austausch von Glutaminsäure an der Position 6 im β-Hämoglobin durch Lysin (Glu6Lys) zurückgeht und zu einer Hämoglobinvariante führt, die man als Hämoglobin C bezeichnet. Einer anderen Variante, Hämoglobin E, liegt der Austausch Glu26Lys zugrunde. Weitere Genveränderungen beeinflussen z.B. die Regulierung der Herstellung von α- und β-Hämoglobin und verursachen dadurch Thalassämien. Dabei handelt es sich um Krankheitsbilder, die erstmals im Mittelmeergebiet (thalassa, gr.: Meer) beschrieben wurden und durch unzureichende Mengen an funktionsfähigem Hämoglobin zu „Blutarmut“ (Anämie) führen.

Neben den bekannten sichelförmigen Erythrozyten sind weitere vererbte pathologische Veränderungen bekannt, wie z.B. die Ovalozytose, die durch elliptische Erscheinung der roten Blutkörperchen gekennzeichnet ist. Ursächlich dafür ist eine Änderung am Strukturprotein SLC4A1; die Erythrozyten sind dadurch in ihrer Funktion stark eingeschränkt. Die zugrundeliegende genetische Veränderung ist vor allem in Bevölkerungsgruppen in Südostasien verbreitet. Um oxidativem Stress – ein weiteres Phänomen, dem Erythrozyten bei einer Malariainfektion verstärkt ausgesetzt sind – entgegenzuwirken, nutzen die Zellen das Enzym Glukose-6-phosphat-Dehydrogenase. Dieses wird vom Gen G6PD auf dem X-Chromosom codiert. Es sind viele verschiedene Variationen am G6PD-Gen bekannt und diejenigen, welche die Enzymaktivität beeinträchtigen, führen durch Hämolyse (Auflösung der Erythrozyten) zu Anämien.

Die beispielhaft und bei weitem nicht vollständig angeführten genetischen Veränderungen und die dadurch ausgelösten Phänomene stellen pathologische Veränderungen dar, die jedoch gleichzeitig zu Resistenzen gegenüber Malaria führen. Dieser Zusammenhang soll am Beispiel der Sichelzellerkrankheit in Populationen, die unter starkem Selektionsdruck durch massive Malariainfektion ausgesetzt sind, kurz dargestellt werden.

Das Allel (Genvariante), das die Sichelzellerkrankheit verursacht, ist in solchen Bevölke-

rungsgruppen auffällig stark verbreitet, die massiv Malariainfektionen ausgesetzt sind. Menschen, die die genetische Modifikation für Sichelzellen homozygot (also sowohl vom Vater als auch von der Mutter) ererbt haben, leiden unter schweren Verlaufsformen der Krankheit. Sie zeigen massive Krankheitserscheinungen und haben eine sehr geringe Lebenserwartung. Heterozygote Träger der Mutation für Sichelzellanämie (Glu6Val) besitzen neben dem defekten ein funktionsfähiges Gen; sie leiden damit zwar unter Anämie, sind aber gegen die massiven pathologischen Folgen von Malaria geschützt. Diese Befunde werden als Beleg für einen ausgesprochen starken Selektionsdruck durch Malaria angesehen. KWIATKOWSKI (2005) fasst „evolutionäre Selektion“ durch Malaria entsprechend unter den beiden folgenden Aspekten zusammen:

- Hoher Selektionsdruck auf Verlust des Sichelzellen-Gens aufgrund der tödlichen Konsequenzen für homozygote Träger der genetischen Modifikation für die Sichelzellerkrankheit.
- Die oben beschriebenen Veränderungen im Genom haben sich in verschiedenen Bevölkerungsgruppen als unterschiedliche Antworten auf die Konfrontation mit Infektion durch Malaria-Erreger etabliert.

In einer genomweiten Assoziationsstudie¹ (genome wide association study; GWAS) an aus Afrika stammenden Amerikanern bestätigen DING et al. (2013) die bereits beschriebenen (und von KWIATKOWSKI [2005] zusammengefassten) Befunde für diesen Personenkreis. Genetische Varianten, die Resistenz gegen Malaria verleihen, stehen in Verbindung mit Merkmalen der roten Blutkörperchen. In einer früheren Studie an aus Europa stammenden Amerikanern waren ebenfalls genetische Varianten untersucht worden, bei denen ein Austausch einzelner Nukleotide (SNPs) stattgefunden hatte, wodurch die Eigenschaften der roten Blutkörperchen verändert worden waren. Von 15 entsprechend veränderten Positionen in Genomen von Europa-Amerikanern konnten bisher nur zwei in Afrika-Amerikanern nachgewiesen werden. In der Diskussion wird in diesem Zusammenhang auch darauf hingewiesen, dass die Ergebnisse von der gewählten Statistik abhängen. Dies unterstreicht, dass Genomstudien dieser Art in ihren Aussagen sehr differenziert bewertet werden müssen. DING et al. stellen am Ende ihrer Publikation die Vermutung an, diese Differenzen zwischen den beiden ethnischen Gruppen könnten zumindest teilweise auch in den Unterschieden in der genetischen Architektur begründet sein, die den Merkmalen der Erythrozyten zugrunde liegt.

Die Infektionskrankheit Malaria und das damit in Verbindung stehende Phänomen der Sichelzellanämie gehören zu den klassischen Lehrbuchbeispielen für den Einfluss von Selektions-

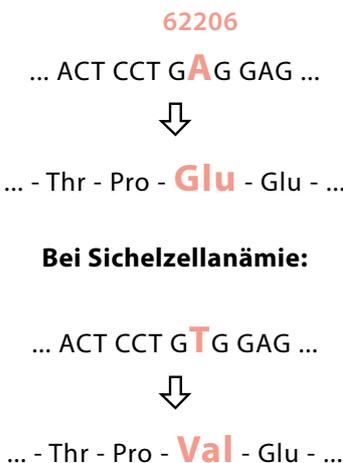


Abb. 3 Eine einzige Punktmutation an der Position sechs der β-Protein-Untereinheit des Hämoglobins führt zur Sichelzellanämie. Dadurch wird die Aminosäure Glutaminsäure (Glu) durch Valin (Val) ersetzt – mit fatalen Folgen.

tionsprozessen. Die heute verfügbaren Methoden zur schnellen und hochauflösenden Genomanalyse bestätigen den Einfluss von Selektion. Die bisher verfügbaren Daten zeigen verschiedene genetische Modifikationen, die den bekannten pathologischen Veränderungen zugrunde liegen. Aus den entsprechenden Studien geht gleichzeitig aber auch hervor, dass unser begrenztes Wissen über die Organisation und Funktion des menschlichen Genoms unserem Verständnis für die zugrundeliegenden Prozesse Grenzen setzt.

Cholera

Ähnlich wie Malaria ist auch Cholera eine bakterielle Infektionskrankheit (ausgelöst von *Vibrio cholerae*), die in betroffenen Bevölkerungsgruppen viele Todesopfer fordert. Als Ursprungsort gilt das Ganges-Delta, und die Bevölkerung in Bangladesch ist bis heute massiv von Cholerainfektionen betroffen.

Die Cholera auslösenden Bakterien kommen auch in anderen Lebensräumen vor und leben dort z.T. symbiotisch mit anderen Organismen zusammen, ohne Krankheiten zu verursachen. FRANCIS & WOOD (2009) haben Beispiele zusammengestellt und diskutieren diese im Zusammenhang mit der Entstehung der Cholera-Erkrankungen.

In Verbindung mit Cholera gibt es ebenso wie im Fall von Malaria Hinweise auf einen hohen Selektionsdruck auf das Genom in Bevölkerungsgruppen, die der Infektion schon lange ausgesetzt sind. So kommt die Blutgruppe 0, die im Zusammenhang mit erhöhtem Risiko für schwere Choleraerkrankung steht, in der Bevölkerung des Ganges-Deltas weltweit am seltensten vor.

V. cholerae-Bakterien, die typischerweise aus verunreinigtem Wasser stammen, siedeln sich im Dünndarm an, bilden das Cholera-toxin und lösen durch Beeinflussung der in die Membran integrierten Chloridkanäle die Ausschüttung von Chlorid aus. Dies wiederum hat extremen Durchfall zur Folge mit entsprechend massivem Flüssigkeitsverlust und Elektrolytmangel, was u. U. zum Tode führen kann.

KARLSSON et al. (2013) haben eine Methode entwickelt, die sie zur Untersuchung von genetischen Faktoren anwenden, die im Zusammenhang mit der Anfälligkeit für Cholerainfektion sowie der damit verbundenen Selektion stehen. Die Autoren fanden 305 Bereiche im menschlichen Genom, die sich zu einem großen Teil in der Nähe von Genen für die Kalium-Kanäle befinden, und solche, die im Zusammenhang mit dem angeborenen Immunsystem stehen. Über die Kalium-Kanäle erfolgt auch die Steuerung der Ausschüttung von Chlorid-Ionen. Genetische Veränderungen mit Einfluss auf die

Kalium-Kanäle wirken sich auch auf den Elektrolythaushalt aus, was im Zusammenhang mit Cholera von besonderer Bedeutung ist.

KARLSSON et al. zeigen durch Untersuchungen an zwei Bevölkerungsgruppen, dass ein Teil der identifizierten Gene in Verbindung mit Cholerainfektionen stehen. Dazu hatten sie zunächst Allele bestimmter Gene in einer Bevölkerungsgruppe identifiziert und deren häufiges Auftreten in von Cholera betroffenen Familien gezeigt. Zur Überprüfung untersuchten sie eine zweite Personengruppe und fanden auch hier einen Teil der in der ersten Untersuchung identifizierten Allele. Die betreffenden Gene waren durch die Konfrontation der entsprechenden Träger mit den Cholera-Bakterien über viele Generationen hinweg einem starken Selektionsdruck ausgesetzt. Dies zeigt sich darin, dass bestimmte Allele dieser Gene in den Genomen von betroffenen Personen der Bevölkerungsgruppe häufig vorkommen.

Derselbe Befund zeigt sich auch bei Genen, die an der Aktivierung des Inflammasoms, einem Proteinkomplex z.B. in Fresszellen (Makrophagen), beteiligt sind. Auch von diesen sind bestimmte Allele nach dieser Studie durch die Konfrontation mit den Cholera auslösenden Bakterien über viele Generationen in den Genomen auffällig häufig vorhanden, was durch die Selektion verursacht wird.

KARLSSON et al. nutzten für ihre Studie den Umstand, dass bestimmte Bevölkerungsgruppen über viele Generationen hinweg durch Cholerainfektionen starker Selektion ausgesetzt waren. Diese haben nachhaltige Spuren im Genom der betroffenen Menschen hinterlassen. Dies ist daran erkennbar, dass bestimmte Bereiche im Genom die Anfälligkeit für die Cholera beeinflussen.

Abb. 4 Cholera-Patienten in Bangladesch.
Foto: Ärzte ohne Grenzen.



Die in der Auseinandersetzung mit Infektionen durch Selektion hervorgerufenen Veränderungen im menschlichen Genom scheinen begrenzt zu sein.

Die meisten der nachgewiesenen selektierten Gene codieren für Komponenten, die eher eine regulierende Funktion ausüben und weniger direkt beteiligte Schlüsselkomponenten. Aufgrund dieser Befunde stellen KARLSSON et al. die Hypothese auf, dass die Selektion hier auf die Regulation von beteiligten Mechanismen und nicht auf einzelne Schlüsselbausteine wirkt.

Über Abwehrmechanismen gegenüber Choleraerregern sowie deren genetischem Hintergrund ist weniger bekannt als im Falle von Malaria. Die damit verbundenen Phänomene sind im Vergleich zu sichelförmigen Erythrozyten weniger auffällig und markant. Wohingegen Sichelzellanämie als Reaktion auf Malaria schon lange bekannt und vergleichsweise einfach diagnostisch zu erfassen und damit intensiv untersucht ist.

Schlussfolgerungen und Diskussion

Insgesamt scheinen die im menschlichen Genom feststellbaren Veränderungen, die sich durch den Selektionsdruck in der Auseinandersetzung mit Infektionen angesichts der langen Zeit und Anzahl der betroffenen Generationen etabliert haben, begrenzt zu sein. Typischerweise führen die selektierten genetischen Veränderungen, die im Genom betroffener Wirtsorganismen unter dem Selektionsdruck durch die Parasiten etabliert wurden, zu einer verringerten Vitalität. Organismen mit derart verändertem Genom sind nur in der Konfrontation mit Parasiten im Vergleich zu infizierten Individuen ohne genetische Änderungen relativ besser gestellt.

J. S. B. HALDANE hatte bereits 1949 die Vermutung geäußert, dass in der ausgeglichenen Verteilung verschiedener genetischer Ausprägungen (Polymorphismen), wie sie oben beschrieben wurden, die Ursache für das häufige Auftreten z. B. von Thalassämien liegen könnte. Er hatte argumentiert, dass Menschen, in denen die Anlage für solche Krankheiten im heterozygoten Zustand vorliegen, gegen andere bedeutende und gefährliche Krankheiten (wie Malaria) geschützt sind. Eine alte Idee, die nicht zuletzt auch durch die jüngsten Untersuchungen zum menschlichen Genom gestützt wird und sich bewährt.

Der Schutz gegen Malaria durch das heterozygote Vorkommen des Sichelzellen-Gens wird

in vielen Lehrbüchern als Standardbeispiel für evolutive Prozesse durch Selektion angeführt. DAWKINS (1991) bezeichnet die Wechselwirkung zwischen Erreger und Wirt als Wettrüsten („arms race“), in dessen Verlauf unter dem Einfluss von Selektion immer neue Strategien und Methoden zur Infektion bzw. zu deren Verhinderung entwickelt werden. BEHE (2007) dagegen erkennt darin eher einen Grabenkrieg („trench warfare“). Er bestreitet, dass durch Vorgänge dieser Art neue Eigenschaften gebildet werden, was er in seinem Buch „The Edge of Evolution“ ausführlich begründet. Er verwendet diese Metapher, weil in diesem Konflikt zwischen Parasit und Wirt sozusagen eher Brücken gesprengt werden, um die Eroberung der Stadt durch den Feind zu verhindern, als dass neue strategische Waffen („arms“) erfunden würden.

Die heute verfügbaren Methoden, mit denen Veränderungen im Genom sehr vieler Individuen untersucht werden, die unter dem Selektionsdruck von Infektionen stehen, lassen hoffen, dass wir in naher Zukunft Erkenntnisse gewinnen, mit deren Hilfe eine Entscheidung für eine dieser beiden Sichtweisen besser begründet werden kann.

Anmerkung

¹ Epidemologische Untersuchung, in der das gesamte Genom auf den Zusammenhang zwischen genetischen Variationen und einem bestimmten Phänomen (z. B. ein bestimmtes Krankheitsbild) durchsucht wird.

Literatur

- BEHE M (2007) The Edge of Evolution. Free Press, New York.
 DAWKINS R (1991) The blind watchmaker. Penguin, London.
 DING K, DE ANDRADE M et al. (2013) Genetic variants that confer resistance to malaria are associated with red blood cell traits in African Americans: an electronic medical record-based genome wide association study. G3:Genes, Genomes, Genetics doi: 10.1534/g3.113.006452
 FRANCIS J & WOOD TC (2009) Cholera toxin und der Ursprung der Cholera-Erkrankung. Stud. Int. J. 16, 88-99.
 HALDANE JSB (1949) Disease and evolution. Ricerca Sci. Suppl. 19, 1-11. (zit. nach: http://laboratorigiene.info/Ciencia_Hoje/Disease_and_Evolution1.pdf)
 KARLSSON EK, HARRIS JB et al. (2013) Natural selection in a Bangladeshi population from the cholera-endemic Ganges river delta. Sci. Transl. Med. doi: 10.1126/scitranslmed.3006338
 KWIAKOWSKI DP (2005) How malaria has affected the human genome and what human genetics can teach us about malaria. Am. J. Hum. Genet. 77, 171-192.

Anschrift des Verfassers:

*Harald Binder, Taborweg 8, 78467 Konstanz,
 email: h-e.binder@t-online.de*

Fliegen mit Parkinson?

Kann die Untersuchung winziger Fliegenhirne dazu beitragen, neurodegenerative Erkrankungen des menschlichen Gehirns, wie etwa Parkinson oder Demenz, besser zu verstehen? Neurowissenschaftler der Universität von Arizona und des King's College in London haben zahlreiche Ähnlichkeiten zwischen bestimmten Hirnregionen bei Wirbeltieren und Gliederfüßern aufgelistet. Sie deuten die Übereinstimmungen als „deep homology“, also als Ähnlichkeit durch Vererbung zwischen Tierstämmen, die als nur sehr entfernt verwandt angesehen werden. Diese Annahme bedeutet, dass bereits der postulierte letzte gemeinsame Vorfahr von Mensch und Fruchtfliege ein Gehirn besessen haben muss, das komplexes Verhalten so steuerte, wie es heute noch geschieht.

Hans-Bertram Braun

Weitreichende Ähnlichkeiten von Fliegen- und Wirbeltiergehirn

Erst kürzlich wurde festgestellt, dass Verschaltungen in den Gehirnen von Vögeln und Menschen trotz deutlich unterschiedlicher Lebensweise der Träger doch sehr ähnlich sind (GÜNTÜRKÜN et al. 2013). Ähnlichkeiten zwischen Gehirnen sind aber offensichtlich noch über weit größere stammesgeschichtliche Entfernungen hinweg festzustellen: In einem Übersichtsartikel in *Science* verglichen STRAUSFELD und HIRTH (2012) Hirnstrukturen von Gliederfüßern (z. B. Insekten, Krebstiere) mit denen von Wirbeltieren. Verglichen werden Areale, die für die Kontrolle von gezielten Bewegungen zuständig sind, die also die Basis für jedes angepasste Verhalten bilden. Bei den Wirbeltieren sind das die sogenannten Basalganglien, mehrere an der Basis des Großhirns liegende Kernregionen. Bei den Insekten ist es der Zentralkomplex, ein im Innern des Insektenhirns liegender dreigeteilter Bereich.

Die Gemeinsamkeiten beginnen schon bei der Embryonalentwicklung, während derer die Vorläuferzellen, welche später Basalganglien bzw. den Zentralkomplex bilden, aus jeweils ähnlichen Bereichen des embryonalen Gehirns stammen.

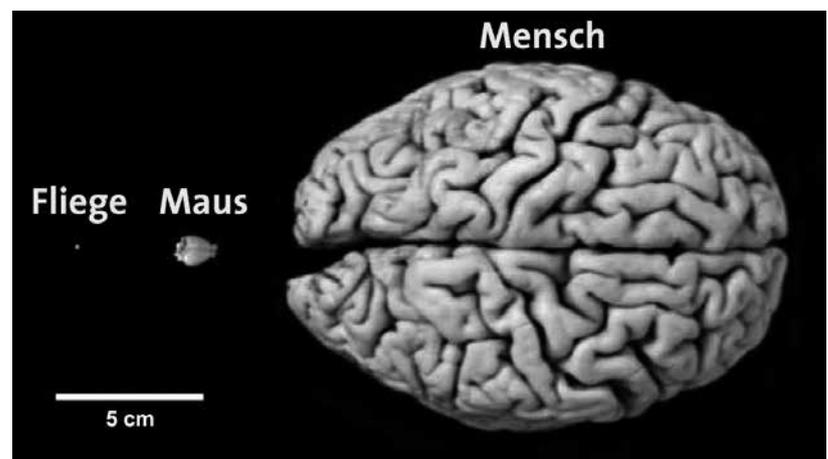
Die Gemeinsamkeiten betreffen die Embryonalentwicklung, die genetischen Programme, die räumlichen Muster der Genaktivität, die neuronale Architektur, die Verschaltung der verschiedenen Hirnbereiche und anderes.

Untersuchungen der Genaktivität während der Gehirnentwicklung zeigen, dass viele homologe (also von der DNA-Sequenz ähnliche) Gene in entsprechenden Regionen bei Gliederfüßern und Wirbeltieren aktiv sind. In Basalganglien und Zentralkomplex laufen im sich entwickelnden Gehirn also vergleichbare genetische Programme ab und das in ähnlichen räumlichen Mustern.

Die neuronale Architektur, also die Anordnung von Nervenzellen bei Basalganglien der Wirbeltiere und im Zentralkomplex der Gliederfüßer zeigt einen vergleichbar modularen Aufbau, wobei die einzelnen Komponenten in den Tieren beider Tierstämme ähnliche Funktionen erfüllen. Der sogenannte Fächerförmige Körper der Insekten ist dabei vergleichbar dem Wirbeltier-Striatum und der Ellipsoide Körper dem sog. Pallidum der Wirbeltiere (beides Elemente der Basalganglien).

Auch die Verschaltung der verschiedenen Bereiche zeigt deutliche Ähnlichkeiten: Hemmende Neuronen (Nervenzellen), die

Abb. 1 Trotz enormer Unterschiede in Größe und Form bauen die Gehirne von Fliege, Maus und Mensch auf ähnlichen genetischen Strukturen auf, die vergleichbare Verhaltensweisen in ähnlicher Art und Weise regulieren. (© Dr. Frank HIRTH, King's College London; <http://www.kcl.ac.uk/iop/depts/neuroscience/research/Groups/Hirth/Index.aspx>)



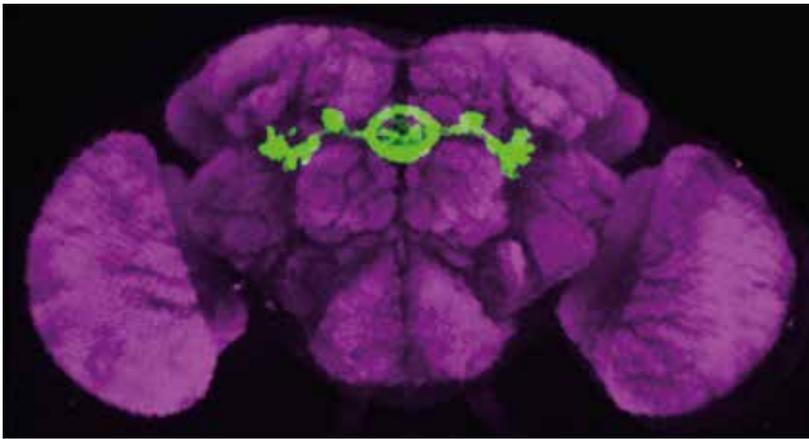


Abb. 2 Gehirn einer Fruchtfliege, in dem eine Unterstruktur des Zentralkomplexes sichtbar gemacht ist (grün). Ähnlich wie die Basalganglien bei Wirbeltieren vermittelt der Zentralkomplex die Verhaltensweisen. (© Dr. Frank HIRTH, King's College London; <http://www.kcl.ac.uk/iop/depts/neuroscience/research/Groups/Hirth/Index.aspx>)

γ -Aminobuttersäure (GABA) als Überträger-substanz zwischen Nervenzellen verwenden, sind in Regelkreisen mit Dopamin und Glutamat verwendenden Neuronen verschaltet. In Wirbeltieren werden Bewegungen nämlich auf unerwartet komplizierte Art gesteuert, indem Nervenzellen, die Dopamin als Transmitter verwenden, Bewegungshemmung aufheben bzw. modulieren. Die Bewegungshemmung wird durch Neuronen hervorgerufen, die GABA als Transmitter verwenden; Bewegungen werden also dadurch ausgelöst, dass die Hemmung aufgehoben wird. Das Prinzip ist vergleichbar etwa der Druckluft-Feststellbremse bei LKWs, die erst durch Pressluft geöffnet werden muss, bevor das Fahrzeug sich bewegen kann. Bei Gliederfüßern deuten die Befunde auf ganz ähnliche komplizierte Schaltkreise mit Neuronen derselben Spezifitäten hin, die in diesem Fall den Fächerförmigen und den Ellipsoiden Körper verbinden.

Die augenscheinlichsten Gemeinsamkeiten zwischen Basalganglien und Zentralkomplex kann man aber feststellen, wenn die entsprechenden Strukturen entweder gezielt oder durch Verletzungen, Infektionen oder altersbedingte Degeneration beeinträchtigt werden: Beim Menschen z.B. wird durch Störung der Basalganglien eine breite Palette von motorischen Fehlfunktionen hervorgerufen, die sowohl übertriebene als auch unterdrückte Bewegungsaktivität zur Folge haben kann. Wenn zum Beispiel die oben genannten dopaminergen Neuronen ausfallen, führt das zur Parkinson-Krankheit, die dadurch gekennzeichnet ist, dass das Gehirn mehr und mehr Bewegungen nicht mehr kontrolliert unterdrücken kann. Auch Tourette-Syndrom, Chorea Huntington, Verkrampfungen und Fehlhaltungen, aber auch psychiatrische Fehlfunktionen wie Gedächtnisstörungen, Aufmerksamkeits-, Affektive- und Schlafstörungen sind Folge von Defekten der Basalganglien.

Interessanterweise zeigen Insekten ganz ähnliche Verhaltensweisen und Defizite, wenn Strukturen im Zentralkomplex beeinträchtigt sind. In der Tauflye führt Mangel an Dopamin

zu Bewegungsstörungen, verlängerten Schlafzeiten und Verlust von Vermeidungsreaktionen, die normalerweise durch bestimmte Gerüche hervorgerufen werden. Altersbedingter Mangel an Dopamin ausschüttenden Neuronen führt auch hier zu Parkinson-ähnlichen Symptomen. Dr. HIRTH vom Londoner King's College für Psychiatrie stellt deshalb fest, dass er am beeinträchtigten Insektenhirn viel darüber lernen kann, wie Fehlfunktionen im menschlichen Gehirn zustande kommen.

All diese in der Summe erstaunlichen Ähnlichkeiten deuten die Autoren als „tiefe“ Homologie, also Ähnlichkeit durch gemeinsamen Ursprung zwischen Tierstämmen, die eigentlich als nur sehr entfernt verwandt angesehen werden. Sie bedeutet in letzter Konsequenz, dass bereits der sehr entfernt angenommene erste gemeinsame Vorfahr von Wirbeltieren und Gliederfüßern (und Stummelfüßern sowie weiteren Würmern, die auch einen Zentralkomplex aufweisen) ein Gehirn besessen haben muss, das komplexes, durch absichtsvolle Bewegung geprägtes Verhalten steuern konnte. In einem Kommentar zu ihrer Publikation untermauern die Autoren diese Annahme mit Spuren, die unbekannte Lebewesen vor hunderten Millionen radiometrischen Jahren auf heute versteinertem Meeresboden hinterlassen haben, die bereits zielgerichtete Bewegungsänderungen erkennen lassen.

Bewertung

Wie schon wiederholt in *Studium Integrale Journal* berichtet deuten solche Befunde darauf hin, dass Lebewesen, unter Zugrundelegung des evolutionären Interpretationsrahmens für die geologischen Schichtfolgen, sehr früh und äußerst komplex in Erscheinung treten und dann offensichtlich über extrem lange Zeiträume keine grundlegenden Zugewinne in den beschriebenen Funktionen mehr erfahren. Noch heute kommen Insekten ohne ein voluminöses Großhirn aus und sind in der Lage, alle Bewegungen, die für die vielschichtigen Verhaltensweisen wie z.B. das Leben im Bienenstaat nötig sind, unter Nutzung ihres hirneigenen Zentralkomplexes zu steuern.

Der Vergleich mit Ergebnissen anderer Autoren bestätigt auch erneut, dass die Interpretation von Ähnlichkeiten als Hinweis für gemeinsame Abstammung mehr oder weniger willkürlich ist: Auch angesichts genauso komplexer Merkmale wie der Echoortung bei Insekten, Vögeln und Säugetieren lehnt z.B. ein renommierter Autor wie CONWAY MORRIS (2009) „Tiefe Homologie“ als Erklärung für diese Ähnlichkeiten ab und geht davon aus, dass sich die Funktionen unabhängig voneinander mehrfach entwickelt haben. Es

Es gibt kein objektives Kriterium, ab welcher Komplexität ein Merkmal nur durch gemeinsame Abstammung entstanden sein kann.

gibt offensichtlich kein objektives Kriterium, ab welcher Komplexität bzw. welcher Anzahl an Ähnlichkeiten und unter Berücksichtigung von welcher Distanz im (zuvor) konstruierten Stammbaum des Lebens ein Merkmal durch Vererbung (gemeinsame Abstammung) hervorgerufen sein soll oder durch mehrfache Evolution (Konvergenz).

Wenn – im besten Fall – durch Arbeiten am Zentralkomplex von Insekten Erkenntnisse gewonnen werden sollten, die helfen, die Parkinson-Krankheit zu besiegen, dann wird es unerheblich gewesen sein, ob die Ähnlichkeiten auf gemeinsamer Abstammung oder auf einer mehrfachen Anwendung eines erfolgreichen „Baukastensystems“ im „Baum des Lebens“ basieren. Die Ähnlichkeit an sich, als naturwissenschaftlich erfasste Tatsache, würde für diesen Therapieerfolg zum entscheidenden Wegbereiter

werden. Insofern ist DOBZHANSKYS These „Nothing in biology makes sense except in the light of evolution“ durchaus zu widersprechen.

Anmerkung

¹ Im Grunde ist der Fund von Spuren von Lebewesen, die zielgerichtete Bewegungen dokumentieren, nicht überraschend, egal wie alt die Spuren sind. Zielgerichtete Bewegungen sind ein grundlegendes Merkmal von Leben; wären Spuren nicht zielgerichtet, würde man sie wahrscheinlich nicht auf Lebewesen zurückführen.

Quellen

CONWAY MORRIS S (2009) The predictability of evolution: glimpses into a post-Darwinian world. *Naturwissenschaften* 96, 1313-1337.

GÜNTÜRKÜN O, WILD M, SHIMIZU T, BINGMAN VP & SHANAHAN M (2013) Large-scale network organization in the avian forebrain: a connectivity matrix and theoretical analysis. *Frontiers in Computational Neuroscience* 7; doi: 10.3389/fncom.2013.00089

STRAUSFELD NJ & HIRTH F (2012) Deep Homology of Arthropod Central Complex and Vertebrate Basal Ganglia. *Science* 340, 157-161.

http://www.youtube.com/watch?v=_16JqOLLdX4

Erstaunliches Experiment: Flosse zu Bein umgewandelt?

Durch molekulargenetische Manipulationen gelang es einer Forschergruppe, wurmförmige Anlagen statt Beckenflossen bei Zebrafischembryonen hervorzubringen. Ist damit ein wichtiger Schlüssel zum Verständnis der Entstehung von Vierbeinern aus Fischvorfahren gefunden?

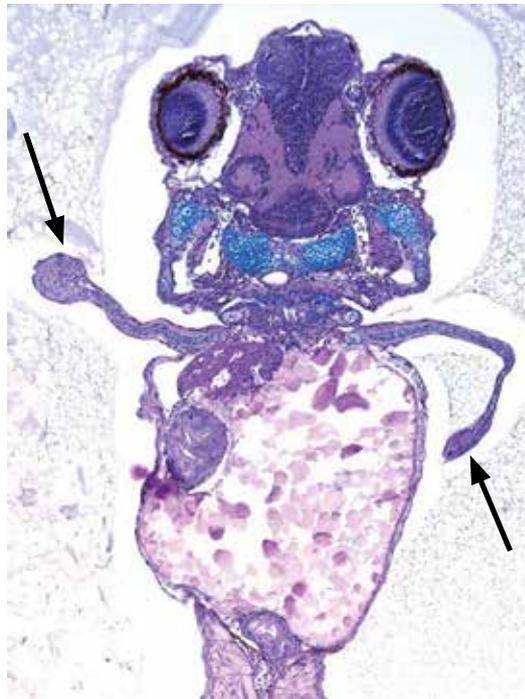
Reinhard Junker & Henrik Ullrich

Als einer der wohl wichtigsten evolutionären Übergänge bei Wirbeltieren gilt der Schritt vom Wasser ans Land und damit der mutmaßliche Umbau von Fischen zu Vierbeinern. Neben fossilen Funden werden heute vielfältige molekulargenetische Untersuchungen herangezogen, um herauszufinden, wie dieser Übergang vonstatten gegangen sein könnte. Sollte sich dieser hypothetische evolutive Umbau tatsächlich ereignet haben, wären davon zahlreiche Funktions- und Baumerkmale betroffen gewesen, unter anderem gilt dies für die Extremitäten: Flossen hätten zu Armen und Beinen umkonstruiert werden müssen. Typisch für die Vierbeiner-Gliedmaßen ist deren Dreiteilung in *Stylopodium* (Oberarmknochen, Humerus bzw. Oberschenkelknochen, Femur), *Zeugopodium* (Elle und Speiche bzw. Schienbein und Wadenbein) und *Autopodium* (Hand- bzw. Fußwurzelknochen, Mittelhand-

bzw. Mittelfußknochen und Finger- bzw. Zehenknochen). Diese charakteristische Unterteilung fehlt bei Fischen. Lediglich manche Extremitätenknochen der Quastenflosser erlauben andeutungsweise einen Vergleich mit Stylo- und Zeugopodium. Dagegen gilt das Autopodium allgemein als evolutionäre Neuheit ohne Homologie mit Bauelementen der Fischflossen. Beim Erwerb der Vierbeinerextremität gingen andererseits die Flossenstrahlen der Fischflossen verloren.

Nun ist es Forschern gelungen, durch experimentelle Manipulation an Embryonen von Zebrafischen die Ausbildung wurmförmiger, an Beinchen erinnernder Strukturen an den Stellen auszulösen, wo sich die Brustflossenanlagen befinden (Abb. 1). Die dafür erforderlichen künstlich herbeigeführten Änderungen der genetischen Regulation des Flossenwachstums

Abb. 1 Mikroskopische Darstellung eines feingeweblichen Schnittes in Höhe des Kopfes und des Rumpfes einer Zebrafischlarve 96 Stunden nach Befruchtung (Größe der gesamten Larve ca. 4 mm; das Bild zeigt nur den vorderen Teil der Larve). Die Anlagen für die Flossen sind als seitliche Bändchen (ca. 200 µm lang) unterhalb des Kopfes sichtbar, am Ende der Bändchen finden sich links mehr als rechts kölbchenartige Auftreibungen (Pfeile). Diese resultieren als Folge einer experimentell angeregten Hoxd13-Überexpression an den Spitzen der Flossen mit vermehrter Bildung von Knorpelvorläuferzellen, was als latente Fähigkeit zur Ausbildung eines Autopodiums von den Forschern interpretiert wird. (Aus FREITAS et al. 2012)



beim Zebrafisch wurden durch ausgeklügelte experimentelle Veränderungen des Erbguts und durch das gezielte Einspritzen von biologisch wirksamen Substanzen (Hormone) in den Embryo ermöglicht. Kleine Ursache – große Wirkung? Wurde damit ein Schlüssel gefunden, wie aus Fischflossen Beine von Vierbeinern werden konnten?

Von der normalen Entwicklung zur Ausbildung von „Beinchen“

Um die Bedeutung der „Beinchen“ des Zebrafisches einschätzen zu können, werfen wir einen Blick auf die normale ontogenetische Entwick-

lung von Beinen und Flossen. In den sich entwickelnden Flossen wird wie bei den Extremitäten der Landwirbeltiere zunächst ein Auswuchs, die sogenannte apikale ektodermale Randleiste (AER) gebildet, die bei der Brustflosse der Fische bald zu einer Flossenfalte wird. Das Wachstum eines Innenskeletts erfolgt im Vergleich mit Vierbeinern auf einem deutlich niedrigeren Niveau. Sowohl in den Anlagen der Fischflossen als auch in denen der Gliedmaßen der Vierbeiner sind spezifische Hoxd-Gene in dieser ersten Phase aktiv, aber nur bei den Vierbeinern erfolgt eine Aktivierung dieser Hoxd-Gene in einer zweiten späteren Phase im Zusammenhang mit der Bildung der körperfernen Teile inklusive der Finger (also des Autopodiums).

Daher wird vermutet, dass der Ursprung der Extremitäten durch eine insgesamt gesteigerte Aktivität des Hoxd-Gens mitverursacht wurde und die Entstehung des Autopodiums mit einer neu erworbenen zweiten Phase der Hoxd-Gen-Aktivität korreliert. Diese zweite Phase wird bei Vierbeinern durch einige Enhancer getriggert, die bei Fischen fehlen. (Enhancer bewirken eine vermehrte Nutzung eines Gens.) Wenn nun bei Fischen 1. die Hoxd-Genaktivität durch eine zeitlich abgestimmte Gabe von Hormonen in einer späteren Phase erhöht wird und 2. die fehlenden Enhancer in das Erbgut der Fische eingebracht und aktiviert werden, könnten die so induzierten Funktionssteigerungen der Hoxd-Gene in späteren Entwicklungsphasen bei Fischen zu vergleichbaren Ergebnissen wie bei Mäuseembryonen führen, also zur embryonalen Anlage von Extremitäten. So lautete der prinzipielle Ansatz einer Forschergruppe um José Luis GÓMEZ-SKARMETA (FREITAS et al. 2012; vgl. SCHNEIDER & SHUBIN 2012). Ihre Versuche werden im Textkasten beschrieben.

Diese Experimente schlugen gleich zwei Fliegen mit einer Klappe, da beide Änderungen (eine gesteigerte Aktivität des Hoxd13a-Gens und die Wirksamkeit zusätzlicher Enhancer) auch beim evolutiven Umbau einer Flosse in eine Extremität hypothetisch angenommen werden müssen. Denn es wurden sowohl die sich entwickelnden Flossenstrahlen in der Entwicklung gehemmt als auch Knorpelzellen an der Spitze der nun wurmförmig ausgebildeten Flossenanlagen gebildet (Abb. 2). Insbesondere die Ausdehnung und Neuordnung der Expressionsdomänen (Gebiet, in dem ein Gen abgelesen und damit genutzt wird) des Hoxd13-Gens und seiner Enhancer in der verkleinerten Flossenfalte bis zur Spitze ist beeindruckend. Dieser Befund bedeutet auch, dass im Erbgut des Zebrafisches genetische Regelkreise vorliegen, welche mit den eingebrachten Enhancern wechselwirken konnten. Die Hochregulierung von Hoxd13 könnte also in der evolutionären Geschichte der

Die Experimente

Die Forscher injizierten – den im Text beschriebenen Überlegungen folgend – in einem Experiment spezifisch veränderte Hoxd13-Genvektoren (HoxGR mRNAs, col2a1a:Hoxd13a mRNAs und hsp70:Hoxd13a mRNAs) in die befruchteten Eizellen von Zebrafischen. Diese Vektoren bauten das veränderte Hoxd13 Gen in das Erbgut des Zebrafischembryos ein. Die veränderten Hoxd13-Gene waren so gestaltet, dass sie eine deutlich höhere Aktivität in der Gegenwart von spezifischen Hormonen wie dem Glucokorticoïdhormon Dexamethason oder einem Hitzeschockprotein aufwiesen. Diese Hormone wurden während ausgewählter Entwicklungsphasen (z. B. nach 24, 30, 32 und 48 Stunden) dem sich entwickelnden Embryo zugegeben. Als Ergebnis des Experimentes zeigte

sich, dass bei 40% der so behandelten Embryonen die sich entwickelnden Flossenstrahlen verplumpten, in ihrer Breitenentwicklung gehemmt und Knorpelzellen an der Spitze der nun wurmförmigen ausgebildeten Flossenanlagen gebildet wurden. Dort waren sie sonst nicht zu finden. Knorpelzellen sind auch Vorläufer für die Ausbildung von Knochengewebe. In einem zweiten Experiment wurden spezielle Enhancer für das Hoxd13-Gen der Maus (mCsC) über einen ähnlichen Mechanismus wie oben beschrieben in das Erbgut des Zebrafisches eingebracht. Deren Expressionsmuster und das durch sie veränderte Expressionsmuster des Hoxd13-Gens dokumentierte man während der Ausbildung der Flossenanlage. Diese Muster ähnelten denen, die auch bei einem Mäuseembryo auftreten.

Vierbeiner mittels neu erworbener Enhancer (s.o.) erfolgt sein, was denselben Effekt hätte wie die künstliche Erhöhung von Hoxd13-Aktivität durch die gezielten Hormonbehandlungen.

Welche Schlussfolgerungen erlaubt dieses Experiment?

Die Fischembryonen starben recht rasch nach den Behandlungen ab, da u.a. das spezifisch überaktivierte Hoxd13-Gen zu Unverträglichkeiten mit anderen Körperfunktionen führte, die nicht mit dem Leben und der Entwicklung des Zebrafischembryos vereinbar waren. Auf den gesamten Organismus bezogen führten die Versuche also in eine Sackgasse.

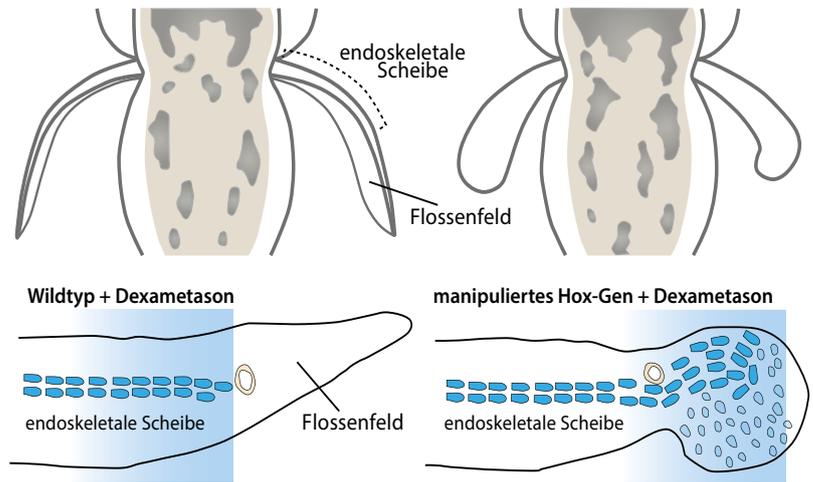
Im Hinblick auf die Entwicklung einer Vierbeiner-Extremität erlauben die Experimente keinerlei Aussagen bezüglich ihrer Folgen für das weitere Wachstum, die Gestaltung und die Differenzierung der sich entwickelnden Extremität. Dass man den entstandenen wurmförmigen Anhang als „Beinchen“ bezeichnet, entspricht der Zielsetzung des Experiments und dem Wunsch der Wissenschaftler, nicht dem tatsächlichen Ergebnis. Denn es fehlt eine Bauplanähnlichkeit der künstlich erzeugten „Beinchen“ mit Beinen von Landwirbeltieren. Wenn man zusätzlich

Auf den gesamten Organismus bezogen führten die Versuche in eine Sackgasse.

berücksichtigt, dass Beine ohne Verbindung mit einem Becken oder Arme ohne Verbindung mit dem Schultergürtel, die wiederum fest an der Wirbelsäule verankert sind, ihre Funktion nicht wahrnehmen können, erscheint die Bezeichnung „Beinchen“ mehr als gewagt. An dieser Stelle sei auch darauf hingewiesen, dass das embryonale Rohmaterial für die Bildung der bindegewebigen Strukturen wie Knochen, Knorpel und Muskeln bei Fischen z. T. aus anderen Quellen stammt als bei den Landwirbeltieren (BOISVERT et al. 2013).

Fakt ist, dass sich wurmförmige Anhängsel gebildet haben genau an den Stellen, die als Ausgangspunkt für eine Evolution von einer Brustflosse zu einer Land-Extremität vermutet werden. Die Expressionsmuster (Muster der Nutzung) einzelner Gene in diesen Anhängseln weisen zum Teil Ähnlichkeiten mit denen der Extremitätenanlagen bei Mäusen auf.

Fakt ist aber auch, dass diese von Menschen gezielt durchgeführten Experimente nicht dazu führten, lebensfähige Organismen hervorzubringen oder dass sich ähnliche Veränderungen auch im Bereich anderer Flossen vollzogen.



Dies sind nicht die einzigen Gründe, weshalb weitgehende Schlussfolgerungen aus diesem sicher bemerkenswerten Experiment nur mit Zurückhaltung möglich sind. So mahnt zur Vorsicht auch die Tatsache, dass die heutigen Zebrafische relativ weit von den mutmaßlichen Vorfahren der Landwirbeltiere entfernt sind, sowohl morphologisch als auch zeitlich (nämlich 400 Millionen Jahre nach radiometrischen Datierungen). Daher wirkt die evolutionäre Interpretation der experimentellen Daten eher gezwungen, wenn man meint, dass ein gemeinsames evolutionäres Erbe – wie die oben beschriebene Sensitivität auf die Enhancer der Hoxd13-Gene – im Erbgut bei Maus und Zebrafisch vorliegen könnte. Welche Selektionsdrücke könnten dieses *genetische Potential zur Extremitätenentwicklung* beim Zebrafisch über einen solch langen Zeitraum aufrechterhalten? Die beobachteten Veränderungen beim Zebrafisch sprechen eher für krankhafte Entwicklungsstörungen ausgelöst durch genetische und medikamentöse Beeinflussung der Embryonalentwicklung.

Es fehlt eine Bauplanähnlichkeit der künstlich erzeugten „Beinchen“ mit Beinen von Landwirbeltieren.

Man kann an dieser Stelle zwar argumentieren, dass aus zunächst nachteiligen oder krankmachenden Ausgangsbedingungen für das Individuum vorteilhafte Veränderungen entstehen können, wenn sich Umweltbedingungen entsprechend ändern. Aber welche Selektionsdrücke und welche Umweltbedingungen könnten den Erhalt der in den Experimenten erzeugten morphologischen Varianten begünstigen? Welche genetischen Mechanismen sind in der Lage, die in den Experimenten *intelligent vollzogenen* Umbauten des Erbgutes zu realisieren? Auf diese Fragen wird im Artikel der Forscher und in den vielen Kommentaren nicht eingegangen.

Für sich alleine genommen sind die beschriebenen künstlichen Veränderungen jedenfalls

Abb. 2 Oben: Schematische Gegenüberstellung der Flossenentwicklung bei Zebrafischlarven mit (rechts) und ohne (links) experimentelle Manipulation mit Überexpression des Hoxd13-Gens und nach Hormoninjektion (vgl. auch Abb. 1). Die verplumpte Anlage der Flosse und die Auftreibung an der Flossenspitze sind bei der manipulierten Larve deutlich sichtbar. (Nach SCHNEIDER & SHUBIN 2012)
Unten: Vergrößerter Querschnitt durch die Flossenanlage; Knorpelzellen blau. Das hellblaue Band zeigt die Region der Expression spezifischer Hox-Gene und ihrer Enhancer (Verstärker) für die Gliedmaßenentwicklung (u. a. Hoxd13a), links Wildtyp mit Behandlung von Dexametason, rechts manipulierte Larve mit Überexpression von Hoxd13a-GR und nach Injektion von Dexametason. Das Schema verdeutlicht, dass in der manipulierten Larve sich die Expressionsregion von Hoxd13a und der Enhancer deutlich nach peripher verschiebt und in der Flossenspitze Knorpelvorläuferzellen zusätzlich gebildet werden. (Nach FREITAS et al. 2012)

nicht vorteilhaft, selbst wenn man zugunsten des evolutionstheoretischen Arguments davon absieht, dass Zebrafische sich vom mutmaßlichen Landwirbeltier-Vorfahren erheblich unterscheiden (s.o.). Die durch die Experimente erfolgten Abwandlungen der Brustflossen würden selbst ohne den oben erwähnten fatalen Kollateralschaden keinerlei Vorteil für einen Fisch bringen. Dafür wären Hand in Hand gehende zahlreiche weitere abgestimmte Änderungen erforderlich, die dem Träger einer solch umgebauten Extremität wenigstens keinen Nachteil bescheren. Mit den so erzeugten „Beinchen“ kann der Fisch nichts anfangen, er stirbt ihretwegen bereits, bevor er diese in irgendeiner Weise nutzen kann.

Auch wenn beim hypothetischen Übergang vom Wasser ans Land nicht alle dafür erforderlichen Umbauten gleichzeitig erfolgen müssen: Eine isolierte Betrachtung von lediglich einzelnen Aspekten wird der biologischen Realität hier wie an vielen anderen Stellen nicht gerecht.

Anmerkungen

- ¹ Hox-Gene sind auch bei der Ausformung der Körperachse wesentlich beteiligt.
- ² Steuerelemente, die gewöhnlich vor dem betreffenden Gen liegen und durch deren Aktivität das betreffende Gen hochreguliert wird, so dass dieses vermehrt exprimiert (abgelesen, genutzt) wird.

Literatur

- FREITAS R, GÓMEZ-MARÍN C, WILSON JM, CASARES F & GÓMEZ-SKARMETA JL (2012) Hoxd13 Contribution to the Evolution of Vertebrate Appendages. *Dev. Cell*, dx.doi.org/10.1016/j.devcel.2012.10.015
- SCHNEIDER I & SHUBIN NH (2012) Making Limbs from Fins. *Dev. Cell*, dx.doi.org/10.1016/j.devcel.2012.11.011
- BOISVERT CA, JOSS JMP & AHLBERG PE (2013) Comparative pelvic development of the axolotl (*Ambystoma mexicanum*) and the Australian lungfish (*Neoceratodus forsteri*): conservation and innovation across the fish-tetrapod transition. *EvoDevo* 2013, 4:3, doi:10.1186/2041-9139-4-3

Genomdaten aus fossilem Pferdeknochen

Das älteste bisher ermittelte komplette Erbgut

Moderne, leistungsfähige Methoden zur DNA-Sequenzierung erleichtern die Gewinnung von Genomdaten. Dies wird in zunehmendem Maße auch in der Paläontologie genutzt, um Informationen über das Erbgut aus Fossilien und damit molekularbiologische Daten aus der Vergangenheit zu erhalten. Die Fossilien, die für die hier vorgestellte Studie genutzt wurden, weisen das bisher höchste radiometrisch bestimmte Alter für erfolgreiche Genomsequenzierung auf. Wie zuverlässig sind diese Informationen und welche Probleme gilt es bei deren Interpretation zu bedenken?

Harald Binder

Im Nordwesten Kanadas (Yukon Territory) war 2003 aus Permafrostboden der fossile Mittelhandknochen eines Pferdes geborgen worden. Zu den geologischen Gegebenheiten der Fundstelle und der Datierung machen ORLANDO et al. (2013) folgende Angaben: Das fossile Knochenfragment stammt aus einer Einheit mit organischen Komponenten, die gemeinsam mit Vulkanasche in Eisschichten abgelagert worden sind. Die Vulkanasche (Gold Run volcanic ash) war radiometrisch auf ein Alter von $735\,000 \pm 88\,000$ Jahren datiert worden. Resteiskeile unter der genannten Schicht belegen eine durchgängige Permafrostsituation seit der Ablagerung, auch wenn Hinweise auf zwischenzeitlich mildere Bedingungen vorliegen. Aufgrund dieser und weiterer Befunde geben die Autoren für das Fossil ein Alter von 560 000 bis 780 000 Jahren an. Morphologische Hinweise unterstützen eine

Einordnung ins Mittlere Pleistozän ebenso wie begleitende Fossilien kleiner Säuger und ein unendliches Radiokarbonalter (^{14}C).

Massenspektrometrische Analysen des fossilen Knochenfragments lieferten Hinweise auf das Eiweiß Kollagen in der Knochenmatrix sowie auf weitere 73 Proteine, darunter Peptide, die aus dem Blut stammen.

Diese Hinweise auf gute Erhaltung von Biomakromolekülen in dem fossilen Pferdeknochen veranlassten ORLANDO et al. (2013), die Probe für die Untersuchung auf fossile DNA zu nutzen. Mit modernen, leistungsfähigen Technologien zur DNA-Sequenzierung wurde das gesamte Erbgut ermittelt und unter Nutzung des Pferde-Referenz-Genoms zusammengestellt. Zu Vergleichszwecken und für phylogenetische Analysen sequenzierten ORLANDO et al. (2013) noch ein weiteres Pferdefossil aus dem Jungpleis-



Abb. 1 Przewalski-Pferde. Das Genom dieser Wildpferde wurde im Zusammenhang mit der hier vorgestellten Studie ermittelt. Das Genom dieser letzten Wildpferdpopulation weist eine auffällig große Variationsbreite auf. (GNU Freie Dokumentationslizenz)

tozän (radiometrisches Alter: 43 000 Jahre), fünf verschiedene heute lebende Pferderassen (*Equus ferus caballus*), ein Przewalski-Pferd (*E. przewalskii*) und einen Afrikanischen Esel (*E. asinus*).

Aufgrund vergleichender Genomstudien kommen die Autoren u. a. zu folgenden Aussagen:

- Die Pferdelineie, von der alle heutigen Pferde, Zebras und Esel abstammen, entstand vor 4,0–4,5 Millionen Jahren (das ist das Doppelte des bisher allgemein akzeptierten Alters für den letzten gemeinsamen Vorfahren der heutigen Pferdeartigen).

- Die Entwicklungslinien von Przewalski- und modernen Pferden haben sich vor 38 000–72 000 Jahren aufgespalten; es gibt keine Hinweise auf spätere Vermischung.

- Przewalski-Pferde weisen eine große genetische Variationsbreite auf, vergleichbar mit der der domestizierten Pferdepopulationen.

- 29 Bereiche im Pferdegenom scheinen durch die Domestikation beeinflusst zu sein.

Auch wenn die phylogenetischen Aspekte der Veröffentlichung von ORLANDO et al. (2013) hier nicht weiter diskutiert werden, so sei doch auf die Diskrepanz zwischen den zeitlichen Vorstellungen zur Entwicklung der Pferdeartigen anhand von morphologischen Merkmalen und derjenigen, die hier aufgrund molekularbiologischer Daten ermittelt wurde. Welchen Daten bzw. deren entsprechende Interpretation soll aus welchen Gründen der Vorzug gegeben werden? Dieser Konflikt scheint derzeit nicht nur bei den Pferdeartigen nicht entscheidbar.

Anmerkungen zu Genomdaten aus Fossilfunden

Bisher waren die ältesten Genomdaten an Bärenfossilien bestimmt worden, für die ein Alter von 110 000 – 130 000 Jahren angegeben wird; für die Fossilien, die für die Genome von Neandertalern oder Denisova-Menschen genutzt wurden, lauten die entsprechenden Altersangaben ca. 48 000 bzw. 30 000 – 48 000 Jahre.

Angesichts der Laborerfahrungen beim Umgang mit DNA und deren chemischer Beständigkeit ist nach wie vor nicht verstanden – im Sinne molekularer Mechanismen, für die empirische Befunde angeführt werden können –, wie DNA-Makromoleküle so lange Zeiträume unter entsprechenden geologischen Bedingungen erhalten bleiben.

ALLENTOFFT et al. (2012) haben an 158 Fossilien der als ausgestorben geltenden neuseeländischen Laufvögel Moa Untersuchungen zur Zerfallsgeschwindigkeit von DNA in Fossilien vorgelegt. Diese Moa-Fossilien aus 3 Fundstellen weisen Radiokarbonalter von ca. 600 bis ca. 7800 Jahren auf. Aufgrund der geologischen Gegebenheiten gehen die Autoren davon aus, dass die Bedingungen in den Fossilagerstätten vergleichbar sind. Sie haben damit erstmals die Gelegenheit, eine erstaunliche Vielzahl von Fossilien mit unterschiedlichen radiometrisch bestimmten Altern zu untersuchen und damit Hinweise auf die Zerfallsgeschwindigkeit (Kinetik) der DNA zu finden.

Für ein DNA-Polymer aus 242 Basenpaaren ermitteln die Autoren auf der Basis der Daten der Moa-Fossilien eine Halbwertszeit von 521 Jahren, was eine Nukleotid-Zerfallsrate von $5,5 \times 10^{-6}$ pro Jahr entspricht. Bei den entsprechenden geologischen Lagerungsbedingungen mit einer Temperatur von 13,1 °C ist diese Rate damit fast 400 mal langsamer als eine vergleichbare im Labor bestimmte Geschwindigkeit für Depurinierung (Abspaltung der Purin-Heterocyclen aus DNA-Molekülen) bei pH 5. Die Autoren diskutieren diese Diskrepanz und unterbreiten Vorschläge, wie der Unterschied zwischen den Zerfallsgeschwindigkeiten verringert werden könnte. Die Bedingungen im Labor sind im Vergleich zu den Gegebenheiten während der Fossilisation und Lagerungen sehr viel besser zu bestimmen und zu kontrollieren. Die Annahmen über die physikalisch-chemischen Randbedingungen und deren Änderungen während langer Zeiten sind dagegen mit großen Unsicherheiten behaftet.

ALLENTOFT et al. (2012) ziehen aus den kinetischen Daten ihrer Untersuchung an den Moa-Fossilien den Schluss, dass in Proben aus tiefgekühlten Lagerstätten auch nach mehr als einer Million Jahren noch sequenzierbare DNA-Fragmente vorhanden sein könnten.

Das von ORLANDO et al. (2013) vorgelegte fossile Pferdegenom passt in diesen von ALLENTOFT et al. (2012) aufgespannten Zeitrahmen (s. MILLAR & LAMBERT 2013). Die oben genannte

Feststellung, dass ein Verständnis der zugrundeliegenden chemischen Prozesse noch aussteht, ist durch weitere Genomdaten aus fossilen Proben nicht einfach vom Tisch zu wischen. Die verfügbaren sehr leistungsfähigen Methoden zur DNA-Sequenzierung lassen zukünftig weitere Untersuchungen dieser Art erwarten, die auch Hinweise liefern könnten zur Lösung der derzeitigen Diskrepanz zwischen chemischer Stabilität von DNA im Labor und wachsender Datenmenge zu Genomsequenzen aus alten Fossilien.

Für ein mechanistisches Verständnis der für die Erhaltung von Biomakromolekülen notwendigen Prozesse sind intensivere Bemühungen notwendig, vergleichbare Abläufe unter Laborbedingungen zu simulieren. Ob sie dazu führen, die Diskrepanz zwischen bisher bekannten Erfahrungen aus dem Labor und den Untersuchungen an Fossilien zu verringern, bleibt abzuwarten.

Literatur

- ALLENTOFT ME, COLLINS M, HARKER D, HAILE J, OSKAM CL, HALE ML, CAMPOS PE, SAMANIENGO JA, GILBERT MTP, WILLERSLEV E, ZHANG G, SCOFIELD RP, HOLDAWAY RN & BUNCE M (2013) The half-life of DNA in bone: measuring decay kinetics in 158 dated fossils. *Proc. R. Soc. B* doi:10.1098/rspb.2012.1745
- MILLAR CD & LAMBERT DM (2013) Towards a million year-old genome. *Nature* doi: 10.1038/nature12263
- ORLANDO L et al. (2013) Recalibrating *Equus* evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse. *Nature* doi: 10.1038/nature12323

Das Sporangien-Katapult – ein miniaturisierter Schleudermechanismus

Die im Pflanzenreich als relativ ursprünglich geltenden Farne besitzen einen sehr effizienten, biomechanischen Verbreitungsmechanismus für ihre Sporen. Neuere Untersuchungen eröffnen einen detaillierten Einblick in eine ausgeklügelte Sporangien-Schleuder, gegen die mittelalterliche Steinschleudern ausgesprochen primitiv sind.

Winfried Borlinghaus

Die meisten Farne besitzen auf ihrer Blattunterseite deutlich erkennbare bräunliche Flecken (Sori), die sicher jedem aufmerksamen Naturbeobachter schon aufgefallen sind (Abb. 1, 2). Sie können sehr unterschiedliche Formen aufweisen. Bei dem in Deutschland verbreiteten Tüpfelfarn (*Polypodium vulgare*) sind es kreisrunde „Tüpfel“. Betrachtet man diese genauer, erkennt man bei entsprechender Vergrößerung, dass sie aus unzähligen Sporenbehältern bestehen. Diese als Sporangien bezeichneten

Miniatur-Behälter enthalten die der ungeschlechtlichen Fortpflanzung dienenden Sporen der Farne.

Das einzelne Sporangium entpuppt sich unter dem Mikroskop als ausgefeilte Schleuderapparatur – ein regelrechtes Miniatur-Katapult! Die ausgeklügelte Mechanik sorgt dafür, dass die Sporen des Farns mit hoher Geschwindigkeit weggeschleudert werden. Die Schleuderkraft des miniaturisierten Katapultes bewirkt gemeinsam mit dem Wind eine effiziente Verbreitung der



Abb. 1 Tüpfelfarn mit runden Sporangienhaufen im Gegenlicht. (Foto: W. BORLINGHAUS)

Sporen, die wiederum die Vermehrung der Pflanze ermöglichen.

Die Details dieser Einrichtung sind an Genialität kaum zu überbieten und wurden anhand des Goldtüpfelfarns (*Phlebodium aureum*) u. a. von Xavier NOBLIN und seinen Kollegen von der französischen Forschungsorganisation CNRS (*Centre National de la Recherche Scientifique*) genauer untersucht (NOBLIN et al. 2012).

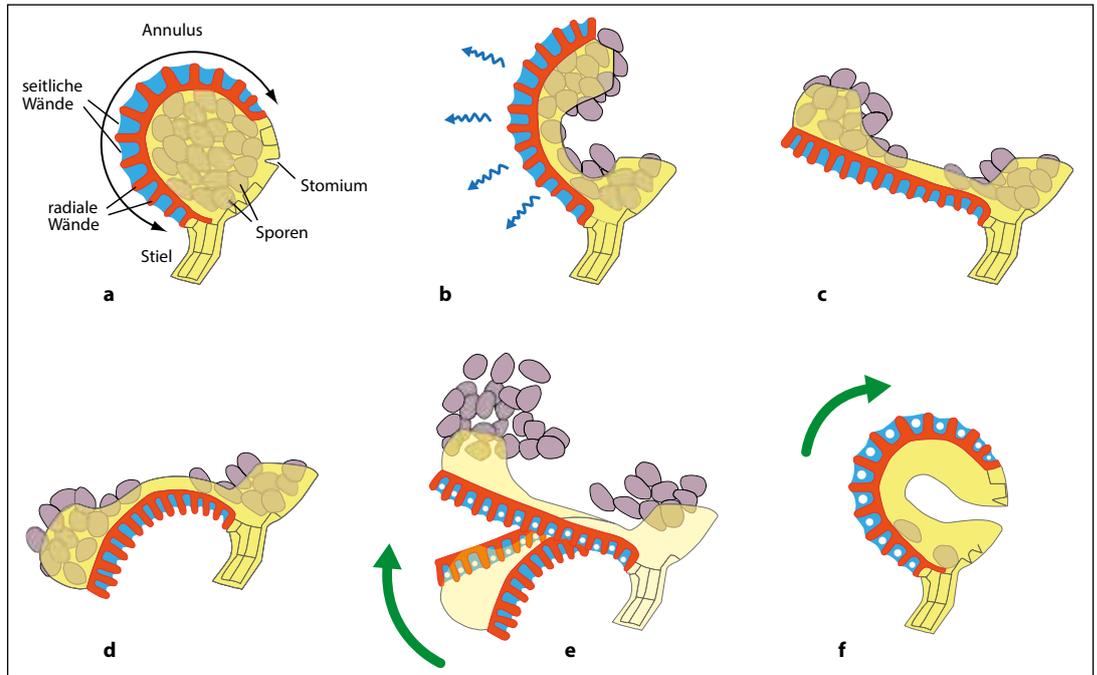
Die Sporen befinden sich in einer geschlossenen Kapsel, die von einem zunächst stark nach innen, um die Kapsel gekrümmten Zellenstrang, dem Anulus (oder Annulus), umgeben sind (Abb. 3a). Die Zellen dieses Strangs sind speziell konstruiert. Sie besitzen relativ starre und feste Zellwände. Eine Ausnahme bildet die äußere, von der Sporenkammer abgewandte, Zellwand. Sie ist vergleichsweise dünn und durchlässig gestaltet. Bei entsprechenden klimatischen Bedingungen nach der Reife der Sporen kann durch Verdunstung das Wasser im Inneren der Anuluszellen recht schnell entweichen. Dabei baut sich im Zellinneren kurzfristig ein starker Unterdruck auf. Gleichzeitig verdunstet Wasser in der Sporenkammer. Diese reißt auf und die Sporen liegen wie in einer hohlen Hand frei, ohne dass sie herausfallen können (Abb. 3b-d). Gleichzeitig falten sich bei zunehmendem Unterdruck in den Anuluszellen die dünnen Außenwände ein. Die starken Zelltrennwände werden dadurch an den äußeren Enden zusammengezogen. In der Folge biegt sich der gesamte Anulusstrang, der aus 12 bis 13 solcher Zellen besteht, wie eine gespannte Feder zurück. Dies geschieht, bis der Unterdruck bei ca. -9 MPa einen kritischen Punkt erreicht,

bei dem es zu dramatischen Kavitationseffekten kommt.¹ Dadurch bilden sich in Sekundenbruchteilen Gasbläschen in den Zellen, die zu einem schlagartigen Volumenzuwachs führen. Im Ergebnis schnellst der Anulusstrang innerhalb von etwa 10 Mikrosekunden mit enormer

Abb. 2 Geöffnete Sporangienhaufen (Sori) auf der Unterseite eines Wedels des Wurmfarne (*Dryopteris filix-mas*). (Foto: R. JUNKER)



Abb. 3 Verschiedene Stadien des Katapultmechanismus beim Farnsporangium. Erläuterungen im Text. Unter <http://www.youtube.com/watch?v=mDIHGrINPE> wird der Katapultmechanismus auch mit bewegten Bildern gezeigt. (Nach einem Poster von C. LLORENS, M. ARGENTINA, J. DUMAIS & X. NOBLIN; <http://tinyurl.com/lezho3n>)



Geschwindigkeit zurück in Richtung seiner ursprünglichen Position (Abb. 3e und f).

Als echtes Katapult benötigt die Vorrichtung nun noch einen Stopper. Dieser muss verhindern, dass die offene Sporenkapsel quasi an der Befestigungsstelle des Anulusstranges aufschlägt und somit die Schleuderwirkung sinnlos verpuffen würde. Bei mittelalterlichen Katapulten wurde dieser Stopper in Form eines starken, gepolsterten Querbalkens eingebaut, gegen den der Hebelarm des Katapultes nach Entspannung des

Mit nur wenigen Pflanzenzellen wird ein perfektes Miniatur-Katapult verwirklicht, dessen Details an Genialität kaum zu überbieten sind.

Federmechanismus prallte. Der Hebelarm wurde abrupt gestoppt und die Kugel, bedingt durch ihre Massenträgheit, in einem optimalen Winkel weggeschleudert. Beim Sporangien-Katapult werden hierbei immerhin Geschwindigkeiten von 10 m/s erreicht! Der notwendige Stoppmechanismus ist dabei erstaunlicherweise gleich in den Hebelarm des Anulus integriert, so dass kein zusätzliches Bauteil benötigt wird. Beim Zurückschnellen kann das durch die Kavitationsbläschen verdrängte Wasser nicht schnell genug aus den umliegenden Zellwänden ergänzt werden. Durch diese „Hydraulikbremse“ wird der zurückschnellende Anulus-Hebelarm stark abgestoppt, bis der Wasservolumenausgleich innerhalb von ca. einer halben Sekunde erfolgt ist und sich der Anulus zu ca. 85 % wieder schließt (Abb. 3f).

Insgesamt ist mit nur wenigen Pflanzenzellen ein perfektes Katapult verwirklicht und der Gedanke liegt sehr nahe, dass solche Genialität nicht alleine durch Selbstorganisationsmechanismen

erklärt werden kann. Man kann hier durchaus Ernst KULLMANN und Horst STERN (1981, S. 242) beipflichten, die vor etlichen Jahren angesichts vergleichbar fantastischer Einblicke in die Spinnenbiologie bemerkten: „Es sind noch am ehesten Maschinen wie das Elektronenmikroskop, die einen verengten Spezialisten wieder transzendieren lassen. (...) Fabre jedenfalls, da bin ich sicher, hätte in solchen Bildern Gott nicht mehr gesucht. Er hätte ihn gesehen.“ Was spricht angesichts solcher Entdeckungen wie beim Sporangien-Katapult dagegen, eine solche Schlussfolgerung selbst zu ziehen, wie sie der im Zitat erwähnte französische Insektenkundler Jean-Henri FABRE, ein evolutionskritischer Zeitgenosse von Charles DARWIN, gezogen hat?

Anmerkung

¹ http://www.pro-physik.de/details/news/1113287/Kuenstlicher_Baum_laesst_die_Saefte_schiessen.html. Unter einem Kavitationseffekt versteht man das Wechselspiel plötzlicher Verdampfung und Kondensation von Flüssigkeiten bei einem kritischen Unterdruck. Hierbei bilden sich im Wasser entsprechende Wasserdampfblasen. Kurzzeitig können dabei, insbesondere beim Kollaps einer Kavitationsblase, erhebliche Drücke und Temperaturen auftreten, die bei technischen Geräten sogar Schäden an Metallteilen verursachen können.

Quellen

KULLMANN E & STERN H (1981) Leben am seidenen Faden. Kindler.
 NOBLIN X, ROJAS NO, WESTBROOK J, LLORENS C, ARGENTINA M & DUMAIS J (2012) The fern sporangium: a unique catapult. *Science* 335, 1322.
 POLLMANN M (2012) Sporenkatapult des Farns ergründet <http://www.spektrum.de/alias/biophysik/sporenkatapult-des-farns-ergruendet/1145522>



Abb. 1 Grüner Leguan, fotografiert im „Haus des Meeres“/Österreich. (Wikimedia Commons)

Morphologie und Moleküle in scharfem Widerspruch

Unter der Annahme von Evolution war erwartet worden, dass Ähnlichkeitsbäume (Cladogramme), die auf „traditionellen“ anatomischen und morphologischen (gestaltlichen) Merkmalen beruhen, mit Ähnlichkeitsbäumen harmonieren, die auf molekularen Daten basieren (also auf Sequenzvergleichen von Proteinen und Nukleinsäuren). In vielen Fällen haben jedoch molekulare Analysen sicher geglaubte traditionell begründete Verwandtschaftsverhältnisse in Frage gestellt. Eine besonders schwerwiegende Diskrepanz wurde unlängst bei den Eidechsenartigen beschrieben.

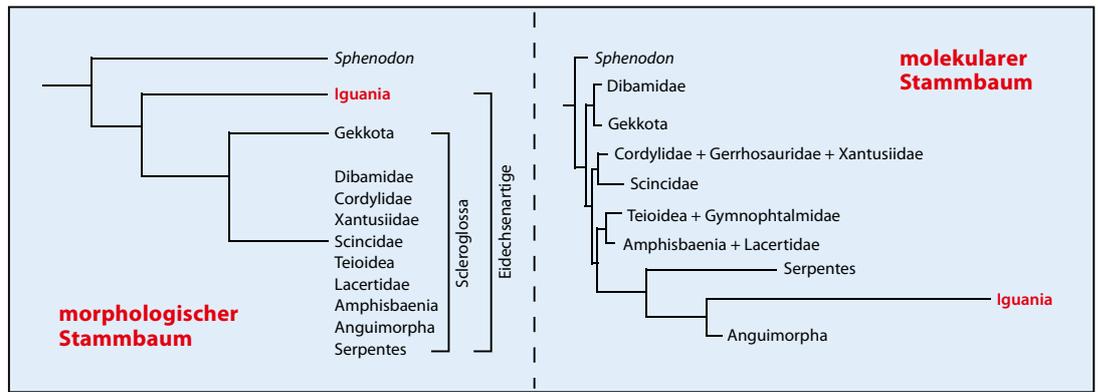
Reinhard Junker

Als die ersten Cladogramme (baumförmige Darstellung von Ähnlichkeitsbeziehungen) auf der Basis von Proteinvergleichen verschiedener Arten veröffentlicht wurden, schienen sie die Ähnlichkeitsmuster der „klassischen“ Taxonomie zu bestätigen, denen morphologische (gestaltliche) und anatomische Merkmale zugrundeliegen. Moleküle (Proteine, DNA) und Morphologie passten zusammen, so wie es aus evolutionstheoretischer Perspektive auch erwartet worden war. Man sah darin eine Bestätigung, die Cladogramme als evolutionäre Abstammungsabfolgen zu interpretieren.

Bald aber tauchten auch Diskrepanzen auf, die Zusatzhypothesen und kompliziertere Erklä-

rungen erforderten, um die Daten evolutionstheoretisch schlüssig interpretieren zu können. Es stellte sich heraus, dass molekulare Daten den klassischen Verwandtschaftsbeziehungen insbesondere der größeren systematischen Gruppen oft widersprachen (s. z.B. RICHTER & SUDHAUS 2004; VALENTINE 2004, 115, 148; u. v. a.). LOSOS et al. (2012) berichten nun von einem Fall einer schwerwiegenden Diskrepanz zwischen morphologischen und molekularen Phylogenien, für deren Auflösung nach ihrer Einschätzung kein Schlüssel in Sicht ist. Es geht dabei um die Ähnlichkeitsbeziehungen der Eidechsenartigen (Lacertilia) mit über 30 Familien und ca. 9000 Arten. Sie werden in die Leguanartigen (Igu-

Abb. 2 Die beiden sehr verschiedenen Cladogramme basierend auf morphologischen bzw. molekularen Daten. Das auf morphologischen Daten beruhende Cladogramm ist durch zahlreiche Merkmale begründet. Losos et al. (2012) bezeichnen die Diskrepanz als „evolutionäres Rätsel“. (Nach Losos et al. 2012)



ania), Geckoartigen (Gekkota), Skinkartigen (Scincomorpha) und die Schleichenartigen (Anguimorpha) unterteilt. Nach traditioneller Sicht gabeln sich die Eidechsenartigen an der Basis in die Leguanartigen und die Scleroglossa, diese wiederum in die Geckoartigen und alle anderen Gruppen (Abb. 2). Die Leguanartigen besitzen demnach viele ancestrale („ursprüngliche“) Merkmale. Doch widersprechen molekulare Daten, die in den letzten zehn Jahren gewonnen wurden, dieser Sicht massiv. Demnach befinden sich die Leguanartigen nämlich weit oben im Cladogramm bei den Schleichartigen und Schlangen. Dem auf morphologischen Merkmalen basierten Cladogramm liegt eine enorm große Datenbasis von 192 Arten und 610 variablen Merkmalen zugrunde, von denen 40% erst durch neue Untersuchungstechniken ermittelt wurden. Es war erwartet worden, dass die Verbesserung des morphologischen Datensatzes zu einer Annäherung an das molekular begründete Cladogramm führen würde, „doch die Daten hätten nicht widersprüchlicher sein können“ (Losos et al. 2012, 1429). *Kein einziges relevantes Merkmal unterstützt die Position der Leguanartigen hoch im Cladogramm der Eidechsenartigen.*

Lösungsmöglichkeiten?

Losos et al. (2012) stellen fest, dass bei widersprüchlichen Phylogenien einer der beiden Datensätze irreführend sein müsse. Zum einen könnten viele gemeinsame morphologische Merkmale konvergent oder durch Rückentwicklung entstanden sein. Dann würden die Ähnlichkeiten fälschlicherweise gemeinsame Abstammung vortäuschen. Das müsse man häufig annehmen. Doch in diesem Fall sei dies unwahrscheinlich, weil die anzunehmenden Rückentwicklungen viele funktionell verschiedene Teile der Anatomie betreffen, die zudem embryonal auf verschiedene Weisen entstehen. Außerdem haben die Leguanartigen verschiedene Lebensweisen, von großen Pflanzenfressern über ameisenfressende Krötenechsen bis zu gleitend sich fortbewegenden Formen. Diese Vielfalt spiegelt

kaum eine Anpassung an einen allgemeinen Lebensstil wider, so Losos et al.

Aber die Alternative, dass die molekularen Daten irreführend sind, scheidet an der Tatsache, dass nicht weniger als 44 proteincodierende Gene dem molekularen Cladogramm zugrundeliegen,

Das Rätsel ist bisher nur deshalb unlösbar, weil Evolution als Interpretationsrahmen nicht zur Disposition gestellt wird.

die alle in dieselbe Richtung weisen. Es sind zwar Fälle molekularer Konvergenzen bekannt, aber hier müsste ein unerklärbar hohes Ausmaß an Konvergenzen angenommen werden. Wir sind mit einem Rätsel konfrontiert, konstatieren Losos et al.¹ Wenn Konvergenzen derart tiefgreifend sind, welches Vertrauen könne man dann in Phylogenien fossiler Taxa haben, für die keine molekularen Daten verfügbar sind? Und akzeptiert man die morphologisch basierte Phylogenie, fehlt eine Erklärung für die molekularen Befunde.

Sollte dieser durch ausgesprochen zahlreiche Daten gestützte Befund ein Hinweis darauf sein, dass das evolutionäre Paradigma sich nicht bewährt? Jedenfalls entsteht das bisher unlösbare Rätsel nur deshalb, weil Evolution als Interpretationsrahmen nicht zur Disposition gestellt wird.

Anmerkung

Eine mögliche (wenn auch unbefriedigende) Erklärung, die die Autoren selbst anführen, liegt in der Struktur des Baumes der molekularen Analyse (Abb. 2), bei dem es sich um ein Phylogramm handelt, das im Gegensatz zum auf der Morphologie basierenden Cladogramm nicht nur die Topologie, sondern auch die Astlängen zeigt. Die Linie zu den Leguanen ist sehr stark in die Länge gezogen im Vergleich zu allen anderen Ästen des Baumes. Bei solchen Mustern, die man auf unterschiedliche Evolutionsraten der Gene in verschiedenen Organismenlinien zurückführt, werden die Methoden der phylogenetischen Analyse leicht überstrapaziert oder deren Vorannahmen verletzt. Dies könnte bedeuten, dass die unerwartete Gruppierung der Leguane ein Artefakt

der Analyse darstellt und dass daher diese molekularen Daten gar nicht in der Lage sind, die Beziehungen zu klären (immer unter der Annahme einer gemeinsamen Abstammung der Reptilien). Plausible Gründe für solche stark beschleunigten Raten sind zumindest in diesem Fall offenbar nicht bekannt. Der molekulare Baum sagt daher im Wesentlichen aus, dass Leguane von allen anderen Reptilien genetisch sehr stark abweichend sind. (J. FEHREK, pers. Mitt.)

Literatur

- LOSOS JB, HILLIS DM & GREENE HW (2012) Who speaks with a forked tongue? *Science* 338, 1428-1429.
- RICHTER S & SUDHAUS W (Hg, 2004) Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa. Sitzungsbericht der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin. N.F. 43, 1-221.
- VALENTINE JW (2004) On the origin of phyla. University of Chicago Press.)

Der Wurmfortsatz: Vom Nichtsnutz zum Mysterium

Der Wurmfortsatz, ein Anhängsel am Blinddarm, hat keinen guten Ruf. Häufig ist er Anlass für Schmerzen im rechten Unterbauch, die ein chirurgisches Eingreifen erforderlich machen. In der Evolutionsbiologie gilt der Wurmfortsatz als Paradebeispiel für ein rudimentäres Organ, welches seine ursprüngliche Form und Funktion im Verlauf der Evolution verloren hat und sich deshalb in einer zurückgebildeten Version vorfindet. Die Forschungen der letzten Jahre haben dieses traditionelle Bild vom Wurmfortsatz widerlegt. Er ist Träger wichtiger biologischer Funktionen (z. B. Infektabwehr) und zeigt eine unerwartete Verteilung unter den Säugetieren. Letztere zwingt dazu, den Wurmfortsatz aus evolutionärer Perspektive nicht mehr als eine zurückgebildete, sondern als eine mehr als 30 mal neu entstandene Struktur zu bewerten.

Henrik Ullrich

„Wahrscheinlich haben wir immer noch nicht das Mysterium der Appendix komplett geknackt.“ So die Reaktion des Evolutionsmediziners Randolph NESSE in „Science Now“ vom 12. 2. 2013 auf die Ergebnisse einer Studie zur Verteilung des Wurmfortsatzes (Appendix) unter Säugetieren und dessen Evolution. Dieses Anhängsel an unserem Blinddarm (*Caecum*) hat bekanntlich keinen guten Ruf. Denn er wird fast ausschließlich mit Schmerzen im rechten Unterbauch und mit chirurgischem Eingreifen in Verbindung gebracht. Als zweckloser Überrest unserer Stammesgeschichte steht er in fast allen Evolutions-Lehrbüchern.

Nun soll er ein „Mysterium“ sein? Wie kam es zu diesem erstaunlichen Wandel bezüglich der Beurteilung des Wurmfortsatzes, dem kleinen Anhängsel unseres Dickdarms (Abb. 1)?

Unvollkommen, zwecklos und rudimentär

Charles DARWIN befasste sich in seinem Hauptwerk „Die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl“ in einem Abschnitt über „Rudimentäre, atrophierte und abortive Organe“. Darin erläutert er: „Organe oder

Theile, in diesem eigenthümlichen Zustande den Stempel der Nutzlosigkeit tragend, sind in der Natur äusserst gewöhnlich. ... Ich glaube, dass Nichtgebrauch dabei hauptsächlich in Betracht komme, der während einer langen Generationen-Reihe die allmähliche Abschwächung der Organe veranlassen kann, bis sie endlich nur noch als Stümmel erscheinen. ... Nach der Annahme einer Fortpflanzung mit Abänderung können wir schliessen, dass das Vorkommen von Organen in einem verkümmerten, unvollkommenen und nutzlosen Zustande und

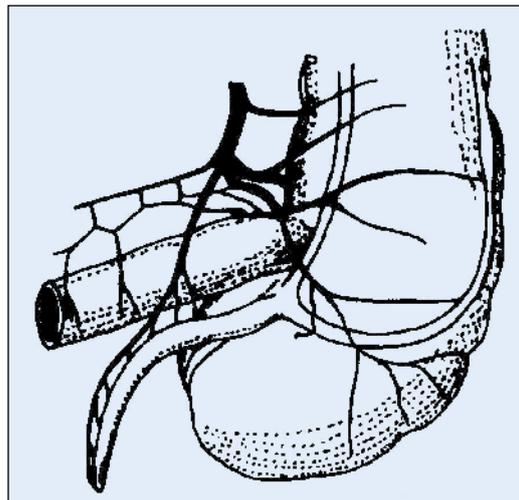


Abb. 1 Schemazeichnung des menschlichen Wurmfortsatzes. Schon die gute Durchblutung deutet auf Funktionalität hin. (Nach MURRIS 1991)

DARWIN über Fehler der Anatomie des Menschen

In seiner späteren Abhandlung „Die Abstammung des Menschen“ (3. Auflage, 1875) nutzte DARWIN die evolutionäre Herangehensweise, um sein „Argument der Unvollkommenheit“ am Beispiel des Wurmfortsatzes zu erhärten: „In Bezug auf den Verdauungskanal ist mir nur ein einziges Beispiel von einem Rudimente vorgekommen, nämlich der wurmförmige Anhang des Blinddarms. Der Blinddarm ist eine Abzweigung oder ein Divertikel des Darms, welcher mit einem Blindsack endigt, und bei vielen niedrigeren pflanzenfressenden Säugethieren ist er ausserordentlich lang, bei dem marsupialen Koala ist er factisch über dreimal so lang als der ganze Körper. Zuweilen ist er in einen langen, sich allmählich zuspitzenden Fortsatz ausgezogen und zuweilen in Abtheilungen abgeschnürt. Es scheint, als wenn in Folge veränderter Ernährung oder Lebensweise der Blindsack bei verschiedenen Thieren sehr verkürzt worden sei, wo dann der wurmförmige Anhang als Rudiment des verkürzten

Theils übrig bleibt. Dass dieser Anhang ein Rudiment ist, können wir aus seiner unbedeutenden Grösse und aus den Beweisen für seine Veränderlichkeit beim Menschen schliessen, welche Professor Canestrini gesammelt hat. Er fehlt gelegentlich vollständig oder ist wiederum bedeutend entwickelt; seine Höhle ist zuweilen vollständig für die Hälfte oder zwei Drittel seiner Länge verschlossen, wobei dann der Endtheil aus einer abgeplatteten, soliden Ausbreitung besteht. Beim Orang ist dieser Anhang lang und gewunden; beim Menschen entspringt er vom Ende des kurzen Blinddarms und ist gewöhnlich 4-5 Zoll lang, während er nur ein Drittel Zoll im Durchmesser hat. Er ist nicht bloss nutzlos, sondern wird zuweilen Todesursache, von welcher Thatsache mir vor Kurzem zwei Fälle bekannt geworden sind. Es rührt dies daher, dass kleine, harte Körper in den Kanal eindringen und dadurch Entzündung verursachen“ (Übersetzung der 3. Auflage nach C. G. CARUS, 1875 Band I, S. 26).

deren gänzliches Fehlschlagen, statt wie bei der gewöhnlichen Theorie der Schöpfung grosse Schwierigkeiten zu bereiten, vielmehr voraussehen war und aus den Erblichkeits-Gesetzen zu erklären ist“ (Übersetzung der 2. Auflage nach H. G. BRONN, 1860, S. 453, 458, 460).

So schrieb Charles DARWIN dem Wurmfortsatz des Menschen und zugleich auch den wenigen bis dahin bekannten analogen Strukturen bei einigen Säugetieren und Großaffen keine biologische Funktion mehr zu. Nach seiner Hypothese führte ein verändertes Nahrungsverhalten unserer Vorfahren dazu, dass sich der einst größere Blinddarm deutlich verkürzte. Der Blinddarm ist der erste Teilabschnitt des Dickdarms. DARWIN nahm weiter an, dass der Wurmfortsatz (Appendix) offensichtlich eine geschrumpfte, zurückgebildete Tasche (Divertikel) des früheren langen Blinddarms repräsentiert. Zur Zeit DARWINS existierten nur wenige Daten zum Vorkommen des Wurmfortsatzes bei den Säugetieren. Seine Schlussfolgerungen waren unter Zugrundelegung seiner Abstammungslehre und Vererbungslehre nachvollziehbar und eine willkommene, eingängige Bestätigung seiner Thesen.

Als Paradebeispiel für ein rudimentäres bzw. stammesgeschichtlich rückgebildetes Organ hielt diese Deutung des Wurmfortsatzes fast unverändert unter Berufung auf DARWINS Hypothese Einzug in viele Publikationen und Lehrbücher als Beleg der menschlichen Stammesgeschichte. So kann man z. B. aktuell in Meyers Großes Konversations-Lexikon dazu lesen (Stand 8. 7. 2013): „Rudimentäre Organe des Menschen, Körper-

teile, die ihres verkümmerten Zustandes wegen fast oder vollkommen leistungsunfähig sind. Sie sind aufzufassen als letzte Überreste von Organen, die bei den Vorfahren des Menschen wohl entwickelt und leistungsfähig waren, allmählich aber infolge von Nichtgebrauch im Laufe der Generationen rückgebildet wurden. ... Schließlich [sei der] ... sogen. Wurmfortsatz des Darmes erwähnt, der den verkümmerten Rest eines ehemals stärker entwickelten Blinddarmes darstellt und jetzt nur noch als Sitz gefährlicher Erkrankungen von Bedeutung ist“ (<http://tinyurl.com/kq22ef9>).

Der Wurmfortsatz: Zufluchtsort und Schutzschild

Die Forschungen insbesondere der letzten Jahrzehnte haben diese Beurteilungen jedoch vollständig widerlegt. Das gilt für die behauptete Unvollkommenheit, die vermutete Funktionslosigkeit, das Auftreten des Wurmfortsatzes unter den Säugetieren und damit auch für dessen evolutionäre Geschichte. Wenn man letztere zugrundelegt, muss sie komplett umgeschrieben werden.

Seit mehr als einem Jahrhundert ist bekannt, dass der feingewebliche Aufbau des Wurmfortsatzes reich an Lymphgewebe ist (z. B. BERRY 1900). Die darin sich befindlichen weißen Blutzellen besitzen eine zentrale Funktion bei der Abwehr von Infektionen. Nicht selten bezeichnet man deshalb den Wurmfortsatz auch als Darmmandel (bzw. Darmtonsille). In den letzten Jahren zeigte sich zusätzlich eine enge funktionelle Verknüpfung zwischen dem menschlichen Wurmfortsatz und der Besiedlung des Dickdarms mit lebenswichtigen Darmbakterien. Diesen Bakterien fällt die Aufgabe zu, die Ausbreitung gefährlicher Krankheitserreger im menschlichen Verdauungstrakt zu verhindern. Forscher fanden heraus, dass die Appendix des Menschen eine Art Zufluchtsort („safe house“) und Rettungsstation für symbiotische Bakterien darstellt (BOLLINGER 2007), die das Wachstum nützlicher Darmbakterien fördert und bei durchfallbedingten Darmentleerungen die Wiederbesiedlung mit diesen Bakterien ermöglicht bzw. erleichtert (vgl. dazu auch JUNKER 2003, 2008). Ein dünner Biofilm kleidet das innere Lumen (Hohlraum) des Wurmfortsatzes aus und bildet den natürlichen Nährboden für diese Darmbakterien. Bei der Aufarbeitung von Daten von Patienten nach Entfernung des Blinddarms zeigte sich auch ein enger physiologischer Zusammenhang hinsichtlich der Entstehung von chronisch entzündlichen Darmerkrankungen (wie z. B. Colitis ulcerosa, Morbus Chron) und dem Vorhandensein des

Wurmfortsatzes (SMITH et al. 2009, 2013). Dieses Wissen und das im Weiteren noch zu erläuternde relativ häufige Auftreten von Wurmfortsätzen bei den Säugetieren macht zweifelsfrei klar, dass diesem kleinen Organ eine wichtige physiologische Bedeutung zukommen muss und es für die bisher beschriebenen Funktionen optimal konstruiert ist (LAURIN et al. 2011).

„Die Datenlage stützt die Einsicht, dass die Appendix des Caecums eine immunologisch relevante Struktur ist. Ihre primäre Funktion ist die eines Zufluchtsortes für nützliche Bakterien. Dies basiert auf den Ergebnissen verschiedener Disziplinen einschließlich der Medizin, der Epidemiologie, Immunologie und Mikrobiologie ...“ (SMITH 2013, 15).

Rudiment der Stammesgeschichte?

Wenn dem Wurmfortsatz eine wichtige funktionelle Bedeutung zukommt, ist dann seine phylogenetische Deutung als rudimentäres Organ noch aufrecht zu erhalten? Charles DARWIN wies im oben genannten Kapitel seines Hauptwerkes „Über die Entstehung der Arten“ auch darauf hin, dass rudimentäre Organe durchaus Restfunktionen oder auch in einem morphologisch zurückgebildeten Stadium neue Funktionen übernehmen können. In dieser eingeschränkten Weise wäre also dessen Wertung als Rudiment in Anlehnung an DARWIN noch möglich. Die systematische Verteilung des Auftretens des Wurmfortsatzes bei den Säugetieren, das nachweisbare Fehlen einer Abhängigkeit seiner Existenz von Ernährungsgewohnheiten des jeweiligen Trägers und das Fehlen einer Korrelation von Ernährung und Länge des Blinddarms widersprechen jedoch deutlich dieser Deutung. Im Folgenden werden diese drei Argumente erläutert.

Rebecca E. FISHER von der Yale School of Medicine wies bereits 2000 in einer Arbeit darauf hin, dass die klassische stammesgeschichtliche Bewertung des Organs sich nicht mit den anatomischen und systematischen Fakten deckt. Die Auffassung, es handle sich bei der Appendix um ein rückgebildetes Organ, beruht ihrer Auffassung nach auf dem Vergleich mit solchen Säugetieren, die einen großen Blinddarm (z.B. Koala, Hauspferd) oder eine lange Appendix besitzen (z.B. Hase). Zusätzlich fehlten bislang, so FISHER weiter, klare Kriterien, die den Wurmfortsatz als solchen definieren. Als Kriterien für die Definition der Appendix schlug sie deshalb vor (vgl. Abb. 2):

- Eine schmale, markante Spitze (Apex), welche dem übrigen Blinddarm an seinem vorderen Ende aufsitzt,

- ein deutlich dickwandiger Aufbau dieser Spitze (Apex) im Gegensatz zum dünnwandigen Blinddarm und

- Konzentration von lymphoidem Gewebe (Gewebestrukturen, die reich sind an Lymphozyten, einer Untergruppe der weißen Blutkörperchen).

Auf der Grundlage dieser standardisierten morphologischen Kriterien ergab sich ein völlig anderer Blick auf das Vorkommen der Appendix innerhalb des Systems der Säugetiere (FISHER 2000, 229). Die daraus abzuleitenden phylogenetischen Interpretationen änderten sich dramatisch. Denn die Wurmfortsätze der höheren Primaten erschienen abgeleiteter („höherentwickelter“) als die der niederen Primaten – die Verhältnisse sind also genau umgekehrt wie nach evolutionstheoretischen Erwartungen. Allerdings waren die Verhältnisse bei vielen Primaten noch ungenügend bekannt. Vor einer stabileren Beurteilung forderte FISHER daher weitere Untersuchungen. 2007 sah BOLLINGER trotz der bis dahin immer noch vermuteten geringen Verbreitung des Wurmfortsatzes die These von FISHER bestätigt: „Das sporadische Vorkommen der Appendix in der Stammesgeschichte dürfte nahelegen, dass diese

Abb. 2 Morphologie der Appendix bei verschiedenen Säugetieren. Die Appendix ist jeweils dunkelbraun gezeichnet. A Mensch, B Orang-Utan, C Wombat, D Ameisenigel, E Schnabeltier, F Kaninchen, G Bodencuscus, H Opossum, I Kap-Standgräber (Graumull), J Stachelschwein, K Biber, L Koala, M Seekuh. (Nach SMITH 2013)

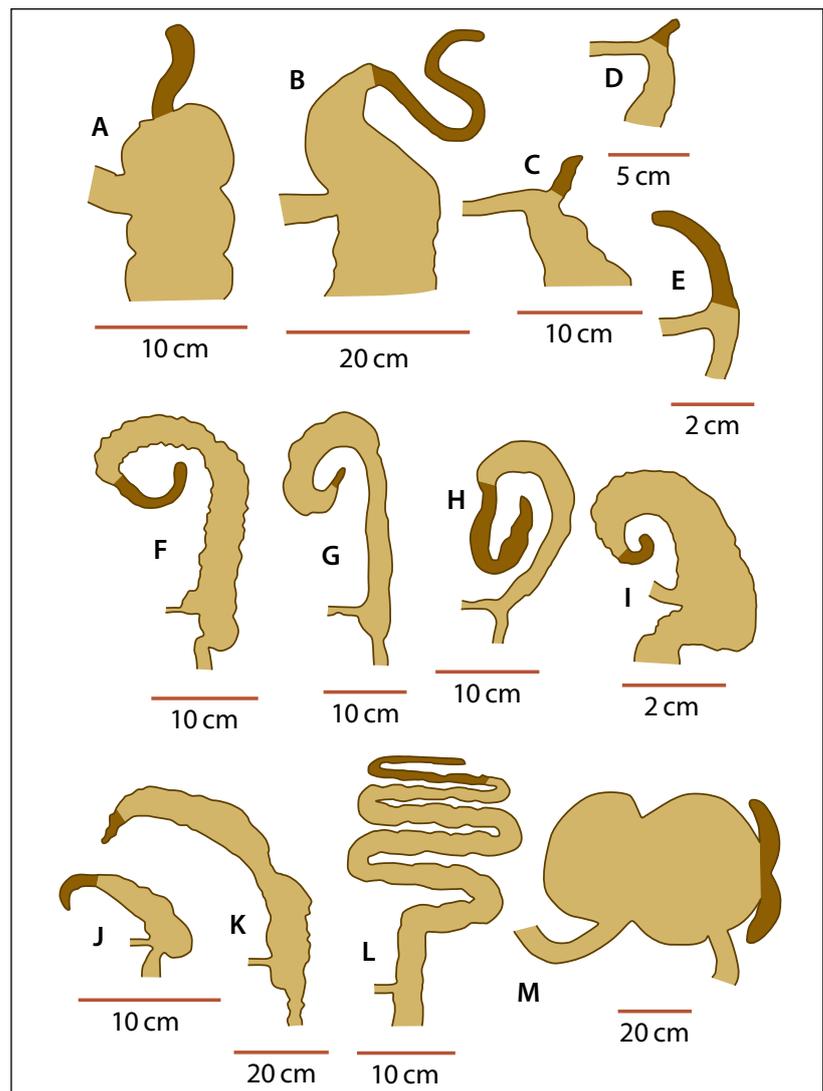
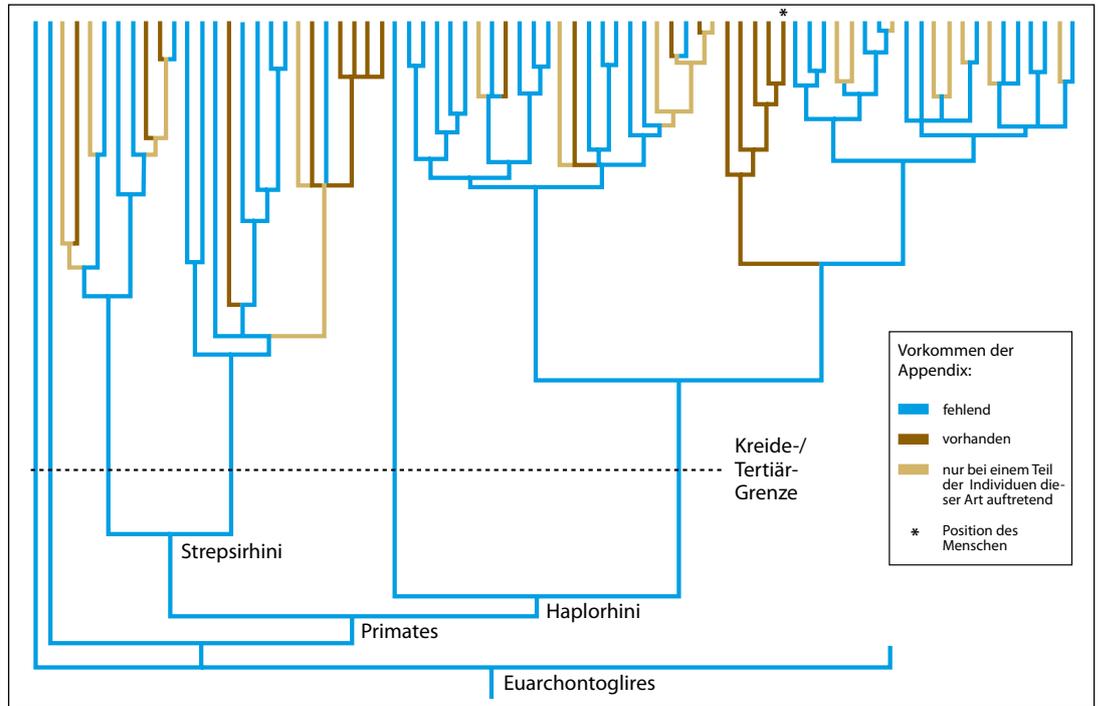


Abb. 3 Cladogramm der Euarchontoglires. Bei dieser Gruppe (für die es keine deutsche Bezeichnung gibt) handelt es sich um eine Überordnung der höheren Säugetiere, die die Nagetiere, Hasenartigen, Spitzhörnchen, Primaten und Riesengleiter umfasst. Allein in dieser Gruppe muss vielfach unabhängige Entstehung der Appendix angenommen werden (braune Äste). Jeder Ast steht für eine Art aus dieser Gruppe. (Nach SMITH et al. 2013; Details siehe dort)



Struktur eher evolutionär abgeleitet ist und einer spezifischen Funktion dient, als in ihr ein bloßes Überbleibsel eines vormals wichtigen Verdauungsorgans zu sehen“ (BOLLINGER et al. 2007, 827). Neue Ergebnisse, die zu einer völlig neuen Bewertung der Evolution des Wurmfortsatzes führten, lieferten die Studien von SMITH et al. (2009, 2013). Die gezielte Analyse der Anatomie zahlreicher heute lebender Säugetiere offenbarte bei unerwartet vielen Arten einen Wurmfortsatz. In den Studien von SMITH et al. wurden die von FISHER formulierten Erkenntnisse bestätigt. Darüber hinaus forderten die Autoren hinsichtlich der evolutionären Geschichte des Wurmfortsatzes eine komplett neue Sicht ein. SMITH et al. gingen 2009 noch davon aus, dass der Wurmfortsatz mindestens zweimal unabhängig (konvergent) entstanden sei, einmal in der Gruppe der Marsupialia (Beuteltiere) und in den Euarchontoglires, einer Untergruppe der Säugetiere, zu denen u.a. die Primaten, Hasenartigen und die Spitzhörnchen gehören. Bei ihrer aktuellen Analyse (2013) von 361 lebenden Säugetieren fanden sich 50 Arten, die über einen Wurmfortsatz verfügen. Neben dem Schnabeltier (Monotremata) und einigen Beuteltierarten (z.B. Opossum und Wombat) besitzen z.B. Kaninchen, Biber, Koalabären und das Stachelschwein eine Appendix exakt an der gleichen Position wie beim Menschen mit analogem feingeweblichen Aufbau, jedoch mit großer anatomischer Variabilität (vgl. Abb. 2). Das heißt, der Wurmfortsatz ist unter den Säugetieren deutlich weiter verbreitet, als man noch bislang angenommen hatte. Fügt man die nun bekannte Verteilung seines Auftretens in den aktuellen, auf molekularbiologischen Daten beruhenden Stammbaum der Säugetiere (BININDA-EMONDS

et al. 2007) ein, ergibt sich daraus eine unerwartete Schlussfolgerung: Es muss in mindestens 32 Fällen von einer konvergenten, also unabhängigen Entstehung des Wurmfortsatzes bei den Säugetieren ausgegangen werden. (vgl. Abb. 3). Zusätzlich – so eine weitere Folge aus der phylogenetischen Interpretation dieser Merkmalsverteilung unter den Säugetieren – scheint der Wurmfortsatz bei maximal 7 Tierarten evolutionär zurückgebildet zu sein. Damit ist entgegen aller Erwartungen gezeigt, dass der Wurmfortsatz ein abgeleitetes (apomorphes, neues) und kein rudimentäres Merkmal ist. Der zweite ebenso wichtige Schluss ist der, dass trotz der großen Ähnlichkeit der Wurmfortsatz innerhalb der Säugetiergruppen kein homologes, sondern ein konvergentes Merkmal repräsentiert. Bei den bisher diesbezüglich 361 untersuchten Säugetieren ergibt sich eine mehr als 30-fach unabhängige Entstehung (s. o.). Es ist damit zu rechnen, dass bei der Untersuchung weiterer der heute bekannten ca. 5500 Säugetierarten diese Zahl noch steigen wird.

Ernährung und Länge des Blinddarms ohne Einfluss

Einer zweiten Frage gingen SMITH et al. in ihrer aktuellen Studie nach. Gibt es tatsächlich einen Zusammenhang zwischen den Ernährungsgewohnheiten und dem Auftreten des Wurmfortsatzes in den einzelnen Säugetierlinien, wie nach DARWINS Selektionstheorie erwartet wurde? Auch dieser Deutungsansatz wurde widerlegt. Es fand sich bei der Betrachtung aller untersuchten Säugetiere kein Hinweis dafür, dass die Evolution

des Wurmfortsatzes als eine Reaktion auf Veränderungen von Ernährungsgewohnheiten oder des sozialen Verhaltens erklärbar wäre. Die bei Primaten zwar richtige Beobachtung DARWINs, dass ein vergleichsweise kurzer Blinddarm mit der Existenz des Wurmfortsatzes korreliert, lässt sich nicht auf die Gesamtheit der Säugetiere übertragen. Die Autoren sind deswegen der Ansicht, dass in jeder einzelnen Entwicklungslinie andere multifaktorielle Ursachengefüge dessen Entstehung oder sein Verschwinden hervorriefen.

Mysterium Appendix: Die Zeit ist reif für eine neue Hypothese

In ihrer abschließenden Diskussion kommen SMITH et al. zu einer interessanten Schlussfolgerung: „Es erscheint einsichtig, dass wenn DARWIN Zugriff auf mehr Fakten bezüglich des Auftretens der Appendix am Caecum bei Säugetieren gehabt hätte, er nicht das evolutionäre Szenario der Appendix so beschrieben hätte wie in seinem bahnbrechenden Werk. Wenn man sich das klar macht, scheint die Zeit reif dafür zu sein, eine neue Hypothese über die Entstehung der Appendix am Caecum zu formulieren“ (SMITH et al. 2013, 14).

Der Wurmfortsatz ist ein weiteres Beispiel dafür, dass die durch DARWIN motivierte biolo-

Der Wurmfortsatz ist ein Beispiel dafür, dass die biologische Forschung nicht zu den evolutionstheoretisch prognostizierten Ergebnissen führte.

gische Forschung nicht zu den evolutionstheoretisch prognostizierten Ergebnissen führte. Das „Argument der Unvollkommenheit“ oder der evolutionär bedingten Konstruktionsfehler verliert mit der Klärung der funktionellen Bedeutung des Wurmfortsatzes einen weiteren wichtigen Kronzeugen (vgl. zum Argument des Konstruktionsfehlers auch ULLRICH in dieser Ausgabe). Die bisher zu vermutende 30-fache unabhängige Entstehung der Appendix als neues Organ in unterschiedlichen Säugetierlinien reiht sich ein in die vielen Merkmale, die im Verlauf der Evolution bei Säugetieren ebenfalls konvergent entstanden sein sollen (z.B. Merkmale der Netzhaut, Mittelohr, Flugfähigkeit u. v. a. m., ULLRICH 2010, 2011, 2012). Keines der bisher diskutierten evolutionstheoretischen Modelle ist bislang in der Lage, eine kausale Erklärung für diese immer zahlreicher werdenden Fälle von Konvergenzen zu liefern. DARWINs Vererbungstheorie, die auf der Weitergabe erworbener Merkmale beruhte, war schon Anfang des 20. Jahrhunderts widerlegt, die

Selektionstheorie als Motor und Dirigent der Evolution konnte ihre Ansprüche nur in einem engen Rahmen einlösen.

Die neuen Evo-Devo-Ansätze gewinnen ihre Attraktivität aus dem Versagen der bisherigen Theorien und dem immensen Wissenszuwachs der experimentellen Embryologie und Molekularbiologie, ohne jedoch selbst die bestehenden Fragestellungen bisher grundlegend beantworten zu können. Die Zeit ist reif, nicht nur über eine neue Hypothese der Evolution des Wurmfortsatzes nachzudenken. Die hier vorgestellten und viele andere biologische Fakten geben Anlass, alternative Modelle zur Geschichte des Lebens ernst zu nehmen. Andere Antworten wie Schöpfung sind möglich und plausibel. Auch wenn man dabei nicht nur auf dem Boden der Naturwissenschaft nach Antworten für das Mysterium des Wurmfortsatzes suchen muss.

Literatur

- BERRY RJA (1900) The true caecal apex, or the vermiform appendix: its minute and comparative anatomy. *J. Anat. Physiol.* 35, 83.
- BININDA-EMONDS OR, CARDILLO M, JONES KE, MACPHEE RD, BECK RM, GRENYER R, PRICE SA, VOS RA, GITTLEMAN JL & PURVIS A (2007) The delayed rise of present-day mammals. *Nature* 446, 507-512.
- BOLLINGER RR, BARBAS RS, BUSH EL, LIN SS & PARKER W (2007) Biofilms in the large bowel suggest an apparent function of the human vermiform appendix. *J. Theor. Biol.* 249, 826-831.
- DARWIN Ch (1860) Die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl 2. Auflage, aus dem Englischen übersetzt durch H. G. Bronn, Stuttgart.
- DARWIN Ch (1875) Die Abstammung des Menschen. 3. Auflage Band 1, gänzlich umgearbeitete Auflage, aus dem Englischen übersetzt von J. Victor Carus. In: Ch. Darwins gesammelte Werke, Bd. 5 & 6. E., Stuttgart.
- JUNKER R (2003) Appendix – Das Ende eines rudimentären Organs. *Stud. Int. J.* 10, 80-81.
- JUNKER R (2008) Der Wurmfortsatz als Rettungsstation. *Stud. Int. J.* 15, 31-32.
- FISHER RE (2000) The primate appendix: a reassessment. *Anat. Rec. (New Anat.)* 261, 228-236.
- LAURIN M, EVERETT ML & PARKER W (2011) The cecal appendix: one more immune component with a function disturbed by post-industrial culture. *Anat. Rec.* 294, 567-579.
- MURRIS HR (1991) Vestigial organs. A creationist re-investigation. *Origins* 5, 10-17.
- SMITH HF, FISHER RE, EVERETT ML, THOMAS AD, BOLLINGER RB & PARKER W (2009) Comparative anatomy and phylogenetic distribution of the mammalian cecal appendix. *J. Evol. Biol.* 22, 1984-1999.
- SMITH HF et al. (2013) Multiple independent appearances of the cecal appendix in mammalian evolution and an investigation of related ecological and anatomical factors. *C. R. Palevol.*, doi:10.1016/j.crpv.2012.12.001.
- ULLRICH H (2010) Intelligente Konstruktion für eine optimierte Nachtsicht. *Stud. Int. J.* 17, 29-32.
- ULLRICH H (2010) Evolution und Evolutionstheorien. Irrtümliche Selbstverständnisse und Fehldarstellungen naturalistischer Ursprungsmodelle. *Stud. Int. J.* 17, 76-87.
- ULLRICH H (2012) Verwirrende Konvergenzen. Zur Evolution des Mittelohres der Säugetiere. *Stud. Int. J.* 19, 20-33.
- ULLRICH H (2013) „Die Narben der Evolution.“ *Stud. Int. J.* 20, 68-75.

Streiflichter

■ Spinnennetze reagieren auf elektrostatisch geladene Insekten

Verschiedene Eigenschaften von Spinnenseiden, die Webspinnen (*Araneae*) zum Bau ihrer Netze verwenden, tragen dazu bei, erfolgreich Beute zu fangen. Die Mikrostruktur der Spinnfäden, die Beschaffenheit ihrer Oberflächen, die Konstruktion des Netzes (möglicherweise auch dessen Verzierungen), flüchtige (Geruchs-)Stoffe und viele weitere Details sind daran beteiligt.

Es ist schon seit langem bekannt, dass Insekten sich elektrostatisch aufladen, wenn sie über elektrisch geladene Oberflächen laufen oder im Flug auf geladene Teilchen stoßen. Bei Bienen und Hummeln sind auch Auswirkungen der elektrostatischen Aufladung auf ihren Erfolg beim Pollensammeln untersucht worden.

Über einen Einfluss von elektrischer Ladung beim Beutefang in Netzen von Webspinnen ist bereits spekuliert worden. Jetzt haben ORTEGA-JIMENEZ & DUDLE (2013) erstmals experimentelle Laboruntersuchungen vorgelegt. Sie haben dazu frisch gefangene und getötete Insekten (Honigbienen [*Apis mellifera*], Goldfliegen [*Lucilia sericata*],

Fruchtfliegen [*Drosophila melanogaster*] und Blattläuse [*Aphidoidea*]) sowie Wassertropfen mit Hilfe eines Generators aufgeladen und in Kontakt mit Netzen der Kreuzspinne (*Araneus diadematus*) gebracht. Die auf das Netz oder nahe am Netz vorbei fallenden geladenen Objekte sowie die Fäden des Netzes wurden dabei mit einer Videokamera (1500 Bilder/s⁻¹) aufgenommen. Im Versuchsaufbau im Labor konnten deutliche Deformationen der Spinnfäden dokumentiert werden, wenn geladene Insekten oder Wassertropfen sich in deren Nähe bewegten. Die hochelastischen Spiral- oder Fangfäden wurden dabei stärker ausgelenkt als die festeren Rahmen- und Speichenfäden.

Daten über den Einfluss von elektrostatisch geladenen Objekten auf Spinnennetze unter natürlichen Bedingungen liegen derzeit nicht vor. Die von ORTEGA-JIMENEZ & DUDLE vorgelegten Untersuchungen zeigen nicht nur das Zusammenwirken unterschiedlichster Effekte, die zum erfolgreichen Beutefang von Webspinnen führen. Der unter Laborbedingungen demonstrierte Effekt steigert auch die Effektivität beim Einfang von Pollen und Sporen mit Spinnennetzen. Auch diese finden sich auf dem Speiseplan von Spinnen.

[ORTEGA-JIMENEZ VM & DUDLE R (2013) Spiderweb deformation induced by electrostatically charged insects. Sci. Reports doi: 10.1038/srep02108] H. Binder

■ Springspinne – Sprung durch Spinnfaden stabilisiert

Spinnenseide – ein Biomaterial mit sehr interessanten Eigenschaften – wird von Spinnen für unterschiedliche Anwendungen hergestellt. Radnetzspinnen bauen daraus ihren namengebenden Lebensraum, viele Spinnen nutzen Spinnenseide als Sicherungsfaden, zur schützenden Umhüllung ihrer Gelege, zur Fortbewegung durch die Luft (Altweibersommer, Ballooning), u. v. a. m.

Springspinnen befestigen in der Regel vor einem Sprung auf eine Beute einen Seidenfaden auf dem Untergrund. Dieser Faden wurde bisher üblicherweise als Sicherungsfaden interpretiert, der verhindert, dass die Spinne durch das Beutetier verschleppt wird, oder es ermöglicht, dass die Spinne bei einem Fehlversuch wieder an den Ausgangsort zurückkehren kann.

CHEN et al. (2013) konnten jetzt in Laboruntersuchungen an bestimmten Springspinnen (*Hasarius adansoni*) zeigen, dass der an der Absprungstelle fixierte Seidenfaden es der Spinne erlaubt, ihren Körper im Verlauf der Flugphase zu stabilisieren. Mit Hochgeschwindigkeitskameras haben die Autoren im Labor den Sprung von Spinnen aufgenommen und analysiert. Von den für die Untersuchung im Freiland gesammelten Spinnen verwendeten wenige keinen Sicherungsfaden beim Sprung, zeigten darüber hinaus aber keine erkennbaren Besonderheiten; diese dienten zum Vergleich. Bei Springspinnen, die einen Sicherungsfaden an die Absprungstelle heften, weist der Körper während der Sprungphase in der räumlichen Orientierung eine deutlich geringere Variation im Vergleich zu den Exemplaren auf, die keinen Faden verwenden. Die



Abb. 1 Spinnennetze sind immer wieder für Überraschungen gut. (Foto: W. BORLINGHAUS)

Landung erfolgt ohne Faden unkontrollierter und dauert deutlich länger (keine Bremswirkung). Wenn *H. adansoni* vor dem Sprung einen Sicherungsfaden an der Absprungstelle anheftet, dann kann sie durch Veränderung des Winkels zwischen Faden und ihrem Hinterleib (Abdomen) die Körperrotation während des Sprungs beeinflussen und bei der Landung bremsen. Dies vergrößert die Erfolgsaussichten bei ihrer Jagd nach Beute.

CHEN et al. (2013) schließen ihre Veröffentlichung mit der Bemerkung ab, dass sie mit der beschriebenen Funktion des Spinnfadens neben den aerodynamischen Kräften des Flügelschlags und der Trägheit schwingender Körperanhänge eine neue dritte Einflussgröße zur Kontrolle der Flugstabilisierung gefunden haben. Sie hoffen, diese Entdeckung zukünftig bei der Entwicklung von manövrierbaren Robotern nutzen zu können.

[CHEN Y-K, LIAO C-P, TSAI F-Y & CHI K-C (2013) More than a safety line: jump-stabilizing silk of salticids. J. R. Soc. Interface 10:20130572; <http://dx.doi.org/10.1098/rsif.2013.0572>.]
H. Binder

■ Überraschende Befunde an der Basis des Tierreichs

Die ungefähr 8.000 Arten umfassenden Schwämme (Porifera) sind sehr einfach gebaute Tiere. Sie besitzen weder ein Atmungs- noch ein Muskel-, ein Nerven- oder Ausscheidungssystem. Auch Sinneszellen sind unbekannt. Jede einzelne Zelle sorgt sozusagen hinsichtlich Ernährung, Stoffwechsel und Ausscheidung weitgehend für sich selbst.

Es ist daher naheliegend, die Schwämme in der Systematik an die Basis der vielzelligen Tiere (*Metazoa*) zu stellen. Diese Position machen ihnen nur die eigenartigen winzigen Placozoa („Plattentiere“ mit der einzigen Art *Trichoplax adhaerens*) streitig. Nach morphologischen Kriterien stehen die Placozoa an der Basis der Vielzeller, nach molekularbiologischen dagegen die Schwämme. Vor einigen Jahren brachte eine umfangreiche vergleichende Analyse von etwa 9400 genomischen, mitochondrialen, RNA-Struktur-



Abb. 1 Springspinne *Hasarius adansoni*. (Foto: Nick HOBGOOD; GNU Freie Dokumentations-Lizenz)

und morphologischen Merkmalen eine Überraschung: Unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen mussten die Placozoa zusammen mit den Schwämmen, Nesseltieren (Cnidaria) und Rippenquallen (Ctenophora) von dem Ast abgetrennt werden, der zu den Bilateria führt (zweiseitig symmetrische Tiere, der Großteil aller Tiere) (SCHIERWATER et al. 2009, BLACKSTONE 2009). Die beiden Gruppen gelangten so auf verschiedene Entwicklungsäste innerhalb der Vielzeller und konnten nicht mehr in eine Evolutionsabfolge gestellt werden.

Die stammesgeschichtliche Position der basalen Vielzeller war zuvor schon sehr kontrovers diskutiert worden, da es viele einander widersprechende Datensätze gibt (SCHIERWATER et al. 2009, vgl. dortige Fig. 1). Die Verwandtschaftsverhältnisse scheinen zunehmend verwirrender zu werden. Denn aufgrund neuer Genom-Sequenzdaten der Rippenqualle *Pleurobrachia bachei* sind die Rippenquallen überraschenderweise tiefer im evolutionstheoretischen Stammbaum als die Schwämme zu stellen (MOROZ et al. 2013; vgl. MAXMEN 2013). Dies steht in klarem Widerspruch zu den morphologischen Daten; schließlich sind die Rippenquallen erheblich komplexer

gebaut. Sie besitzen Nerven, Muskeln, Gewebeschichten und Lichtsinnesorgane – mit all dem können die Schwämme wie erwähnt nicht aufwarten. Bislang war angenommen worden, dass die Rippenquallen sehr viel später als die Schwämme entstanden sind. Die neuen Daten widersprechen dieser Sicht. Nach einer weiteren Studie an der Rippenqualle *Mnemiopsis* sind die Rippenquallen entweder ebenfalls basaler als die Schwämme einzuordnen oder mit diesem zusammen an die Basis der Vielzeller zu stellen (MAXWELL et al. 2013; vgl. MAXMEN 2013). Auch Genfamilien, Zell-Signal-Netzwerke und Genexpressionsmuster der Rippenquallen unterstützen deren unerwartet frühen Ursprung. So fehlt den Rippenquallen z.B. microRNA, das sind kurze RNA-Stücke, die bei fast allen Tiergruppen an der Genregulation beteiligt sind, was als Indiz für „Ursprünglichkeit“ gewertet wird.

Eine der Folgen der Umgruppierung in der Systematik der Tierstämme ist, dass eine zweimalige unabhängige Entstehung des Nervensystems angenommen werden muss (vgl. PENNISI 2013) – eine ebenfalls unerwartete Konsequenz. Trotz erheblicher Ähnlichkeiten mit Nervensystemen anderer Tiere sind dessen genetische Grundlagen bei

den Rippenquallen jedoch deutlich verschieden (MAXMEN 2013).

Außerdem muss nun angenommen werden, dass die Schwämme durch Verlust von zuvor vorhandenen Eigenschaften entstanden sind. Beide Konsequenzen sind evolutionstheoretisch problematisch. Andererseits sind Schwämme physiologisch nicht primitiv. Insgesamt sind sie demnach eine klar abgrenzbare Gruppe. Einmal mehr zeigt sich, dass die Gewinnung neuer Daten nicht automatisch zunehmende Klarheit über Verwandtschaftsverhältnisse bringt. Durch die hier vorgestellten Erkenntnisse werden diese komplizierter und evolutionäre Erklärungen schwieriger.

[BLACKSTONE NW (2009) A New Look at Some Old Animals. PLoS Biol 7(1), <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pbio.1000007>; MAXMEN A (2013) Genome reveals comb jellies' ancient origin. Nature, doi:10.1038/nature.2013.12176; MAXWELL EK, RYAN JF, SCHNITZLER CE, BROWNE WE & BAXEVANIS AD (2012) MicroRNAs and essential components of the microRNA processing machinery are not encoded in the genome of the ctenophore *Mnemiopsis leidyi*. BMC Genomics 2012, 13:714, doi:10.1186/1471-2164-13-714; MOROZ LL, KOHN A, CITARELLA M, GRIGORENKO A, KOCOT K, HALANYCH K & ROGAEV E (2013) The Genome of the Ctenophore *Pleurobrachia bachei*: Molecular Insights into Independent Origins of Nervous Systems. <http://sicb.org/meetings/2012/schedule/abstractdetails.php?id=527>; PENNISI E (2013) Nervous System May Have Evolved Twice. Science 339, 391; SCHIERWATER B, EITEL M, JAKOB W, OSIGUS HJ, HADRY H, DELLAPORTA SL, KOLOKOTRONIS SO, DESALLE R (2009) Concatenated Analysis



Abb. 1 Bunte Vielfalt von Eichelwürmern. (Aus SPENGLER, J.W.: Die Enteropneusten des Golfes von Neapel und der angrenzenden Meeres-Abschnitte. Berlin 1893)

Sheds Light on Early Metazoan Evolution and Fuels a Modern „Urmetzoon“ Hypothesis. PLoS Biol. 7(1), <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pbio.1000020>] R. Junker

■ Eichelwürmer – eine weitere Tiergruppe der kambrischen Explosion

Die größte Diskontinuität in der Fossilgeschichte ist zweifellos das plötzliche fossile Erscheinen verschiedenster Tiergruppen im geologischen System des Kambriums (VALENTINE 2004, ERWIN & VALENTINE 2013). DARWIN sah in diesem Befund eine mögliche Bedrohung für seine gradualistische Evolutionstheorie. Im Laufe der Zeit wurden seither viele weitere Fossilien entdeckt, auch unterhalb der Präkambrium-Kambrium-Grenze, doch nur wenige vor-kambrische Formen sind als Vorläufer der kambrischen Vielfalt diskutabel, und viele kambrische Funde haben die Diskontinuität verstärkt.

Eine der bekanntesten Fossilagerstätten, die wesentlich zur Kenntnis der kambrischen Vielfalt beigetragen haben, ist der mittelkambrische Burgess-Schiefer Kanadas (auf ca. 505 Millionen Jahre datiert), dessen „irre Wundertiere“ von Stephen J. GOULD (1989) ausführlich einem breiten Publikum vorgestellt werden. Aus dem Burgess-Schiefer sind auch seit über 100 Jahren wurmartige Organismen bekannt, die als *Spartobranchus tenuis* klassifiziert wurden. Aber erst kürzlich wurde durch eine genaue Analyse (CARON et al. 2013) nachgewiesen, dass es sich dabei eindeutig um Eichelwürmer handelt, eine Tiergruppe, die zusammen mit den Pterobranchia (Flügelkiemer) zu den Hemichordaten („Halbchordatiere“) gehören (s. Kasten; vgl. auch GEE 2013). Die bis zu 10 cm langen Eichelwürmer leben am Meeresboden und graben Gänge. Sie bewegen sich im Meeresboden durch wellenförmige Muskelkontraktionen vorwärts und leben von im Schlamm enthaltenen organischen Partikeln mit Hilfe eines Nahrungstrichters am Vorderende.

Erstaunlich ist, dass die kambrischen Eichelwürmer heutigen Formen aus der Gruppe der Harri-

maniiden gleichen. „Es ist fast so, als wenn man ein Foto eines heutigen Exemplars machen würde“ wird Christopher CAMERON zitiert, der heutige Eichelwürmer untersucht (<http://www.cbc.ca/news/technology/story/2013/03/13/science-phallus-fossil-acorn-worm.html>). Bislang waren die Eichelwürmer erst aus der Trias bekannt (nach radiometrischer Datierung vor 200–250 Millionen Jahren). Die Eichelwürmer tragen damit nicht nur zur „Verstärkung“ der kambrischen Explosion bei, sondern sind auch ein Beispiel für *Stasis* – das nahezu unveränderte „Stehenbleiben“ eines Bauplans über geologische Zeiträume hinweg.

Da auch die Pterobranchia (s. o.) aus dem Kambrium bekannt sind, ist klar, dass der Ursprung der Hemichordaten entsprechend ins Unterkambrium verlegt werden muss (CARON et al. 2013, 503). Einen Unterschied gibt es jedoch bei den fossilen Formen im Vergleich zu den heutigen. Bei den Fossilien wurden häufig faserige Röhren gefunden; in einem Fall war ein Eichelwurm mit dieser Röhre assoziiert. Daher kann man annehmen, dass die kambrischen Eichelwürmer anders als die heutigen zeitweise in Röhren lebten. Dieser Befund wurde von S. CONWAY MORRIS, einem der Bearbeiter so interpretiert, dass es sich hier um einen Hinweis handle, dass die fossilen Eichelwürmer Übergangsformen zu den Pterobranchia seien (<http://www.bbc.co.uk/nature/21745029>), die generell solche Röhren bilden. (Deren Röhren können viel leichter fossilisiert werden und sind als Graptolithen bekannt.) Doch warum

Hemichordaten

„Halbe Chordatiere“; auch als Kiemlochtiere bezeichnet; Tierstamm mit weniger als 100 bekannten Arten; diese besitzen einen weichen, wurmähnlichen, aber innen ungegliederten Körper, sind äußerlich dreigeteilt (Kopfschild, Kragen und Rumpf). Werden traditionell als Urform der Chordatiere angesehen, zu denen auch die Wirbeltiere gehören (die Chorda ist ein flüssigkeitsgefüllter Stützstab); ihre systematische Stellung ist aber umstritten.

aufgrund des Besitzes solcher Röhren die kambrischen Eichelwürmer einen evolutionären Übergangstatus haben sollen, ist unklar. Viel plausibler ist ein Szenario, wonach die Eichelwürmer ursprünglich ebenso wie die Pterobranchia solche Röhren ausgebildet haben, diese später aber verloren haben (CARON et al. 2013, 505).

[CARON JB, CONWAY MORRIS S & CAMERON CB (2013) Tubicolous enteropneusts from the Cambrian period. *Nature* 495, 503-506; ERWIN DH & VALENTINE JW (2013) The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity. Greenwood Village, Colorado; GEE H (2013) Tubular worms from the Burgess Shale, *Nature* 495, 458-459; GOULD SJ (1989) Wonderful life. The Burgess shale and the nature of history. New York; VALENTINE JW (2004) On the origin of phyla. Chicago and London] R.Junker

■ Das Genom von Kalkalgen – neue Einsichten in deren Ökologie

Während man sich an Meldungen von neu sequenzierten Genomen von immer mehr Lebewesen inzwischen fast gewöhnt hat, ist die Ermittlung des gesamten Erbguts von Mikroorganismen nach wie vor eine große Herausforderung. Das hat u. a. folgenden Grund: Nach derzeitigen Erkenntnissen stimmt die DNA-Sequenz im Erbgut zweier Menschen zu ca. 99 % überein, dagegen beträgt z. B. die Übereinstimmung bei zwei Stämmen der Kalkalgenart *Emiliana huxleyi* nur 70 oder 80 %. Was also ist die DNA-Sequenz dieser einzelligen Alge? Dieses Phänomen ist typisch für Mikroorganismen und erschwert die Analyse von deren Genom. Bei Bakterien hat man daher das Konzept des Pan-Genoms entwickelt und erfolgreich genutzt. Dabei ermittelt man den Genbestand, der bei allen Vertretern einer Art vorliegt (Kerngenom) und beschreibt dann summarisch die einzelnen Gene, die darüber hinaus bei verschiedenen Stämmen vorkommen; die Summe über all diese Gene wird als Pan-Genom bezeichnet. Das Pan-Genom von *E. huxleyi* ist jetzt erstmals bestimmt worden. Dafür hat eine 75-köpfige Autorengruppe vierzehn verschiedene Stämme von *E. huxleyi* sequenziert (READ et al. 2013).

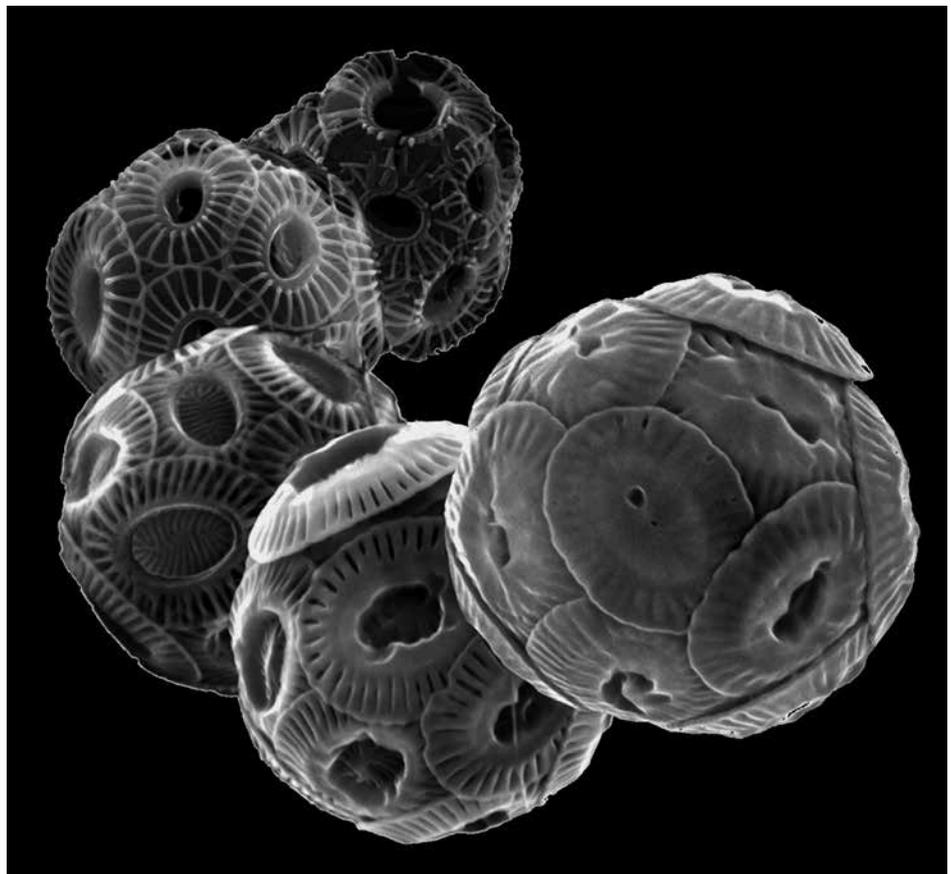


Abb. 1 Morphotypen der Kalkalge *Emiliana huxleyi* mit unterschiedlichem Kalzifizierungsgrad. Vorne: stark kalzifizierte Organismen, der Kalzifizierungsgrad nimmt nach hinten ab. (Foto: Luc BEAUFORT, CEREGE, Univ. Aix-Marseille/CNRS)

Die Bedeutung der Kalkalgen (*Coccolithophorales*) liegt darin, dass sie durch Algenblüten in Meeres-Ökosystemen in ihren filigranen Kalkhüllen enorme Mengen an CO₂ binden und damit Einfluss auf die Entwicklung klimatischer Verhältnisse nehmen.

Das Genom des *E. huxleyi*-Stammes CCMP1516 besteht aus 141,7 Millionen Basenpaaren und enthält 30 569 proteincodierende Gene. Etwa 2/3 davon scheinen zum Kerngenom zu gehören; etwa 25% der in CCMP1516 gefundenen Gene lassen sich in mindestens drei der anderen untersuchten Stämme nicht nachweisen. Im Erbgut dieses einzelligen Organismus sind also mehr Proteine codiert als im Genom des Menschen – die Zahl der proteincodierenden Gene korreliert also nicht mit der Komplexität der Organismen.

Im erstaunlich variablen Genom dieser Kalkalgen sehen die Autoren einen Ansatz zur Erklärung der phänotypischen (gestaltlichen) Variabilität sowie der physiologischen und damit verbunden auch ökologischen Vielfalt von *E. huxleyi*. Möglicher-

weise eröffnet die hier vorgestellte Studie den Zugang zu weiteren Erkenntnissen, wie das Genom nicht als „Buch des Lebens“, sondern als eine Komponente von Organismen in Wechselwirkung mit anderen Einflussgrößen des Ökosystems Lebensformen prägt.

[READ B, KEGEL J, KLUTE MJ et al. (2013) Pan genome of the phytoplankton *Emiliana* underpins its global distribution. *Nature*; doi: 10.1038/nature12221; Pressemitteilung des Alfred Wegener Instituts: <http://tinyurl.com/qj6ohxc>] H. Binder

■ Moleküle und Anatomie im Konflikt? Die Systematik der Säugetiere

Die klassische evolutionsbiologische Sicht der Säugetierevolution lässt sich wie folgt zusammenfassen: Während der Zeit der Dinosaurier (Mesozoikum) existierten nur einzelne insektenjagende Vertreter urtümlicher Säugetiergruppen, die sich deutlich von den heutigen unterschieden. Der Einschlag eines großen Asteroiden vor ca. 66 Millionen Jahren schuf u. a. durch die darauf folgende welt-

weite Umweltzerstörung, durch den Klimawandel und das Aussterben der Dinosaurier den Freiraum für den Siegeszug der modernen plazenta-besitzenden Säugetiere (Plazentalier). Innerhalb nur weniger Jahr-millionen, so die Geschichte weiter, traten zahlreiche Vertreter der modernen Ordnungen dieser Säugetiergruppe explosionsartig auf, begleitet von der ebenso rasch aufblühenden Vielfalt unter den Beuteltieren (Marsupialier), die einen anderen modernen Zweig der Säugetiere repräsentieren. Die klassische biologische Systematik der Säugetiere und die Fossilüberlieferung stützte dieses Bild bis zum Ende des 20. Jahrhunderts. In den letzten zwanzig Jahren haben zahlreiche neue Fossilfunde und ein nahezu unüberschaubarer Zuwachs molekulargenetischer Daten das klassische Bild zur Evolution der Säugetiere jedoch aufgelöst. Tiefgreifende Änderungen bisheriger Modelle zur Systematik und Evolu-

tion der Säuger wurden vollzogen, andere sind nur teilweise akzeptiert oder werden unvermindert kontrovers diskutiert (YODER et al. 2013). Die bis zur Jahrtausendwende geltende Systematik der plazentalen Säugetiere unterschied auf der Grundlage *morphologischer Kriterien* die basale Überordnung die Xenarthra („Nebengelenktiere“ wie Ameisenbär, Faultier und Gürteltiere) von den Überordnungen der Ungulata (Huftiere, u.a. mit Seekühen, Rüsseltieren, Unpaarhufern, Paarhufern), der Archonta (u.a. mit Primaten, Fledermäusen, Spitzhörnchen) und der Anagalida (wie Nagetiere, Hasenartige, Spitzmaus) (Abb. 1, links). Die Integration von molekularen Daten änderte diese Gruppierung tiefgreifend. Der auf molekulargenetischen Daten basierende Stammbaum, den SPRINGER et al. (2004) vorstellten, ordnet die 18 plazentalen Säugetierordnungen ebenfalls vier Überordnungen zu:

Xenarthra, Afrotheria, Laurasiatheria und Euarchontoglires. Die zuletzt genannten drei neu geschaffenen Überordnungen tragen ihren Namen aufgrund der Region, in der ihre stammesgeschichtliche Abspaltung von den übrigen Überordnungen mit den ihnen zugeordneten Säugetierordnungen und -familien vermutet wird. Diese neuen Überordnungen fassen z. T. Ordnungen plazentaler Säugetiere auf eine Weise zusammen, wie sie nach morphologischen Kriterien nie zusammengestellt würden (Abb. 1, rechts). Z.B. stehen die Fledermäuse nun den Huftieren näher als den Primaten, und die Elefantenspitzmäuse (Rüsselspringer) gehören nicht mehr zu den Insektenfressern oder Hasenartigen, sondern sind eine Untergruppe der Afrotheria und damit enger verwandt mit den Erdferkeln. Nach BININDA EMONDS et al. (2012) haben die vergleichend systematischen Forschungen der letzten Jahre dennoch eine weitestgehende Übereinstimmung von morphologischen und molekulargenetischen Datensätzen innerhalb der Xenarthra, Laurasiatheria und Euarchontoglires gezeigt (allerdings nur um den „Preis“ der Annahme vieler Konvergenzen, wenn diese Systematik stammesgeschichtlich interpretiert wird, s.u.). Bei den Afrotheria ist dies jedoch nicht gelungen. Der stammesgeschichtliche Ursprung dieser äußerlich sehr inhomogen erscheinenden Gruppe, zu der z.B. Seekühe, Erdferkel, Elefanten und die Goldmulle zählen, wird in Afrika vermutet. Aufgrund der auch durch jüngere DNA-Sequenzanalysen gefestigten, modernen Systematik muss davon ausgegangen werden, dass im Rahmen der evolutionären Diversifikation der Säugetiere innerhalb und zwischen den einzelnen Überordnungen zahlreiche und ausgeprägte konvergente Merkmalsentwicklungen erfolgt sein müssen (z.B. Konvergenz zwischen madagassischem und europäischem Igel, Abb. 2). Die extrem hohe Anzahl von Konvergenzen, die bei den plazentalen Säugetieren, ob rezent oder fossil) anzunehmen ist, bezeichneten SPRINGER et al. als Phänomen der korrelierenden Merkmalsentwicklung. SPRINGER et al.

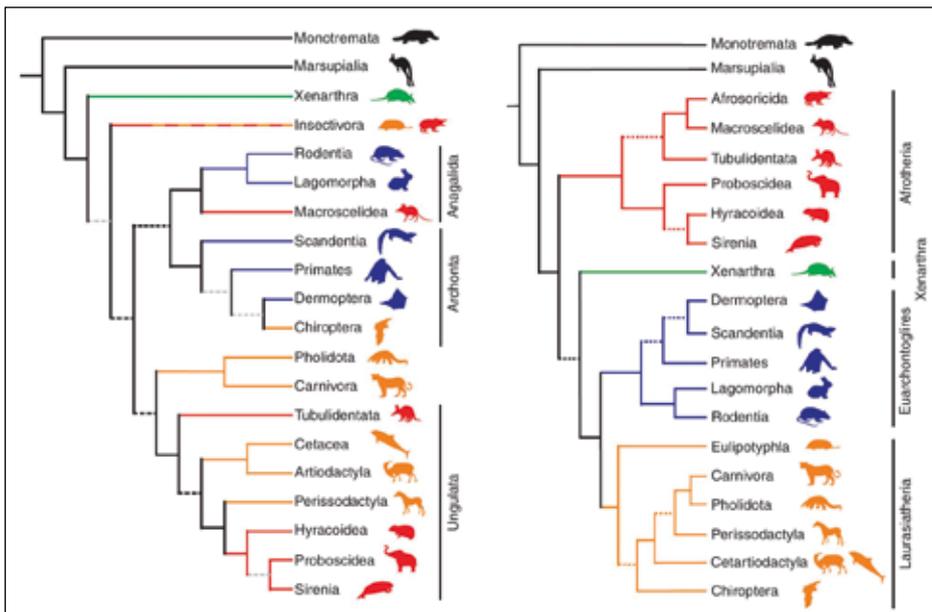


Abb. 1 Links der bislang akzeptierte Baum der plazentalen Säugetiere nach morphologischen Merkmalen, rechts der sich abzeichnende Baum nach molekularen Daten. (Aus SPRINGER et al. 2004)



Abb. 2 Madagassischer (links) und europäischer Igel. Eines von vielen Konvergenzbeispielen unter Säugetieren. (GNU Freie Dokumentations-Lizenz)

(2004) forderten deshalb, dass künftige phylogenetische Modellierungen das Phänomen der korrelierenden Merkmalsevolution berücksichtigen müssen. Eine befriedigende evolutionstheoretische Erklärung dieses Phänomens, das laufend durch neue Befunde bestätigt wird, steht immer noch aus (vgl. dazu auch ULLRICH 2012).

[BININDA-EMONDS ORP et al. (2007) The delayed rise of present-day mammals. *Nature* 446, 507-512; BININDA-EMONDS ORP et al. (2012) Rocking clocks and clocking rocks: a critical look at divergence time estimation in mammals. In: ASHER JR & MÜLLER J (eds) *From Clone to Bone - The Synergy of Morphological and Molecular Tools in Palaeobiology*. Cambridge, pp. 38-82; YODER AD et al. (2013) Fossils versus Clocks. *Science* 339, 656-658; O'LEARY MA et al. (2013) The Placental Mammal Ancestor and the post-K-Pg Radiation of Placentals. *Science* 339, 662-667; SPRINGER MS et al. (2004) Molecules consolidate the placental mammal tree. *Trends Ecol. Evol.* 19, 430-438; ULLRICH H (2012) Verwirrende Konvergenzen. Zur Evolution des Mittelohres der Säugetiere. *Stud. Int. J.* 19, 20-33.] H. Ullrich

■ Tiefgreifende Veränderung von Plattengrenzen in Sekunden oder Minuten – Folge des verheerenden Erdbebens vom 11. März 2011

Das Seebeben von Tohoku mit einer Magnitude von 9,0 löste eine Kettenreaktion aus: Ein bis zu 15 m hoher Tsunami verwüstete im Nordosten Japans ganze Küstenabschnitte und setzte das küstennahe Kernkraftwerk Fukushima-Daiichi unter Wasser, der Beginn eines nicht mehr abzuwendenden Super-GAU's.

Die geowissenschaftliche Analyse der Ereignisse, die dem Seebeben gefolgt sind, ist noch nicht abgeschlossen. Kürzlich berichteten STRASSER et al. (2013) in der August-Ausgabe von *Geology*, dass aufgrund des Tohoku-Bebens im Japan-Graben ein großflächiges Sedimentpaket absackte und sich die Grenzen der beteiligten Erdplatten um zwei bis drei Kilometer verschoben. Dazu Gerold WEFER, Co-Autor und damaliger MARUM-Direktor, zitiert in MARUM.de: „Als Geowissenschaftler sind wir es gewohnt, in sehr langen Zeiträumen von Jahrhunderttausenden oder gar -millionen zu denken.“ Und weiter: „Diese Expeditionen haben uns ge-

zeigt, dass Plattengrenzen bisweilen auch von plötzlichen Ereignissen in Sekunden oder Minuten tiefgreifend verändert werden können.“

Der Artikel präsentiert Ergebnisse von Untersuchungen mit den Forschungsschiffen Mirai (Japan) und Sonne (MARUM, Deutschland) im Jahre 2012, die 140 km östlich des Epizentrums, unmittelbar am Abhang des bis zu 7,6 km tiefen Japan-Grabens vorgenommen wurden. Dort befindet sich die Meeresboden-Nahtlinie, an welcher die Pazifische Platte unter die Ochotsk-Platte mit dem japanischen Vulkanbogen abtaucht (Abb. 1). Die Studie basiert auf einer hochauflösenden Echo-Lothkartierung des Meeresbodens entlang einer Profilinie senkrecht zum Grabenverlauf und einem Vergleich mit Daten aus 1999 und 2004. Darüber hinaus sind entlang dieser Profilinie mehrere bis zu 9 m lange Sedimentkerne gezogen und ausgewertet worden.

Eine besondere Herausforderung war, die beobachteten Veränderungen des Meeresbodens einem (bzw.

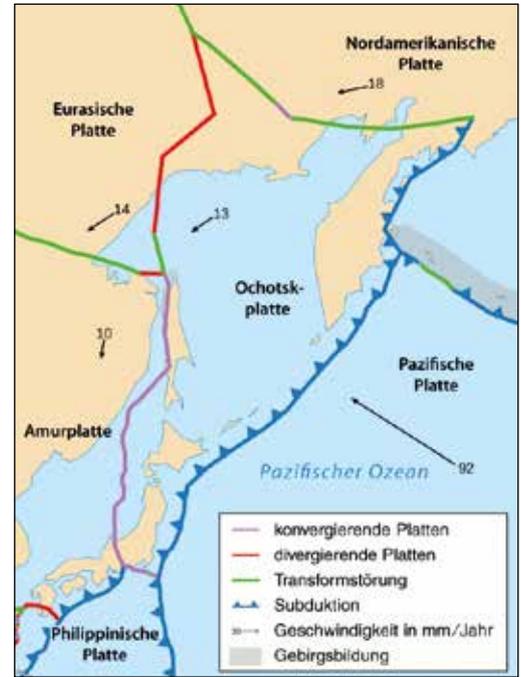


Abb. 1 Die Lage sowie aktuelle Bewegungsrichtung und -geschwindigkeit der Erdplatten vor Japan. (Grafik: MARUM, Universität Bremen; freundliche Überlassung durch MARUM)

dem Tohoku-) Erdbeben eindeutig zuordnen zu können. Ein erster Datierungsansatz erfolgte mit der ^{210}Pb -Methode (Halbwertszeit des kurzlebigen radioaktiven ^{210}Pb : 22,3

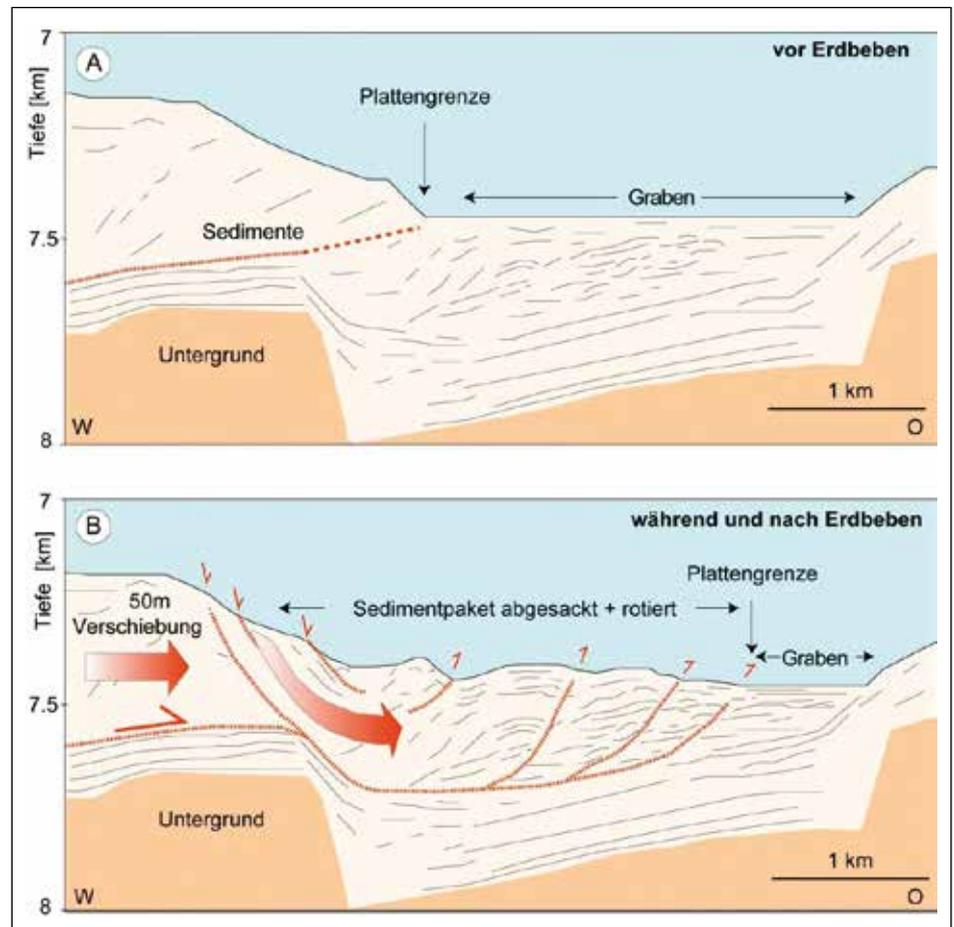


Abb. 2 Der Japan-Graben vor und nach dem Tohoku-Erdbeben am 11. März 2011. (Grafik: M. KÖLLING, MARUM, Universität Bremen, nach: STRASSER et al. in *Geology*, August 2013; freundliche Überlassung durch MARUM)

Jahre), welche das Alter auf weniger als das Fünffache der Halbwertszeit, also < 110 Jahre eingrenzte. Ein anderer Ansatz bestand darin, für zwei der Sedimentkerne geochemische Porenwasser-Profile (mit der Tiefe) aufzustellen und insbesondere die SO_4^{2-} -Konzentrationen zu betrachten. Diese wiesen im oberen Bereich der Sedimentsäule einen knickförmigen Verlauf auf, der auf eine gravierende Porenwasserstörung hinwies. Nach Modellberechnungen würde sich ein Porenwasser-Gleichgewicht nach etwa 10 Jahren einstellen; der jeweilige knickförmige Verlauf zeichnete demnach einen Zeitpunkt von etwa 0,5 – 2 Jahren nach dem Störungsereignis nach. Die zwei Kerne waren im März 2012, also 1 Jahr nach dem Ereignis gezogen worden. Folglich ist die Wahrscheinlichkeit sehr groß, dass die Deformationsstrukturen vom Tohoku-Beben ausgelöst worden waren.

Im Ergebnis gehen die Autoren von folgendem Szenario aus (Abb. 2): Am Rand des Japan-Grabens löste das Erdbeben einen ruckartigen Versatz der Erdkruste um 50 m aus. Dabei sackten großflächig (etwa 28 km²) Sedimentpakete ruckartig als zusammenhängende Blöcke in die Tiefe und stauchten an manchen Stellen den Meeresboden. Die so entstandene unruhige Bodenoberfläche aus Wülsten und Trögen liegt bis zu 50 m höher als vor dem Erdbeben. Der Meeresboden am Hang dagegen liegt nunmehr etwa 50 m tiefer. Die oberflächennahe Grenze der Erdplatten wurde um mehr als 2 km nach

Osten versetzt: „(...) within a single event during a period of seconds or minutes.“

[STRASSER M, KÖLLING M, SANTOS FERREIRA C DOS, FINK HG, FUJIWARA T, HENKEL S, IKEHARA K, KANAMATSU T, KAWAMURA K, KODAIRA S, RÖMER M, WEFER G & the R/V Sonne Cruise SO219A & JAMSTEC Cruise MR12-E01 scientists (2013) A slump in the trench: Tracking the impact of the 2011 Tohoku-Oki earthquake. *Geology* 41, 935-938; http://www.marum.de/Turbulenzen_in_der_Tiefe.html, Abfrage 19. 08. 2013; <http://earthquake.usgs.gov/earthquakes/eqinthenews/2011/us00001xgp/>, Abfrage 19. 08. 2013] M. Kotulla

■ **Klein aber oho: Eine Mottenart hört höhere Töne als alle anderen Tiere**

Das „evolutionäre Wettrüsten“ zwischen nachtaktiven Motten und Fledermäusen gehört zu den am besten erforschten Räuber-Beute Beziehungen in der Biologie. Die Echoortung der Fledermäuse, die sie zum Navigieren und Jagen benutzen, ist allgemein bekannt. Fast alle Fledermausarten der Alten Welt verfügen über diese Fähigkeit. In der Öffentlichkeit weniger bekannt ist die Fähigkeit mehrerer Mottenpezies, die von den Fledermäusen ausgestoßenen Ultraschalltöne zu hören. So ist die Beute frühzeitig gewarnt, wenn ein Jäger im Anflug ist, und kann sich in Sicherheit bringen.

Manche Fledermäuse haben sich daran angepasst, indem sie beispielsweise Frequenzen benutzen, die zu hoch oder zu tief sind, um von Motten gehört zu werden. Die Motten passen sich ihrerseits

mancherorts an diese veränderte Frequenz an; so ist z.B. die optimale Hörfrequenz von Motten auf Hawaii tiefer als sonst, passt aber zu der Frequenz, die die einzige dort einheimische Fledermausart verwendet. Auch andere Verhaltensänderungen wurden schon auf „beiden Seiten“ beobachtet. Diese Situation kann als ein evolutionäres Wettrüsten interpretiert werden, bei dem sich die Kontrahenten immer wieder anpassen, um einen Vorteil gegenüber dem anderen zu erringen.

Bisher war die höchste Frequenz, von der man wusste, dass eine Mottenart sie hören kann, 150 kHz beim in Nordamerika lebenden Schwammspinner *Lymantria dispar*. (Zum Vergleich: Menschen hören Töne maximal zwischen 20 Hz und 20 kHz.) Normalerweise liegt die optimale Hörfrequenz bei nachtaktiven Motten (Noctuiden) bei 20–50 kHz. Die höchst-bekannte, von Fledermäusen emittierte Frequenz liegt jedoch bei 212 kHz und ist damit signifikant höher. Deshalb fragte sich ein britisches Forscherteam, ob es Motten gibt, die diese Frequenz auch noch hören können, die also im Wettrüsten mit den Fledermäusen mithalten (MOIR et al. 2013). Als Untersuchungsobjekt wählten sie die Große Wachsmotte *Galleria mellonella*, die weltweit verbreitet ist und daher mit einer Vielzahl von Fledermausarten in Kontakt kommt (Abb. 1). Sie testeten die Motten auf Sensibilität für Frequenzen zwischen 50–300 kHz. Das erstaunliche Ergebnis: Selbst die höchste Frequenz von 300 kHz wurden von den Ohren der Motten registriert! Damit können diese Motten höhere Töne hören als jedes andere bekannte Tier. Das ist umso erstaunlicher, wenn man bedenkt, dass die Ohren von Motten aus höchstens vier Gehörzellen (wie bei *G. mellonella*) bestehen, die überdies noch nicht einmal in der Lage sind, zwischen Frequenzen zu unterscheiden, sondern nur entweder stimuliert sind oder nicht. Aus diesem Grund benutzen die Autoren auch vielsagende Anführungszeichen im Titel ihres Artikels: „Extrem hohe Frequenz-Sensibilität in einem ‚einfachen‘ Ohr“.

Dieses Resultat wirft aber gleich-



Abb. 1 Große Wachsmotte *Galleria mellonella*. (GNU Freie Dokumentations-Lizenz)

zeitig neue Fragen auf. Wie oben erwähnt ist keine Fledermaus bekannt, die solch hohe Töne verwendet. Es könnte natürlich sein, dass man einfach noch nicht lange genug geforscht hat, oder dass man aufgrund technischer Schwierigkeiten bei früheren Messungen diese Frequenzen übergangen hat. Dies ist aus physikalischen Gründen jedoch unwahrscheinlich: Berechnungen zufolge ist die atmosphärische Schalldämpfung ab etwa 200 kHz zu groß, um eine effektive Echoortung zu ermöglichen. Deshalb ist nicht zu erwarten, dass irgendwelche Fledermäuse Ultraschall mit diesen hohen Frequenzen benutzen. Aber warum sollten Motten dann Töne hören können, die kein Jäger einsetzt? Die Autoren schlagen vor, dass die Sensibilität für diese Frequenzen nur ein Nebeneffekt der eigentlich vorteilhaften Anpassung sind: Gehörzellen, die auf hohe Frequenzen ausgelegt sind, können wegen ihrer Mechanik bei niedrigeren Frequenzen schneller reagieren. So kann *G. mellonella* schneller auf die Frequenzen reagieren, denen sie tatsächlich ausgesetzt ist, ein Effekt, der sich im Labor bestätigen ließ.

Kritisch zu bewerten ist der Eindruck, den MOIR et al. in der Kurzzusammenfassung ihres Artikels entstehen lassen. Sie schreiben: „Mit einer im Tierreich bisher unerreichten Tonfrequenz-Sensibilität ist die Große Wachsmotte vorbereitet und bewaffnet für jegliche Anpassung am Echolot der Fledermaus, die diese im Zuge des anhaltenden evolutionären Krieges zwischen Fledermaus und Motte vornehmen mag“ (MOIR et al. 2013, übersetzt vom Autor). Dies suggeriert, dass Anpassungen im Voraus entstehen können, was evolutionstheoretisch gesehen sehr problematisch ist. Schließlich kann die natürliche Selektion nur auf Umstände reagieren, die schon vorhanden sind; sie ist, um es mit DAWKINS zu sagen, ein „blinder Uhrmacher“. Eine Voranpassung dieser Art würde in der Tat besser zum Modell der programmierten Variabilität passen, in der eine polyvalente Stammform schon alle nötigen Allele besitzt oder durch wenige Mutationen erhalten kann, die sie einmal brauchen wird.



Abb. 1 Blütenstand der Knoblauchsrauke *Alliaria petiolata*. (Foto: R. JUNKER)

[MOIR HM, JACKSON JC & WINDMILL JFC (2013) Extremely high frequency sensitivity in a 'simple' ear. Biol. Lett. 9, 20130241; WATERS DA (2003) Bats and Moths: What is there left to learn? Physiol. Entomol. 28, 237-250; CONNER WE & CORCORAN AJ (2012) Sound strategies: The 65-million-year-old battle between bats and insects. Ann. Rev. Entomol. 57, 21-39.] *D. Vedder*

■ Knoblauchsrauke bereits vor mehr als 6000 Jahren als Gewürz genutzt

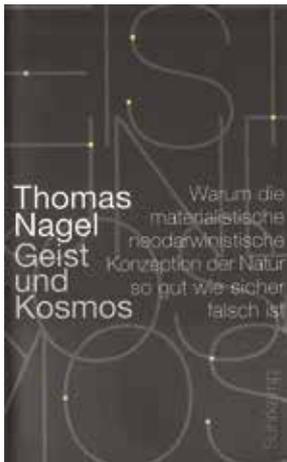
Bioarchäologen haben bildlich gesprochen in prähistorische Kochtöpfe geschaut und dabei klare Hinweise auf die Verwendung von Samen der Knoblauchsrauke (*Alliaria petiolata*, Abb. 1) gefunden. Die Tonscherben der Gefäße waren an der deutschen Ostseeküste in Neustadt an der Lübecker Bucht und in Dänemark gefunden worden. Die Datierung der Proben ergab ein Alter von 5460 ± 90 bis 5122 ± 63 Jahre vor der Gegenwart (6450 bis 5700 cal BP [kalibriert]). Dazu waren verkohlte Probenbestandteile und mit den Tonscherben assoziierte Säugetierknochen mittels Radiokarbon-Untersuchungen (^{14}C) datiert worden.

Mikroskopisch konnten SAUL et al. (2013) die kugelig aufgewölbten Phytolithen (mineralisierte – meist verkieselte – pflanzliche Bestandteile, die gesteinsbildend sein können) durch Vergleich mit heutigen Phytolithen aus dem Samengewebe der Knoblauchsrauke identifizieren. Die Autoren sehen darin einen

klaren Hinweis auf die Verwendung der Knoblauchsrauke als Gewürz. Die Blätter der Knoblauchsrauke bringen im Salat ein knoblauchartiges Aroma und die Samen können aufgrund ihres Gehalts an Senfölglycosiden (wie z. B. das Sinigrin) als Gewürz verwendet werden (DÜLL & KUTZELNIGG 2011). Aufgrund von Lipidanalysen vermuten SAUL et al., dass Fleisch von Meerestieren und Wiederkäuern zusammen mit pflanzlichen Zutaten die eigentlichen Nahrungsmittel waren.

Der Zeitraum, in den die untersuchten Funde eingeordnet werden (spätes Meso- und Neolithikum), entspricht nach gängigen Vorstellungen im westlichen Baltikum dem Übergang von Jäger- und Sammlerkulturen zur Landwirtschaft. Egal ob die dort lebenden Menschen die Knoblauchsrauke aus eigenem Antrieb zum Würzen ihrer Speisen nutzten oder ob sie eine solche Tradition aus dem Nahen Osten übernommen haben, SAUL et al. belegen jedenfalls, dass Menschen sehr früh begonnen haben, natürliche Pflanzen nicht nur als Nährstoffe, sondern auch gezielt zur Beeinflussung des Geschmacks zu verwenden.

[DÜLL R & KUTZELNIGG H (2011) Taschenlexikon der Pflanzen Deutschlands und angrenzender Länder. Wiebelsheim; SAUL H, MADELLA M, FISCHER A, GLYKOU A, HARTZ S & CRAIG OE (2013) Phytoliths in pottery reveal the use of spice in European prehistoric cuisine. PLoS ONE 8(8): e70583. doi:10.1371/journal.pone.0070583] *H. Binder*



Nagel, Thomas: Geist und Kosmos – Warum die materialistische neodarwinistische Konzeption der Natur so gut wie sicher falsch ist. Frankfurt: Suhrkamp-Verlag, 2013, 187 Seiten

Eine weitreichende Kritik an der heute dominanten materialistischen Weltanschauung und der Entschluss, trotzdem am Atheismus bzw. Naturalismus festzuhalten, bilden den Spannungsbogen des 2012 im amerikanischen Original erschienenen Buches *Mind and Cosmos*. Autor ist der amerikanische Philosoph Thomas NAGEL (Jg. 1937). Inhaltlich betrifft NAGELS Kritik die materialistische Deutung der Welt auf verschiedenen Feldern. Soziologisch kritisiert NAGEL einen materialistischen Dogmatismus, der Kritiker unter Druck setzt und ausgrenzt. NAGELS Gegenentwurf sieht vor, bereits den Grundbestandteilen des Universums gewisse geistige Merkmale und Zielorientierung zuzuschreiben. Zu würdigen sind NAGELS Mut, die dominante Weltanschauung in Frage zu stellen, und seine intellektuelle Redlichkeit. Seine gleichsam pantheistische Version des Naturalismus, die die nötigen göttlichen Eigenschaften in die Natur projiziert, ist jedoch unhaltbar.

Kritik an der materialistischen Weltsicht

NAGELS inhaltliche Kritik bezieht sich auf folgende Punkte:

- Die Unmöglichkeit, das Geistige letzten Endes als etwas Nichtgeistiges (Physikalisches, Materielles) auszuweisen (psychophysischer Reduktionismus¹).
- Die immensen Schwierigkeiten, die Entstehung des Lebens und der Arten allein durch nichtgerichtete Prozesse verständlich zu machen.
- Das Problem angesichts des Materialismus, wie unsere kognitiven Fähigkeiten zuverlässig sein können.
- Das Problem, wie es eine objektive Moral geben kann.

Die nachfolgende Darstellung beschränkt sich auf die Gebiete des Geistigen und der Entstehung der Lebewesen.

Geist

Das aktuelle Geist-Körper-Problem resultiert für NAGEL aus der neuzeitlich-wissenschaftlichen Revolution. Das „Konzept einer objektiven physikalischen Realität“ beinhaltet gleichzeitig einen strikten Ausschluss des Geistigen und Teleologischen (Zielgerichteten) aus dem Bereich des Physikalischen, das stattdessen blind mathematisch formulierbaren Gesetzen folgt. Der Dualismus Descartes‘ bringt diese strikte Trennung von Körperlichem und Geistigem zum Ausdruck: Der Bereich der Physik und der des Geistigen besitzen jeweils eine eigene Seinsgrundlage, keines kann auf das andere zurückgeführt (reduziert) werden, auch wenn es freilich Wechselwirkungen gibt. Das Geist-Körper-Problem entsteht nun durch einen „ununterdrückbaren Wunsch“ nach einer einheitlichen „Weltanschauung“ (NAGEL verwendet den deutschen Ausdruck), in der alle Ausstattungsmerkmale der Welt strikt *innerweltlich* zu erklären sind. Dies ist der Naturalismus, dessen Welt- oder Naturbegriff sich unter dem neuzeitlichen Paradigma auf die genannte physikalische Realität bezieht. Mit dem Versuch, das Geistige als etwas Physikalisches und somit als eine Variante des Nicht-Geistigen zu beschreiben (Physikalismus, Materialismus), begann eine Serie des Scheiterns. Letztlich verfehlen diese Ansätze genau das, was sie eigentlich zu erklären beanspruchen – und was mit guten Gründen von DESCARTES und anderen aus der Physik herausgehalten wurde: Das Geistige.

Neben der Schwierigkeit, dass es Bewusstsein überhaupt gibt („konstitutiver“ Aspekt), verweist NAGEL auf das zusätzliche Problem, wie sein erstmaliges *Erscheinen* im Laufe der Naturgeschichte verständlich gemacht werden kann („historischer“ Aspekt). Insofern NAGEL an einer (wenn auch ergänzten) evolutionären Sichtweise festhält, müsste dies eng mit einer Evolution der Organismen zusammenhängen, die Bewusstsein haben. Eine auf Physik und Chemie reduzierbare Evolutionslehre könnte aber bestenfalls das Entstehen des Nervensystems und der Verhaltensweisen der Organismen beschreiben. Subjektivität und Bewusstsein sind aber etwas ganz anderes und könnten kein Teil einer solchen Beschreibung sein. Es ist inakzeptabel zu sagen, dass die Evolution einfach Wesen mit Sinnesorganen, Nervensystem und so weiter hervorgebracht habe und dass diese Wesen nun einmal Bewusstsein hätten. Einfach nur eine (mutmaßliche) Ursache anzugeben ist keine Erklärung, wenn man überhaupt nicht versteht, *warum* diese Ursache diesen Effekt hervorbringt. NAGEL nennt einen solchen Ansatz eine „just-so story“. Eine letztlich auf Physik und Chemie basierende Evolution erklärt also das Auftreten des Geistigen nicht.

Es muss mehr als Physik geben. Sonst wäre das Auftauchen des Geistigen geradezu Magie.

NAGEL stellt fest: Es muss mehr als Physik geben. Sonst wäre das Auftauchen des Geistigen geradezu Magie. Ein rationaler Ansatz müsste zeigen, wie geistige Wesen *systematisch* in der Welt eingegliedert und aufgetaucht sind. Geist kann kein Nachkömmling, Zufall oder Anhängsel einer ansonsten rein physikalischen Realität sein. Dieser Umstand bedroht das ganze naturalistische Weltbild und es ist schwierig, (naturalistische) Alternativen zu sehen. Im Rahmen einer innerweltlichen Erklärung müssten Organismen mit Bewusstsein genauso *vollständig* Teil der Natur sein wie alle anderen Dinge. Daraus folgt aber, dass im Rahmen des Naturalismus das Verständnis der Natur *generell* unvollständig ist – ihr müssen irgendwie gleichsam geistige Merkmale zugeschrieben werden.

Entstehung des Lebens und der Arten

Für NAGEL ist ebenso der materialistische Ansatz, wie Leben aus toter Materie entstanden sein soll, unglaublich, einschließlich der Standardvorstellung, wie Evolution funktioniert. Es fehlt ein glaubhaftes Argument für eine nicht vernachlässigbare *Wahrscheinlichkeit* dafür, dass zufällige Prozesse bzw. Mutationen die Bandbreite an geeigneten Phänotypen hervorbrachten, die für eine evolutionäre Geschichte nötig ist. Und je weiter unser Wissen über das Leben wächst, desto schwieriger wird es. NAGEL würdigt ausdrücklich Michael BEHE und Stephen MEYER (Discovery Institute²) und ihre Argumente. Sie zeigen in wissenschaftlicher Weise die geringe Wahrscheinlichkeit der Entstehung des Lebens und seiner Entwicklung auf rein materieller Basis.

Wie müsste eine Erklärung hier aussehen? In historischen Erklärungen ist zwar immer Zufälligkeit enthalten. Aber deshalb kann man nicht sagen: „Irgendetwas musste passieren, warum nicht auch die Entstehung von Lebewesen und Bewusstsein?“ *Systematische* Eigenschaften der Natur, Regelmäßigkeiten, Muster und funktionale Merkmale dürften keine Zufälle sein, sondern sie erfordern ebenso eine *systematische* Erklärung – umso mehr, je häufiger sie sind. Wenn wir so etwas sehen, schließen wir, dass etwas Unbekanntes dahinterstecken muss, was diese Phänomene dann erklärbar macht. NAGEL erläutert dies so: Haben wir ein Ereignis eines ganz bestimmten Typs, für das zahlreiche Einzelereignisse verantwortlich sind, und wir haben für diese Einzelereignisse jeweilige, prinzipiell mögliche Einzelerklärungen, dann ist das spezifische Ereignis dadurch noch lange nicht erklärt. Denn eine Erklärung muss zeigen, dass es wahrscheinlich war, dass ausgerechnet das Ereignis *dieses* Typs stattfand. Es gibt z.B. eine komplexe physikalische Erklärung, warum ein Taschenrechner, nachdem wir die Tasten „3“, „+“, „5“ und „=“ tippen schließlich auf dem Display „8“ anzeigt. Aber die physikalische Erzählung als eine „just-so story“ reicht nicht. Warum zum Beispiel liefert der Rechner eine „richtige“ Antwort? Für die Erklärung müssen wir den Algorithmus berücksichtigen und die Absichten des Designers. Eine physikalische Erzählung ohne Designer und Zweck wäre hier mysteriös.

NAGEL stellt fest: Die Schwierigkeiten des heutigen

Naturalismus werden nicht ernst genug genommen. Egal, was man über einen Designer denkt: Die vorherrschende Doktrin ist nicht unantastbar.

Soziologische Kritik

NAGEL kritisiert am herrschenden Materialismus zwei-erlei: Erstens eine unkritische, dogmatische Haltung und zweitens das Unterdrücksetzen von Kritikern. Die reduktionistische Sichtweise wird als selbstverständlich genommen, obwohl klar ist, dass wir wesentliche Dinge nicht verstehen. Szientistische Naturalisten wollen festlegen, welche Form zukünftige Erklärungen haben: Sie müssen vereinbar mit dem Materialismus sein. Bis dahin werden spekulative Erklärungen im Sinne eines „Lückenbüßer-Materialismus und -Darwinismus“ präsentiert. Dieses Vertrauen des wissenschaftlichen Establishments ist nur als Manifestation einer unumstößlichen Verpflichtung auf den Materialismus nachvollziehbar. Diese ist teilweise

Die reduktionistische Sichtweise wird als selbstverständlich genommen, obwohl klar ist, dass wir wesentliche Dinge nicht verstehen.

dem Pathos der Befreiung von der Religion geschuldet. Dabei ist der zeitgenössische Materialismus bis unter die Zähne bewaffnet und seine Etablierung ist ein heroischer Triumph einer Ideologie über den gesunden Menschenverstand. Fast jeder in unserer säkularen Kultur wurde eingeschüchtert, damit er das reduktive Forschungsprogramm als unantastbar anerkennt. Alles andere darf nicht als wissenschaftlich gelten. Aus diesem Grunde ist Kritik an der materialistischen Voraussetzung für viele Leute unerhört. Kritiker wie die *Intelligent Design*-Forscher Michael BEHE und Stephen MEYER werden unfair behandelt und geächtet, obwohl ihre Argumente wissenschaftlich qualifiziert sind.

Panpsychismus und Naturteleologie – Alternative zum Theismus?

Die theoretischen Schwierigkeiten entstehen dadurch, dass die Welt als grundlegend physikalisch angesehen wird. NAGEL hofft, dass die Dinge lediglich unerklärlich und zufällig *erscheinen*, insofern es weitere Tatsachen gibt, die wir noch nicht kennen und die über Physik hinausgehen. Für NAGEL sind dies *innerweltliche* Tatsachen, fundamentale Merkmale des Universums. Ein Konsens zwischen Intelligent-Design-Vertretern und ihren materialistischen Gegnern ist aber, dass die einzige Alternative zum Theismus ein reduktionistischer Naturalismus ist, der alle Ausstattungsmerkmale der Welt vollständig auf eine nichtgeistige, materielle Realität zurückführen will. NAGEL kann sich diesem Konsens nicht anschließen: Er lehnt sowohl den Reduktionismus als auch den Theismus ab.

Warum lehnt NAGEL den Theismus ab? Da ist zum

einen der *Wunsch nach einer einheitlichen innerweltlichen Ordnung*, welche die Ausstattungsmerkmale der Welt verständlich macht. Dies ist aber kein Sachargument. Ein zweiter Grund ist NAGELS Hoffnung, dass die neue Version des Naturalismus vereinheitlichender wäre als die Design-Theorie. Diese Hoffnung wird aber nicht weiter begründet. Und sie ist unberechtigt: Insofern NAGELS Konzept sowohl physikalische als auch die quasi-geistigen Attribute als grundlegend ansieht, ist es weniger einheitlich als der Theismus, der alles aus *einem* Ursprung erklärt. Drittens meint NAGEL, dass der göttliche Geist als Endpunkt der Erklärungen genauso ungeeignet ist wie der klassische materialistische Ansatz. Auch dies ist unbegründet. Nicht-geistige Ursachen sind gegenüber geistigen in wichtigen Hinsichten defizitär. Erklärungen, die auf geistige Ursachen zurückgreifen, erklären Sachverhalte wesentlich in Bezug auf Zwecke und Resultate und ggf. eine passende Wahl der Mittel, während nicht-geistige dies nicht tun und auf Mechanismen angewiesen sind, die z. B. in Bezug auf das Resultat *per se* blind sind. Viertens würde eine theistische Erklärung uns kein vollständiges Verständnis der Welt liefern. Die Dinge wären zwar für den göttlichen Geist völlig verständlich, für den menschlichen aber nur teilweise. Diese Aussage ist teilweise richtig. Aber sie ist kein Argument gegen den Theismus. Der Naturalismus (zumindest in der vorliegenden Form) ist noch weniger verständlich, was ja NAGELS Ausgangspunkt ist. Außerdem ist es unrealistisch, dass wir Menschen jedes Merkmal der Welt verstehen können. Viel wichtiger für eine plausible Weltanschauung ist, dass sie Gründe dafür liefert, dass diese Merkmale nicht mit riesigen Unwahrscheinlichkeiten oder gar Absurditäten einhergehen.

NAGELS Version eines erweiterten Naturalismus ergänzt den physikalischen Kosmos vor allem um zwei Dinge: Erstens um gleichsam geistige Merkmale der grundlegenden Bestandteile des Kosmos und zweitens um eine reine Naturteleologie, also um Naturzwecke ohne Zwecksetzer. Die geistigen Merkmale, die er zum Beispiel „protopsychisch“, „monistisch“ oder „panpsychistisch“ nennt, sollen sich bei geeigneten physischen Konstellationen zu Geist zusammensetzen, wie er bei „höheren“ Tieren und schließlich beim Menschen vorkommt. Das Geistige wäre dann auf diese Merkmale seiner Grundbestandteile auf verständliche Weise zurückführbar. Und die Naturteleologie soll die Schwierigkeiten der Entstehung und Entwicklung des Lebens und zudem der Lebewesen mit Bewusstsein und Geist lösen. Die natürlichen Vorgänge würden aktiv Ziele anstreben und z. B. die riesige Anzahl möglicher Ausgänge physikalischer Prozesse günstig einschränken.

NAGELS Lösungsansatz ist jedoch unhaltbar. Jede Form des Geistigen setzt Subjektivität, also ein Zentrum oder „Ich“, auf das Bewusstseinsinhalte stets bezogen sein müssen, notwendig voraus. Einen Gedanken, den niemand denkt, oder ein Schmerz, den niemand hat, kann es nicht geben. Die grundlegenden Bestandteile des Kosmos wären entweder gar nicht geistig – und die von NAGEL erwähnten Schwierigkeiten blieben vollumfänglich bestehen – oder sie wären reale geistige Subjekte. Zweitens sind geistige Subjekte *einheitlich* und im Gegensatz zu

physikalischen Dingen nicht aus konkreten Teilen zusammengesetzt. Dies ist ein schwerwiegendes Hindernis naturalistischer Konzepte des Geistes, mit dem NAGEL unverändert konfrontiert ist, da er den Geist genauso als etwas Zusammengesetztes betrachten muss. Genauso wenig kann es eine Naturteleologie ohne Zwecksetzer bzw. Designer geben. Zwecke sind Vergegenwärtigungen (Repräsentationen) von oft künftigen Weltzuständen. Aber nur geistige Subjekte können Weltzustände vergegenwärtigen. Um tatsächlich z. B. eine biologische Zelle zustande zu bringen, wären überdies außerordentliche kognitive Fähigkeiten nötig, die sogar die der besten heutigen Chemiker und Biologen übertreffen. NAGEL gibt zu, dass er von einer solchen Naturteleologie ohne handelndes Subjekt selbst nicht überzeugt ist.

Würdigung

NAGEL räumt ein, dass es im schlimmsten Fall doch keine umfassende und in sich rational verstehbare natürliche Ordnung geben könnte. Tatsächlich muss NAGEL wesentliche Eigenschaften des göttlichen Geistes in sein Konzept der Natur projizieren – nur der Geist selbst, der für die Existenz dieser Eigenschaften nötig ist, ist für ihn keine Option. Es ist aber anzuerkennen, dass NAGEL hier eine persönliche, „*unbegründete Voraussetzung*“ bekennt, die einen Designer für ihn ausschließt: „*Mir fehlt der sensus divinitatis*“. In seinem früheren Buch *Das letzte Wort* schrieb er:

„Ich spreche hier von etwas viel Tieferem, nämlich von der Angst vor der Religion selbst. [...] Ich will, dass der Atheismus wahr ist und es bereitet mir Unbehagen, dass einige der intelligentesten und am besten unterrichteten Menschen, die ich kenne, im religiösen Sinne gläubig sind. [...] Ich will, dass es keinen Gott gibt; ich will nicht, dass das Universum so beschaffen ist.“

NAGELS Redlichkeit kommt auch darin zum Ausdruck, dass er Kritikern des Naturalismus wie Michael BEHE oder Stephen MEYER fair und sachlich begegnet. Es ist zu wünschen, dass auch andere diesem Beispiel folgen. Erfahrungsgemäß ist aber eher zu erwarten, dass das naturalistische Imperium zurückschlägt und versucht, auch Thomas NAGEL zu diskreditieren und aus der offiziell seriösen „Wissenschaft“ auszugrenzen. Bisherige Reaktionen bestätigen leider genau das, auch wenn es erfreulicherweise auch Ausnahmen gibt.

Markus Widenmeyer

Anmerkungen

- ¹ NAGEL hat in seiner frühen Phase selbst den Reduktionismus vertreten, zum Beispiel: *Physikalismus* in: BIERI, P., *Analytische Philosophie des Geistes*, Weinheim, 1997 (Original 1965). Im Jahr 1974 hat er dann im Aufsatz *What is it like to be a bat?* (1974) bereits wesentliche Schwierigkeiten des Naturalismus in Bezug auf die Subjektivität bewusster Wesen herausgearbeitet.
- ² Die Mitarbeiter des Discovery Institute vertreten mit dem Ansatz des „Intelligent Design“ eine geistige Verursachung der Lebewesen, also eine nicht näher spezifizierte Schöpfung.



Wolf-Ekkehard LÖNNIG (2012) Die Evolution der karnivoren Pflanzen: Was die Selektion nicht leisten kann: Das Beispiel *Utricularia* (Wasserschlauch). 3. Aufl. 274 Seiten. Münster: Monsenstein und Vannerdat.

Inhalt des Buches ist eine engagierte Auseinandersetzung zwischen dem Autor, dem für seine evolutionskritischen Äußerungen bekannten Pflanzengenetiker Wolf-Ekkehard LÖNNIG, seinerzeit tätig am Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, und Vertretern der ehemaligen AG Evolutionsbiologie im Verband Deutscher Biologen, namentlich deren Geschäftsführer Martin NEUKAMM. Ausgangspunkt ist die Frage, ob so hochkomplexe Einrichtungen wie die Fangblasen der karnivoren (= tierfangenden oder fleischfressenden) Wasserschlauch-Arten (*Utricularia*) sich allein durch Mutation und Selektion als den bekannten Mechanismen der Synthetischen Evolutionstheorie gebildet haben könnten. Aber über das konkrete Beispiel Wasserschlauch hinaus geht es grundlegend um die Frage der Möglichkeiten und Grenzen von Evolutionstheorien (besonders der Selektion) und um Intelligent Design als möglicher Alternative. Daher kann auch derjenige das Buch mit Gewinn lesen, der sich ganz allgemein über Evolutionskritik informieren und eine eigene Meinung dazu bilden möchte. Das wird dadurch erleichtert, dass stets beide Gegenseiten wörtlich zitiert werden und sehr reichlich einschlägige Literatur angegeben wird.

Die Ausführungen liegen inzwischen in dritter Auflage in Buchform vor, können aber auch online eingesehen werden unter: <http://www.weloennig.de/Utricularia2011Buch.pdf> (das ist zwar „nur“ der Stand der zweiten Auflage (2011), aber die Neuerungen sind nur redaktioneller Art).

LÖNNIG hatte schon vor Jahren im Internet darauf hingewiesen und begründet, dass *Utricularia* ein gutes Beispiel dafür ist, dass die Evolution nicht in der Lage ist, solche komplexen Konstruktionen hervorzubringen. Dieser Ansicht wurde in der Folge von Vertretern der AG Evolutionsbiologie heftig widersprochen und es entspann sich ein leidenschaftlicher Disput über das Für und Wider, der online verfolgt werden konnte. Die Diskussion gipfelte zunächst darin, dass sich Martin NEUKAMM in dem von ihm im Jahre 2009 herausgegebenen Buch „Evolution im Fadenkreuz des Kreationismus“ in einem eigenen Abschnitt (Kap. IX.1) dem Thema *Utricularia* widmete, um aufzuzeigen, dass aus seiner Sicht Evolutionskritiker wie LÖNNIG hier völlig falsch liegen. Stattdessen macht er Vorschläge, wie es im konkreten Fall ausgehend von

normalen Blättern über zahlreiche Zwischenstufen zur Ausbildung der Fangblasen gekommen sein könnte. Speziell dieser Abschnitt ist auch als pdf abrufbar: http://www.evolution-im-fadenkreuz.info/KapIX_1.pdf. Dem Text geht eine sehr kurze allgemeine Einleitung von Kap. IX voraus, die von NEUKAMM, SCHNECKENBURGER & SIKORSKI verfasst ist und den Titel trägt: „Was die Selektion angeblich nicht leisten kann. Diskussion von drei Paradebeispielen“. Gemeint sind damit außer *Utricularia* noch zwei im Kritischen Lehrbuch von JUNKER & SCHERER (2006) besprochene Beispiele für komplexe Systeme, nämlich einmal der Aronstab und zum anderen die bakterielle Flagelle. Zu letzterer gibt es übrigens eine lesenswerte Gegendarstellung von Siegfried SCHERER (2010): „Die Entstehung des bakteriellen Rotationsmotors ist unbekannt“ <http://www.evolutionslehrbuch.info/teil-4/kapitel-09-04-r01.pdf>; man vergleiche auch die aktualisierte Darstellung in der für Herbst 2013 vorgesehenen 7. Auflage des genannten Lehrbuchs.

Die Gattung *Utricularia* ist auch bei uns mit mehreren Arten vertreten, die hier typischerweise als untergetauchte Wasserpflanzen leben. Wurzeln fehlen. Sprossachse und Blätter sind nicht eindeutig voneinander abgegrenzt. Die Blütenstände mit ihren hübschen gelben Blüten, die an die von Löwenmäulchen erinnern (Abb. 2), ragen deutlich über die Wasseroberfläche hinaus. Die Blätter sind – wie auch sonst bei vielen untergetauchten Wasserpflanzen – sehr stark zerteilt. Einzelne Blattzipfel sind als Fangblasen ausgebildet (Abb. 1), die sich – etwas vereinfacht dargestellt – nach Berührung durch kleinste Wassertiere, z.B. Wasserflöhe und Hüpferlinge, schlagartig öffnen, die Tiere samt Umgebungswasser schlucken und sich sofort wieder schließen. Dieser bei karnivoren Pflanzen und überhaupt im Pflanzenreich einmalige Vorgang dauert nur 1–2 Millisekunden, gehört also zu den schnellsten Pflanzenbewegungen überhaupt. Sofort wird Wasser aus den Blasen nach außen gepumpt, spezielle Drüsen geben eiweißspaltende Enzyme usw. ab und schließlich werden die verdauten Teile vom Blatt aufgenommen und weitergeleitet. Es ist ein komplexes Geschehen, das ein fein abgestimmtes Miteinander zahlreicher ausgeklügelter Funktionen erfordert. Dies wird z.B. durch eine im



Abb. 1 Fallen des Wasserschlauchs (*Utricularia aurea*): (Foto: Michal RUBE, Wikimedia Commons)

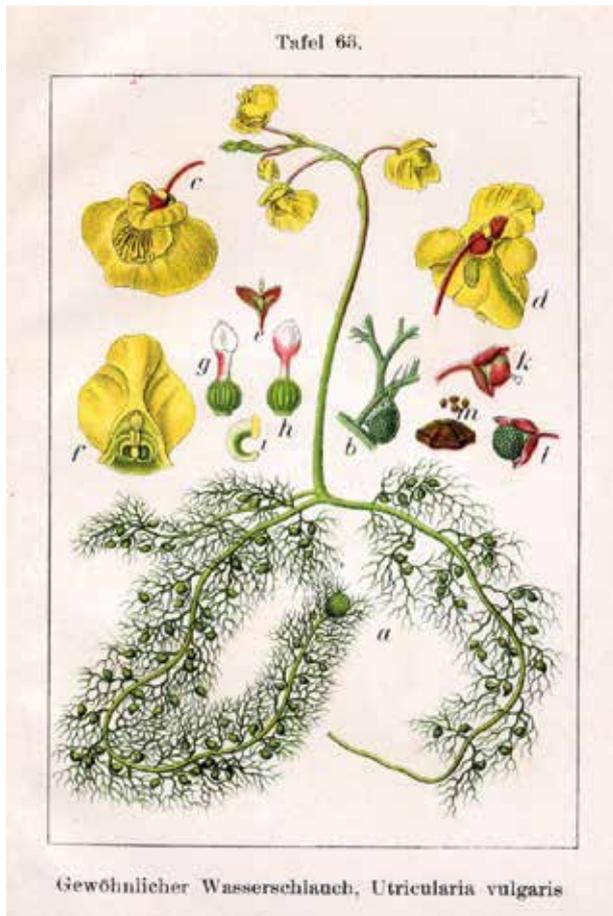


Abb. 2 *Utricularia vulgaris*. (Aus: Jakob STURM: Deutschlands Flora in Abbildungen. Stuttgart 1796)

Internet veröffentlichte Animation von Roland SLOWIK (2007) anschaulich dargestellt: <http://www.unser-auge.de/utricularia-vulgaris/Utricularia-vulgaris-20w.html>. Die eindrucksvolle Situation hat Biologen immer wieder ins Staunen versetzt, wie Zitate im Vorspann des Buches belegen.

In **Teil 1** des zu besprechenden Buches greift LÖNNIG nun die Thesen der oben genannten Abschnitte des von NEUKAMM herausgegebenen Buches auf, zitiert sie Punkt für Punkt wörtlich und beleuchtet sie kritisch. Er unterteilt sie in 112 (!) Punkte, die oft sehr detailliert beantwortet werden, so dass zwar einerseits eine Fülle von interessanten Aspekten zu Tage tritt, es andererseits aber oft mühevoll wird, dem Text zu folgen. Da würde man sich eine Straffung des Textes sehr wünschen.

LÖNNIG würdigt ausdrücklich die wissenschaftlichen Leistungen, die auf dem Gebiet der Karnivorenforschung seit DARWINS Publikation von 1875 „Insectivorous plants“ erbracht wurden, gerade auch durch die Beiträge deutscher Biologen. Aber er kritisiert unbelegte Interpretationen, etwa die Auffassung, dass die evolutive Entstehung von *Utricularia* im Wesentlichen geklärt sei – eine Meinung, die auch von zahlreichen namhaften Karnivorenforschern nicht geteilt wird, wie u. a. die beiden folgenden Zitate zeigen: „... how these species actually evolved is still the deepest of mysteries ...“ und „... the evolutionary origins of the *Utricularia* trap remain incompletely understood“. Er schreibt dazu (S. 121): „Zur Zeit werden also zum Ursprung *Utricularias* von führen-

den Vertretern der Karnivorenforschung und Evolution mehrere sich diametral widersprechende Abstammungshypothesen vertreten: kontinuierliche vs. sprunghafte Evolution, Entstehung von *Utricularias* Fangmechanismus in terrestrischen vs. aquatischen Vorfahren, Entwicklung über *Genlisea*-ähnliche Vorfahren vs. *Pinguicula*(-ähnlich) direkt, Evolution über *Sarracenia*-ähnliche Reusenfallen zu *Genlisea* vs. Theorien ohne solchen Umweg.“

Einen weiten Raum der Diskussion nimmt die Frage ein, welche tatsächliche Bedeutung der Selektion zukommt. Bekanntlich kann Selektion allein nichts Neues hervorbringen, sondern allenfalls durch Mutation oder Rekombination neu Entstandenes fördern. Dennoch wird bei evolutionstheoretischen Überlegungen gerne argumentiert, dass für die Entstehung bestimmter, an sich unwahrscheinlicher Situationen ein besonders hoher Selektionsdruck verantwortlich sei, so etwa bei fleischfressenden Pflanzen durch die nährstoffarmen Standorte, an denen tierische Zusatzkost einen hohen Selektionsvorteil darstellt. Nun weist aber LÖNNIG darauf hin, dass viele *Utricularia*-Arten gar nicht in nährstoffarmen Gewässern vorkommen, so z. B. der bei uns heimische Gewöhnliche Wasserschlauch (*U. vulgaris*), der vor allem an meso- bis eutrophen Standorten wächst, also an solchen mit mittlerem bis hohem (!) Nährstoffangebot. Aber selbst karnivore Arten nährstoffarmer Standorte teilen ihren Lebensraum mit ganz verschiedenen Pflanzen, die keine Einrichtungen zum Tierfang haben. Außerdem gibt es Hinweise darauf, „dass karnivore Pflanzen nach Kosten-Nutzen-Einschätzungen oft genug keinen Vorteil vom Tierfang haben, da die Kosten für die Ausbildung der Fangorgane oft größer sind als der Nutzen durch den Fang.“

Im Zusammenhang mit der immer wieder überschätzten Effizienz von Mutation und Selektion ist der Hinweis auf die Internet-Initiative „A scientific dissent from Darwinism“ bemerkenswert, bei der inzwischen mehr als 800 Naturwissenschaftler und Mathematiker unabhängig von irgendeiner weltanschaulichen Einstellung eine 2001 vom *Discovery Institute* gestartete und ständig aktualisierte Liste unterschrieben haben, in der sich die Wissenschaftler mit folgender denkwürdigen Aussage identifizieren: „We are skeptical of claims for the ability of random mutation and natural selection to account for the complexity of life.“ Interessant sind auch die an verschiedenen im Text erwähnten oder auch wörtlich wiedergegebenen Aussagen von bekannten Persönlichkeiten und Nobelpreisträgern, die sich zur Frage der Entstehung des Lebens geäußert haben und dabei der Evolution als allein erklärendem Prinzip oder mindestens Teilaspekten davon skeptisch bis ablehnend gegenüberstehen, vgl. <http://www.weloennig.de/Nobelpreistraeger.pdf>.

NEUKAMMS Ausführungen betreffen in weiten Teilen Vorstellungen, wie sich die Fangblasen von *Utricularia* über zahlreiche Zwischenstufen entwickelt haben könnten. Hier liefert LÖNNIG zu mehreren Punkten sachliche Kritik, die zeigt, dass es so nicht gewesen sein kann, vor allem aber bemängelt er, dass die bloße Vorstellbarkeit von Zwischenstufen aufgrund von morphologischen Vergleichen noch lange kein Beweis dafür ist, dass die evolutive Abfolge auch tatsächlich in dieser Form

stattgefunden hat. Den hohen Erwartungen, die von evolutionstheoretischer Seite gerne an den Erfolg von Mutationen gestellt werden, setzt LÖNNIG als Experte auf diesem Gebiet seine eigenen experimentellen Erfahrungen entgegen, wonach Mutationen zwar vielfältig sein können, aber in engen Grenzen bleiben (Gesetz der rekurrenten Variation).

Dem Leser dieser Zeitschrift wird manche Argumentation vertraut vorkommen, er wird aber auch Punkte finden, die zum Nachdenken anregen und – wie sollte es anders sein – auch Aussagen, die er vielleicht so nicht teilen würde. So könnte man etwa hinterfragen, ob das als Alternative zur Evolution zweifellos in Frage kommende Konzept des Intelligent Design wirklich durch naturwissenschaftliche Methoden bewiesen werden kann, oder ob es sich dabei nicht genauso wie bei der Evolutionstheorie nur um ein Erklärungsmodell handelt, das im strengen Sinne unbeweisbar ist.

In **Teil 2** geht es im Wesentlichen um die Stellungnahme zu Erklärungen von Ulrich KUTSCHERA in seinem Buch „Streitpunkt Evolution“ (2004/2007) zur Entstehung des Fangmechanismus von *Utricularia vulgaris*. Dieser Abschnitt überschneidet sich vielfach mit der Diskussion in Teil 1, ist aber durchaus lesenswert. Allerdings sind auch hier die Ausführungen oft sehr umfangreich, so dass man schnell den roten Faden verlieren kann. Historisch interessant ist u. a. die Rolle von Charles DARWIN (1875) beim Thema *Utricularia*. Ihm kommt das Verdienst zu, die karnivoren Pflanzen intensiv studiert zu haben. Aber er hatte z. B. nicht erkannt, dass es sich um einen aktiven Fangvorgang handelt, und zur Frage der evolutiven Herkunft der Fangblasen schreibt Alfred R. RUSSEL in einem Brief an ihn: „Dear Darwin, ... I'm rather surprised that you do not make any remarks on the origin of these extraordinary contrivances for capturing insects. I feel sure they will be seized on as inexplicable by Natural Selection, and your silence on the point will be held to show that you consider them so!“

Teil 3 gibt die erste Diskussion zu *Utricularia* mit Martin NEUKAMM 1999 und 2000 wieder, vgl. auch <http://www.weloennig.de/Wasserschlauch.html>. Dieser Teil ist also als eine Art Anhang zu verstehen, der als Vergleich hinzugefügt wurde. Denn die Argumente und Lösungsvorschläge zur Entstehung von *Utricularia* von M. NEUKAMM sind damals andere gewesen als 2009 und erforderten, wenn es konkret wurde, auch völlig andere Antworten. Für den am Werdegang der Diskussion interessierten Leser ergeben sich hier interessante Einblicke. Für die meisten dürfte dieser Teil aber eher uninteressant sein. Zu erwähnen ist etwa die ausführliche Begründung LÖNNIGS, wieso die Fangblasen des Wasserschlauchs sich nicht zwanglos von Wurzelknöllchen ableiten lassen, die sich jetzt auch deshalb erübrigt, weil NEUKAMM selber von dieser Idee Abstand genommen hat.

Teil 4 ist quasi ein weiterer Anhang. Hier geht es um die „Diskussion von Einwänden zum Teil 1“, also um eine neue Runde der Argumente, die durch neue Stellungnahmen seitens M. NEUKAMM ausgelöst wurden, zur Sache jedoch nichts wesentlich Neues beitragen.

Das **Literaturverzeichnis** ist mit 40 Seiten ungewöhnlich lang und stellt u. a. eine wertvolle Zusammenstellung von Arbeiten (auch älteren) dar, die sich zur Evolution als ganzer oder Aspekten davon kritisch äußern bzw. Alternativen wie Intelligent Design ansprechen. Einige Publikationen sind auch mit Kommentaren versehen.

Zusammenfassung

Das Buch bzw. dessen online-Version ist für alle lesenswert, die sich mit kritischen Anfragen an die Evolution und speziell mit den Möglichkeiten und Grenzen der Selektionstheorie ausführlicher beschäftigen wollen. Die Aussagen gehen dabei weit über das gewählte Beispiel *Utricularia* (Wasserschlauch) hinaus. Der Text ist allerdings oft mühevoll zu lesen, da er stellenweise sehr ins Detail geht, und man leicht den Überblick verlieren kann. Wer sich – wie es für die meisten Leser dieser Zeitschrift gelten dürfte – näher mit dem kritischen Lehrbuch von JUNKER & SCHERER (2006) befasst hat, wird vieles Bekannte wiederfinden, aber auch auf neue und zum Nachdenken anregende Aspekte stoßen. Und er wird natürlich auch auf Punkte stoßen, die er so nicht formulieren würde.

Auf jeden Fall bietet das Buch jedem, der bereit ist, sich unvoreingenommen mit der nach wie vor hochaktuellen und in der Öffentlichkeit letztlich wenig bekannten Frage der Evolutionskritik und möglicher Alternativen auseinanderzusetzen, eine Fülle von interessanten Informationen, die aufgrund der Punkt-für-Punkt-Argumentation und der vielen wörtlichen Zitate dem Leser bei dem Prozess der eigenen Meinungsbildung eine Hilfe sein dürften. Weniger schön ist, dass manche Passagen von gegenseitigen Unterstellungen der Diskutierenden geprägt sind, was aber bei einer solchen direkten Gegenüberstellung der Meinungen wohl schwer zu vermeiden sein dürfte.

Herfried Kutzelnigg

Literatur

- DARWIN C (1875) *Insectivorous plants*. London: John Murray.
JUNKER R & SCHERER S (2006/2013) *Evolution. Ein kritisches Lehrbuch*. 6. Aufl. Gießen: Weyel. (7. Aufl. 2013).
KUTSCHERA U (2004/2007): *Streitpunkt Evolution. Darwinismus und Intelligentes Design*. Münster: Lit Verlag. (2. Aufl. 2007).
NEUKAMM M (Hg.) (2009) *Evolution im Fadenkreuz des Kreationismus. Darwins religiöse Gegner und ihre Argumentation*. Göttingen: Vandenhoeck & Ruprecht. (Kap. IX.1: http://www.evolution-im-fadenkreuz.info/KapIX_1.pdf).

