

STUDIUM INTEGRALE

Megafluten



Frühe Hinweise auf
Blütenpflanzen



Zu viele Zufälle im
Sonnensystem



Bienen als
Landekünstler

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**



Wasser hat vielfältige Eigenschaften. Industriell wird Wasser zum Schneiden von gehärtetem Stahl eingesetzt. Während beim Reinwasserschneiden lediglich die Strahlenergie des Wassers ausgenutzt wird, wird beim Abrasivschneiden die Schneidleistung durch den Zusatz von Schneidmitteln signifikant erhöht. – Ähnlich verhält es sich, wenn extrem große, sedimentbeladene und hoch-energetische Fluten die Landschaft unserer Erdoberfläche formen. Dabei reißen hydraulische Wirbel, durch Sediment angereichert, vergleichbar mit Unterwasser-Tornados, Löcher in den Untergrund. Abhängig von Wassermasse, Fließgeschwindigkeit und Materialfracht wird so hartes Untergrundgestein flächenhaft erodiert oder tiefgründig herausgefräst.

Das eindrucksvollste Beispiel hierfür ist die Lake-Missoula-Megaflut, die sich am Ende der Eiszeit in Nordamerika ereignete. Die Superflut, ausgelöst durch einen Eisdammbruch eines aufgestauten Schmelzwassersees mit dem etwa 50-fachen Volumen des Bodensees, formte in nur wenigen Tagen die Channeled Scablands mit kanalartigen Schluchten von bis zu 80 km Länge und 300 m Tiefe. Nicht weniger beeindruckend ist die Geschichte zur Geschichte. Denn bis zur Anerkennung der Fluthypothese galten die Channeled Scablands als eine langsame und stetige Bildung in einem Zeitrahmen von 800.000 Jahren und mehr. Die Lake-Missoula-Flut aber ist kein Einzelfall; dies zeigt der Beitrag „Megafluten“ von Michael KOTULLA.

Die Erforschung von Megafluten, insbesondere durch Hydrogeologen, hat Bewegung in die Geologie gebracht. Wie werden Phänomene der Vergangenheit gedeutet? Welche methodische Vorgehensweise ist vorherrschend? Ist „Zeit“ nur ein beliebiger Faktor? Es wird dargelegt, dass das in der Geologie vorherrschende, regulative Prinzip des Uniformitarismus zur Deutung der Vergangenheit fehlerbehaftet und irreleitend ist.

Nicht selten werden Flutereignisse mit der Genesis-Flut assoziiert; so z. B. die „Schwarzmeer-Megaflut“. Doch keine dieser lokalen Fluten reicht an die Bedeutung und Wirkung der Genesis-Flut heran. Die hier behandelten Megafluten können aber helfen, ein Vorstellungsvermögen für eine globale Sintflut zu entwickeln, die um etliche Größenordnungen höher anzusetzen ist. Werden alle Aspekte von „Megafluten“ miteinander verknüpft, wird deutlich: Es besteht eine gravierende Zeitverwerfung zwischen dem uniformitaristischen Entwurf der Zeit und dem biblischen Zeitrahmen.

Ein Problem, das sich zäh seiner Lösung widersetzt, ist eine natürliche Erklärung der Entstehung des Lebens oder wenigstens seiner wichtigen makromolekularen Bestandteile. In diesem Zusammenhang erlangte die RNA-Welt-Hypothese besondere Popularität. Danach sollen Ribonukleinsäuren (RNA), deren biologische Aktivität sowohl die Informationsspeicherung als auch den Stoffwechsel (Katalyse chemischer Reaktionen) unterstützt, den heute bekannten Lebensformen vorausgegangen sein. Die bisherigen Befunde erlauben derzeit jedoch kein plausibles Modell zur Entstehung des Lebens. Ein aktueller Versuch, die Probleme zu lösen, erweist sich erneut als nicht tragfähig, da von unrealistischen Voraussetzungen ausgegangen wird. Entscheidende Aspekte werden nicht experimentell demonstriert, wie Boris SCHMIDTGALL in seinem Beitrag über die RNA-Welt zeigt.

Grenzen scheint es auch beim Versuch zu geben, die Entstehung ganz neuer Merkmale und Funktionen in Lebewesen experimentell nachzuvollziehen. Seit 1988 läuft hierzu ein Langzeit-Evolutionsexperiment mit Bakterien. Anlässlich des 25. Jahrestags des Starts dieses Experiments mit nun schon ca. 60.000 Generationen wurden neue Ergebnisse publiziert, über die Daniel VEDDER berichtet. Zwar zeigt sich bisher kein Ausklingen evolutionärer Anpassungen, aber für die evolutionäre Entstehung neuer Strukturen fehlt weiterhin ein Nachweis.

In der Astrophysik machten in den letzten Monaten mögliche Bestätigungen des kosmologischen Standardmodells (Urknallmodell) von sich reden. Erstaunlicherweise häufen sich dagegen in unserem Planetensystem, sozusagen in unserem „kosmischen Hinterhof“, Fragen in Bezug auf die Plausibilität eines hohen Alters. *Einzelne* Beobachtungen, die Verständnisschwierigkeiten in einem alten Planetensystem bereiten, mögen nicht sehr aussagekräftig sein, aber es gibt eine Häufung unerwarteter Kurzzeitphänomene. Peter KOREVAAR berichtet darüber und wirft die Frage auf, ob das nur „Zufall“ ist oder sich eine Systematik dahinter verbirgt.

In weiteren spannenden Beiträgen geht es um menschliche DNA, die aus Fossilien geborgen wurde, um die kambrische Explosion in der Fossilüberlieferung und die Behauptung, sie sei entscheidend entschärft worden, um überraschend alten Pollen von Blütenpflanzen, um ein erstaunliches Ausmaß molekularer Konvergenzen, um Meerwasser aus der geologischen Formation der Kreide und vieles mehr. Für eine abwechslungsreiche Lektüre ist also gesorgt.

Ihre Redaktion **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL**

■ 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

Gullfoss („Goldener Fall“) in Island –
Ausdruck der gewaltigen Kraft des
fließenden Wassers? Nur ein wenig. Denn
Studien haben ganz andere Dimensionen
aufgezeigt: In nur Stunden können ganze
Landschaften geformt und Canyons aus
dem Untergrundgestein herausgefräst
werden (siehe den Artikel „Megafluten“ ab
S. 4). (Foto: © h368k742 - Fotolia.com)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

M. Kotulla	Megafluten	4
H. Binder	Der Mensch und sein Genom. III. Hinweise auf seine Abstammung?	12
B. Schmidtgal	RNA-Welt: Krise überwunden?	22

■ REZENSION

R. Junker	Building the most complex structures on earth. An epigenetic narrative of development and evolution of animals. (N. Cabej)	58
-----------	--	----



Abbildung online nicht verfügbar

■ KURZBEITRÄGE

P. Korevaar	Zu viele Zufälle im Sonnensystem	28
R. Junker	Molekulare Konvergenzen in unerwartetem Ausmaß	33
D. Vedder	25 Jahre Evolution <i>in vitro</i>	36
R. Junker	Kambrische Explosion: Darwins Dilemma gelöst?	38
H. Kutzelnigg	Sind Blütenpflanzen 100 Millionen Jahre älter als bisher angenommen?	41
R. Schäffer	Meerwasser aus der Kreide?	43

■ STREIFLICHTER

Spinnengift als hochwirksames Insektizid	45
Fisch mit Gesicht stellt Abstammung auf den Kopf	45
Vom komplex nach einfach: Stachelweichtiere	46
Gliederfüßergehirn: Von Beginn an „modern“	47
Ausgeklügelter Bau der Fledermauszunge	48
Lebst du noch oder wohnst du schon? – Ameisen als Immoscout	49
Frühe Verschiedenartigkeit	50
Geheimnisvolle DNA – überlagernde Codes im Genom	51
Bienen im Anflug	52
Zahnräder bei Zikadenlarven	53
Eichelwürmer – vom Kambrium bis heute unverändert	54
Hochgeschwindigkeitsverbindung zum Erdmantel – dramatisch schneller Aufstieg von Magma	55
Tamu-Massiv – einer der größten Vulkane des Sonnensystems	56

Megafluten

Zahlreiche gewaltige Flutereignisse stehen in Verbindung mit dem Zusammenbruch großer Eisschilde. Ihnen wird ein gravierender Einfluss auf die Landschaftsentwicklung zugeschrieben. Die Lake-Missoula-Flut allerdings brach nicht nur über die lössbedeckte Ebene des Columbia-Plateaus herein, sondern auch in das geologische Theoriengebäude zur Deutung der erdgeschichtlichen Vergangenheit.

Michael Kotulla

Megafluten sind extrem große, hoch-energetische Fluten mit Fluss- bzw. Abflussraten ≥ 1 Million [Mega] m^3/s (vgl. BAKER 2013, Tab. ZT-1).¹ Fluten dieser Dimension werden auch als *katastrophische Fluten*, *kataklysmische Fluten* oder *Superfluten* bezeichnet. Bisher sind sie der direkten wissenschaftlichen Beobachtung nicht zugänglich gewesen; es sind durchweg vergangene Ereignisse, die historisch bzw. „wissenschaftlich“-historisch nicht dokumentiert sind. Als Paläofluten* können sie nur anhand von Indizien rekonstruiert werden.

Hinweis: Die Z-Verweise beziehen sich auf das Zusatzmaterial unter www.si-journal.de/jg21/heft1/megafluten.pdf

Mechanismen, Phänomene, Verbreitung

Megafluten sind plötzliche Ereignisse, verursacht durch schlagartige Austritte (Aus- bzw. Einbruch) gewaltiger, aufgestauter Wassermassen. Sie bilden

sich an natürlichen Blockaden (u.a. Gletschereis, Moränen, Erdrutsche, Lava) in Flussläufen oder Tälern sowie in Becken. Wird ein kritischer Schwellenwert überschritten (Druck, Unter-spülung), bricht die instabile Barriere (Damm) oder das „randvolle“ Becken bricht an einer oder mehreren Überlaufstellen (Schwellen) ein.

Die am besten erforschte Megaflut ist die spätglaziale* Lake-Missoula-Flut (BRETZ 1923, 1969; BAKER 1973, 2008). Das Kerngebiet der Überflutung ist das Channeled Scabland im östlichen Teil des Bundesstaates Washington (USA, s. Abb. ZA-1), eine beeindruckende Landschaft aus einem Komplex anastomosierender (verflochter), in das Untergrundgestein eingeschnittener Kanäle (Abb. ZA-2, ZA-3), lössbedeckter Inselberge, Katarakten, Felsenbecken, Strudelkessel, mächtiger Schotterflächen und gewaltiger Schotterbänke. Vom aufgestauten Lake Missoula (Montana) bis zu den Tiefseeablagerungen im Pazifischen Ozean lassen sich die Spuren dieser Megaflut von Osten nach Westen über eine Strecke von über 2000 km Länge verfolgen

Abb. 1 Gigantische Strömungsrippeln im Kuraj-Becken, Altai-Gebirge, Südsibirien. Die Strukturen in einer Meereshöhe von über 1500 m, 2500 km vom nächsten Meer entfernt, entstanden bei einer durch einen Eisstausee-Ausbruch verursachten Megaflut. Sie haben eine Wellenlänge zwischen 50 und 100 Meter und erreichen eine Höhe bis 16 Meter. Foto: Alexei RUDOV (freundl. Überlassung).





Abb. 2 Gletscherdamm, Patagonien. Die Gletscherzunge des 30 km langen Perito-Moreno-Talgletschers (Bildmitte) staut den südlichen Teil des Argentino-Sees (Brazo Rico, links, schlammfarben) relativ um bis zu 30 m auf. Übersteigt der Druck des aufgestauten Schmelzwassers einen Schwellenwert, bricht der natürliche Eisdamm. Gegenwärtig geschieht dies alle vier bis fünf Jahre. – Ein natürliches Miniatur-Labor im Vergleich zur Lake-Missoula-Flut mit einem etwa 700 Meter hohen Eisdamm. Foto (Credit): NASA (ISS030-E-91253) vom 21. Februar 2012 (letzter Dammbruch im März 2012), Norden ist rechts, Bildbreite etwa 57 km.

(Kasten, Abb. 4). Dabei bilden die zahlreichen Phänomene eine Indizienkette. Der Gletscherseeausbruch setzte schlagartig ein 600 m hoch aufgestautes Wasservolumen von etwa 2260 km³ frei (vgl. Bodensee 48 km³). Die Leerung erfolgte wahrscheinlich binnen zwei Tagen, rechnerisch werden Abflussraten von 10–20 Millionen m³/s und Strömungsgeschwindigkeiten von 80–120 km/h ermittelt. Die Wassermenge war etwa 15 Mal so groß wie alle Wassermassen aller Flüsse der Erde zusammen, die heute in zwei Tagen in die Meere fließen.

Ein wichtiges und auffallendes Indiz für Megafluten sind gigantische Rippelmarken, deren Entstehung auf sehr hohe Strömungsgeschwindigkeiten schließen lassen. Die Megarippeln (ZM-1) sind in der Region der Lake-Missoula-Flut dutzendfach beschrieben und u.a. auch in Alaska (Atna-Glazialsee, WIEDMER et al. 2010), Patagonien (Santa Cruz River, PACIFICI 2009) und in mehreren Gebieten des zentralasiatischen Gebirges nachgewiesen worden. Dort wird die spätglaziale Altai-Megaflut (RUDOY & BAKER 1993, Abb. 1) hinsichtlich Mechanismus und Größenordnung der Lake-Missoula-Flut gleichgestellt. Neuere Modellrechnungen (HERGET 2012) ergeben unter der Voraussetzung einer vollständigen Leerung eines 600 km³ fassenden Eis-aufgestauten Sees im Kuray- und Chuja-Becken maximale Abflussraten von etwa 10 Millionen m³/s und eine Dauer von 2–3 Tagen. Weitere Indizien sind insbesondere die zahlreichen bis zu 120 m hohen Schottertafeln und Geröllfelder entlang der heutigen Flussläufe von Chuja und Katun. Unklar allerdings ist, ob sie Bildungen eines oder mehrerer Megaflutereignisse repräsentieren. Weiter östlich in der Tuwa-Region,

entlang des Oberlaufs des Jenissei, sind außerordentlich gut erhaltene Megarippeln bei Kysyl (Abb. ZM-1) zu beobachten. Ein Eisdamm (vgl. Abb. 2) soll zu einer Auffüllung des Darkhadyn/Khotgor-Beckens (Mongolei) geführt haben. Des Weiteren sind Kanäle, hängende Täler und Flutsedimente in Nebentälern ausgebildet (KOMATSU et al. 2009). Der Flut-Mechanismus soll sich mehrfach wiederholt haben.

Es wird angenommen, dass sich im eurasischen Tiefland im Spätglazial weitere Megafluten ereignet haben, entlang eines vorgezeichneten sich über mehrere Tausend Kilometer erstreckenden Drainage-Systems vom Westsibirischen Tiefland bis zum Schwarzen Meer (vgl. GROSSWALD 1998). Der proglaziale* Lake Mansi im Süden des arktischen Barents-Kara-Eisschildes (Nordrußland) staute sich bis zu einer Höhe von etwa 128 m auf (Fläche von 1,2 Mio. km², Volumen von 75.000 km³), bis seine Wassermassen

Kompakt

Megafluten sind extrem große, hoch-energetische Fluten, die gehäuft am Ende der Eiszeit aufgetreten sind. Mit dem Zusammenbruch der Eismassen bildeten sich hochdynamische pro- und subglaziale Eisstauseen, deren instabile Becken kollabierten (Dammbruch, Überlauf). Infolgedessen wurden schlagartige Ausbrüche gigantischer Wassermassen ausgelöst.

Die Erforschung der Megafluten, insbesondere der Lake-Missoula-Flut, hat dazu beigetragen zu erkennen, dass die in der Geologie zur Deutung der Vergangenheit vorherrschende methodische Vorgehensweise, das regulative Prinzip des Uniformitarismus (Uniformität), fehlerbehaftet und irreleitend ist.

Die Assoziation der postulierten holozänen Schwarzmeer-Megaflut mit der Genesis-Flut ist spekulativ und nicht plausibel. Ein weiterer wesentlicher Aspekt des Uniformitarismus, die A-priori-Annahme langer Zeit, macht – im Kontext der Genesis-Flut – deutlich, dass eine gravierende Zeitverwerfung zwischen dem uniformitaristischen Entwurf der Zeit, sowohl der Projektion in die Vergangenheit als auch in die Zukunft, und dem biblischen Zeitrahmen besteht.

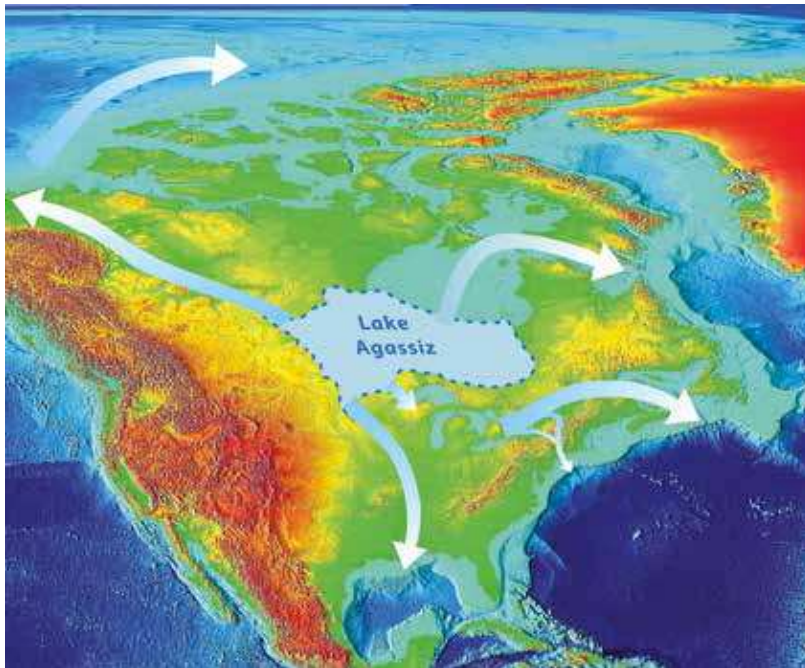


Abb. 3 Der Glazialsee Lake Agassiz (Nordamerika) mit den Drainage-Routen zu den Rand- und Weltmeeren (zur Verdeutlichung ohne Laurentidischen Eisschild). In seinem Endstadium bedeckte der gigantische See nach Modellrechnungen mit einem Volumen von 163.000 km³ eine Fläche von etwa 841.000 km². Das Volumen entspricht dem Doppelten des heutigen Kaspischen Meeres. Die Megaflut soll 6 Monate andauert haben. Grafik: John SHAW & Michael LEWIS (freundl. Überlassung).

Richtung Süden über die Turgai-Senke in den Aralsee (Paläohöhe etwa 80 m) entwässerten, von dort weiter über den Uzboi-Kanal in das Kaspische Meer (Paläohöhe 50 m, heute -28 m) und anschließend über die Manytschniederung (höchster Punkt heute 27 m) in das Schwarze Meer.

Zwischen dem Mittelmeer und dem Schwarzen Meer (Bosporus-Schwelle) ist es möglicherweise mehrmals zu wechselseitigen Flutungen gekommen. Durch schwankende (fallende) Meeresspiegelstände waren die Wasserregime nicht verbunden und in ihrer Entwicklung entkoppelt. Ein ungleichläufiger Anstieg des Wasserspiegels kann so zu teilweise katastrophischen Wassereintritten geführt haben. RYAN und Co-Autoren (1997, 2003, 2007) postulieren ein initiales, katastrophisches Flutereignis vor etwa 8400 ¹⁴C-Jahren, welches das während des Glazials um etwa 100 m niedrigere Schwarze Meer rasch auffüllte. Die Überflutung kann, so die Autoren, eine Zerstreuung der neolithischen Wildbeuter und Bauern vom Schwarzmeergebiet in das Innere Europas beschleunigt haben. Insgesamt

soll eine Schelffläche von 100.000 km² überflutet worden sein, wobei der Seespiegel mit einer Rate von 15 cm/Tag (etwa 55 m/Jahr) anstieg. Das Schwarzmeer-Flutereignis wird allerdings kontrovers diskutiert. YANKO-HOMBACH (2007) bspw. geht nur von einem durchschnittlichen (moderaten) Anstieg von 3 cm/Jahr aus, der von den Anrainern kaum wahrgenommen worden wäre und sicherlich nicht zu einer Zerstreuung geführt hätte.

Ein großdimensioniertes anastomosierendes Kanalsystem beschreiben GUPTA et al. (2007) vom Untergrund des Ärmelkanals nach Auswertung hochauflösender bathymetrischer (Topographie des Meeresbodens mit Tiefenzahlen) Daten. In Analogie zur Lake-Missoula-Flut schließen sie, dass eine vormals bestehende natürliche Landverbindung im Bereich der Doverstraße zwischen dem heutigen Großbritannien und Kontinentaleuropa von den anstehenden Wassermassen der südlichen Nordsee im Mittel-Pleistozän durchbrochen wurde und dies zu einem katastrophalen Ausbruch des gesamten proglazialen Schmelzwasserstausees führte. Die Vorabmeldung zur *Nature*-Veröffentlichung löste in 2006 eine große mediale Aufmerksamkeit aus, so *The Telegraph*: „Britain became Island in 24 hours.“ Bemerkenswert ist, dass von der bereits von SMITH (1985) vorgelegten Hypothese einer katastrophischen Entstehung des Paläotalsystems keine Notiz genommen worden war.

Des Weiteren wird vermutet, dass die Urstromtäler in Norddeutschland und Polen aufgrund ihres anastomosierenden Musters ebenfalls Bildungen hoch-energetischer Flutströme sind (SHAW et al. 1989, BAKER 2013).

Der finale Ausbruch des gigantischen Agassiz-Gletscherstausees mit einem doppelten Volumen des heutigen Kaspischen Meeres löste eine sechs Monate andauernde Megaflut aus.

Typische Scabland-Phänomene werden auch aus Island beschrieben. Der über mehrere Stufen insgesamt 300 Meter tiefe Jökulsárgljúfur-Canyon (Abb. ZA-4) nördlich des Vatnajökull ist durch prähistorische Jökulhlaups (Gletscherläufe) erodiert und eingeschnitten worden; entlang des Jökulsá-Tales sind verflochtene (anastomosierende) Kanäle, Strudellöcher, Trockenfälle und gewaltige Felsbrockenansammlungen zu beobachten (WAITT 2002).

Während des Zusammenbruchs und der Enteisung des Laurentidischen Eisschildes bildeten sich im zentralen Teil des nördlichen Nordamerika zahlreiche Paläo-Randseen, von denen der Lake Agassiz (zeitweise in Verbindung mit dem Lake Ojibway) der größte war. Diese

Glossar

a priori: unabhängig von Erfahrung und Wahrnehmung, hier: von vornherein festgelegt.

glazial: eiszeitlich, Erscheinungen im Zusammenhang mit einer Eiszeit; probzw. subglazial: dem Eisschild/Gletscher vor- bzw. untergelagert; Spätglazial: definiert als letzter Zeitabschnitt der (letzten) Eiszeit.

Induktion: wissenschaftliche Methode; abstrahierter Schluss vom speziellen Einzelfall (Empirie) auf das Allgemeine

(Gesetzmäßige).

Katastrophismus: Deutung der Erdgeschichte als (im Wesentlichen) eine Folge katastrophischer Ereignisse.

Paläo-: alt, die Vergangenheit betreffend; Paläoflut: Eine Flut in früherer Zeit, die nicht durch direkte hydrologische Messung studiert oder durch Laien beobachtet und aufgezeichnet wurde.

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

Der Lake-Missoula-Gletscherseeausbruch: Chronologie einer Megaflut

Die anhand von Indizien rekonstruierte Lake-Missoula-Flut** (u. a. BRETZ 1969; BAKER 1973, 2008; DENLINGER & CONNELL 2010) ist die bisher am besten erforschte terrestrische Megaflut. Das Ereignis hat sich wahrscheinlich in nur wenigen Tagen am Ende der Eiszeit zugetragen.

1| Mit einem mächtigen Vorstoß am Südrand der großen Kordilleren-Eisdecke strömt das Gletscheris des Purcell Ice Lobus in das Tal des Clark Fork River, einem bedeutenden Nebenfluss des Columbia River (vgl. Abb. 2). Der so entstandene natürliche Eisdamm (ice dam) staut die sich rasch akkumulierenden Schmelzwässer in den dahinterliegenden Tälern auf. Der glaziale Lake Missoula entsteht.

2| Wasserstandsmarken (Abb. ZA-5, ZA-6) geben Zeugnis von dem Paläo-Eisstausee; sie zeigen die Mindesthöhe der Oberfläche an (bei Missoula, etwa 1295 m ü. NN; Talsohle bei Clark Fork, etwa 630 m ü. NN). Hieraus lassen sich Seefläche (7800 km²) und Wasservolumen (2260 km³) berechnen. – Zum Vergleich: Bodensee 48 km³ (etwa 1/50), Genfer See 89 km³ (etwa 1/25).

3| Unter dem gewaltigen Druck der aufgestauten Wassermassen, so ist anzunehmen, bricht der Eisdamm. Eine gigantische Flutwand von bis zu 600 Metern (?) Höhe schießt explosionsartig durch den gebrochenen Damm. Da der untere Talbereich des Clark Fork ebenfalls durch Eis versperrt ist, stürzen die Flutwasser nach Süden in den kleineren Lake Columbia.

4| Gigantische Strömungsrippeln in Camas Prairie (Abb. ZA-7, ZA-8) am Grunde des Lake Missoula zeugen von extrem hohen

Strömungsgeschwindigkeiten. Bereits nach wenigen Minuten werden Werte von über 125 km/h erreicht. Wegen ihrer ungewöhnlichen Größe (Höhe bis 20 m, Abstand bis 200 m) wurden sie erst aus der Luftperspektive erkannt (PARDEE 1942).

5-7| Die schießenden und zunehmend Untergrundmaterial aufnehmenden (mit Sediment beladenen) Wassermassen erodieren die südwestlich gelegene basaltische Plateaufläche tiefgründig (Abb. ZA-9, ZA-10). In wahrscheinlich nur wenigen Tagen entsteht das Channelled Scabland, ein Labyrinth von Zeugenbergen und tief eingeschnittenen (ausgefrästen) Canyons (Abb. 5). Die bemerkenswertesten Strukturen sind Grand Coulee (eine kanalartige Schlucht, 80 km lang, 1 bis 10 km breit und bis zu 300 m tief; Abb. ZA-11, ZA-12) mit einem System von Trockenkatarakten (Dry Falls) sowie Palouse Falls, ein relativ kleiner Wasserfall in einem gigantischen, überdimensionierten Strudeltopf (Abb. 6a-b).

8| Ein Teil des erodierten Untergrundes lagert sich an den Ausgängen der Coulees ab. Es entstehen riesige, bis zu 120 m mächtige fächerartige Schotterflächen (Abb. 7) mit Hunderten km³ Material aus Silt, Sand, Kies und Felsblöcken. Der größte Block misst in der Längserstreckung 18 m und ist etwa 10 km weit transportiert worden.

9| Die Wallula Gap (heutige Bodenhöhe 105 m ü. NN), eine nur etwa 2 km breite Talenge des Columbia River (Abb. ZA-13), bremst die Flutwasser. Sie stauen sich bis nahe der Oberkante der Klippen auf (ca. 380 m ü. NN) und bilden

einen Rückstau in die Seitentäler und 150 km stromaufwärts. Die Enge lässt nur einen Maximal-Abfluss von etwa 160 km³/Tag zu; das lässt auf eine Abfluss-Dauer von etwa 14 Tagen schließen.

10-11| Auf dem Weg zum Pazifischen Ozean bilden sich weitere temporäre Seen (Lake Condon, Lake Willamette). Jenseits der Wallula-Enge werden erneut sehr hohe Strömungsgeschwindigkeiten (80 km/h und mehr) und Mega-Abflussraten (10 Millionen m³/s) erreicht. Das Tal des Columbia River weitet sich weiter aus, steile Wände entstehen.

12| Ein weiterer Teil des erodierten Materials lagert sich teilweise über 1000 km vom Mündungsbereich des Columbia River entfernt in Depressionen und auf Tiefseeebenen des Pazifischen Ozeans ab. Als sedimentbeladene, sich schnell fortbewegende Bodenströme (Trübestrome, turbidity currents) wird die Fracht im untermeerischen Cascadia-Kanal den Kontinentalhang hinab transportiert, bis sie am Ende hauptsächlich über die ausgedehnte Tufts-Tiefseeebene zur Ablagerung kommt und in Teilen im jungen Escanaba-Graben eine mächtige, siltig-sandige Turbidit-Einheit mit einer Gesamtmächtigkeit von 57 m ausbildet (NORMARK & REID 2003, s. ZE-1, ZA-14).

** Einige Detailfragen sind ungeklärt. Umstritten ist, ob sich das Ereignis mit dieser Magnitude dutzendfach ereignet hat (s. ZE-2). Der Verfasser geht nach dem jetzigen Kenntnisstand nur von einer Lake-Missoula-Flut dieser Magnitude aus.



Abb. 4 Vereinfachte Karte zur Lake-Missoula-Flut. Grafik: Tony Waltham (freundl. Überlassung), aus *Geology Today* (2010, s. Literatur); Nummern ergänzt durch den Verfasser. Weiß: Kordillerische Eisdecke; Blau: aufgestauter Missoula-See; hellblau: temporäre (Tage-) Seen; rosa: tiefgreifend erodierter Bereich (Scabland).



Abb. 5 Das Channeled Scabland im Nordwesten der USA. Die Aufnahme zeigt den Kontrast zwischen den verflochtenen, in das Untergrundgestein eingeschnittenen Kanälen und den lössbedeckten Inselbergen (landwirtschaftlich genutzten Flächen mit „Flickwerkmuster“). Links oben der künstlich mit Wasser aufgefüllte Grand Coulee, eine kanalartige Schlucht, 80 km lang, 1–10 km breit und bis zu 300 m tief. Wahrscheinlich entstanden in nur wenigen Tagen. Foto: NASA.

temporären Seengebilde waren hinsichtlich Position, Ausdehnung und Volumen hochdynamisch. Zahlreiche möglicherweise durch Dammbrüche ausgelöste kataklysmische Fluten entwässerten über Drainage-Routen (Abb. 3) entweder nordwestlich zum Arktischen Ozean (FISHER et al. 2002, MURTON et al. 2010), nordöstlich und östlich zum Atlantischen Ozean (CLARKE et al. 2004; TELLER 2005) oder südlich zum Golf von Mexiko (FISHER 2004). Entlang der Routen werden klein- und großdimensionierte Erosionsformen, u.a. Strudellöcher, langgestreckte Auskolkungen, anastomosierende Kanäle und Überläufe beobachtet. Ein Relikt des Eisschildes sind die Beckenfüllungen der Großen Seen. Der „finale“ Ausbruch des Agassiz-Ojibway-Megasees erfolgte über die Hudsonstraße in den Nordatlantik (Labradorsee). Als Mechanismus wird ein subglaziales Tunnel-System angenommen; die Freisetzung soll 6 Monate andauert und maximale Flussraten von 5 Millionen m³/s erreicht haben (CLARKE et al. 2004). Nach den bathymetrischen Modellrechnungen bedeckte der gigantische See in diesem Endstadium mit einem Volumen von 163.000 km³ eine Fläche von etwa 841.000 km² (LEVERINGTON et al. 2002). Das Volumen entspricht dem Doppelten des heutigen Kaspischen Meeres.

BAKER (2013) führt weltweit mehr als 40 Regionen auf, in denen terrestrische* Megafluten oder kataklysmische Flut-Phänomene für das Spätquartär bisher beschrieben wurden. Hinzuzurechnen sind noch ältere kataklysmische Flutereignisse, so bspw. aus dem Münsterland

(Mittel-Pleistozän, MEINSEN et al. 2011). Auch für die Bildung wesentlicher Teile des Grand Canyon werden als Ursache katastrophische Stauseeausbrüche bzw. Stauseeüberläufe angenommen (MEEK & DOUGLAS 2001; KARLSTROM et al. 2014).

Nach 50 Jahren weiteren Erkenntnisgewinns steht die Erforschung von Megafluten dennoch am Anfang. Aktuogeologische Studien, bspw. an isländischen Jökulhlaups (s. ZE-1, ZM-2), und Versuche in Sediment- und Hydrauliklabors können hierzu wesentliche Impulse liefern.

Kataklysmische Fluten und Uniformitarismus

Als BRETZ in den 1920er-Jahren aus seinen Geländebeobachtungen folgerte, dass das Channeled Scabland durch eine katastrophische Flut entstanden sein muss, reagierte die wissenschaftliche Gemeinde mit harscher Kritik. Was bisher als eine langsame und stete Bildung in einem Zeitraum von Hunderttausenden von Jahren (Pleistozän) galt, sollte nun in „unvorstellbar“ kurzer Zeit entstanden sein.

BRETZ hatte mit seiner kataklysmischen Interpretation das vorherrschende Prinzip des Uniformitarismus (Uniformität) nachdrücklich verletzt. Es ist das grundlegende (regulative) Prinzip, die methodische Vorgehensweise, die in der Geologie zur Deutung der Vergangenheit Anwendung findet. Die von HUTTON (1788) begründete und durch LYELL (1830–33) systematisch und theoretisch ausgestaltete Methode (ein System von Prinzipien) nannte WHEWELL (1832), ein Kritiker LYELLS, Uniformitarismus. Erkenntnistheoretisch besagt Uniformitarismus, dass für die Deutung der Vergangenheit im Sinne wissenschaftlich verlässlicher Schlussfolgerungen als einzige Erfahrungsquelle nur die gegenwärtigen, durch menschliche Beobachtung nachweisbaren, geologisch langsam wirkenden und niedrig-energetischen Prozesse zuzulassen sind (vgl. BAKER 2002, 2379). Mit dieser Methodologie ließ LYELL in der Geologie ausschließlich dieses konstruierte Schließverfahren der Induktion* zu. Nach GOULD (1990, 155) hatte diese Methodologie noch eine weitere Funktion: Nur durch strikte Befolgung dieser Methodologie sei die geologische Wahrheit zu ermitteln.

Das Ansinnen von LYELL war, die Geologie als „echte“ Naturwissenschaft zu etablieren und ihr den gleichen Grad an Sicherheit zuzueignen wie den experimentellen Naturwissenschaften Physik und Chemie. Sein Werk beginnt mit der zu seiner Zeit entscheidenden Aussage: „Geology is the science (...).“ Das war aber nur möglich, wenn die Geologie so „funktionierte“ wie die



Physik oder die Chemie, also ausschließlich das Schließverfahren der Induktion zur Anwendung kam. BAKER (2002) kritisiert, dass das uniformitaristische Prinzip von den intellektuellen Nachkommen LYELLS bis weit in das 20. Jahrhundert blind angewandt worden ist. Für BAKER war diese „falsch angewandte wissenschaftliche Logik“ das größte Hindernis in dem Fortschreiten der Erkenntnis über Superfluten.

Falsch sei die induktive Vorgehensweise deshalb, so BAKER, weil es – entgegen den konventionellen Ansichten über wissenschaftliche Methodologie – niemals eine generelle Theorie über Superfluten gegeben hat, die durch Beobachtung und Experiment getestet, bestätigt oder falsifiziert hätte werden können. Stattdessen hat die Beobachtung Vorrang vor der Theorie (siehe BRETZ), und das Verständnis hat sich weiterentwickelt, als zuvor unerkannte Phänomene entdeckt wurden. Das betrifft aber nicht nur Superfluten. Grundsätzlich ist die substanzielle Annahme des Uniformitarismus, die wirksame kataklysmische Ereignisse ablehnt, der Logik der Naturwissenschaft zuwider (BAKER 2009, S. 6–4).

Erst in den 1960er-Jahren wurde die Lake-Missoula-Flut generell akzeptiert. Weitere Befunde, u.a. Megarippeln (PARDEE 1942) und Satellitenaufnahmen, sowie Vorort-Exkursionen führten zu einem langsamen Umdenken.²

Megaflut und Genesis-Flut

Nach RYAN & PITMAN (1999) soll der kataklysmische Wassereinbruch in das Schwarze Meer die historische Basis für die biblische „Legende“ der Genesis-Flut (sog. „Noah-Fluthypothese“) bilden. Diese Assoziation ist reine Spekulation. Ungeachtet der Kontroverse (s. o.), in welcher die gewonnenen Daten unterschiedlich interpretiert werden, folgen RYAN & PITMAN bei ihrer Zuweisung methodisch einem vorherrschenden Muster: Die Genesis-Flut wird als eine zeitgenössische Legende betrachtet, die möglicherweise

von lokalen Flutereignissen inspiriert worden ist. Und mit dem Erkenntnisgewinn um die Verbreitung und Häufigkeit von gewaltigen Fluten (s. o.) scheint es nicht überraschend, so BAKER (2013, 522), dass zahlreiche späteiszeitliche Kulturen gewaltige Fluten im kollektiven Gedächtnis bewahrt und mündlich tradiert haben.

Wird die Bibel allerdings als eine unabhängige und ernstzunehmende Erkenntnisquelle akzeptiert, erscheinen Charakter und Relevanz der Genesis-Flut in einem anderen Licht: Die Sintflut (Gen 6–9) will als Sinn-Flut verstanden werden, ein historisches Ereignis, ein von Gott angekündigtes und real vollzogenes Gericht, konkret die Vernichtung aller luftatmenden Landtiere und Menschen, – aber auch als Zeugnis der Gnade Gottes, der Errettung und Erneuerung. Dieses historische Geschehen – in seiner Universalität – wird zum realen Analogon endzeitlichen Geschehens, der Wiederkunft Christi, des finalen Gerichts der Menschen und des Vergehens von Himmel und Erde (Mt 25, 2. Petr 3). Damit ist die Sintflut ein nicht aufzulösender Teil der Lebens- und Erdgeschichte auf einem Zeitstrahl, der von der Schöpfung über die gefallene zur zukünftigen Welt reicht (vgl. STEPHAN 2010, *Sintflut und Geologie*).

Der in weiten Kreisen anerkannte (gegläubte) biblische Zeitrahmen wich in der ersten Hälfte des 19. Jahrhunderts der Idee der Unermesslichkeit vergangener Zeit (HUTTON). Sie manifestierte sich als überzeugender Gegenentwurf zum damals vorherrschenden, sintflutlastigen Katastrophismus. Dieser konnte nur dadurch zurückgewiesen werden, so BURCHFIELD (1990, 9), indem die gewaltigen Kräfte, denen die umwälzenden Veränderungen der Erdoberfläche zugeschrieben wurden, durch Zeit ersetzt wurden. Mit dem regulativen Prinzip des Uniformitarismus (s. o.) wurde genau das erreicht: Eine immerwährende Gegenwart (minimale Kräfte), projiziert in die Vergangenheit, bedingte maximale Zeit. Die Konsequenz war eine gigantische Zeitverwerfung zwischen dem biblischen Rahmen einerseits und der Langzeitkonstruktiv-

Abb. 6 a Palouse Falls. Der heutige Palouse River kann weder den gigantischen Strudelkessel noch den Katarakt noch den Canyon geschaffen haben. Die Besichtigung dieser Lokalität durch Geologen der Quartärvereinigung führte 1965 final zur Akzeptanz der von BRETZ seit über 40 Jahren vertretenen, katastrophischen Fluthypothese. Lokalität siehe Abb. 4, Nr. 6. Foto: PJ BLALOCK (Wikimedia Commons)

b Palouse Canyon. Typischer rechteckiger, kastenförmiger Querschnitt. Die kanalartige, 120 m tiefe Hohlform wurde wahrscheinlich in nur wenigen Tagen aus den Plateaubasalten herausgefräst. Lokalität wie Abb. 6a. Foto: Martin ERNST (freundl. Überlassung).



Abb. 7 Schotterfläche südlich des Grand Coulee. Durch die Fluten transportierte und am Ausgang der Coulees abgelagerte Blöcke. Lokalität siehe Abb. 4, nahe Punkt 8. Foto: Martin ERNST (freundl. Überlassung).

on der Historischen Geologie andererseits. Die (einjährige) Genesis-Flut, interpretiert in einem Entwurf von Hunderten von Millionen Jahren, schrumpfte zunächst zu einem Mikroereignis am Ende des langen geologischen Zeitstrahls (Diluvium) und verkümmerte – ihrer Universalität und Historizität beraubt – zu einem Mythos.

Es wird HUTTON zugeschrieben, dass er „die Naturwissenschaft und Philosophie von den Limitierungen des biblischen Alters der Erde (6000 Jahre alt) befreite.“³ Dem uniformitaristischen Entwurf der Zeit ist ein Großteil der Geologen bis heute gefolgt; vielmehr ist er „als eine Grundlage der Naturwissenschaft akzeptiert.“³ Ist aber der A-priori-Ausschluss* hoch-energetischer, kataklysmischer Prozesse eine „falsch angewandte wissenschaftliche Logik“ (s. o.), so gilt dies für die A-priori-Substitution solcher Prozesse mit Zeit ebenfalls. LOTZE (1968, 7) decodierte diesen Aspekt des Uniformitarismus, indem er schrieb: „Denn die Geologie ist in ihrem Wesenskern eine geschichtliche Wissenschaft. Sie geht davon aus, dass das heutige Erscheinungsbild der Erde das Ergebnis einer langen und wechselvollen Entwicklung ist [...]“. Es wird deutlich, dass die Historische Geologie mit ihrem Entwurf der Zeit für die Deutung der Vergangenheit auf einer weiteren substanziellen Annahme gründet, die eine kurze kataklysmische Zeitspanne ablehnt. Im Sinne dieser Annahme wird (vergangene) Zeit Langzeit-konstruiert und es wird der Versuch unternommen, Methoden der Zeitbestimmung zu entwickeln, die diese entsprechend quantifiziert. Waren es über Jahrzehnte summarische (uniformitaristische) Schätzmethode, die der wissenschaftlichen Gemeinde eine zufriedenstellende Größenordnung im Bereich von hunderten von Millionen Jahren

lieferte, ist es heute die radiometrische Methode, die Ergebnisse in gleicher Größenordnung interpretiert und ausweist (vgl. KOTULLA 2014).

In anderer Weise deutlich wird die Zeitverwerfung, wenn spiegelbildlich eine Projektion in die Zukunft vorgenommen wird: Den Prophezeiungen der modernen Wissenschaft (vgl. bspw. Terra X (ZDF) vom 7. Oktober 2012: „Die Entdeckung der Zukunft“ mit Prof. H. LESCH) – eine neue Eiszeit in 50.000 Jahren, ein neuer Superkontinent in 250 Millionen Jahren, eine neue (makroevolutiv veränderte) Tierwelt in rund 500 Millionen Jahren, ein erkalteter Erdkern in 2,3 Milliarden Jahren und eine unbewohnbare Erde in 7 Milliarden Jahren – stehen die biblischen Prophezeiungen gegenüber, die (zeitnahe) Wiederkunft Christi und ein neuer Himmel und eine neue Erde (Offb 21).

Dank

Dr. Reinhard JUNKER danke ich für die Durchsicht des Manuskripts und wertvolle Hinweise, Dr. Martin ERNST, Dr. Michael LEWIS & Dr. John SHAW, Prof. Alexei RUDOY und Dr. Tony WALTHAM für die Zurverfügungstellung von Fotos und Grafiken (siehe Abbildungen).

Anmerkungen

- ¹ Zum Vergleich: höchster gemessener Hochwasserabfluss: Rhein (1995) etwa 11000 m³/s; Elbe etwa 4600 m³/s (2002), Amazonas (800 km oberhalb der Mündung) 300000 m³/s.
- ² Ein weiteres Geo-Ereignis erregte 1980 Aufsehen: Der mögliche Impakt eines Meteoriten an der Kreide/Tertiär-Grenze, der ursächlich das Aussterben der Dinosaurier ausgelöst haben könnte (ALVAREZ et al. 1980). – Heute ist das Impakt-Ereignis weitestgehend akzeptiert. Ein Großteil der geowissenschaftlichen Gemeinde ist davon überzeugt, in den letzten 30 Jahren einen Paradigmenwechsel vollzogen zu haben, nämlich katastrophische Vorgänge und Ereignisse in der Erdgeschichte „zuzulassen“. Die Akzeptanz aber

Falsch angewandte wissenschaftliche Logik war das größte Hindernis im Fortschreiten der Erkenntnis über Superfluten.

ist limitiert auf seltene Vorkommnisse (Stichworte: „moderner Katastrophismus“, „Konzept des seltenen Ereignisses“) oder bspw. einer moderaten Ereignisstratigraphie. Dies zeigt eine nach wie vor starke Imprägnation LYELL'schen Gedankengutes.

- 3 Zitiert von Hinweistafeln am Siccar Point (Steilküste östlich Edinburgh, Schottland). Hier, so der weitere Text, soll HUTTON 1788 die abschließende Bestätigung für seine Behauptung gefunden haben, dass die Erde Äonen alt sei. Und weiter: Damit stehe Siccar Point wie kein anderes Naturmonument für das unvorstellbare Ausmaß von Zeit, das geologische Prozesse ausmachen soll (s. KOTULLA 2014).

Literatur

- ALVAREZ LW, ALVAREZ W, ASARO, F & MICHEL HV (1980) Extraterrestrial cause for the Cretaceous-Tertiary extinction. *Science* 208, 1095-1108.
- BAKER VR (1973) Paleohydrology and sedimentology of lake Missoula flooding in Eastern Washington. *Geol. Soc. Am. Spec. Pap.* 144, 79 S.
- BAKER VR (2002) The Study of Superfloods. *Science* 295, 2379-2380.
- BAKER VR (2009) The Channeled Scabland – a retrospective. *Ann. Rev. Earth Planet. Sci.* 37, 6.1-6.19.
- BAKER VR (2013) Global late Quaternary fluvial paleohydrology: With special emphasis on paleofloods and megafloods. In: SHRODER JF (ed.) *Treatise on geomorphology*, Vol. 9, 511-527, San Diego.
- BRETZ JH (1923) The Channeled Scabland of the Columbia Plateau. *J. Geol.* 31, 617-649.
- BRETZ JH (1969) The Lake Missoula Floods and the Channeled Scabland. *J. Geol.* 77, 503-543. (hier weitere, ältere Referenzen)
- CLARKE GKC, LEVERINGTON DW, TELLER JT & DYKE AS (2004) Paleohydraulics of the last outburst flood from Glacial Lake Agassiz and the 8200 BP cold event. *Quaternary Science Reviews* 23, 389-407.
- GOULD SJ (1990) Die Entdeckung der Tiefenzeit. Zeitpfeil oder Zeitzyklus in der Geschichte unserer Erde. München, Wien.
- GROSSWALD MG (1998) A new approach to the Ice Age paleohydrology of northern Eurasia. In: BENITO G, BAKER VR & GREGORY KJ (eds) *Palaeohydrology and Environmental Change*. Chichester, 199-214.
- GUPTA S, COLLIER JS, PALMER-FELGATE A & POTTER G (2007). Catastrophic flooding origin of shelf valley systems in the English Channel. *Nature* 448, 342-345.
- HERGET J (2012) Ice-dammed lake outburst floods in the Altai Mountains, Siberia – A review with links for further readings. *Tomsk State University Journal of Biology* No. 1 (17), 148-168.
- HUTTON J (1788) *Theory of the Earth; or an Investigation of the Laws Observable in the Composition, Dissolution, and Restoration of Land upon the Globe*. Transactions of the Royal Society of Edinburgh 1(2), 209-304.
- KARLSTROM KE, LEE JP, KELLEY SA, CROW RS, CROSSEY LJ, YOUNG RA, LAZEAR G, BEARD LS, RICKETTS JW, FOX M & SHUSTER DL (2014) Formation of the Grand Canyon 5 to 6 million years ago through integration of older palaeocanyons. *Nature Geoscience*, doi:10.1038/ngeo2065.
- KOMATSU G, ARZHANNIKOV SG, GILLESPIE AR, BURKE RM, MIYAMOTO H & BAKER VR (2009) Quaternary paleolake formation and cataclysmic flooding along the upper Yenisei River. *Geomorphology* 104, 143-164.
- KOTULLA M (2014) Gültigkeit und Grenzen geologischer Zeitbestimmung. Online-Loseblattsammlung, Stand: 1. Ergänzungslieferung 03/2014, www.wort-und-wissen.de.
- LEVERINGTON D, MANN JD & TELLER JT (2002) Changes in the bathymetry and volume of glacial Lake Agassiz between 9200 and 7700 14C yr B.P. *Quaternary Research* 57, 244-252.
- LYELL C (1830-33) *Principles of geology*. Being an attempt to explain the former changes of the earth's surface by reference to cause now in operation. London.
- MEINSEN J, WINSEMANN J, WEITKAMP A, LANDMEYER N, LENZ A & DÖLLING M (2011) Middle Pleistocene (Saalian) lake outburst floods in the Münsterland Embayment (NW Germany): impact and magnitudes. *Quaternary Science Reviews* 30, 2597-2625.
- MEEK N & DOUGLASS J (2001) Lake overflow: An alternative hypothesis for Grand Canyon incision and development of the Colorado River. In: YOUNG RA & SPANNER EE (eds.) *Colorado River: Origin and evolution*: Grand Canyon, Arizona. Grand Canyon Association, 199-204.
- PACIFICI A (2009) The Argentinean Patagonia and the Martian landscape. *Planetary and Space Science* 57, 571-578.
- PARDEE JT (1942) Unusual currents in glacial lake Missoula, Montana. *Geological Society of American Bulletin* 53, 1569-1600.
- RUDDY AN & BAKER VR (1993) Sedimentary effects of cataclysmic late Pleistocene glacial outburst flooding, Altay Mountains, Siberia. *Sedimentary Geology* 85, 53-62.
- RYAN WBF, MAJOR CO, LERICOLAIS G & GOLDSTEIN SL (2003) Catastrophic flooding of the Black Sea. *Annual Reviews of Earth and Planetary Science* 31, 525-554.
- RYAN WBF, PITMAN III WC, MAJOR CO, SHIMKUS K, MOSKALENKO V, JONES GA, DIMITROV P, GÖRÜR N, SAKINC M & YÜCE H (1997) An abrupt drowning of the Black Sea shelf. *Marine Geology* 138, 119-126.
- RYAN W & PITMAN W (1999) Noah's flood: The new scientific discoveries about the event that changed history. New York, 318 S.
- RYAN WBF (2007) Status of the Black Sea flood hypothesis. In: YANKO-HOMBACH VV, GILBERT AS, PANIN N & DOLUKHANOV M. (eds) *The Black Sea flood question: Changes in coastline, climate and human settlement*. New York, 63-88.
- SHAW J, KVILL D & RAINS B (1989) Drumlins and catastrophic subglacial floods. *Sedimentary Geology* 62, 177-202.
- SMITH AJ (1985) A catastrophic origin for the palaeovalley system of the eastern English Channel. *Marine Geology* 64, 65-75.
- STEPHAN M (Hrsg.) unter Mitarbeit von BINDER H, EGLI-ARM F, ERNST M, HERZOG T & JUNKER R (2010) *Sintflut und Geologie. Schritte zu einer biblisch-urgeschichtlichen Geologie*. 3. Aufl., Holzgerlingen, 319 S.
- WATTS RB (2002) Great Holocene floods along Jokulsa a Fjollum, north Iceland. In: MARTINI IP, BAKER VR, GARZON G (eds.) *Flood and megaflood deposits: Recent and ancient examples*. Special Publication Number 32. International Association of Sedimentologists, Oxford, 37-51.
- WALTHAM T (2010) Lake Missoula and the Scablands, Washington, USA. *Geology Today* 26/4, 152-158.
- WHEWELL W (1832) *Lyell's Principles of Geology*, Volume 2. Quarterly Review, 103-132.
- WIEDMER M, MONTGOMERY DR & GILLESPIE AR (2010) Late Quaternary megafloods from Glacial Lake Atna, southcentral Alaska, U.S.A. *Quaternary Research* 73, 413-424.
- YANKO-HOMBACH VV (2007) Controversy over Noah's Flood in the Black Sea: Geological and Foraminiferal Evidence from the Shelf. In: YANKO-HOMBACH VV, GILBERT AS, PANIN N & DOLUKHANOV M. (Eds.) *The Black Sea Flood Question: Changes in Coastline, Climate and Human Settlement*. New York, 149-203.

Anschrift des Verfassers:

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

Der Mensch und sein Genom

III. Hinweise auf seine Abstammung?

Das Genom des Menschen kann aufgrund der verfügbaren, sehr leistungsfähigen Technologien gegenwärtig aus vielen Proben von Menschen aus unterschiedlichsten Lebensräumen und Kulturen analysiert werden. Auch aus einigen Fossilien von Menschenartigen (Homininen) liegen Informationen zu deren Erbgut vor. Wie zuverlässig und vertrauenswürdig sind diese Daten? Welches Bild von der Geschichte der Menschen ergibt sich daraus, wenn man diese fossilen Daten mit denjenigen von verschiedenen Bevölkerungsgruppen heutiger Menschen vergleicht?

Harald Binder

Das menschliche Genom – ein kurzer Rückblick

Nach intensiven Bemühungen und hitzigen Auseinandersetzungen – die auch politischer Natur waren – informierten Craig VENTER und Francis COLLINS im Beisein des damaligen amerikani-

schen Präsidenten Bill CLINTON am 26. Juni 2000 die Weltöffentlichkeit darüber, dass ihre Teams einen ersten Entwurf des menschlichen Erbguts (Genom) erstellt hätten. Im Februar des darauffolgenden Jahres wurden die entsprechenden wissenschaftlichen Arbeiten in zwei speziellen Ausgaben von *Nature* und *Science* veröffentlicht und umfangreich diskutiert. In den Folgejahren

wurden die Sequenzdaten des Humangenoms weiter abgesichert und dokumentiert. Offiziell gilt das menschliche Erbgut seit April 2003 als vollständig entschlüsselt. Das 1990 unter der Leitung von James WATSON begonnene Projekt zur Sequenzierung des menschlichen Genoms (Human Genome Project; HGP) wurde durch die Arbeiten der Human Genome Organisation (HUGO) – einem international koordinierten Forschungsverbund und der von Craig VENTER gegründeten Firma Celera Genomics – 2003 abgeschlossen. Der erzielte Kenntnisstand wurde durch das International Human Genome Sequencing Consortium im Oktober 2004 in *Nature* veröffentlicht (IHGSC 2004). Das Autorenkollektiv beschreibt eine DNA-Sequenz, die 2,85 Milliarden Nukleotide umfasst und von 341 Lücken unterbrochen wird. Die angegebene Zuverlässigkeit beträgt 1 Fehler pro 100 000 Nukleotide (Bausteine von Nukleinsäurepolymeren). In der Veröffentlichung wird als bemerkenswert festgestellt, dass das menschliche Genom anscheinend nur 20 000 bis 25 000 proteincodierende Gene enthält. Nach Abschluss des HGP wird das Humangenom in vielen verschiedenen Folgeprojekten weiter erforscht, von denen das bekannteste wohl das ENCODE-Projekt (**ENC**yclopedia **Of** **DNA** **E**lements) ist.

Das menschliche Genom – was wissen wir?

Das menschliche Erbgut als DNA-Makromolekül – ein Polynukleotid – ist auf 23 Chromosomen verteilt und umfasst etwa 3,2 Milliarden Basenpaare. Davon ist die Abfolge, also die Sequenz von ca. 2,9 Milliarden bekannt. Mit den derzeit verfügbaren Methoden kann nicht die komplette Sequenz ermittelt werden, v. a. weil diese ausgedehnte Bereiche mit repetitiven Sequenzen aufweist, d. h. Abschnitte, in denen sich nur zwei Nukleotide abwechseln. Die Fachleute gehen davon aus, dass die bekannte Sequenz des Humangenoms bei allen Menschen zu mehr als 99,9% identisch ist.

Die Kenntnis der Genomsequenz ist jedoch erst der *Einstieg* in ein Verständnis des Genoms, seiner Funktion und seiner Bedeutung für den Organismus. Lebewesen nutzen ihr Genom; dessen Bedeutung für den jeweiligen Organismus ist noch wenig verstanden und hat z. B. zu Beginn der menschlichen Embryonalentwicklung wenig Einfluss.

Zunächst war die vergleichsweise geringe Zahl von 20 000 bis 25 000 proteincodierenden Genen überraschend. Um diese Zahl an Genen zu codieren, reichen weniger als 3% der DNA im menschlichen Genom aus. Einige Autoren

Kompakt

Optimierte Protokolle zur Isolierung von DNA aus fossilen Proben sowie sehr leistungsfähige und hochautomatisierte Technologien zur Sequenzierung der DNA haben Informationen zum Erbgut einiger fossiler Menschenartigen (Homininen) zugänglich gemacht. Um aus den fossilen Proben DNA-Sequenzen zu erhalten, die maßgeblich vom fossilisierten Organismus stammen (endogene DNA), sind Vorinformationen und die Anwendung verschiedenster Filterfunktionen notwendig. Typischerweise ist der Anteil endogenen Erbguts in den Fossilien sehr gering. In die Überlegungen zur Bestimmung des endogenen Anteils fließen Vorstellungen über möglicherweise abgelaufene Prozesse ein; diese machen die entsprechenden DNA-Sequenzen zu Daten, die von den Modellen nicht unabhängig sind.

Durch Vergleich der fossilen homininen Genomdaten mit denjenigen aus verschiedenen Vertretern heutiger Bevölkerungsgruppen versuchen verschiedene Arbeitsgruppen Fragen zur Abstammungsgeschichte des Menschen zu beantworten. Aufgrund der bisher sehr begrenzten Zahl an fossilen homininen Genomen lässt sich deren Variationsbreite bisher nicht abschätzen. Bereits jetzt deutet sich aber an, dass die Genomdaten die diskutierten Stammbäume nicht besser als die auf morphologischen Vergleichen beruhenden Stammbäume auflösen. Vielmehr werden wie bei den anhand von Skelettmerkmalen vorgenommenen phylogenetischen Untersuchungen vernetzte Verbindungen zwischen den verschiedenen Homininen gefunden. Dies entspricht Erwartungen des Grundtypmodells.

hatten einem großen Teil der DNA zunächst keine Funktion und damit auch keine Bedeutung zugewiesen und dafür den Begriff „junk DNA“ geprägt. Damit brachten sie zum Ausdruck, dass es sich aus ihrer Sicht dabei um „Gerümpel“, um „altes Zeug“, also um unbrauchbar gewordenen Abfall aus der Vergangenheit handelt. Diese Einschätzung wurde und wird durch weitere Forschung stark herausgefordert und in Frage gestellt. Denn es hat sich wiederholt gezeigt, dass die Behauptung von Funktions- und Bedeutungslosigkeit von Strukturen und Organen bei Lebewesen nicht aufrecht zu erhalten war. Man ist in der naturwissenschaftlichen Forschung gut beraten, sich mit Äußerungen dieser Art zurückzuhalten und mit allen verfügbaren Mitteln ausdauernd nach Funktionen zu suchen, bis man diese nachweisen kann.

Einige Abschnitte des Genoms sind durch repetitive Basen charakterisiert, d. h. nur zwei verschiedene Basen oder kurze Motive daraus wechseln sich in unbestimmter Anzahl ab. Derartige Bereiche sind mit heute verfügbaren Methoden nicht zuverlässig zu sequenzieren, d. h. ihre Ausdehnung kann man nicht exakt angeben. Dies bedeutet, dass bisher noch kein Humangenom wirklich vollständig sequenziert ist. Die Aussage, dass das menschliche Genom entschlüsselt sei, stellt eine ungenaue Verkürzung dar.

Die bisherigen Veröffentlichungen im Zusammenhang mit dem ENCODE-Projekt belegen Hinweise auf Funktionen für mehr als 80% des Genoms (The ENCODE Project Consortium 2012). Auch wenn die Interpretationen aus dem ENCODE-Projekt kritisch kommentiert wurden (GAUR et al. 2013, DOOLITTLE 2013) – insbesondere der verwendete Funktionsbegriff – ist in den bisher erschienenen Publikationen

dokumentiert, dass in unterschiedlichen Zellen insgesamt ein sehr großer Teil des menschlichen Erbguts genutzt wird.

Die hier unvollständig genannten Erkenntnisse der jüngeren Zeit verdeutlichen unser derzeit sehr begrenztes Verständnis der Funktion des menschlichen Genoms. Dem gegenüber stehen sehr leistungsfähige und weitgehend automatisierte Methoden zur Sequenzierung von DNA und ein unübersehbar großes und extrem wachsendes Arsenal an Handwerkszeug der Bioinformatik. Diese Konstellation ermöglicht vielfältige und umfangreiche Untersuchungen in den enorm großen Sequenz-Datenbanken. Dies kann jedoch nicht darüber hinwegtäuschen, dass – wie erwähnt – unser Verständnis der Funktion des Genoms derzeit noch sehr begrenzt ist.

Unsere derzeitige Erkenntnis über das Genom von Lebewesen führt zu einer sehr dynamischen Vorstellung des Erbguts. Im Nukleus (Zellkern) wird das Chromatin (das gesamte Material der Chromosomen) laufend modifiziert und zwar sowohl die Histonproteine, mit deren Hilfe die DNA in den Chromosomen verpackt ist, als auch die DNA-Bausteine selbst. Die klassische Vorstellung, dass in jeder Zelle unseres Körpers dasselbe Erbgut als Kopie vorliegt, lässt sich bei genauer Betrachtung nicht mehr aufrecht erhalten. In den Körperzellen liegt das Erbgut mit der DNA aus der Zygote je nach Gewebetyp und Entwicklungszustand mit spezifischen Modifikationen versehen vor. Diese Modifikationen werden in dem hochdynamischen Forschungsfeld der Epigenetik untersucht.

DNA-Sequenzen aus Fossilien

Vor etwa 30 Jahren veröffentlichten HIGUCHI et al. (1984) erstmals DNA-Sequenzen von einem

Quagga (*Equus quagga quagga*), einer ausgestorbenen Unterart des Steppenzebras. Die Probe, aus der DNA-Fragmente isoliert werden konnten, stammt aus Muskelgewebe eines präparierten Museumsexemplars. Kurze Zeit später erschien eine Arbeit, in der die Sequenz eines etwa 3400 Basen umfassenden DNA-Stücks aus einer Jahrtausende alten ägyptischen Mumie (ca. 2600 v. Chr.) beschrieben wurde (PÄÄBO 1985). Nach den zwischenzeitlich gesammelten Erfahrungen gehen heute die meisten Fachleute jedoch davon aus, dass es sich bei dieser DNA um Nukleinsäurefragmente von modernen Menschen handelt, mit der die Probe kontaminiert war (HOFREITER 2009). Die Analyse von DNA aus Fossilien weist nach diesem Beginn eine wechselvolle Geschichte auf. Zunächst wurden in einer Art „Goldgräberstimmung“ alle möglichen Fossilien auf erhaltene DNA untersucht und im Wettbewerb wurde die älteste Nukleinsäure gesucht. Dabei erleichterte die Entwicklung der Polymerase-Kettenreaktion (polymerase chain reaction; PCR) die Aufbereitung auch kleinster Spuren von genetischem Material für die Analysen (SAKAI et al. 1985). Erst nach spektakulären Veröffentlichungen über Analysen von genetischem Material sehr alter Fossilien wurden kritische Stimmen bezüglich der begrenzten Langzeitstabilität von Polynukleotiden (LINDAHL 1993) stärker berücksichtigt und sorgfältigere Vorsichtsmaßnahmen und umfangreichere Kontrollexperimente etabliert. Auch gerade die PCR entpuppte sich als potente Fehlerquelle, die zu vielen falschen, scheinbar positiven Resultaten führte wie z.B. der DNA-Sequenz aus einem fossilisierten kreidezeitlichen Dinosaurierknochen (WOODWARD et al. 1994), die bei Kontrollexperimenten als DNA menschlichen Ursprungs identifiziert wurde (ZISCHLER et al. 1995).

Abb. 1 Geographische Lage der wichtigsten im Text angesprochenen Fundstellen von homininen Fossilien. Neandertal (bei Düsseldorf; Fundstelle des Neandertaler-Typusexemplars), Vindija-Höhle in Kroatien, Denisova-Höhle im Altai Gebirge (Sibirien, Russland), Sima de los Huesos, Höhle in Sierra de Atapuerca (Nordwest Spanien), Dmanissi in Süd-Georgien



Nach wie vor können die derzeit behaupteten hohen Alter fossiler DNA nicht durch die im Labor gewonnenen Erfahrungen zur chemischen Stabilität von DNA-Makromolekülen erklärt werden.

Die Erhaltung des genetischen Materials in Fossilien ist von verschiedenen äußeren Bedingungen abhängig. Nach wie vor können die derzeit behaupteten hohen Alter fossiler DNA (ALLENTOF et al. 2012) nicht durch die im Labor gewonnenen Erfahrungen zur chemischen Stabilität von DNA-Makromolekülen erklärt werden. Unter Kälte und trockenen Bedingungen, z. B. bei Permafrost, ist die Erhaltung von genetischem Material über einen längeren Zeitraum wahrscheinlicher als unter warmen und feuchten. Dennoch ist derzeit kein Mechanismus bekannt, der erklären würde, warum DNA in sehr alten Fossilien erhalten bleiben, isoliert und sequenziert werden kann und nicht wie im Labor schnell abgebaut wird. Die DNA aus Fossilien ist zudem dadurch charakterisiert, dass sie im Vergleich zu DNA aus frischen Proben nur sehr kleine Fragmente mit 100 oder noch weniger Basenpaaren aufweist, die dazu auch noch chemisch modifiziert sein können. Besonderheiten dieser Art erschweren die Gewinnung von DNA-Sequenzdaten, d. h. es müssen verschiedene Prozesse vor der eigentlichen Sequenzierung ausgeführt werden. DNA aus frischen Proben kann dagegen sehr lang sein (10 000 Basenpaare und mehr) und muss für die Sequenzierung in kleinere Fragmente aufgeteilt werden (Schrotschussverfahren; shotgun sequencing).

DNA aus dem Zellkern oder aus Mitochondrien

Genetische Information tragende Polynukleotide finden sich nicht nur im Zellkern, sondern auch in den Mitochondrien. Die DNA in Mitochondrien ist deutlich weniger umfangreich als diejenige im Kern. Beim Menschen umfasst die mitochondriale DNA (mtDNA) etwa 16 000 Basenpaare, während diejenige im Nukleus wie oben erwähnt aus ca. 3,2 Milliarden aufgebaut ist. Man geht davon aus, dass Mitochondrien ausschließlich maternal, also über die mütterliche Linie an die nächste Generation weitergegeben werden. Die Spermien enthalten im Vergleich zu den Eizellen (Oocyten) sehr viel weniger Mitochondrien und diese werden typischerweise nach der Befruchtung in der Zygote abgebaut. Von der mtDNA können in einer Zelle tausende Kopien vorliegen, während es pro Zelle nur zwei

Kopien von der Kern-DNA gibt. Daher ist es viel günstiger und einfacher, mtDNA zu isolieren und zu sequenzieren als nukleare DNA.

Wenn überhaupt DNA in Fossilien gefunden werden kann, dann ist die Aussicht, mtDNA zu finden viel größer. In vielen Studien zu fossiler DNA wurde und wird daher zunächst mtDNA untersucht und die gefundenen Sequenzen werden dann für vergleichende Analysen und phylogenetische Studien herangezogen.

DNA-Sequenzen aus Homininen-Fossilien

Neandertaler

Aus dem Oberarmknochen (Humerus) des 1856 im Neandertal geborgenen Typusexemplars wurde im Rahmen eines interdisziplinären Projekts des Rheinischen Landesmuseums Bonn eine Probe (3,5 g) für DNA-Untersuchungen entnommen (KRINGS et al. 1997). Ein internationales Forscherteam unter der Leitung von Svante PÄÄBO¹ isolierte und sequenzierte gezielt einen bestimmten Abschnitt der mtDNA². Diese mtDNA konnte in verschiedenen Fragmenten kloniert, sequenziert und auf der Basis der bekannten Nukleotid-Abfolge beim modernen Menschen zusammengefügt (Alignment) werden. Wie bereits KING & WILSON (1975) die damals bekannten molekularbiologischen Erkenntnisse zu einem Aufsehen erregenden Vergleich zwischen Mensch und Schimpansen nutzten, verwenden KRINGS et al. die gewonnenen Daten unmittelbar zu Statements zum Ursprung des modernen Menschen. Die Autoren kommen dabei zu dem Schluss, dass die mtDNA des Neandertalers die Vorstellung unterstützt, nach der der moderne Mensch (*Homo sapiens*) vergleichsweise spät in Afrika als eigene Art entstanden sei und die Neandertaler verdrängt habe, ohne mit ihnen Fortpflanzungsgemeinschaft (oder nur in sehr geringem Ausmaß) gehabt zu haben.

Diese Studie stand von Beginn an im Zusammenhang eines umfassenden Projekts zur Sequenzierung des gesamten Genoms von Neandertalern. In den nachfolgenden Jahren wurden weitere Teile des mitochondrialen Neandertalergenoms veröffentlicht. Die komplette mtDNA-Sequenz von Neandertalern konnte aus Fossilien, die in der Vindija-Höhle (Kroatien; Abb. 2) gefunden worden waren, mit modernsten Sequenzierungsmethoden (Next Generation Sequencing) ermittelt werden (GREEN et al. 2008). Die Interpretation der Sequenzdaten aus den auf 38 000 Jahre datierten Fossilien bestätigte und vertiefte die bis dahin gewonnenen Erkenntnisse. Die mtDNA-Sequenz aus Neanderta-

ler-Fossilien fällt aus dem Variationsbereich von 54 modernen Menschen heraus und das fossile mitochondriale Genom wurde – wenn man entsprechende molekulare Uhren zugrunde legt – vor ca. 660 000 Jahren von dem des heutigen *Homo sapiens* entwicklungsmäßig getrennt. Die genannten Interpretationen sind nur begrenzt belastbar, da für die vergleichenden Untersuchungen neben 54 modernen mtDNA-Daten nur eine fossile Sequenz verfügbar war. Die entwicklungsgeschichtliche Aufspaltung von Neandertaler und modernem Menschen ergibt sich nicht direkt aus den Sequenzdaten, sondern nur bei zugrunde gelegten Modellen, die ihrerseits wieder auf Vorstellungen beruhen, die letztlich auf morphologischen Vergleichen von Fossilien und deren Interpretation gründen. Die Altersangaben basieren also auf entsprechenden Modellvorstellungen und sind nicht absolut zu verstehen.

Ein hoher logistischer und experimenteller Aufwand muss betrieben werden, um fossile DNA sequenzieren und von Kontaminationen unterscheiden zu können.

GREEN et al. (2010) veröffentlichten den Entwurf des Neandertaler-Genoms. Die Daten (mehr als 4 Milliarden Nukleotide) stammen aus Fossilien von 3 verschiedenen Individuen aus der Vindija-Höhle in Kroatien. Die Fossilien, die aus unterschiedlichen Schichten geborgen worden waren, waren radiometrisch (nicht kalibriert) auf $38\,310 \pm 2130$ bzw. $44\,450 \pm 550$ Jahre vor heute datiert worden. Ein enormer logistischer

und experimenteller Aufwand muss betrieben werden, um die fossile DNA sequenzieren zu können und die Daten so aufzubereiten, dass plausibel gemacht werden kann, dass es sich um endogene Genomdaten handelt, also solche, die zu den fossilen Überresten gehören und nicht zu irgendwelchen Kontaminationen. Die Zuverlässigkeit der DNA-Sequenz dieses Entwurfs ist begrenzt, da sie insgesamt nur 1,3-fach sequenziert wurde, d. h. die verschiedenen DNA-Fragmente wurden durchschnittlich 1,3 mal gelesen (die Zuverlässigkeit der erhaltenen Datensätze ist damit nicht besonders hoch). Nach Überzeugung der Autoren haben die Sequenzdaten gezeigt, dass das Erbgut von Homininen (Menschenartigen), die im späten Pleistozän ausgestorben sind, zuverlässig wiederhergestellt werden kann. Die Sequenzdaten des Neandertalergenoms wurden sogleich mit den Genomen von fünf heute lebenden Menschen aus verschiedenen Erdteilen vergleichend untersucht. Die bisher vorliegenden Ergebnisse von mtDNA-Sequenzen waren hinsichtlich der Abstammungsverhältnisse zwischen Neandertaler und modernem Menschen so interpretiert worden, dass sich im Genom moderner Menschen sehr wenige bis keine Spuren von Neandertaler-Erbgut finden. GREEN et al. interpretieren die von ihnen vorgelegten Genomdaten in phylogenetischer Hinsicht so, dass sich Beiträge des Neandertalergenoms in heutigen Menschen außerhalb von Afrika wiederfinden. Deutlich weniger als 10% im Genom von modernen Menschen, die nicht aus Afrika stammen, könnte von Neandertalern ererbt sein.

Eine umfangreiche Autorengruppe veröffentlichte 2013 (online) die komplette Genomsequenz einer Neandertalerfrau, von der ein fossiler

Abb. 2 Blick aus der Vindija-Höhle im Norden Kroatiens. Aus dieser Höhle stammen Fragmente von Neandertalerfossilien, die bei der Gewinnung des Genoms von Neandertalern eine bedeutende Rolle gespielt haben. (Wikipedia, Foto: Tomislav KRANJČIĆ, Creative Commons Attribution-Share Alike 2.0 Generic license)



Zehenknochen 2010 in der Denisova-Höhle im Altai-Gebirge Georgiens gefunden worden war (PRÜFER 2014). Das Fossilfragment war radiometrisch auf $50\,300 \pm 2\,200$ Jahre datiert worden. Das Genom konnte in einer hohen Qualität sequenziert werden (high-quality genome sequence; die einzelnen Genomfragmente waren durchschnittlich 52 mal sequenziert worden). In der genannten Arbeit wurde außerdem noch das Genom eines Neandertalerkindes (Altersangaben: 60 000 bis 70 000 radiometrische Jahre) aus der Mezmaiskaya-Höhle im Kaukasus mit einer geringen Zuverlässigkeit bestimmt (Fragmente durchschnittlich etwa 0,5 mal sequenziert). Das hier bestimmte Neandertalergenom weist im Vergleich zum modernen Humangenom 96 Veränderungen auf in Bereichen, die für Proteine codieren, und etwa weitere 35 000 in sogenannten nicht-codierenden Abschnitten. Die Untersuchung des Erbguts der Neandertalerfrau ergab, dass deren Eltern sehr nahe miteinander verwandt gewesen sind (Halbgeschwister). Fortpflanzungsgemeinschaft zwischen sehr nahen Verwandten scheint unter ihren Vorfahren üblich gewesen zu sein. Die vergleichende Analyse mit dem Erbgut von 25 heute lebenden Menschen interpretieren die Autoren so, dass es mehrere Ereignisse gab, bei denen zwischen Neandertalern, Denisova-Menschen (s. u.) und modernen Menschen Erbgut ausgetauscht wurde. Die zuverlässig bestimmte Genomsequenz dieser Neandertalerfrau erlaubte es den Autoren, eine Liste mit genetischen Veränderungen aufzustellen, die seit der Trennung von Neandertaler und Denisova-Mensch im Erbgut des modernen Menschen fixiert worden sind.

Inzwischen liegt eine Reihe von Publikationen vor, die über die gezielte Suche nach Genvarianten von Neandertalern im Erbgut moderner Menschen berichten. So haben SANKARARAMAN et al. (2014) 1004 Genome aus dem 1000-Genom-Projekt (eines der Nachfolgeprojekte des abgeschlossenen HGP; The 1000 Genomes Project Consortium 2012) nach Genvarianten durchsucht, die von Neandertalern ererbt worden sein könnten. Die Autoren fanden, dass Gene, die in den Hoden im Vergleich zu anderen Geweben auffällig häufiger exprimiert (abgelesen und damit genutzt) werden, besonders wenige Genvarianten von Neandertalern enthalten, und auch in den X-Chromosomen finden sich davon deutlich weniger. Aus diesem Befund schließen die Autoren, dass die Genvarianten von Neandertalern zu reduzierter Fruchtbarkeit bei Männern führen könnten, wenn sie auf Menschen mit modernem Humangenom stoßen. Überhaupt lassen die Genomdaten von Neandertalern und modernen Menschen erahnen, dass dort, wo es zur Fortpflanzungsgemeinschaft zwischen ihnen kommt, genetisch bedingte gesundheitli-

che Probleme vorprogrammiert sind (GIBBONS 2014). VERNOT & AKEY (2014) untersuchten, ausgehend von 1 bis 3% Neandertalergenom im Erbgut moderner nicht aus Afrika stammender Menschen, DNA-Sequenzen mit Neandertalermerkmalen in Genomen von 379 Europäern und 286 Ostasiaten. Dabei fanden sie insgesamt 15 Milliarden Basen, die ungefähr 20% des Neandertaler-Genoms umfassen. Im Erbgut einzelner moderner nichtafrikanischer Menschen finden sich zwar jeweils nur wenige Abschnitte, die dem Neandertalergenom gleichen, insgesamt sind darin aber ca. 20% des Neandertaler-Genoms enthalten. Die Autoren sind davon überzeugt, einen Weg für paläogenomische Studien gefunden zu haben, der es ermöglicht, Informationen über DNA-Sequenzen auf Populationsebene von ausgestorbenen Gruppen zu erhalten, selbst wenn von diesen keine fossilen Überreste vorliegen. Mit populationsgenetischen Modellen kann man diese Informationen aus bekannten fossilen Genomdaten durch Vergleich derselben mit dem Erbgut verschiedener heute lebender Menschen ermitteln. Inwiefern die dann gerechneten Modelle wirkliche Prozesse beschreiben, ist Gegenstand von Diskussionen.

Denisova-Mensch

Im Jahr 2008 war in der Denisova-Höhle (s. o.) ein fossiles Fingerknöchelchen (Phalanx) in einer Schicht gefunden worden, die auf 30 000 bis 50 000 Jahre (mittleres bis oberes Paläolithikum) radiometrisch datiert worden war (Abb. 3). Der Fingerknochen stammt von einem Kind und wurde aufgrund morphologischer Kriterien von in derselben Höhle gefundenen Neandertalern abgegrenzt. Denisova-Menschen können bisher aufgrund des genannten Fossils von einer kindlichen Phalanx beschrieben werden sowie anhand von zwei Backenzähnen (Molares), die erwachsenen, angesichts von mtDNA-Daten aber anderen Individuen von Denisova-Menschen zugerechnet werden. REICH et al. (2010) legten einen ersten Entwurf vor für das Genom des Denisova-Menschen aus einer Probe des Fingerknochens (die DNA-Fragmente waren durchschnittlich 1,9 mal sequenziert worden). Dieselbe Publikation enthält auch erste Ergebnisse einer genetischen Untersuchung eines Backenzahns. Die Autoren beschreiben Denisova-Menschen auf der Basis ihres Genoms als eigene Gruppe, die sich sowohl von Neandertalern als auch von modernen Menschen unterscheiden. Aufgrund von vergleichenden Genomuntersuchungen gehen REICH et al. davon aus, dass diese Menschengruppe nichts zum Genfluss von Neandertalern zu modernen Eurasiern beigetragen hat, dass sich jedoch etwa 4–6% ihres Genoms in heutigen

Abb. 3 Fossiles Fingerknöchelchen (Phalanx) des Denisova-Menschen. Aus diesem Fossil konnte DNA isoliert werden, die einen erstaunlich hohen Anteil (ca. 70%) aufwies, der zum ursprünglichen Lebewesen gehört. Von Denisova-Menschen sind bisher nur diese Phalanx und zwei Backenzähne bekannt. Sein Erbgut kennen wir dagegen weitgehend. (Foto: Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)



Menschen in Südostasien und Ozeanien wiederfindet. Dies wurde durch Genomvergleiche mit dem Erbgut moderner Menschen aus diesen Erdteilen errechnet. Denisova-Menschen und Neandertaler werden als Geschwistergruppen betrachtet, d. h. in einer phylogenetischen Analyse von entsprechenden Genomdaten gruppieren diese beiden zusammen und stehen dem modernen Menschen (*H. sapiens*) in einem entsprechenden Stammbaum gegenüber. In einer nachfolgenden Arbeit liefern MEYER et al. (2012) zuverlässigere Genomdaten (DNA-Fragmente wurden durchschnittlich ca. 30 x sequenziert). In dieser Studie wurden gleichzeitig die Genome von 11 heute lebenden Individuen analysiert. Die Autoren stellen eine Reihe vergleichender Genomstudien vor und diskutieren z. B. die auffällig geringe Verschiedenartigkeit des Denisova-Genoms sowie dessen Unterschiede zum Erbgut moderner Menschen. Die Ergebnisse sind darin begrenzt, dass zwar viele moderne Genome in den Vergleich eingehen, die ein bestimmtes Spektrum abdecken, aus homininen Fossilien jedoch nur das Genom eines einzigen Individuums bekannt ist. Diese Unsicherheit sprechen auch COOPER & STRINGER (2013) an, wenn sie in einer Studie zu Verbreitung und Einfluss des Genoms von Denisova-Menschen feststellen, dass „angesichts der Unsicherheit der molekularen Daten“ die Unterschiede im Genom verträglich sein könnten mit einem unlängst (von STRINGER et al. 2012) vorgestellten Modell. Dieses geht davon aus, dass moderne Menschen, Neandertaler und Denisova-Menschen eine dreigeteilte Verästelung (Trichotomie) darstellen, die aus der weit verbreiteten mittelpleistozänen Art *Homo heidelbergensis* vor ungefähr 400 000 radiometrischen Jahren hervorgegangen ist. PENNISI (2013) berichtet von einer Tagung und zitiert einen

spanischen Forscher, dass mit all den genetischen Vermischungen die verschiedenen Menschengruppen eher einem Netzwerk als einem Baum gleichen. Selbst PÄÄBO sei sehr zurückhaltend darin, die Denisova-Menschen als eigene Art zu bezeichnen, und das Bild scheint mit jedem neuen Genom zusätzlich komplizierter zu werden. Es könnte sich ähnlich wie bei morphologischen Vergleichsstudien bei homininen Fossilien tendenziell ein netzwerkartiges Bild ergeben, das in einem Grundtypmodell gut zu erklären und auch zu erwarten wäre.

Hominine Fossilien aus Sima de los Huesos, Spanien

Die bisher ältesten Genomdaten aus homininen Fossilien wurden aus einem fossilen Oberschenkelknochen (Femur) gewonnen, der in einer bereits bekannten Höhle Sima de los Huesos in Nordspanien geborgen worden war (CALLAWAY 2013; vgl. Abb. 4). Dieser Femur und Überreste von insgesamt mehr als 28 Individuen aus der Höhle waren entweder frühen Neandertalern, *H. heidelbergensis* (einer nur unscharf charakterisierten Homininengruppe, aus der die Neandertaler hervorgegangen sein sollen) oder Menschen afrikanischen Ursprungs zugeordnet worden. Die von MEYER et al. (2013) veröffentlichten mtDNA-Sequenzen wiesen entgegen aller Erwartungen eine größere Ähnlichkeit mit denjenigen des Denisova-Menschen auf als mit denen des Neandertalers. MEYER et al. machen zum Alter des fossilen Femurs die Angabe ~ 400 000 Jahre. Die Autoren äußern die Hoffnung, dass sich mit den Sequenzdaten des gesamten Erbguts aus den Fossilien von Sima de los Huesos die Frage der Ähnlichkeit dieser Homininen zu



Abb. 4 Aufnahme von einer Grabungskampagne (2008) in der Gran Dolina, einem Höhlensystem in der Sierra de Atapueca (Gebirgszug in der Provinz Burgos, im Nordwesten Spaniens). Zu diesem Höhlensystem gehört auch die im Text erwähnte Fundstelle Sierra de los Huesos. (Wikipedia, Foto: Mario Medesto MARA; GNU Freie Dokumentations-Lizenz)

Neandertalern bzw. Denisova-Menschen klären könnte. Diese Klärung scheint allerdings mit den derzeit verfügbaren Methoden nicht ohne weiteres erreichbar zu sein, da für die publizierten Daten für die mtDNA-Sequenz eine Probe von 2 g eingesetzt werden musste.

Weitere fossile Genomdaten von Homininen

In jüngster Zeit wurden von einem internationalen Team unter Leitung von Eske WILLERSLEV verschiedene fossile hominine Genomsequenzen ermittelt. Den Entwurf für die Genomsequenz eines auf ca. 24 000 Jahre, Oberes Paläolithikum, datierten Fossils eines anatomisch modernen Menschen, das in Mal'ta im Süden Sibiriens gefunden worden war, beschreiben RAGHAVAN et al. (2014). Das fossile Genom eines Angehörigen der Clovis-Kultur aus West Montana, USA (datiert auf ca. 12 707 bis 12 556 Jahre vor heute; spätes Pleistozän) veröffentlichten RASMUSSEN et al. (2014). Die Autoren diskutieren an diesen beiden Genomen die Besiedlungsgeschichte von Nordamerika aus Sibirien über Beringia und dann vorwiegend entlang der Westküste von Kanada und den USA in den Süden.

OLALDE et al. (2014) diskutieren mögliche Aspekte des Übergangs von Jäger- und Sammler-Kulturen zu landwirtschaftlichen Lebensformen. Sie tun dies anhand des fossilen Genoms eines ca. 7 000 Jahre alten mesolithischen Europäers, dessen Fossilien in La Brana-Arintero bei Leon in Spanien geborgen worden waren. Die

Autoren beschreiben Hinweise darauf, dass dieser Jäger und Sammler im Mesolithikum bereits Genvarianten aufweist, die im Zusammenhang mit Resistenz gegenüber Krankheitskeimen stehen.

Methodische Perspektiven

Typischerweise finden sich in den Fossilien, deren Genomdaten hier vorgestellt und diskutiert werden, ca. 1% endogene DNA, also genetisches Material, das mit hoher Wahrscheinlichkeit vom ursprünglichen Lebewesen stammt (und als endogen bezeichnet wird). Das bedeutet, dass der hauptsächliche Bestandteil an Nukleinsäuren als Kontamination mit dem Fossil in Kontakt gekommen ist. Die Kontamination kann unter den Lagerungsbedingungen vor dem Auffinden oder aber auch während der Bergung und Aufbereitung der Fossilien geschehen. Dabei handelt es sich um genetisches Material aus Mikroorganismen, Pilzen und weiteren Organismen, die am Abbau der Kadaver beteiligt waren oder eben von Menschen, die mit den Fossilien in Berührung gekommen sind. Der letztgenannte Aspekt ist vor allem für das Studium von fossilen homininen Genomen problematisch, da die DNA-Sequenzen sehr ähnlich sind.

Eine Ausnahme bei den hier besprochenen Fossilien stellt das Fingerglied des Denisova-Menschen dar, in dem nach bisherigen Erkenntnissen ca. 70% der isolierten DNA endogen sein soll. Dieser untypische Befund ist nur schwer zu erklären.

Um noch mehr fossile Genome für Untersuchungen zugänglich zu machen, müssen neue Protokolle für die Isolierung und Aufarbeitung von genetischem Material aus Fossilien entwickelt werden. In welche Richtung das beispielsweise gehen könnte, haben CARPENTER et al. (2013) beschrieben.

Was die Sequenzierungsmethode betrifft, so rückt die Einführung einer Methode näher, bei der ein Einzelstrang einer DNA-Doppelhelix durch die enge Pore eines porenbildenden Proteins geführt wird. Diese genetisch modifizierte Variante eines natürlichen Porenproteins ist in eine synthetische Membran integriert. Wenn die unterschiedlichen Basen die Engstelle passieren, kann durch die Messanordnung jeweils ein spezifisches elektrisches Potential abgeleitet werden. Diese sogenannte Nanopore-Technologie wird in vielen Laboratorien erforscht und entwickelt. PENNISI (2014) berichtet von den Ankündigungen einiger Firmen anlässlich einer Konferenz in Florida. Mit dieser Methode könnten im Prinzip die derzeit nicht sequenzierbaren Genomabschnitte, die ausgedehnte repetitive Bereiche aufweisen, analysiert werden.

Diskussion und Ausblick

Entgegen der populären Vorstellung vom entschlüsselten menschlichen Genom haben wir gegenwärtig kein wirklich vollständig sequenziertes menschliches Erbgut in dem Sinne, dass alle DNA-Basen komplett erfasst wären. Die bestehenden Lücken werden wohl erst geschlossen werden können, wenn neue Methoden zur zuverlässigen Sequenzierung sehr langer DNA-Stränge verfügbar werden.

Die Herausforderungen, die bei der Gewinnung genetischer Information aus Fossilien gemeistert werden müssen, wurden im Text angedeutet:

Der Aufwand, überhaupt relevantes genetisches Material aus Fossilien zu gewinnen ist nicht unerheblich und derzeit in nur wenigen Labors weltweit möglich.

Die Gefahr von Kontamination der Proben durch fremde DNA wird durch verschiedene Methoden der Anreicherung (Klonierung, PCR u. a.) stark erhöht und bedarf umfangreicher Sicherheitsvorkehrungen und Kontrollmaßnahmen. Mit letzter Sicherheit sind Kontaminationen nicht auszuschließen.

Chemisch veränderte fossile DNA muss für die Sequenzierung erst aufbereitet werden. Die modifizierten Positionen können nicht immer eindeutig rekonstruiert werden. Hier liegt eine grundsätzliche Fehlerquelle hinsichtlich der Verlässlichkeit der ermittelten Sequenz. Die sehr kleinen sequenzierten Genomfragmente

(typische Größenordnung: 100 Basenpaare und kleiner) müssen für die Erstellung eines Genoms zusammengefügt werden (Assemblierung). Dazu bedient man sich bekannter Genome, im Fall fossiler homininer Genome des „bekannten“ menschlichen Genoms. Um die beiden letztgenannten Punkte zu lösen werden verschiedene theoretische Überlegungen und Modelle verwendet; dies bedeutet, dass die fossilen Genome nur eingeschränkt als Daten oder Fakten betrachtet werden können.

Die fossilen Genomdaten liefern keinen von den Fossilien selbst unabhängigen Zugang, um Erkenntnisse über Vorgänge in der Vergangenheit zu gewinnen.

In den beschriebenen Beispielen wurde bereits deutlich, dass die fossilen Genomdaten nicht unabhängig von der Einordnung der entsprechenden Fossilien auf der Basis ihrer Morphologie verstanden, eingeordnet und diskutiert werden können.

Die fossilen DNA-Sequenzen liefern uns also kein von den Fossilien und deren geologischer, morphologischer und funktionaler Interpretation unabhängiges Bild zur Geschichte der Menschheit. Die bisher verfügbaren Genomsequenzdaten fossiler Homininen stellen demnach eher ein weiteres Element dar, das den einzelnen Fossilien, deren Interpretation und Einordnung zugeordnet werden muss. Derzeit scheinen diese fossilen Genom-„Daten“ in ihrer Bedeutung überbewertet.

Wenn diese Einschätzung zutrifft, dann erstaunen die Versuche umso mehr, den Eindruck zu erwecken, man könnte aufgrund der fossilen Genomdaten ein klares und aufgelöstes Bild der Abstammung des Menschen skizzieren. In Dmanisi in Georgien, der bisher ältesten Fundstelle menschlicher Fossilien außerhalb von Afrika, wurden bisher u. a. mehrere Schädel gefunden. LORDKIPANIDZE et al. (2013) beschreiben einen 2005 geborgenen Schädel und diskutieren die morphologischen Merkmale von fünf an dieser Stelle gefundenen Schädeln. Das weite Spektrum der Formenvielfalt dieser auf 1,8 Millionen radiometrische Jahre datierten Fossilien löste grundlegende Diskussionen aus (HUBLIN 2014) und belegt unsere begrenzte Fähigkeit, aus den derzeit bekannten Fossilien von Homininen eine konsistente Geschichte der Menschheit zu rekonstruieren. Vergleichende Studien von morphologischen Daten als Basis für phylogenetische Analysen (Abstammungsverhältnisse) liefern keine konsistenten Stammbäume, sondern zunehmend komplex vernetzte Zusammenhänge. Bei fossilen Genomdaten gibt es erste Anzeichen für ähnliche Trends. Vernetzte Strukturen liefern

jedoch nicht die erhofften Einsichten in vergangene Abstammungsverhältnisse. In Vorstellungen auf der Basis des Grundtypmodells fügen sich Darstellungen dieser Art jedoch zwanglos ein, ja sind sogar in diesem Konzept zu erwarten.

Angeichts dieser Beobachtung macht es nachdenklich, dass didaktisch gut aufbereitetes Lehrmaterial zur Abstammungsgeschichte des Menschen (PONTZER 2012) einen wenig differenzierten Eindruck widerspiegelt und in keiner Weise dem gerecht wird, was in Fachdiskussionen an offenen Fragen vorliegt.

Die derzeit verfügbaren Methoden und ihre absehbaren Weiterentwicklungen lassen für die nächste Zukunft ein weiterhin starkes Anwachsen von Publikationen über fossile Genome und deren phylogenetische Interpretation erwarten. Die hier dargestellten Probleme und offenen Fragen bleiben davon aber unberührt und es ist heute nicht absehbar, wie diese gelöst und beantwortet werden können.

Anmerkungen

- ¹ Svante PÄÄBO ist seit 1999 Direktor am Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie in Leipzig und hat als Doktorand erstmals DNA einer Mumie (PÄÄBO 1985) kloniert.
- ² hypervariabler Bereich I der mtDNA-Kontroll-Region; Position 16.023 bis 16.400

Literatur

ALLENTOF ME, COLLINS M, HARKER D, HAILE J, OSKAM CL, HALE ML, CAMPOS PF, SAMANIEGO JA, GILBERT MTP, WILLERSLEV E, ZHANG G, SCOFIELD RP, HOLDAWAY RN & BUNCE M (2012) The half-life of DNA in bone: measuring decay kinetics in 158 dated fossils. *Proc. R. Soc. B* doi: 10.1098/rspb.2012.1745

CALLAWAY E (2013) Hominin DNA baffles experts. *Nature* 504, 16-17.

CARPENTER M et al. (2013) Pulling out the 1%: whole-genome capture for the targeted enrichment of ancient DNA sequencing libraries. *Am. J. Hum. Gen.* 93, 852-864.

COOPER A & STRINGER CB (2013) Did the Denisovians cross the Wallace's line? *Science* 342, 321-323.

DOOLITTLE WF (2013) Is junk DNA bunk? A critique of ENCODE. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 110, 5294-5300.

GAUR D, ZHENG Y, PRICE N, AZEVEDO RBR, ZUFALL RA & ELHAIK E (2013) On the immortality of television sets: "Function" in the human genome according to the evolution-free gospel of ENCODE. *Genome Biol. Evol.* 5, 578-590.

GIBBONS A (2014) Neanderthals and moderns made imperfect mates. *Science* 343, 471-472.

GREEN RE, MALASPINAS A-S, KRAUSE J, BRIGGS AW, JOHNSON PL, UHLER C, MEYER M, GOOD JM, MARICIC T, STENZEL U, PRÜFER K, SIEBAUER M, BURBANO HA, RONAN M, ROTHBERG JM, EGHOLM M, RUDAN P, BRAJKOVIC D, KUCAN Z, GUSIN I, WIKSTRÖM M, LAKKONEN L, KELSO J, SLATKIN M & PÄÄBO S (2008) A complete Neandertal mitochondrial genome sequence determined by high-throughput sequencing. *Cell* 134, 416-426.

GREEN RE et al. (2010) A draft sequence of the Neandertal Genome. *Science* 328, 710-722.

HIGUCHI R, BOWMAN B, FREIBERGER M, RYDER OA & WILSON AC (1984) DNA sequences from a Quagga,

an extinct member of the horse family. *Nature* 312, 282-284.

HOFREITER M (2009) Spurensuche in alter DNA. *Biol. i.u.Z.* 39, 176-184.

HUBLIN J-J (2014) Paleoanthropology: *Homo erectus* and the limits of a paleontological species. *Curr. Biol.* 24, R82-R84.

IHGSC (2004) Finishing the euchromatic sequence of the human genome. *Nature* 431, 931-945.

KING M-C & WILSON AC (1975) Evolution at two levels in humans and chimpanzees. *Science* 188, 107-116.

KRINGS M, STONE A, SCHMITZ RW, KRANITZKI H, STONEKING M & PÄÄBO S (1997) Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans. *Cell* 90, 19-30.

LINDAHL T (1993) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362, 709-715.

MEYER M et al. (2012) A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science* 338, 222-226.

MEYER M, FU Q, AXIMU-PETRI A, GLOCKE I, NICKEL B, ARSUGA J-L, MARTINEZ I, GRACIA A, BERMUDEZ DE CASTRO JM, CARBONELL E & PÄÄBO S (2013) A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Hue-sos. *Nature* 505, 403-406.

OLALDE I et al. (2014) Derived immune and ancestral pigmentation alleles in a 7000-year-old mesolithic European. *Nature*, doi: 10.1038/nature12960

PÄÄBO S (1985) Molecular cloning of ancient Egyptian mummy DNA. *Nature* 314, 644-645.

PENNISI E (2013) More genomes from Denisova cave show mixing of early human groups. *Science* 340, 799.

PENNISI E (2014) DNA sequencers still waiting for the nanopore revolution. *Science* 343, 829-830.

PONTZER H (2012) Overview of hominin evolution. *nature education knowledge* 3(10):8 <http://www.nature.com/scitable/knowledge/library/overview-of-hominin-evolution-89010983>

PRÜFER K et al. (2014) The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature* 505, 43-49.

RAGHAVAN M et al. (2014) Upper paleolithic Siberian genome reveals dual ancestry of native American. *Nature* 505, 87-91.

RASMUSSEN M et al. (2014) The genome of a late pleistocene human from Clovis burial site in Western Montana. *Nature* 506, 225-229.

REICH D et al. (2010) Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature* 468, 1053-1060.

SAKAI RK, SCHARF S, FALOONA F, MULLIS KB, HORN GT, EHLLICH HA & ARNHEIM N (1985) Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. *Science* 230, 1350-1354.

SANKARARAMAN S, MALICK S, DANNEMANN M, PRÜFER K, KELSO J, PÄÄBO S, PATTERSON N & REICH D (2014) The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans. *Nature*, doi: 10.1038/nature12961

THE ENCODE PROJECT CONSORTIUM (2012) An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. *Nature* 489, 57-74.

The 1000 Genomes Project Consortium (2012) An integrated map of genetic variation from 1092 human genomes. *Nature* 491, 56-65.

VERNOT B & AKEY JM (2014) Resurrecting surviving Neandertal lineages from modern human genomes. *Science* 343, 1017-1021.

WOODWARD SR, WEYAND NJ & BUNNELL M (1994) DNA sequence from Cretaceous period bone fragments. *Science* 266, 1229-1232.

ZISCHLER H, HÖSS M, HANDT O, VON HAESELER A, VAN DER KUYL AC & GOUDSMIT J (1995) Detecting dinosaur DNA. *Science* 268, 1192-1193.

Anschrift des Verfassers:

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

RNA-Welt: Krise überwunden?

Aufgrund zahlreicher kritischer Befunde wird der RNA-Welt-Hypothese trotz ihrer Popularität bisher nicht der Status einer tragfähigen Erklärung der Lebensentstehung zugesprochen. Kürzlich wurde in der Zeitschrift *Nature Chemistry* eine Serie von Artikeln veröffentlicht, in denen potentielle Lösungen für einige Probleme dieser Hypothese vorgeschlagen werden. Allerdings können weder die experimentellen Grundlagen noch deren Interpretation wissenschaftliche Vorbehalte gegen diesen Erklärungsansatz ausräumen.

Boris Schmidtgal

Eine zentrale Eigenschaft, die Organismen von unbelebter Materie unterscheidet, ist die Fortpflanzungsfähigkeit (autonome Selbstreproduktion). Um die Entstehung des Phänomens Leben im Rahmen des Naturalismus plausibel zu erklären, besteht daher die Notwendigkeit, molekulare Systeme zu finden, die zur Selbstreproduktion (Replikation) fähig sind und durch natürliche Ursachen entstehen können. Besondere Beliebtheit erlangte hierbei die RNA-Welt-Hypothese (GILBERT 1986). Sie ist jedoch aufgrund von vielen widersprüchlichen Befunden sehr umstritten.

(1) Abgesehen vom fehlenden Nachweis einer möglichen Entstehung der Einzelbausteine (Nukleotide) ist die Replikation der RNA in Abwesenheit von Enzymen (außerhalb lebender Zellen) selbst unter aufwendig im Labor optimierten Bedingungen sehr ineffizient und in den meisten Fällen chemisch nicht oder wenig selektiv (SCHMIDTGALL 2013; Abb. 1). Das heißt, dass bei der Reaktion eines an der 5'-Position aktivierten Ribonukleotids mit einem weiteren Ribonukleotid ohne Beteiligung eines Enzyms prinzipiell mit gleicher Wahrscheinlichkeit entweder eine 2',5'- oder eine 3',5'-Bindung

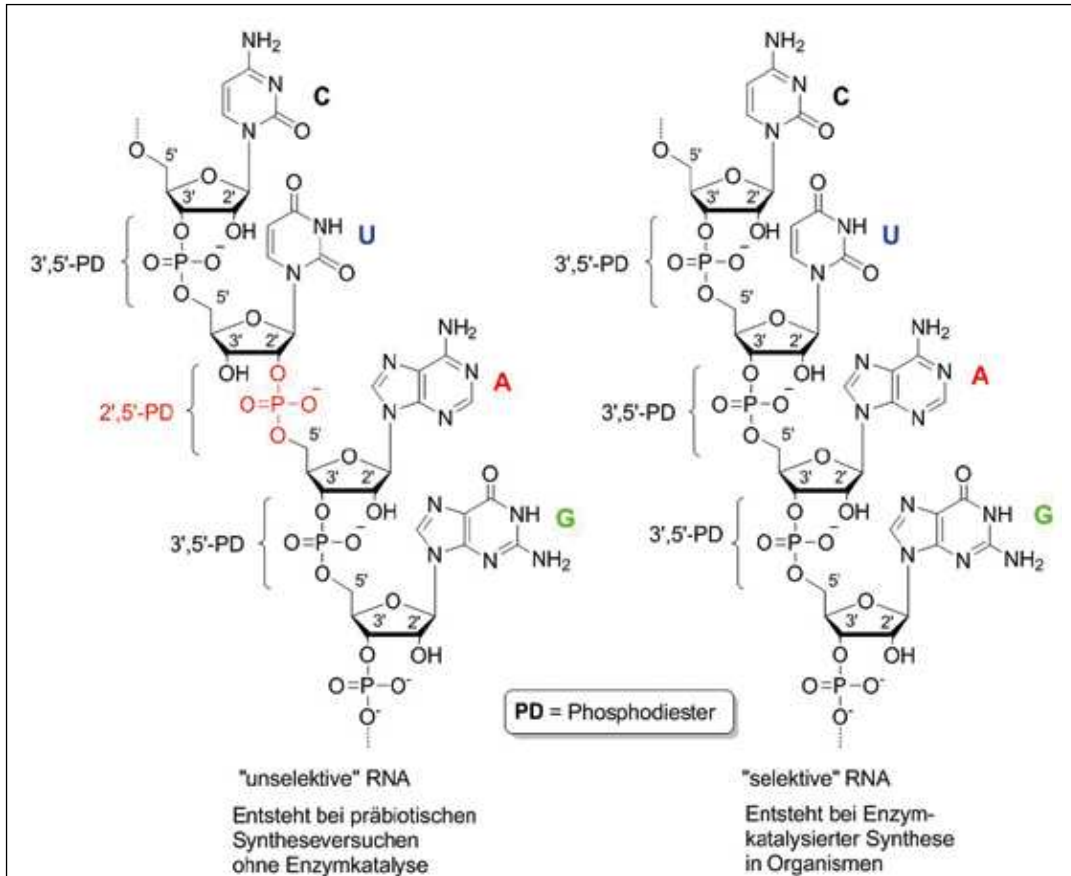


Abb. 1 Strukturen der präbiotischen (unselektiven) RNA (enthält 2',5'- und 3',5'-Verknüpfungen) und der biologischen (selektiven) RNA (enthält nur 3',5'-Verknüpfungen).

entstehen kann. Eine experimentelle Untersuchung dieser Reaktion unter Bedingungen, die als präbiotisch ausgewiesen wurden, ergab ein Gemisch mit einem Verhältnis von ca. 2:1 an 3',5'- und 2',5'-Verknüpfungen (VERLANDER et al. 1973).

(2) Des Weiteren ist für eine fortlaufende Replikation eine periodisch wiederkehrende Trennung der Doppelstrang-RNA (auch als Schmelzen bezeichnet) durch erhöhte Temperatur analog zum PCR-Verfahren* notwendig (s. Abb. 2). In diesem Zusammenhang wurden thermische Konvektionsströme* mit wiederholter Strangtrennung und Anlagerung von Einzelbausteinen als mögliche Lösung vorgeschlagen (ENGELHART et al. 2013). Doch stellt sich die Frage, wie sich auf diese Weise längere RNA-Doppelstränge mit über 15 Basenpaaren (bp) bilden könnten, da deren Schmelzpunkt (im Fall von G-C-reichen* Strängen) nahe dem Siedepunkt von Wasser liegt. Solche Temperaturen werden zwar in der Nähe hydrothermalen Quellen erreicht, die von anderen Autoren als mögliche Modellumgebungen für erste meta-

bolische Zyklen angesehen werden. Aber diese Autoren gehen nicht von einer RNA-Welt am Anfang aus; jedenfalls würden die Phosphodiester-Bindungen von RNA-Molekülen unter diesen Bedingungen nicht entstehen (s. u. (3)). Die Bildung und Reproduktion längerer (> 30 bp) RNA-Stränge ist notwendig, da die kürzesten funktionalen* RNA-Stränge bekanntermaßen eine Länge von ca. 40 bp aufweisen.

(3) Darüber hinaus ist die RNA in wässriger Lösung sehr instabil, insbesondere bei Vorhandensein von divalenten* Kationen wie Mg^{2+} , Ca^{2+} oder Zn^{2+} (LINDAHL 1993; LINDAHL 1967).

Es fehlt daher auch nicht an konkurrierenden Hypothesen wie der Protein-Welt* oder der Eisen-Schwefel-Welt*. Ferner sind auch Versuche unternommen worden, die Entstehung der RNA durch das Postulieren von stabileren Vorläufer-Polymeren mit ähnlichen Eigenschaften, wie der PNA (peptide nucleic acid), plausibel erscheinen zu lassen (MILLER 2000). Allerdings weisen auch diese Erklärungsversuche gravierende Mängel auf (BENNER 2002).

In einem kürzlich veröffentlichten Artikel der *Nature Chemistry* diskutieren HERNANDEZ & PICCIRILLI (2013) potentielle Lösungsvorschläge der angeführten Probleme (1) und (2) der RNA-Welt-Hypothese. Dabei beziehen sich die Autoren auf zwei zuvor in der gleichen Zeitschrift veröffentlichte Artikel (ENGELHART et al. 2013; BOWLER et al. 2013).

Replikation der RNA ist in Abwesenheit von Enzymen (außerhalb lebender Zellen) selbst unter aufwendig im Labor optimierten Bedingungen sehr ineffizient und in den meisten Fällen chemisch nicht oder wenig selektiv.

Kompakt

Im Rahmen der Evolutionstheorie gilt die RNA-Welt-Hypothese als ein populäres Erklärungsmodell für die Entstehung der ersten Organismen. Eine zentrale Voraussetzung für die Tragfähigkeit dieser Hypothese ist die notwendige Entstehung katalytisch aktiver (oder allgemein: funktionaler) RNA-Moleküle. Die Entstehung der einfachsten funktionalen RNA-Moleküle (Hammerhead-Ribozym und FMN-Aptamer) ist jedoch aufgrund mehrerer Faktoren sehr unwahrscheinlich. (1) Die enzymfreie Replikation von RNA-Molekülen bringt selbst unter hochgradig optimierten Bedingungen im Labor keine reine 3',5'-verknüpften RNA-Moleküle hervor. RNA-Moleküle mit einem hohen Anteil von 2',5'-Verknüpfungen sind jedoch wesentlich weniger effizient bezüglich ihrer Funktion als rein 3',5'-verknüpfte (Abb. 1). (2) Die zur Replikation von RNA-Molekülen (Abb. 2) notwendige Trennung doppelsträngiger RNA-Moleküle einer Länge von über 15 Basenpaaren bedarf relativ hoher Temperaturen. Besonders G-C-reiche RNA-Doppelstränge dieser Länge können erst in einem Temperaturbereich getrennt werden, der dem Siedepunkt von Wasser nahe kommt. (3) Bei diesen Temperaturen sind RNA-Moleküle jedoch ausgesprochen labil, insbesondere in Gegenwart der häufig vorkommenden Kationen Mg^{2+} oder Zn^{2+} . Die einfachsten bekannten funktionalen RNA-Moleküle weisen aber eine Länge von über 40 Basenpaaren auf.

In ihrer Publikation „Prebiotic RNA unstuck“ konzipierten HERNANDEZ und PICCIRILLI daher einen Lösungsvorschlag für diese Probleme, der auf den Publikationen von ENGELHART et al. und BOWLER et al. beruht. Gemäß der darin geführten Argumentation soll die geringere Duplex-Stabilität von RNA-Doppelsträngen mit 2',5'- und 3',5'-Verknüpfungen die Replikation von RNA-Molekülen kurz nach ihrer Entstehung auch bei niedrigeren Temperaturen ermöglicht haben. Später sei der Übergang in eine reine 3',5'-RNA-Welt aufgrund der schnelleren Bildung von 3',5'-Verknüpfungen unter der Einwirkung von Acetylgruppenüberträgern erfolgt (Abb. 3). Als experimentelle Grundlage für diese Hypothese wurden zum einen Schmelzpunkt-Experimente (Strangtrennung durch Erhöhen der Temperatur) und die Analyse der katalytischen Aktivität (Hammerhead-Ribozym) bzw. Bindungseffizienz (FMN-Aptamer) der funktionalen RNA-Moleküle herangezogen. Zum anderen wurden die Reaktionsgeschwindigkeiten der Bildung von 2',5'- und 3',5'-Bindung unter Beteiligung von Acetylgruppenüberträgern (Abb. 3) herangezogen.

Die Argumentation von HERNANDEZ und PICCIRILLI erweist sich jedoch hinsichtlich mehrerer wesentlicher Aspekte als wenig überzeugend. Die hier diskutierten Befunde beschreiben im Wesentlichen *konstante* Eigenschaften *bestehender* molekularer Systeme. Daraus werden Schlussfolgerungen auf rein hypothetische *Entstehungsvorgänge* in der präbiotischen Welt gezogen. Notwendig wären jedoch experimentelle Befunde zu *Entstehungsvorgängen* katalytisch aktiver RNA-Moleküle unter plausiblen präbiotischen Bedingungen. Diese fehlen jedoch durchweg in der wissenschaftlichen Literatur zur RNA-Welt-Hypothese.

Notwendigkeit einer gemischten RNA-Welt als intermediäres System

Für die Entstehung von Replikationszyklen sind funktionale RNA-Sequenzen notwendig, insbesondere katalytisch aktive. Bei einer Entstehung von Ribonukleinsäuren in Abwesenheit von Enzymen sind, wie bereits erwähnt, 2',5'-Verknüpfungen nicht zu vermeiden. Diese führen jedoch in Abhängigkeit von ihrer Anzahl und Position dazu, dass RNA-Moleküle entstehen, die nicht über die erforderlichen (bio)chemischen Eigenschaften von RNA-Molekülen von existierenden Organismen verfügen. Daher können solche RNA-Moleküle nicht die Funktionen von RNA-Molekülen in Organismen übernehmen. Typischerweise verursachen 2',5'-Verknüpfungen eine Verringerung der Duplexstabilität* der RNA (der Schmelzpunkt sinkt). Diese geringere Stabilität von unselektiv verknüpften

RNA-Strängen kann die enzymfreie Replikation bei niedrigeren Temperaturen ermöglichen. Auf diese Weise könnte nämlich die thermische Entwindung der RNA bei niedrigeren Temperaturen stattfinden und so replikative Zyklen auch von längeren funktionalen RNA-Molekülen ermöglichen.

Von dieser Vermutung ausgehend untersuchte die Gruppe um ENGELHART die Auswirkung von 2',5'-Bindungen auf die Funktionalität der zwei „einfachsten“ bekannten funktionalen RNA-Moleküle: dem Hammerhead-Ribozym (45 bp) und dem FMN*-Aptamer (39 bp). Das Hammerhead-Ribozym katalysiert sequenzspezifische Spaltungen von RNA-Molekülen, während das FMN-Aptamer eine hohe Bindungsaffinität zu dem Cofaktor FMN aufweist. Die RNA-Duplexe wurden auf chemischem Wege so hergestellt, dass sie innerhalb ihrer Sequenz eine variierende Anzahl statistisch verteilter 2',5'-Bindungen enthielten. Die Untersuchung ergab eine Korrelation zwischen dem Funktionsverlust der RNA-Moleküle und dem prozentualen Anteil an 2',5'-Bindungen. Ein deutlicher Funktionsverlust wurde bei einem Anteil von 50% an 2',5'-Bindungen bei beiden RNA-Molekülen nachgewiesen (Effizienz des Hammerhead-Ribozyms sinkt um den Faktor 2), während ein Anteil von 10% an 2',5'-Bindungen zu einer Verringerung der Effizienz des Hammerhead-Ribozyms um 20% und einer 10fach kleineren Bindungsaffinität des FMN-Aptamers zu Flavinmononukleotiden führte. Ausgehend von diesen Befunden wurde die Hypothese aufgestellt, dass 2',5'-Verknüpfungen kurz nach der angenommenen erstmaligen Entstehung der präbiotischen RNA für deren Replikation aufgrund der geringeren thermischen Stabilität vorteilhaft waren, ohne die Entstehung funktionaler RNA-Moleküle zu verhindern. Die entstandenen funktionalen RNA-Moleküle würden dann auch eine Replikation ohne thermische Konvektion, d. h. in isothermen Gebieten ermöglichen. Dort würde dann ein allmählicher Übergang zu reinen 3',5'-verknüpften RNA-Molekülen stattfinden, die dank höherer Effizienz der Replikation unter isothermen Bedingungen den entscheidenden Selektionsvorteil besitzen.

Übergang der unselektiven zu einer selektiven RNA-Welt durch selektive Acetylierung

Ein anderer Erklärungsansatz für den Übergang der gemischten RNA-Welt (sowohl 2',5'- als auch 3',5'-Verknüpfungen) in eine reine (nur 3',5'-Verknüpfungen) wurde von der Gruppe um BOWLER angeführt. Grundlegend für deren Argumentation sind unterschiedliche Reak-

Automatisierte Oligonukleotid-Synthese: z. Z. das (computergesteuerte) Standard-Verfahren zur chemischen Herstellung von Nucleinsäuren. Dazu werden hochreine Lösungsmittel und empfindliche Reagenzien verwendet. Die Prozessführung geschieht unter striktem Ausschluss von Sauerstoff und Wasser.

Denaturierungstemperatur: Bei Erhöhen der Temperatur trennen Nukleinsäure-Duplexe sich in ihre zwei Einzelstränge. Diejenige Temperatur, bei welcher 50% einer bestimmten Sorte von Doppelhelix entwunden sind, wird als deren Denaturierungstemperatur bezeichnet.

divalent: Innerhalb von Molekülen oder Salzen befindliche Atome oder Ionen, die zwei chemische Bindungen eingehen können.

Duplexstabilität: Thermische Beständigkeit einer RNA- oder DNA-Doppelhelix. Wird durch die Denaturierungstemperatur (s. u.) beschrieben.

Eisen-Schwefel-Welt: In diesem Modell nach G. WÄCHERSHÄUSER wird die Entstehung des Lebens durch eine Organisation chemischer Reaktionen an Pyrit-Oberflächen zu einem ersten Pionier-Organismus (autotroph) erklärt.

FMN: (Flavinmononucleotid) Ein Coenzym, das in Organismen an enzymatischen Redoxreaktionen (z. B. der NADH-Dehydrogenase-vermittelten Oxidation von NADH in der Atmungskette) beteiligt ist.

funktionale RNA-Stränge: unterscheiden sich von nicht-funktionalen Strängen durch ihre Befähigung, Reaktionen zu katalysieren oder andere Arten von Molekülen zu binden, z. B. Coenzyme.

G-C-reiche Stränge: sind RNA-Doppelstränge, die einen hohen Anteil an Guanosin-Cytosin-Basenpaaren aufweisen.

Helicase-Aktivität: Fähigkeit eines Enzyms, die Entwindung eines DNA- oder RNA-Doppelstranges zu bewirken. Polymerasen, die u. a. für den Kopiervorgang von Nukleinsäuren

verantwortlich sind, besitzen diese Eigenschaft.

Hydrolyse: Spaltung einer chemischen Bindung unter Einlagerung eines Wasser-Moleküls.

kinetisch: Die Geschwindigkeit einer chemischen Reaktion wird von der Höhe der Aktivierungsenergie bestimmt. Faktoren, die die Geschwindigkeit einer Reaktion beeinflussen, werden als kinetische Faktoren bezeichnet. Eine chemische Reaktion, die schnell abläuft, führt nicht notwendigerweise zu einem stabilen Molekül. Reaktionen, die bei niedrigen Temperaturen geführt werden und bei einer bestimmten Zusammensetzung (d. h. noch vor der Einstellung des chemischen Gleichgewichts) des Reaktionsgemischs abgebrochen werden, heißen kinetisch kontrolliert.

Konvektionsströme: annähernd kreisförmige Materieströme, die durch ein Temperaturgefälle verursacht werden. Im Bereich höherer Temperatur herrschen aufsteigende und im Bereich kalter Temperatur absteigende Bewegungen. Zwischen den Punkten extremer Temperatur findet eine horizontale Bewegung der Materie statt. Beispiele dafür sind das Land- und Seewindsystem an der Norddeutschen Küste oder die unterirdische Zirkulation von Magma.

Ligation: Verknüpfung zweier kurzer Nukleinsäure-Stränge zu einem längeren.

präbiotisch: (von griechisch prä = vor, bios = Leben) vor der Existenz von Organismen. Im Rahmen der Evolutionslehre wird angenommen, dass Mikroorganismen (Prokaryoten oder Archaeobakterien) die erste Form des Lebens darstellten. Die erstmalige Entstehung von Mikroorganismen soll sich gemäß der Evolutionslehre aus einer Ansammlung von Molekülen ereignet haben. Über die Beschaffenheit dieses „präbiotischen“ Milieus gibt es verschiedene nicht miteinander compatible Hypothesen. Eine davon ist die RNA-Welt-Hypothese.

PCR-Verfahren: (Polymerase Chain Reaction) Zur Vervielfältigung von DNA verwendete Vorgehensweise außerhalb von Zellen. Eine geringe Menge einer DNA-Sequenz wird zusammen mit den vier kanonischen Desoxy-nukleotidtriphosphaten, einem Primer (im großen Überschuss), Mg^{2+} und der entsprechenden Polymerase (aus thermophilen Bakterien) in Wasser gelöst und abwechselnd erhitzt und abgekühlt. Beim Erhitzen ($95^{\circ}C$) kommt es zur Strangtrennung und bei Abkühlen ($54^{\circ}C$) lagern sich die Primer an. Die Synthese der neuen Stränge durch die Polymerase findet bei ca. $75^{\circ}C$ statt.

Protein-Welt: Ein konkurrierendes Modell zur Erklärung der Entstehung des Lebens, das auf A. I. OPARIN zurückgeht. Im Rahmen dieser Hypothese wird angenommen, dass zuerst Stoffwechselzyklen (zyklische Reaktionsabfolgen) entstanden, die anschließend durch das Hinzukommen der genetischen Moleküle wie RNA und DNA stabilisiert wurden und zur Entstehung von ersten heterotrophen Organismen führten.

Templat: Nukleinsäure-Molekül, an dem durch Anlagerung und Verknüpfung von Einzelbausteinen oder kürzeren Fragmenten neue Nukleinsäuremoleküle entstehen.

thermodynamisch: Zu jeder chemischen Reaktion gibt es die entsprechende Rückreaktion. Wird die Reaktion so lange sich selbst überlassen, bis das chemische Gleichgewicht eingestellt ist, spricht man von thermodynamischer Reaktionsführung. Die Produktverteilung einer thermodynamisch geführten Reaktion spiegelt die Stabilität der Produkte wider. Je höher die Temperaturen desto weniger fallen kinetische Faktoren ins Gewicht. Daher führen auch hohe Temperaturen zu thermodynamischer Reaktionskontrolle.

tivitäten der Hydroxylgruppen an 2'- und an 3'-Position eines Nukleotids (am Ende einer Nukleotidsequenz) gegenüber Acetylgruppenüberträgern sowie die Folgereaktionen der gebildeten Acetylnukleotide (Abb. 3). Während 3'-terminales Adenosin-3'-Phosphat (1) schnell und selektiv mit aktivierten Acetylgruppenüberträgern (2) am Phosphatrest über (3) zu 2'-Acetyl-A3'-P (4) reagiert, erweist sich A2'-P (5) in der Reaktion zu 3'-Acetyl-A-2'-P als ausgesprochen reaktionsträge, sodass die Acetylierung der Phosphatereinheit an 2'-Position unter Bildung von (6) vermehrt erfolgt. Nachfolgend kommt es im Fall von A2'-Acetyl-P (6) schnell zur Bildung von 2',3'-cAMP (7), das nur langsam unter Ringöffnung eine 2',5'-Verknüpfung zu einem weiteren Nukleotid (Nucl-OH) ausbilden kann. Anders verhält es sich dagegen mit 2'-Acetyl-A3'-P (4), welches nach einer Aktivierung der 3'-Phosphatereinheit durch deren

Acetylierung sehr schnell unter Ausbildung einer 3',5'-Verknüpfung mit einem weiteren Nukleotid reagiert. Nach diesem Prinzip wurden auch Ligationen* zweier RNA-Fragmente an einem Templat* durchgeführt und dabei die bevorzugte Bildung von 3',5'-Verknüpfungen nachgewiesen. Die angeführten Reaktionen wurden bei konstantem pH-Wert und ausschließlich unter Beteiligung von drei Komponenten in Wasser durchgeführt: 1. Kurze Oligomere mit 3'-terminalem Adenosin-3'-Phosphat (oder 2'-Phosphat), 2. Thioacetat, das durch 3. ein Elektrophil (z. B. Cyanoimidazol) aktiviert wurde. Nach der postulierten, jedoch nicht experimentell gezeigten templatfreien Oligomerisierung* von Nukleotiden durch diese Form der Aktivierung soll die Entfernung der Acetyl-Schutzgruppen durch alkalische Hydrolyse* ($pH = 9.2$, $40^{\circ}C$) erfolgt sein. Im Gegensatz zur oben angeführten Hypothese von ENGELHART, die in thermodyna-

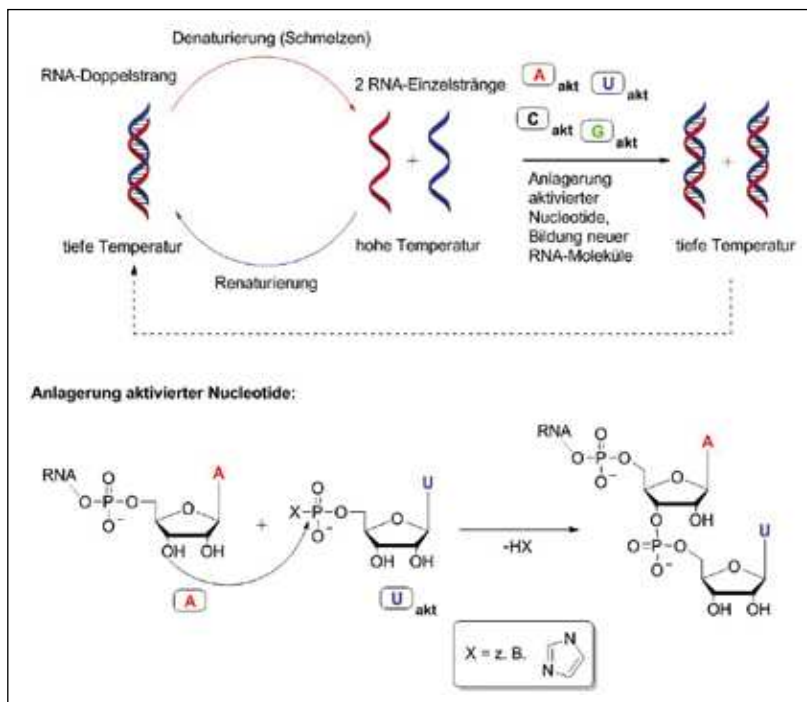


Abb. 2 Schematische Darstellung des Modells der präbiotischen Replikation von RNA-Molekülen durch thermische Konvektion.

mischen^{*} Faktoren (Lage des Gleichgewichts, langer Zeitraum) die Ursache für den Übergang der Mischung aus 2',5'- und 3',5'-RNA in eine reine 3',5'-RNA-Welt ansiedelt, beruht die Argumentation von BOWLER also auf der Betrachtung kinetischer^{*} Faktoren (Reaktionsgeschwindigkeit, kleiner Zeitraum).

Die Ausführungen von ENGELHART et al. und BOWLER et al. wurden in der Veröffentlichung von HERNÁNDEZ & PICCIRILLI zu einem Gesamtkonzept zusammengefügt. Demnach soll die RNA-Welt zunächst in ihrer unselektiven Form entstanden sein, d. h. unter Ausbildung von 2',5'- und 3',5'-Verknüpfungen. Danach soll sich der Übergang der gemischten RNA-Welt zu Sequenzen, die nur 3',5'-Bindungen enthalten, durch die Einwirkung von Thioacetat in Kombination mit verschiedenen Elektrophilen ereignet haben.

Experimentelle Daten und darauf basierende Schlussfolgerungen

Obwohl die angeführte Hypothese in einer renommierten Zeitschrift für chemische Forschung veröffentlicht wurde, ist die experimentelle Basis, auf welche die Autoren ihre Argumentation stützen, sehr wenig aussagekräftig, sodass der Inhalt im Wesentlichen spekulativen Charakters ist. Darüber hinaus werden kritische Aspekte bei der Reflexion der aufgestellten Hypothesen nicht angemessen in Betracht gezogen.

Der experimentell ermittelte, in Abhängigkeit vom prozentualen Anteil an 2',5'-Verknüpfungen abgestufte Funktionsverlust von Ribozymen oder Aptameren sagt nichts über die Prozesse aus, die eine Veränderung der chemischen

Es handelt sich bei den untersuchten Parametern um konstante Eigenschaften bestehender Systeme, nicht jedoch um tatsächliche Transformationen oder Entstehungsprozesse.

Beschaffenheit eines selbstreplizierenden Systems hervorgerufen haben könnten oder darüber, wie es entstanden sein könnte. Gleiches gilt für die Messung von Denaturierungstemperaturen^{*} von RNA-Doppelhelices, die einen Anteil an 2',5'-Verknüpfungen enthalten. Es handelt sich dabei um *konstante* Eigenschaften *bestehender* Systeme, nicht jedoch um tatsächliche *Transformationen* oder *Entstehungsprozesse*. Es wäre hingegen interessant zu sehen, ob in einem wässrigen Konvektionsstrom, der aktivierte Nucleotide und Templat-RNA^{*} enthält, nach einer bestimmten Anzahl von Zyklen wirklich RNA-Moleküle des Typs und der Komplexität nachgewiesen werden können, wie sie schon in den einfachsten Zellen und Viren vorkommen. Ein entsprechender Versuchsaufbau sollte durchaus realisierbar sein.

Ein weiteres prinzipielles Problem ist das Fehlen der Helicase-Aktivität^{*} bei den von ENGELHART betrachteten funktionellen RNA-Molekülen. Enzyme mit Helicase-Aktivität sind jedoch an nahezu allen physiologischen Prozessen beteiligt, in denen die Strangtrennung von Nukleinsäuren erforderlich ist (also beim Ablesen der RNA oder bei der Zellteilung). Dagegen kann das Hammerhead-Ribozym nur die Ligation^{*} oder Spaltung von anderen RNA-Molekülen vermitteln, aber keine Entwindung von Doppelsträngen. Es reicht jedoch nicht, wenn RNA-Moleküle mit *irgendeiner* katalytischen Aktivität oder bindenden Eigenschaft vorliegen, damit ein selbstreplizierendes System entsteht. Unberücksichtigt bleibt auch, dass unter Bedingungen der thermischen Konvektion selbst bei niedrigeren Temperaturen als 90 °C Zersetzung der RNA auftritt, obwohl die hohe Labilität dieser Moleküle hinlänglich bekannt ist (LINDAHL 1967). Die Stabilität von RNA-Molekülen in thermophilen Bakterien, die selbst bei Temperaturen von 121 °C wachsen können, wird hingegen von komplexen, bisher unverstandenen molekularen Systemen gewährleistet (COWAN 2004). Diese Systeme können aber aufgrund ihrer hohen Organisation nicht mit der präbiotischen RNA-Welt verglichen werden.

Auch der Versuch, den Übergang vom unselektiven System zum selektiven durch bevorzugte Reaktionen isolierter Moleküle zu beschreiben, ist unrealistisch. Zum einen können die Bedingungen, unter denen die Experimente von BOWLER durchgeführt wurden, nicht als präbiotisch bezeichnet werden, da Substanzen hoher Reinheit und hoher Konzentration für

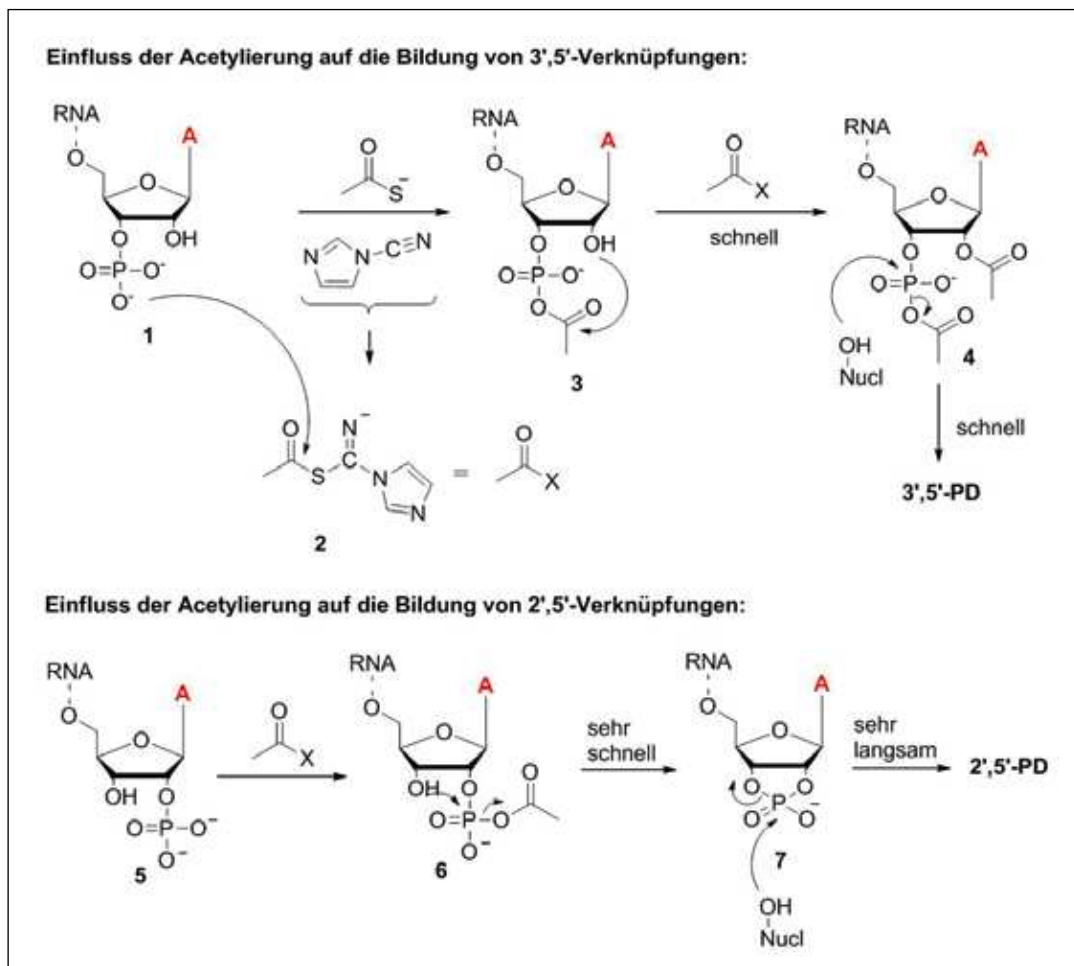


Abb. 3 Mechanistische Deutung der bevorzugten Bildung von 3',5'-Verknüpfungen unter Einwirkung von Thioacetat und Elektrophilen.

isolierte Synthesestufen verwendet wurden. Zum anderen ist fraglich, ob kinetische Faktoren überhaupt für evolutive Vorgänge relevant sein können, wenn äußerst lange Zeiträume für die diskutierten Prozesse angenommen werden. Bei sehr langen Reaktionszeiten sind die Bedingungen thermodynamisch dominiert (thermodynamische Reaktionsführung). Die von BOWLER et al. untersuchten Reaktionen würden unter thermodynamischer Reaktionsführung wahrscheinlich ein anderes Ergebnis liefern als das oben beschriebene. Mit sehr viel längeren Reaktionszeiten wäre die Selektivität der Acetylierung schon in wesentlich geringerem Ausmaß gegeben. Dann wäre diese Reaktion aber für Modelle zur Entwicklung der präbiotischen RNA-Welt unpassend.

Problematisch ist zudem der Umstand, dass die Acetyl-Schutzgruppen nach der Synthese der Nukleinsäuren entfernt werden müssen. Der dafür vorgeschlagene Vorgang (alkalische Hydrolyse, s. o.) ist keinesfalls mit den Bedingungen der Acetylierung vereinbar. Das gesamte Reaktionsmilieu muss nach abgeschlossener Synthese stark geändert werden, um die Abspaltung der Schutzgruppen zu ermöglichen. Zudem sind Ribonukleinsäuren unter alkalischen Bedingungen nur wenig stabil; es kommt vermehrt zu Strangbrüchen. Daher darf die Einwirkung des alkalischen Mediums nur für kurze Zeit, d. h. bis

die Acetylgruppen abgespalten sind, stattfinden und muss anschließend rasch entfernt werden. Solche Prozesse sind von der automatisierten Oligonukleotid-Synthese* – einem elaborierten Verfahren – bekannt. Aber in einem präbiotischen Szenario kann das nicht vorausgesetzt werden. Wie SHAPIRO (2007) in einem viel beachteten Artikel in *Scientific American* pointiert schrieb: „Das zentrale Problem lässt sich anhand einer Analogie erläutern: Nachdem ein Golfer einen 18-Loch-Kurs erfolgreich absolviert hat, behauptet er, der Ball hätte das auch ohne ihn schaffen können – unter der Einwirkung natürlicher Kräfte – wenn man ihm nur genügend Zeit gelassen hätte. Ähnlich wie in diesem Vergleich widerspricht die spontane Entstehung von RNA keinem Naturgesetz; nur wäre sie extrem unwahrscheinlich gewesen.“

Ferner hätte die Beobachtung der unterschiedlichen Reaktivitäten der vier kanonischen Nukleotide in der Acetylierung (Adenosin > Guanosin > Cytidin > Uridin) sicherlich mehr Beachtung verdient. Es ist durchaus denkbar, dass diese Differenzen zu unterschiedlichen Raten des Einbaus der vier Nukleotide in RNA-Polymere führen würden und folglich zu einer Anreicherung von purinreichen RNA-Sequenzen – ein Problem, das bereits in früheren Arbeiten erwähnt wurde (INOUE & ORGEL 1983). Auf diese Weise wären aber keine genetischen Moleküle

mit einem einigermaßen ausgewogenen Verhältnis der vier kanonischen Nukleotide entstanden, wie sie in der RNA lebender Organismen vorzufinden werden.

Verknüpfung von inkompatiblen Modellen

Schließlich wirkt die Kombination der beiden bisher diskutierten Mechanismen durch HERNÁNDEZ & PICCIRILLI befremdlich, denn die Szenarien sind chemisch nicht miteinander kompatibel. Hätte die durch thermische Konvektion vermittelte Replikation der unselektiven RNA-Welt in Gegenwart von Thioacetat und den entsprechenden Elektrophilen stattfinden können? Wohl kaum. Denn besonders im Bereich erhöhter Temperatur sind zahlreiche Nebenreaktionen zu erwarten. Dies gilt ganz besonders für chemisch aktivierte Nukleotide. Auch die angeführte Selektivität der Acetylierung würde bei höheren Temperaturen möglicherweise deutlich geringer ausfallen. Daher muss ein bestimmter Zeitpunkt des Hinzukommens dieser Reagenzien postuliert werden. Dies müsste jedoch an einem Ort geschehen, der von dem Bereich der thermischen Konvektion räumlich getrennt ist. Das sind sehr anspruchsvolle Forderungen an ein präbiotisches Modell.

Bloße Vermutungen sollten nicht Gegenstand wissenschaftlicher Veröffentlichungen sein

Insgesamt besteht eine große Diskrepanz zwischen den experimentellen Daten, die den Arbeiten von HERNÁNDEZ & PICCIRILLI, ENGELHART und BOWLER zugrunde liegen, und den daraus gezogenen Schlussfolgerungen. Daher kann berechtigterweise nur von Vermutungen über hypothetische Vorgänge gesprochen werden bzw. Vermutungen, die nur eintreffen könnten, wenn die postulierten Vorgänge sehr genau gesteuert würden (Zeitpunkte der Zugabe von Reaktionspartnern, von Temperaturänderungen; sehr reine, ausgewählte Reaktanden usw.). Durch einen Experimentator auf präzise Weise gesteuerte Reaktionsfolgen sind notwendig, um labile und komplexe Moleküle wie Nukleinsäuren im Labor herzustellen. Die Annahme, dass Reaktionskaskaden in einer solchen Genauigkeit unter präbiotischen Bedingungen ablaufen können, ist nach allem bisherigen Wissen über das Verhalten der Materie unrealistisch. Vermutungen können

Insgesamt besteht eine große Diskrepanz zwischen den experimentellen Daten und den daraus gezogenen Schlussfolgerungen.

ein guter Ausgangspunkt für eine wissenschaftliche Arbeit sein. Für naturwissenschaftliche Veröffentlichungen sind jedoch gerade bei kontrovers diskutierten Themen wie der Chemie der Lebensentstehung nüchterne Interpretation experimenteller Daten und zurückhaltende Schlussfolgerungen wünschenswert. Die hier diskutierten Befunde beschreiben *konstante* Eigenschaften *bestehender* molekularer Systeme. Daraus werden Schlussfolgerungen auf rein hypothetische *Entstehungsvorgänge* in der präbiotischen Welt gezogen. Notwendig wären jedoch experimentelle Befunde zu *Entstehungsvorgängen* katalytisch aktiver RNA-Moleküle unter plausiblen präbiotischen Bedingungen. Diese fehlen jedoch durchweg in der wissenschaftlichen Literatur zur RNA-Welt-Hypothese.

Literatur

- BENNER SA & HUTTER D (2002) Phosphates, DNA and the search for nonterrestrial life: A second generation model for genetic molecules. *Bioorg. Chem.* 30, 62–80.
- BOWLER et al. (2013) Prebiotically plausible oligoribonucleotide ligation facilitated by chemoselective acetylation. *Nat. Chem.* 5, 383–389.
- COWAN DA (2004) The upper temperature for life—where do we draw the line? *Trends Microbiol.* 12, 58–60.
- ENGELHART AE, POWNER MW & SZOSTACK JW (2013) Functional RNAs exhibit tolerance for non-heritable 2'-5' versus 3'-5' backbone heterogeneity. *Nat. Chem.* 5, 390–394.
- GILBERT W (1986) The RNA world. *Nature* 319, 618.
- HERNANDEZ AR & PICCIRILLI JA (2013) Prebiotic RNA unstuck. *Nat. Chem.* 5, 360–361.
- LINDAHL T (1967) Irreversible Heat Inactivation of Transfer Ribonucleic Acids. *J. Biol. Chem.* 242, 1970–1973.
- LINDAHL T (1993) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362, 709–715.
- NELSON KE, LEVY M & MILLER SL (2000) Peptide nucleic acids rather than RNA may have been the first genetic molecule. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 97, 3868–3871.
- INOUE T & ORGEL LE (1983) A nonenzymatic RNA polymerase model. *Science* 219, 859–861.
- SCHMIDTGALL B (2013) Enzymfreie Replikation im Labor – ein plausibles Modell für erste Replikationssysteme? *Stud. Integr. J.* 20, 48–51.
- SHAPIRO R (2007), A simpler origin for life. *Scientific American* 296, 23–31.
- VERLANDER MS, LOHRMANN R & ORGEL LE (1973) Catalysts for the self-polymerization of adenosine cyclic 2',3'-phosphate. *J. Mol. Evol.* 2, 303–316.

Anschrift des Verfassers:

Boris Schmidtgall, Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn; email: sg@wort-und-wissen.de

Zu viele Zufälle im Sonnensystem

Wenn mehrere seltsame Ereignisse gleichzeitig stattfinden, werten wir das gerne als Hinweis, dass diese Ereignisse irgendwie miteinander zusammenhängen. Ist ein solcher Zusammenhang aber nicht erkennbar, darf zu Recht gefragt werden, ob die Ereignisse vielleicht doch nicht so seltsam sind wie zuerst angenommen. Eine solche Situation trifft im Sonnensystem auf die Planeten Jupiter und Saturn und ihre Monde zu. Hier können mehrere Naturphänomene beobachtet werden, die relativ kurzlebig sind. In einem alten Sonnensystem ist das unerwartet – nur ein Zufall? Da es zwischen diesen Phänomenen keinen erkennbaren Zusammenhang gibt, handelt es sich um zu viele Zufälle auf einmal und es kann die Frage gestellt werden, ob diese Konstellation indirekt darauf hindeutet, dass das Sonnensystem viel jünger ist als bislang angenommen.

Peter Korevaar

Ungewöhnliche Ereignisse im Sonnensystem

In *Nature* erschien Anfang 2013 ein Artikel unter dem Titel „Caught in the Act“ (auf frischer Tat ertappt) in dem auf mehrere zurzeit stattfindende besondere Ereignisse im Sonnensystem hingewiesen wird (McKee 2013a). Eine deutsche Übersetzung des Artikels erschien kurze Zeit später in *Spektrum* (McKee 2013b) unter dem Titel „In flagranti im Sonnensystem“. Im Mittelpunkt des Interesses stehen der Jupitermond Io sowie die Saturnringe und die Saturnmonde Titan und Enceladus. Sie alle zeigen Phänomene, die sehr wahrscheinlich vorübergehend sind und von kurzer Dauer im Vergleich zum gemeinhin angenommenen hohen Alter des Sonnensystems. Und das wirft die Frage auf, warum diese Sonderereignisse gerade jetzt stattfinden, wo wir als Menschen in der Lage sind, zuzuschauen.

Im Folgenden werden die Beobachtungen im Einzelnen vorgestellt und anschließend diskutiert, was dies für das Gesamtverständnis unseres Sonnensystems bedeuten könnte.

Die Saturnringe – jung und dynamisch?

Die Saturnringe (Abb. 1) faszinieren seit jeher die Forscher. Die brennenden Fragen „Wie und wann sind die Ringe entstanden?“ und „Welche physikalische Prozesse halten das Ringsystem stabil?“ sind bis heute unbeantwortet. Einerseits gehen die meisten Forscher davon aus, dass die Ringe schon mehrere Milliarden Jahre alt seien.

Das Hauptargument dafür ist, dass nach gängiger Entstehungstheorie in der Frühzeit des Sonnensystems noch viele Überbleibsel der Planetenbildung durch das Sonnensystem schwirrten und eines davon durch die Gravitation des Saturns auseinandergerissen wurde und so das Material für die Ringe geliefert haben soll.

Andererseits sprechen mehrere Fakten gegen ein hohes Alter der Ringe: Es gibt keine befriedigende Erklärung dafür, wie die hochaufgelöste Feinstruktur der Ringe über Milliarden Jahre aufrecht erhalten werden kann. Von alleine würden die Ringe in relativ kurzer Zeit verschmie-

Abb. 1 Hochauflösende Detailaufnahme der Saturnringe. Links der B-Ring, Rechts der A-Ring, dazwischen die Cassinische Teilung. Die Feinstruktur der Ringe und die Helligkeit, insbesondere des B-Rings, sind Hinweise auf ein junges Alter. (NASA/JPL/Space Science Inst.)

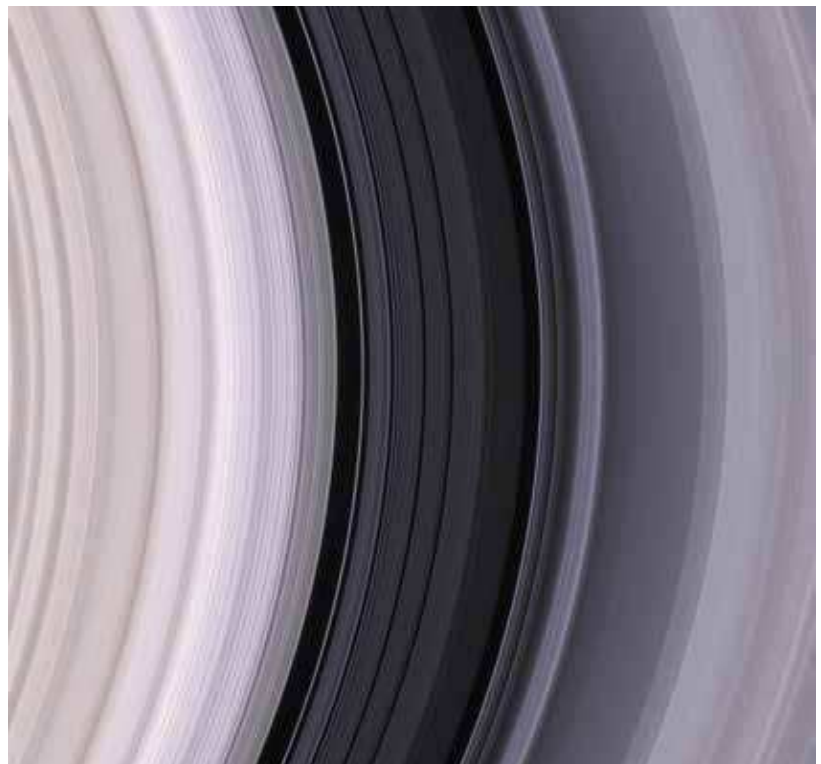




Abb. 2 Der Jupitermond Io ist vulkanisch extrem aktiv. Die heutige Gezeitenwirkung von Jupiter kann diese Aktivität nicht erklären. (NASA 1999)

ren und auseinander diffundieren. Ein weiteres Problem ist die helle Farbe, insbesondere des großen mittleren B-Rings, die auf einen niedrigen Verschmutzungsgrad hinweist (Cuzzi 2010).

Warum finden diese Sonderereignisse gerade jetzt statt, wo wir als Menschen in der Lage sind, zuzuschauen?

Bei einem hohen Alter sollten die ursprünglich hellen Eispartikel durch kohlenstoffhaltigen Staub von Kometen und Asteroiden längst dunkler geworden sein. Dies ist bei den anderen bekannten, aber weniger ausgeprägten Ringen um Jupiter, Uranus und Neptun der Fall. Nicht jedoch bei Saturn.

Wie schnell die Ringe verdunkeln hängt allerdings davon ab, wie groß die Einzelteile sind, aus denen die Ringe bestehen. Bislang wird angenommen, dass die Ringe aus vielen relativ kleinen einzelnen Brocken aus Wassereis bestehen. Je größer diese Brocken aber sind, umso länger wird es dauern, bis der Verdunklungseffekt auftritt. Hierüber wird die Raumsonde Cassini hoffentlich in einigen Jahren Auskunft geben können, denn es ist geplant, sie am Ende ihrer Saturnmission im Jahr 2017 durch das Ringsystem zu schicken, um genaue Messungen der Ringstruktur vorzunehmen und wenn möglich sogar einzelne Teile direkt zu fotografieren, was bislang aufgrund der relativ großen Distanz noch nicht möglich war. Diese Aktion wird deswegen erst am Ende der Mission durchgeführt, weil eine ernsthafte Gefahr einer Kollision mit einem der

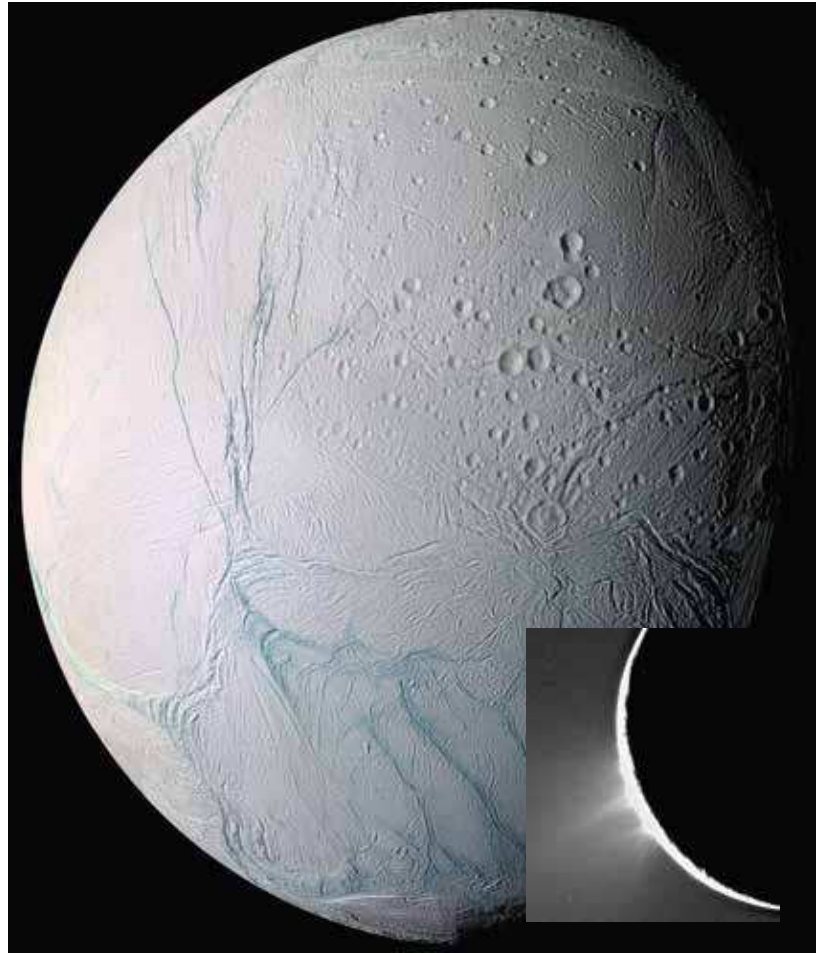
Eisbrocken besteht, die das Ende von Cassini bedeuten würde.

Sollten die Ringe – wie bislang vermutet – in der Tat aus vielen kleineren Eisbrocken bestehen, könnte das Ringsystem höchstens mehrere Millionen Jahren alt sein, eventuell auch viel jünger. Dies ist sehr kurz in Vergleich zum angenommenen Alter des Sonnensystems von ca. 4,5 Milliarden Jahren. Somit würden wir Saturn mit seinen Ringen in einem Ausnahmezustand beobachten, in dem er sich im größten Teil seiner Existenz weder befand noch befinden wird.

Io – Der energiegeladene Jupitermond

Die höchste vulkanische Aktivität im Sonnensystem finden wir auf dem Jupitermond Io (Abb. 2). Io bewegt sich nahe am Jupiter und ist somit großer Gezeitenwirkungen ausgesetzt, die den Mond kräftig durchkneten und aufheizen. Dies klingt nach einer plausiblen Erklärung für das pockennarbige Aussehen des Mondes. Doch genaue Berechnungen zeigen: Die Gezeitenwirkung kann nur ein Bruchteil der Energieleistung bringen, die für die beobachtete Aktivität notwendig ist. Dies wiederum bedeutet, dass Io zurzeit hyperaktiv ist und das nicht lange durchhalten kann. Als Erklärung für die hohe Aktivität wird unterstellt, dass die Umlaufbahn von Io sich im Laufe der Zeit verändert hat und vor nicht allzu langer Zeit stark exzentrisch war. Dabei wäre dann die Gezeitenwirkung viel extremer gewesen. Inzwischen sei die Bahn kreisförmiger, aber der Mond wäre durch die frühere starke Gezeitenwirkung buchstäblich noch energiegeladen und das wäre der Grund für die gezeigte Aktivität (LAINEY 2009).

Die Erklärung hat eine unangenehme Seite: Jupiters Gezeitenwirkung wirkt nämlich insgesamt stabilisierend auf die Io-Bahn, so dass sie dazu neigt, kreisförmiger zu werden, wie Beobachtungen der letzten 100 Jahre bestätigen. Zwar verhindern Störungen der Nachbarmonde Ganymed und Europa, dass die Bahn dauerhaft eine exakte Kreisform annimmt, aber ob sie in der Lage sind, entgegen der Gezeitenwirkung von Jupiter die Bahn wieder elliptischer zu machen, ist unklar. David STEVENSON, Planetenforscher am California Institute of Technology, mutmaßt dies zwar aufgrund der hohen Aktivität des Io, legt dafür aber keine Berechnungen vor. Kann es stattdessen sein, dass ein noch unbekanntes Ereignis Io vor nicht allzu langer Zeit „aus der Bahn geworfen“ hat? Es gilt festzuhalten: Wir treffen Io offensichtlich zu einem besonderen Zeitpunkt in seiner Existenz an.



Titan – Der Saturnmond mit dem Methanüberschuss

Der zweitgrößte Mond im Sonnensystem ist der Saturnmond Titan. Es ist der erste Mond neben unserem eigenen, auf dem eine Raumsonde gelandet ist: Huygens, die angedockt an der Saturnraumsonde Cassini mitgeflogen ist und am 14. Januar 2005 auf Titan landete. Auf Titan gibt es erstaunlich viel Methan. Bei einer Oberflächentemperatur von -180°C bildet dieses Methan sogar Seen und Flüsse, die täuschend echt wie irdische Seen und Flüsse aussehen. Das Methan regnet aus Wolken ab, die aus einem Gemisch aus Kohlenwasserstoffen bestehen, von denen Methan das einfachste ist.

Und genau deswegen sind die Forscher verunsichert. Denn die einfachen Kohlenwasserstoffe sind nicht lange stabil, sondern verbinden sich auf Dauer durch Sonnenstrahlung zu komplexeren. Dies wiederum bedeutet, dass es entweder eine stetige Quelle geben muss, die die Atmosphäre des Titan mit frischem Methan anreichert, oder dass ein noch unbekanntes besonderes Ereignis für das Vorhandensein dieses Methans verantwortlich ist, und wir den Titan gerade in dieser Sondersituation vorfinden.

Es wurden verschiedene Mechanismen vorgeschlagen, die für ein kontinuierliches Anreichern der Titanatmosphäre mit Methan

Abb. 3 Enceladus, der vierzehnte Saturnmond, ist mit einem Eispanzer bedeckt (großes Bild) und sprüht aus mehreren Vulkanen am Südpol Eis in den Weltraum (kleines Bild). (NASA 2005)

verantwortlich sein könnten. Das Hauptproblem dabei ist, dass dafür Quellen aus dem Inneren des Titan z.B. in der Form von Methanvulkanen benötigt werden. Dieser Versuch einer Erklärung scheint aber eher auf Wunschenken als auf Tatsachen zu beruhen. So schreibt zum Beispiel Jeff MOORE vom NASA Ames Research Center (MOORE 2011): „Alle Landformen auf Titan, die eindeutig identifizierbar sind, können durch exogene Prozesse erklärt werden (Wind, Strömung, Einschlagskrater, Massenbewegung). Für frühere mutmaßliche Erklärungen mit Hilfe von endogen produzierten Formationen und Flüssen durch Eisvulkanismus gibt es keine eindeutig überzeugenden Beweise.“¹ MOORE stellt sich damit vehement gegen Rosaly LOPES vom NASA Jet Propulsion Laboratory, das seit Jahren genau diese Eisvulkantheorie vertritt, allerdings ehrlich einräumt, dass es dafür keine eindeutigen Beweise gibt (LOPES 2011). Wenn MOORE Recht behält, ist es in der Tat sehr wahrscheinlich, dass das Vorkommen von Methan auf Titan nur vorübergehend ist und wir auch Titan in einer besonderen Situation vorfinden.

Enceladus – Der hyperaktive Eismond

Ein weiterer Saturnmond sorgt für Aufsehen: Enceladus (Abb. 3), bedeckt mit einem Eispanser, sprüht aus mehreren Geysiren an seinem Südpol Eis in den Weltraum und speist damit den äußersten Saturnring, den E-Ring. Die Geysire haben eine Leistung von etwa 16 Gigawatt und genau da liegt das Problem: Die Energie, die durch Radioaktivität und Gezeitenwirkung des Saturn im Inneren von Enceladus freigesetzt wird, reicht maximal für ein Zehntel dieser Leistung, wenn sie dauerhaft erbracht werden soll. Somit kann Enceladus die aktuelle Leistung nur vorübergehend erbringen. Was verursacht die ungewöhnliche Aktivität? Eine Erklärung lautet, dass die Gezeitenwirkung des Saturn das Innere des Enceladus über längere Zeit aufheizt, es ist die Rede von 100 Millionen Jahren. Irgendwann bringt diese Energie dann den Eispanser an dünner Stelle zum Schmelzen und entlädt sich fast explosionsartig in Form von Geysiren. Danach heizt die Gezeitenwirkung das Innere erneut auf (O'NEILL 2010).

Diese Erklärung ist aber problematisch, weil die Entladungszeiträume aufgrund der Entladungsgeschwindigkeit viel kürzer sind als die Aufladungszeiträume. Somit erwischen wir Enceladus gerade während einer besonderen Periode, denn der Mond wäre im größten Teil seiner Existenz ohne Geysire. Es gibt zwar noch alternative Erklärungen für das Vorhandensein der Geysire, doch diese führen zum gleichen Schluss: Wir sehen Enceladus in einer der kurzen aktiven Phasen und das ist nicht normal.

Diskussion

Viele Fragen sind offen und weitere Beobachtungen und Forschung werden sicherlich neue Erkenntnisse bringen. Es sieht aber stark danach aus, dass es in der Tat zu viele Zufälle gibt: Die Farbe und Feinstruktur der Saturnringe, die ungewöhnlich hohe Aktivität des Io, die Geysire des Enceladus und das Methan auf Titan. Zwar gibt es für jeden Einzelfall Erklärungsansätze (wenn auch keine gesicherten Erklärungen), aber das gleichzeitige Vorkommen all dieser Phänomene schreit förmlich nach einem gesamtheitlichen Erklärungsansatz, der diese scheinbar unabhängigen Ereignisse verbindet.

Hatten die Ringe des Saturn noch keine Zeit, zu verschmieren oder dunkel zu werden? Hatte das Methan des Titan noch keine Zeit, sich abzubauen?

Eine mögliche Erklärung wäre, dass das Sonnensystem maximal so alt ist wie die typischen Zeitskalen der hier beschriebenen Sonderereignisse und damit wesentlich jünger als bislang angenommen. In diesem Fall relativiert sich die Besonderheit der besprochenen Beobachtungen schnell. Die Ringe des Saturn hatten noch keine Zeit, zu verschmieren oder dunkel zu werden. Das Methan des Titan hatte noch keine Zeit, sich abzubauen. Io befindet sich noch auf dem Weg zu einer stabilen Kreisbahn. Und die Geysire des Enceladus sprühen einmalig den Energieüberschuss aus der Entstehungszeit ab.

Ein anderer Erklärungsansatz wäre, wenn es unabhängig vom Gesamtalter des Sonnensystems in der jüngsten Vergangenheit eine größere Katastrophe im Sonnensystem gab, die für die Entstehung der Saturnringe, die Geysire und eventuell auch für den Eispanser auf Enceladus, das Methan auf Titan und die Hyperaktivität auf Io verantwortlich wäre. Und vielleicht noch für viele andere Phänomene, wie die eindrucksvollen Spuren von Wasserwirkung auf Mars oder die stark einseitige Kraterbildung auf Triton, dem größten Mond des Planeten Neptun, sowie auf unseren eigenen Mond. Die gängige Theorie zur Entstehung des Sonnensystems geht zwar davon aus, dass es eine solche Katastrophe gab, aber sie datiert dieses „Große Bombardement“ in die frühe Phase des Sonnensystems vor mehreren Milliarden Jahren. Die hier besprochenen Beobachtungen könnten ein Hinweis dafür sein, dass man stattdessen nach einer Katastrophe suchen sollte, die erst kürzlich passiert ist. Eine naheliegende mögliche Erklärung wäre das Auseinanderfallen eines ehemaligen Planeten zwischen Mars und Jupiter, wo nun Asteroiden

ihre Bahnen ziehen. Zwar gehen die meisten Astronomen davon aus, dass hier nie ein Planet war, sondern dass Jupiter durch gravitative Störungen die Bildung eines Planeten zwischen Mars und Jupiter verhindert hätte, aber vielleicht ist es auch an der Zeit, diese Sichtweise neu zu überdenken. In diesem Zusammenhang ist sicherlich erwähnenswert, dass die Mehrzahl der Asteroiden wasserhaltig ist und Asteroiden oft als Lieferant für das Wasser der Erdozeane angesehen werden. Diese Wasserhaltigkeit könnte als Hinweis darauf gewertet werden, dass Asteroiden durch dieselbe Katastrophe entstanden sind, die für die hier besprochenen ungewöhnlichen Ereignisse verantwortlich wäre.

Literatur

- CUZZI JN et al. (2010) An evolving view of Saturn's dynamic rings. *Science* 327, 1470–1475.
- LAINÉ V, ARLOT JE, KARATEKIN Ö & VAN HOOLST T (2009) Strong tidal dissipation in Io and Jupiter from astrometric observations. *Nature* 459, 957–959.
- LOPES RMC et al. (2011) Cryovolcanism on Titan: a reassessment in light of new data from Cassini RADAR and VIMS. *EPSC Abstracts* 6, 303.
- McKEE M (2013a) Caught in the act. <http://www.nature.com/news/planetary-science-caught-in-the-act-1.12324>
- McKEE M (2013b) In flagranti im Sonnensystem. <http://www.spektrum.de/alias/himmelskoerper/in-flagranti-im-sonnensystem/1184206>
- MOORE JM & ROBERT TP (2011) Titan: An exogenic world? *Icarus* 212, 790–806.
- O'NEILL C & NIMMO F (2010) The role of episodic overturn in generating the surface geology and heat flow on Enceladus. *Nat. Geosci.* 3, 88–91.

Anmerkung

- ¹ Übersetzung ins Deutsche durch den Autor. Der englische Originaltext lautet: „All landforms on Titan that are unambiguously identifiable can be explained by exogenic processes (aeolian, fluvial, impact cratering, and mass wasting). Previous suggestions of endogenically produced cryovolcanic constructs and flows have, without exception, lacked conclusive diagnostic evidence.“

Molekulare Konvergenzen in unerwartetem Ausmaß

Dass ähnliche Strukturen bei Lebewesen unabhängig (konvergent) entstehen können, ist lange bekannt und die Beispiele dafür nehmen rasant zu, so dass es immer problematischer wird, anhand von Bauplanähnlichkeiten stammesgeschichtliche Beziehungen zu ermitteln. Die Ergebnisse einer groß angelegten Studie legen nahe, dass die Konvergenzen auch im molekularen Bereich erheblich sein können.

Reinhard Junker

Man hat sich daran gewöhnt: Viele ähnliche morphologische (gestaltliche) Merkmale oder Fähigkeiten nicht näher verwandter Organismen sind mehrfach unabhängig entstanden. Dieses Phänomen wird als Konvergenz bezeichnet. Eigentlich gelten Bauplanähnlichkeiten als Hinweis auf gemeinsame Abstammung (man spricht dann von Homologien), aber es gibt so viele Ausnahmen, dass strukturell homologe Ähnlichkeiten nicht mehr ohne weiteres als Belege für gemeinsame Abstammung gewertet werden können (viele Beispiele z. B. unter <http://www.thegreatstory.org/convergence.pdf> und www.mapoflife.org; vgl. BRAUN 2012)

Durch die taxonomische Forschung in der Biologie sind viele vormals als Homologien interpretierte Ähnlichkeiten durch Gewinnung

neuer Daten zu Konvergenzen „mutiert“. Die Daten, die zu Neubewertungen führten, stammen oft (aber nicht nur) aus der Molekularbiologie. Sequenzvergleiche von Proteinen und Genen und neuerdings ganzer Genome (komplettes Erbgut eines Individuums) ergaben in zahllosen Fällen Ähnlichkeitsbeziehungen, die sich deutlich von den Merkmalsmustern unterscheiden, die auf morphologischen Merkmalen beruhen. Heute weiß man, dass es verbreitet Konflikte „Morphologie versus Moleküle“ gibt. Da in Konfliktfällen den molekularen Daten in der Regel größeres Gewicht eingeräumt wird, müssen die widersprechenden morphologischen Merkmale konvergent entstanden sein.

Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass Konvergenzen auch im molekularen Bereich



Abb. 1 Walartige (hier der Große Tümmler, *Tursiops truncatus*) und Fledermäuse (hier: die Kinnblattfledermaus, *Pteronotus parnellii*) haben nicht nur ausgefeilte Echoortungssysteme gemeinsam. Vieles deutet auch auf eine große Anzahl von Konvergenzen im molekularen Bereich hin. (Bilder: NASA, Wikipedia)

in beträchtlichem Ausmaß vorkommen. So sind beispielsweise die Aminosäuresequenzen des Proteins Prestin, das beim Hörvorgang beteiligt ist und bei der Echoortung von Fledermäusen und Walartigen besondere Bedeutung hat¹, bei diesen beiden Gruppen nahezu identisch. Wale und Fledermäuse erscheinen in einem auf Prestin-Daten basierenden Dendrogramm (Ähnlichkeitsbaum) daher als eine gemeinsame Gruppe², obwohl beide Gruppen unter den Säugetieren sonst überhaupt nicht näher verwandt sind (LI et al. 2010; LIU et al. 2010). Nach den DNA-Sequenzdaten des *Prestin*-Gens gruppieren sich die Wale und Fledermäuse dagegen weitgehend gemäß dem 'üblichen' Arten-Stammbaum. Innerhalb der Fledermäuse passen auch die Nukleotid-Sequenzdaten nicht zu den sonst anerkannten Verwandtschaftsbeziehungen.

In einer groß angelegten Untersuchung ist eine Arbeitsgruppe um den Evolutionsbiologen Stephen ROSSITER (Queen Mary, University of London) der Frage nachgegangen, ob weitere molekulare Konvergenzen bei Fledermäusen und Walen vorliegen (PARKER et al. 2013). Beide Gruppen haben unter den Säugetieren nicht viel gemeinsam, mit einer Ausnahme: Sie haben anders als alle anderen Säuger ein *ausgefeiltes Echoortungssystem*, das mit ausgestoßenen Ultraschalllauten arbeitet und viele Gemeinsamkeiten aufweist.³ In der Studie der Arbeitsgruppe von ROSSITER wurden tatsächlich weitere molekulare Konvergenzen nachgewiesen – zur Überraschung

der Wissenschaftler in einem enormen Ausmaß. Knapp 200 Gene weisen konvergente Gemeinsamkeiten bei Walen und Fledermäusen auf, von denen viele mit der Echoortung direkt oder indirekt in Verbindung stehen – die Forscher hatten allenfalls ein Dutzend erwartet. Einige der konvergent veränderten Gene stehen im Zusammenhang mit dem Sehsinn; bei einer Reihe von ihnen ist die Funktion unbekannt oder die Beziehung zur Echoortung unklar.

Die Wissenschaftler nutzten die Genomdaten von sechs nicht näher verwandten Fledermäusen, von denen zwei keine Echoortung betreiben, außerdem vom Großen Tümmler und von weiteren Säugetierarten. Daraus ermittelten sie etwa 2300 Gene, die in allen diesen Arten in einfacher Ausführung (single copy) vorkommen, und verglichen diese untereinander. Auf diese Weise gelangten sie zum genannten Ergebnis von knapp 200 Genen, die unabhängig voneinander in derselben Weise (konvergent) verändert waren.

Für eine gleichsinnige Änderung auf breiter Front können keine plausiblen Ursachen angegeben werden.

Dieses enorme Ausmaß konvergenter Veränderungen stößt auf allgemeine Überraschung. Zuvor war aus evolutionstheoretischer Sicht erwartet worden, dass die molekularen Grundlagen der Echoortungssysteme der beiden so

verschiedenen Säugergruppen ganz verschieden sein müssten, da Mutationen als „Rohmaterial“ für evolutionäre Neuheiten richtungslos erfolgen. Für eine gleichsinnige Änderung *auf breiter Front* können keine plausiblen Ursachen angegeben werden. Gewöhnlich wird bei konvergenter Ähnlichkeit auf gleichartige Selektionsdrücke als Ursache verwiesen, doch zum einen handelt es sich dabei generell um eine notwendige, nicht aber hinreichende Voraussetzung für gleichartige Veränderungen. Hier kommt zum anderen das schiere Ausmaß gleichsinniger Abwandlungen hinzu. Joe PARKER, Erstautor der Veröffentlichung der erstaunlichen Ergebnisse, kommentiert: „Wir wissen, dass natürliche Auslese eine wirkungsvolle Triebfeder der Evolution von Gensequenzen ist, doch der Nachweis von so vielen Beispielen, wo sie nahezu identische Resultate bei den Gensequenzen bei Tieren ohne jede Verwandtschaft verursacht, ist erstaunlich.“

Ähnlichkeiten, die nach üblichen Kriterien als homolog interpretiert werden, können nicht sicher als Indikatoren für die Existenz gemeinsamer Vorfahren gewertet werden.

Die Tatsache, dass molekulare Konvergenzen verbreitet sein können, bringt ein Problem mit sich, das von den morphologischen Konvergenzen längst vertraut ist: Ähnlichkeiten, die nach üblichen Kriterien als homolog interpretiert werden, können nicht sicher als Indikatoren für die Existenz gemeinsamer Vorfahren gewertet werden bzw. sie können irreführend sein, wenn man dies doch tut. Der Genetiker Todd CASTOE wird mit den Worten zitiert, dass derzeit keine Handhabe zur Verfügung stünde, wie man mit dieser Situation umgehen kann (http://news.sciencemag.org/biology/2013/09/bats-and-dolphins-evolved-echolocation-same-way#disqus_thread). Er äußert allerdings Bedenken wegen der Untersuchungsmethode, die nur indirekte Hinweise auf das Vorliegen von molekularen Konvergenzen erlaubt. Hier können weitere Untersuchungen aber Aufschluss geben.

Anmerkungen

¹ *Prestin* wird beim Hörvorgang benötigt und codiert für ein Transmembran-Motorprotein, welches das elektrisch vermittelte Bewegungsvermögen der äußeren Haarzellen in der Schnecke steuert und damit für die Sensitivität der Schnecke im Säugerohr verantwortlich ist. Es scheint von besonderer Bedeutung für die Wahrnehmung höherer Frequenzen und für selektives Hören zu sein; beides ist für die Echoortung wichtig (TEELING 2009, 353; LI et al. 2008, 13959).

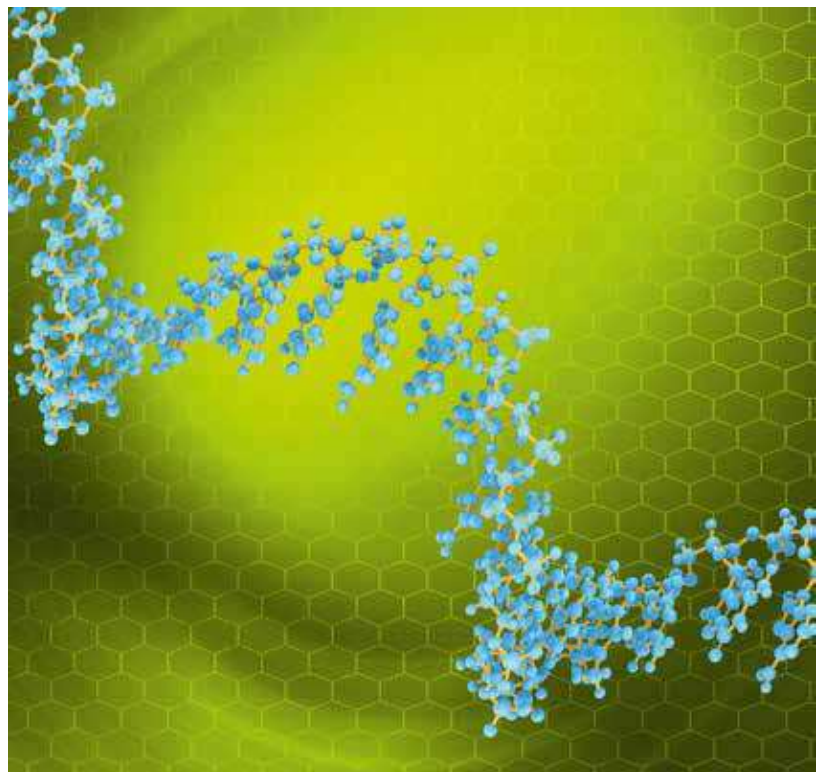


Abb. 2 Das Konvergenzproblem verfolgt die Evolutionsbiologie auch im molekularen Bereich. (© Ekaterina SHILOVA - Fotolia.com)

- ² „Bei der aktuellen Untersuchung wurden auch echoortende Zahnwale einbezogen, und basierend auf der Sequenz von *Prestin*, bestanden mehr Ähnlichkeiten zwischen den echoortenden Fledermäusen und Walen, als zwischen den nicht-echoortenden, aber viel näher verwandten Fledermausarten. Dies legt nahe, dass die Veränderungen des *Prestin*proteins wichtig sind für ein funktionstüchtiges Echoortungssystem.“ (<http://www.science-meets-society.com/wissenschaftsnews/die-konvergenz-der-echoortung/>)
- ³ „Doch die Mechanismen der Echoortung ähneln sich stark. Trotz so unterschiedlicher Erfordernisse, wie eine Anpassung an die Dichteunterschiede der Medien wie Luft und Wasser und auch der überbrückten Distanz, von einigen Metern bei Fledermäusen zu mehreren hundert Meter bei Delphinen, finden sich beeindruckende Übereinstimmungen in den anatomischen Bausteinen, die für die Verarbeitung der Echosignale zuständig sind.“ (<http://www.science-meets-society.com/wissenschaftsnews/die-konvergenz-der-echoortung/>)

Literatur

- BRAUN HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. *Stud. Int. J.* 19, 12-19.
- LI G, WANG J, ROSSITER SJ, JONES G, COTTON JA, Zhang S (2008) The hearing gene *Prestin* reunites echolocating bats. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 105, 13959-13964.
- LI Y, LIU Z, SHI P & ZHANG J (2010) The hearing gene *Prestin* unites echolocating bats and whales. *Curr. Biol.* 20, R55-R56.
- LIU Y, COTTON JA, SHEN B, HAN X, ROSSITER SJ & ZHANG S (2010) Convergent sequence evolution between echolocating bats and dolphins. *Curr. Biol.* 20, R53-R54.
- PARKER J, TSAGKOGEORGA G, COTTON JA, LIU Y, PROVERO P, STUPKA E & ROSSITER SJ (2013) Genome-wide signatures of convergent evolution in echolocating mammals. *Nature* 502, 228-231.
- TEELING EC (2009) Hear, hear: the convergent evolution of echolocation in bats? *Trends Ecol. Evol.* 24, 351-354.



25 Jahre Evolution in vitro

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

Daniel Vedder

Abb. 1 Die 12 evolvierenden *E. coli*-Populationen am 25. Juni 2008. (Brian BAER und Neerja HAJELA, Creative Commons Attribution-Share Alike 1.0 Generic license)

Das Langzeit-Evolutionsexperiment

Eines der größten Hindernisse der experimentellen Evolutionsbiologie sind die sehr langen Zeitspannen, mit denen gerechnet werden muss. Zwar lassen sich im Freiland Populationen unter mehr oder minder natürlichen Bedingungen beobachten, doch immer nur für relativ wenige Generationen. Die Generationszeit der Studienorganismen erweist sich in der Praxis als limitierender Faktor, weswegen nur wenige Experimente länger laufen als 100 oder sogar 1000 Generationen. Ein Freiland-Experiment mit *Anolis*-Eidechsen etwa umfasste 15 Generationen in ebenso vielen Jahren (vgl. VEDDER 2012). Wenn von einer Erdgeschichte von mehreren Milliarden Jahren ausgegangen wird, leidet natürlich die Aussagekraft der Ergebnisse, die aus Experimenten mit so wenigen Generationen gewonnen werden. Um diese Problematik zu umgehen, werden in Evolutionsexperimenten bevorzugt Modellorganismen mit einer möglichst kurzen Generationsdauer eingesetzt, wie die Taufliege *Drosophila melanogaster* oder der Fadenwurm *Caenorhabditis elegans*, deren Reproduktionszeit in Tagen oder Wochen statt in Monaten oder Jahren gemessen wird. Dadurch lassen sich in relativ kurzer Zeit viele Generationen beobachten und so aussagekräftigere Ergebnisse erzielen.

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

Was 1988 als kleines Projekt begann, wurde bald weithin bekannt und erregte immer mehr Aufsehen. Anlässlich des 25-jährigen Jubiläums publizierte die Wissenschaftszeitschrift „Science“ letztes Jahr sogar einen eigenen Bericht darüber (PENNISI 2013). So sind die bis jetzt erreichten

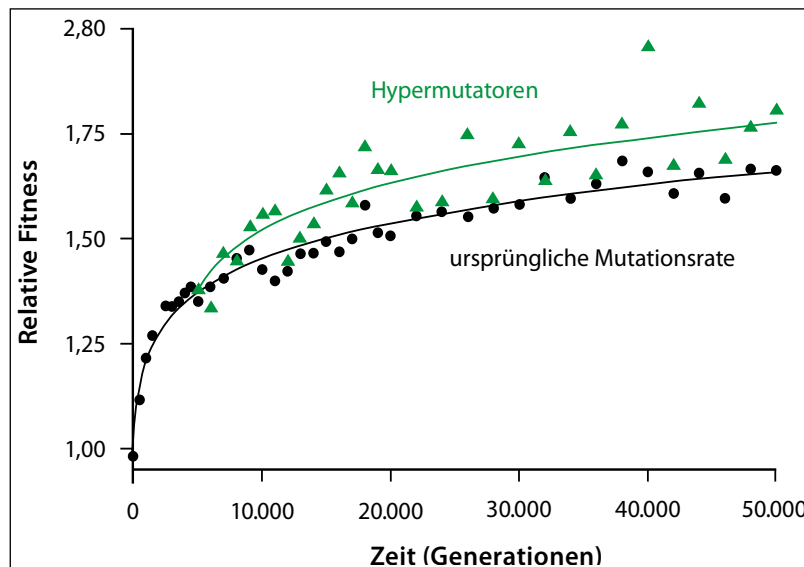
ca. 60.000 Generationen rein rechnerisch vergleichbar mit einer Million Jahren Evolution des Menschen, womit es das derzeit mit Abstand am längsten laufende Evolutionsexperiment ist.

Das LTEE hat bisher einige interessante Ergebnisse hervorgebracht: Beispielsweise sind sechs der Stämme zu so genannten Hypermutatoren geworden, d. h. ihre Mutationsrate ist um mehrere Größenordnungen gestiegen. Unerwartet war, dass sich die Stämme trotzdem insofern ziemlich parallel entwickelten, als der Fitnessgraph jedes Stammes dieselbe Form aufwies (Abb. 2). Das bekannteste und bedeutendste Ergebnis ist jedoch das Auftauchen eines Citrattransports in *E. coli*, das für viel Furore sorgte. Die Charakterisierung von *E. coli* zeigt, dass die Mikroben unter aeroben Bedingungen Citrat nicht in die Zelle transportieren können, und daher unter solchen Bedingungen das Citrat trotz des verfügbaren Zitronensäurezyklus nicht als Kohlenstoffquelle nutzen kann. BLOUNT et al. (2008) hatten berichtet, dass in einem der 12 *E. coli*-Stämme diese Funktion über mehrere Mutationen erlangt worden ist, dies war als „evolutionäre Neuheit“ beschrieben worden. Bei genaueren Untersuchungen stellte sich jedoch heraus, dass die vermeintliche „key innovation“ lediglich auf Veränderungen in der Genregulation zurückzuführen ist, also keineswegs die Entstehung einer neuen Funktion vorliegt (vgl. BINDER 2012).

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

Unendliche Evolution?

Neueste Ergebnisse aus dem Lenski-Labor beziehen sich auf den Gesamt-Fitnessgewinn der Populationen, der über 50.000 Generationen des Experiments hinweg gemessen wurde (WISER et al. 2013). Im Schnitt waren die Bakterien in dem verwendeten Nährmedium 1,7x fitter als die ursprüngliche Gründerpopulation, gemessen an ihrer relativen Wachstumsrate. In den frühen Phasen des LTEE stieg die Fitness am schnellsten, danach flachte die Kurve ab, stieg aber immer weiter. Nach 10.000 Generationen hatten die Forscher vorausgesagt, dass es irgendwann keine vorteilhaften Mutationen für die gleichbleibenden Bedingungen geben und die Fitness somit nicht weiter gesteigert würde (LENSKI & TRAVISANO 1994). Es gibt jedoch immer noch keine Anzeichen für ein Fitnessplateau. Im Gegenteil, mathematische Beschreibungen der Fitnesskur-



ve über die Zeit legen ein Modell nahe, dessen Steigung nie Null wird, d. h. dass die Fitness also immer größer wird. Interessanterweise haben die oben erwähnten Hypermutatoren fast durchgehend eine höhere Fitness als Stämme mit normalen Mutationsraten (Abb. 2).

Diskussion

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

Außerdem ist bei der Bewertung der Ergebnisse natürlich zu berücksichtigen, dass dies nur die Daten aus einem einzigen Großexperiment sind. Weitere Ergebnisse könnten das Bild stark verändern. Sollte das aber nicht der Fall sein,

Abb. 2 Fitnesszunahme der 12 Stämme im Laufe von 50.000 Generationen. Datenpunkte von Hypermutatoren-Stämmen sind als Dreiecke eingetragen, ihre höhere Fitness ist deutlich erkennbar. Die Linien stellen das jeweils am besten passende mathematische Modell für Hyper- bzw. Nichtmutatoren dar. (Erklärung im Text; nach WISER et al. 2013)

müssen einige theoretische Modelle modifiziert oder gar verworfen werden.

Warum noch kein Fitnessmaximum erreicht wurde, ist unklar.

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

Das LTEE bleibt auch nach 25 Jahren ein faszinierendes Experiment, das viele wertvolle Daten liefert. Vielleicht führen einige davon dazu, dass momentan anerkannte Hypothesen

revidiert werden müssen – das ist der Gang der Wissenschaft. Ob nun die natürliche Selektion tatsächlich unendlich weiterläuft, wie LENSKI vermutet, oder ob sie doch in einem Plateau mündet müssen zukünftige Untersuchungen zeigen.

Literatur

- BERTSCH E & WALDMINGHAUS T (2005) Evolution virtueller Lebewesen. Stud. Integr. J. 12, 34–35.
- BINDER H (2012) Von der Citrat-Verwertung zur Entstehung des Auges? Genesisnet News vom 23.10.2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n187.php
- BEHE M (2013) „Lenski's Long-Term Evolution Experiment: 25 Years and Counting“, Evolution News http://www.evolutionnews.org/2013/11/richard_lenskis079401.html
- BLOUNT ZD, BORLAND CZ & LENSKI RE (2008) Historical contingency and the evolution of a key innovation in an experimental population of *Escherichia coli*. Proc. Natl. Acad. Sci. 105, 7899–7906.
- LENSKI RE (2011) Evolution in Action – a 50,000 Generation Salute to Charles Darwin. Microbe 6, 30–33.
- LENSKI RE & TRAVISANO M (1994) Dynamics of adaptation and diversification: a 10,000-generation experiment with bacterial populations. Proc. Natl. Acad. Sci. 91, 6808–6814.
- LÖNNIG WE (2005) Mutation Breeding, Evolution and the Law of Recurrent Variation. Recent Research Developments in Genetics and Breeding 2, 45–70.
- PENNISI E (2013) The man who bottled evolution. Science 342, 790–793.
- SNIEGOWSKI PD, GERRIS PJ & LENSKI RE (1997) Evolution of high mutation rates in experimental populations of *E. coli*. Nature 387, 703–705.
- VEDDER D (2012) Gründereffekt bei Eidechsen: ein Freilandexperiment auf Inseln. Stud. Integr. J. 19, 107–109.
- WISER MJ, RIBECK N & LENSKI R (2013) Long-term dynamics of adaption in asexual populations. Science 342, 1364–1367.

Kambrische Explosion: Darwins Dilemma gelöst?

Als „Darwins Dilemma“ wird das plötzliche fossile Erscheinen verschiedenster Tiergruppen im Kambrium bezeichnet („kambrische Explosion“). Die Ergebnisse einer Studie über die Geschwindigkeit der Evolution der Gliederfüßer zur Zeit des Kambriums sollen Darwins Dilemma auflösen. Diese Behauptung ist jedoch durch die präsentierten Daten aus verschiedenen Gründen nicht gedeckt, vor allem da die Entstehung der Tierstämme gar nicht Gegenstand der Untersuchung war.

Reinhard Junker

Das plötzliche fossile Erscheinen verschiedenster Tierstämme zu Beginn des Kambriums wird bis heute als „kambrische Explosion“ bezeichnet (ERWIN & VALENTINE 2013). Für Charles DARWIN war dieser Befund ein Problem, es wurde

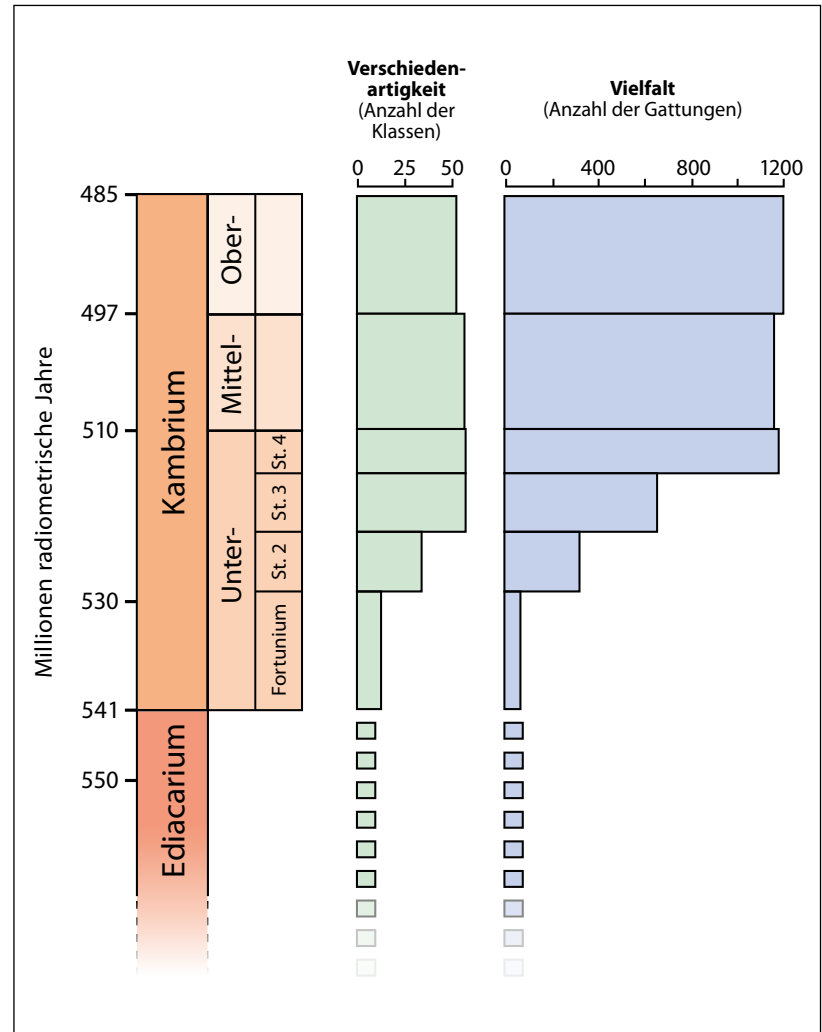
auch bekannt als „Darwins Dilemma“, denn ein abruptes Auftreten ganz verschiedener Baupläne passte nicht zu seinen Vorstellungen einer graduellen Evolution. Es gibt viele Versuche, dieses Problem zu lösen oder wenigstens zu entschärfen

– ohne befriedigendes Ergebnis (MEYER 2013). Nun behaupten LEE et al. (2013), dass die Resultate einer von ihnen durchgeführten Studie über die Geschwindigkeit der Evolution zur Zeit des Kambriums Darwins Dilemma auflösen könnten. Sie ermittelten, unter Voraussetzung von Evolution, evolutionäre Veränderungsraten beim größten Tierstamm, den Gliederfüßern (Arthropoda; dazu gehören vor allem Insekten, Spinnentiere und Krebse). Es wurden Evolutionsraten von verschiedenen Merkmalen ermittelt: Sowohl von morphologisch-anatomischen (gestaltlichen, phänotypischen) als auch molekularen (genetischen). Die Änderungsraten dieser Merkmale während des Kambriums verglichen sie mit den Raten in nachfolgenden Zeiträumen und gelangten zum Ergebnis, dass es im Kambrium eine ca. 4-fach schnellere phänotypische und ca. 5,5-fach schnellere molekulare Evolution gab, verglichen mit Veränderungen in jüngeren Abschnitten des Phanerozoikums¹. Für manche Tiergruppen innerhalb der Gliederfüßer ermittelten sie eine bis zu 10-fach erhöhte molekulare und bis zu 16-fach höhere morphologische Änderungsrate im Kambrium.

Die Ergebnisse basieren auf 395 morphologischen und 62 molekularen Merkmalen der *heute lebenden* Gliederfüßer. Die zeitliche Einordnung der mutmaßlichen Gabelungspunkte der jeweiligen Gruppen erfolgte anhand von Fossilfunden. Mit dieser Datenbasis konnten unter Voraussetzung von Evolution die Evolutionsraten in den verschiedenen Zeiträumen abgeleitet werden.

Die Autoren kommen zum Schluss, dass auch noch die höchsten Evolutionsraten im Einklang mit der Entstehung durch natürliche Selektion stünden, womit Darwins Dilemma letztlich gelöst sei. Diese Einschätzung ist insofern überraschend, als ihre Untersuchungen überhaupt nichts zu den *Mechanismen* der Entstehung der kambrischen Baupläne aussagen, unabhängig davon, wie schnell die Veränderungen abgelaufen sind. Welche Rolle natürliche Selektion hatte, kann aus den Daten nicht abgeleitet werden. Allenfalls kann eventuell aus den Daten gefolgert werden, dass die kambrische Explosion nicht so markant ist wie oft dargestellt.

Aber auch diese Schlussfolgerung ist durch die von LEE et al. präsentierten Daten nicht gedeckt – aus mehreren Gründen (LUSKIN 2013a): Zunächst betrifft die Untersuchung gar nicht den zentralen Aspekt der kambrischen Explosion, nämlich den Ursprung der Tierstämme und vieler Tierklassen. Vielmehr geht es in ihrer Untersuchung um Veränderungen innerhalb eines einzigen Tierstamms (der Gliederfüßer), nachdem dieser bereits entstanden ist. Die *Entstehung der Stämme* und die Geschwindigkeit *dieser* Evolution sind jedoch nicht der Gegenstand der Analysen von LEE et al. Die Unterschiede inner-



halb von Tierstämmen sind aber deutlich geringer als zwischen verschiedenen Tierstämmen. Die Evolutionsraten innerhalb der Gliederfüßer wurden zudem durch Vergleiche heutiger Arten und mittels Eichung durch Fossilfunde erschlossen (s. u.). Raten innerhalb nur fossil bekannter Formen (wie z. B. Trilobiten) wurden nicht bestimmt, was z. B. vom Paläontologen Douglas ERWIN kritisiert wird, denn diese Daten könnten Einfluss auf die ermittelten Evolutionsraten haben (SERVICK 2013).

Im Übrigen tauchen die Gliederfüßer fossil abrupt im Unterkambrium auf; dieser Sachverhalt wird durch die Studie von LEE et al. nicht berührt. Sie nehmen zwar an, dass die Gliederfüßer im Ediacarium, dem letzten geologischen System vor dem Kambrium entstanden sind, eindeutige fossile Belege dafür gibt es jedoch nicht. Unklar ist, welchen Zeitraum die Autoren genau unter „frühes Kambrium“ und „kambrische Explosion“ fassen, es scheint ein Zeitraum von etwa 40 Millionen Jahren zu sein (LEE et al. 2013, 1890). Die meisten Experten sind jedoch der Auffassung, dass sich die eigentliche „Explosion“ während nur 5-10 Millionen Jahren ereignete (Belege bei LUSKIN 2013b), was die von LEE et al. ermittelten Evolutionsraten entsprechend vervielfachen würde.

Abb. 1 Kambrische Explosion, dargestellt anhand der Anzahl der Klassen (Verschiedenartigkeit, disparity) und der Anzahl der Gattungen (Vielfalt, diversity). Im oberen Teil des Unterkambriums erfolgt eine rasante Zunahme. St. = Stufe. (Nach MARSHALL 2006, vereinfacht).



Abb. 2 *Waptia fieldensis*, ein Gliederfüßer aus dem mittellkambrischen Burgess-Shale Kanadas. (GNU Freie Dokumentations-Lizenz)

LEE et al. verwendeten für ihre Untersuchung denkbar ungeeignete Gene.

Es gibt noch einen ganz anderen Kritikpunkt an den Schlussfolgerungen, die aus den Ergebnissen von LEE et al. gezogen werden, nämlich die Auswahl der zugrundeliegenden Gene. Die Autoren haben die Datenbasis aus einer anderen Untersuchung entnommen, deren Ziel es war, die Abstammungs- bzw. Verwandtschaftsverhältnisse unter den sehr unterschiedlichen Gliederfüßern aufzuklären. Zu diesem Zweck sind (unter evolutionstheoretischen Vorgaben) solche Gene besonders geeignet, deren Änderungsraten möglichst klein sind, und das trifft auf Gene zu, die wichtige Grundfunktionen im Zellgeschehen haben (sog. „housekeeping genes“). Bei solchen Genen sammeln sich nur (nahezu) neutrale Mutationen an, die wenig Einfluss auf die Funktion haben, und dies geschieht relativ konstant während der Evolutionsgeschichte (sofern sich die Unterschiede überhaupt auf evolutivem Wege etabliert haben). Nun sind aber gerade solche Gene mit großer Wahrscheinlichkeit von der Entstehung neuer morphologischer Baupläne, wie sie während der kambrischen Explosion entstanden sind, kaum oder gar nicht beeinflusst. Viel wichtiger sind laut Evolutionstheoretikern vor allem Regulationsgene, um neue Baupläne zu erzeugen (vgl. ERWIN & VALENTINE 2013, 252²). Daraus folgt, dass die Untersuchung von Evolutionsraten-Änderungen im Zuge der kambrischen Explosion mittels der von LEE et al. verwendeten 62 Gene denkbar ungeeignet ist.

Fazit

Die Studie von LEE et al. (2013) bietet weder Klärungen noch Hinweise auf die Ursachen der kambrischen Explosion; daher ist die Behauptung, die erhöhten Evolutionsraten im Kambrium und damit auch die kambrische Explosion sei mittels natürlicher Selektion erklärbar, durch die präsentierten Daten nicht gedeckt. Die Untersuchung legt den Fokus nicht auf die Entstehung der Stämme (die eigentliche „Explosion“), sondern auf Untergruppen innerhalb des Stamms der Gliederfüßer. Daher haben die Ergebnisse eine nur sehr eingeschränkte Aussagekraft zur kambrischen Explosion der Tierstämme.

Anmerkungen

- ¹ Das Phanerozoikum umfasst alle geologischen Systeme, die in nennenswertem Umfang Vielzeller-Fossilien bergen, das sind alle Systeme vom Kambrium bis heute. „Phanerozoikum“ bedeutet „das Leben erscheint“ (in fossil erhaltener Form). Mittlerweile ist auch im jüngeren Präkambrium eine Reihe von Vielzellerguppen entdeckt worden; diese zeigen im Großen und Ganzen jedoch wenige Ähnlichkeiten mit den Fossilien seit dem Kambrium.
- ² „When it comes to understanding the genetic bases of the morphological richness and disparity of the Cambrian explosion, our primary interest is in the genes involved in specifying the development of body plans and other morphological features. That is to say, it is not the genes that control basic cellular functions (so-called housekeeping genes) that are of interest, but the genes that regulate the development of morphology from egg to adult.“

Literatur

- ERWIN DH & VALENTINE JW (2013) The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity. Greenwood Village, Colorado.
- LEE MSY, SOUBRIER J & EDGEcombe GD (2013) Rates of Phenotypic and Genomic Evolution during the Cambrian Explosion. *Curr. Biol.* 23, 1889–1895.
- LUSKIN C (2013a) *Current Biology* Paper's Assumptions and Methodology Dramatically Underestimate “Rates of Change” in the Cambrian Explosion. http://www.evolutionnews.org/2013/10/current_biology078581.html
- LUSKIN C (2013b) How “Sudden” Was the Cambrian Explosion? Nick Matzke Misreads Stephen Meyer and the Paleontological Literature; *New Yorker* Recycles Misrepresentation. http://www.evolutionnews.org/2013/07/how_sudden_was_074511.html
- MARSHALL CR (2006) Explaining the Cambrian ‘explosion’ of animals. *Ann. Rev. Earth Planet. Sci.* 34, 355–384.
- MEYER SC (2013) Darwin's Doubt. The explosive origin of animal life and the case for intelligent design. New York.
- SERVICK K (2013) Evolution's clock ticked faster at the dawn of modern animals. *Science NOW*, <http://news.sciencemag.org/evolution/2013/09/evolution%E2%80%99s-clock-ticked-faster-dawn-modern-animals>



Sind Blütenpflanzen 100 Millionen Jahre älter als bisher angenommen?

„Blütenpflanzen sind 100 Millionen Jahre älter als bisher angenommen“ – so oder ähnlich lauten verschiedene Pressemitteilungen über Funde von 240 Millionen Jahre altem Pollen. Die sehr bemerkenswerten Funde sind gut dokumentiert, und ihre mögliche Bedeutung für die Abstammung der Bedecktsamigen Blütenpflanzen wird sorgfältig diskutiert. Der immense zeitliche Unterschied zwischen der fossilen Überlieferung von Pollen und dazu gehörenden Makrofossilien legt nahe, dass es geologisch nicht überlieferte Lebensräume gibt.

Herfried Kutzelnigg

Hintergrund

Bedecktsamige Blütenpflanzen (Angiospermen) sind im Fossilbericht erst seit der unteren Kreide nachgewiesen, also seit ca. 140 Millionen rJ (= Jahren gemäß radiometrischer Datierung). Dabei stellen Pollenkörner die ältesten fossilen Angiospermen-Reste dar. Das lässt sich leicht dadurch erklären, dass Pollen sehr umweltbeständig ist, in großer Menge produziert wird, und leicht an Standorte gelangen kann, wo die Pflanzen selber nicht wachsen. Die bislang ältesten Angiospermen-Pollenkörner sind aber nur ca. 5 Mio. rJ älter als die ältesten Angiospermen-Makrofossilien. (Makrofossilien sind Überreste kompletter Pflanzen bzw. Pflanzenteile wie Blätter, Stängel

oder Wurzeln.) Der zeitliche Versatz ist also relativ gering, ganz anders als bei den jüngst beschriebenen Funden (s. u.).

Während verschiedene Gruppen von Nacktsamigen Blütenpflanzen (Gymnospermen) schon viel länger fossil bekannt sind (z. T. schon seit dem Karbon), tauchen die Bedecktsamer – wie gesagt – fossil erstmals in der Unterkreide auf. Dort aber treten sie ziemlich von Beginn ihrer Überlieferung in großer Formenfülle auf. Gleichzeitig fehlt ein überzeugender morphologischer Anschluss an irgendeine andere Pflanzengruppe. Schon DARWIN hatte erkannt, dass dieses unvermittelte Auftreten der Angiospermen, immerhin die artenreichste Pflanzengruppe überhaupt, ein großes Problem für seine

Abb. 1 Magnolien gehören zu den bekanntesten Pflanzen, die schon sehr früh in der Fossilüberlieferung auftreten. In Verbindung mit ihrem frühen Auftreten wird die auffällige spiralförmige Anordnung der Blütenorgane gerne als ursprüngliches Merkmal gewertet. Die in der vorliegenden Publikation nachgewiesenen Pollenfunde sind ca. 140 Millionen Jahre älter. Sie ähneln in gewisser Weise denen von Magnolien und ihren Verwandten. Ob sie aber wirklich von Bedecktsamern stammen, konnte noch nicht eindeutig belegt werden. (Foto: H. KUTZELNIGG)

Abstammungslehre bedeuten würde. Er nannte das ein „abominable mystery“, also ein „abscheuliches Geheimnis“. Bis heute ist man trotz intensiven Bemühens der Lösung des Problems nicht wirklich nähergekommen. Man vergleiche dazu etwa den Übersichtsartikel in *Studium Integrale Journal* (KUTZELNIGG 2000, 2001), den Kurzbeitrag in *genesisnet.info* im Darwinjahr 2009 oder Abschnitt VI.14.10 der soeben erschienenen Neuauflage von „Evolution – Ein kritisches Lehrbuch“. Interessanterweise wird der Begriff „abominable mystery“ noch heute gerne von Evolutionsvertretern benutzt.

Natürlich hat man intensiv nach Angiospermen-Resten in älteren geologischen Systemen als der Kreide gesucht, vor allem im Jura als dem nächst älteren. Es gab auch entsprechende Meldungen, aber sie konnten allesamt nicht bestätigt werden.

Da man keine Fossilien fand, bekam eine auf AXELROD (1952) zurückgehende, nicht gerade alltägliche Hypothese Auftrieb. Danach sollen die Angiospermen wesentlich älter sein, als sie fossil belegt sind, weil sie zunächst an Standorten lebten, die fossil nicht erhalten wurden (vgl. STEPHAN 2002).

Solche Überlegungen bekamen Unterstützung durch molekulare Untersuchungen. Hier wurde versucht, nach dem Prinzip der molekularen Uhren das „tatsächliche“ Alter der frühesten Angiospermen zu berechnen. HOCHULI & FEIST-BURKHARDT referieren den neuesten Stand entsprechender Bemühungen. Die Ergebnisse sind je nach Methode und verwendetem Datensatz sehr verschieden. So reicht der Beginn der Angiospermen entweder zurück bis in den Jura (193.8 Mio. rJ), die Trias (221.5 Mio. rJ) oder ins Perm (275 Mio. rJ), um nur einige Beispiele zu nennen. – Am Rande sei bemerkt, dass solche gewaltigen Diskrepanzen Fragen über die Aussagekraft molekularer Datierungen aufwerfen.

Die aktuellen Funde

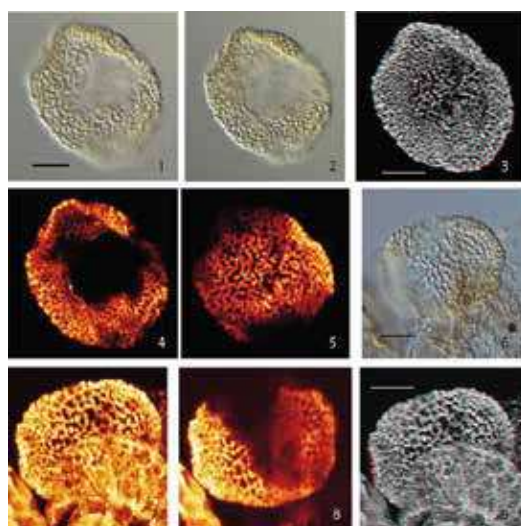
Die Pollenfunde von HOCHULI & FEIST-BURKHARDT sind insofern sehr bemerkenswert, als sie aus der Trias (247–242 Mio. rJ) stammen und somit – wie gesagt – die ersten fossilen Reste unterhalb der Kreide darstellen, die wahrscheinlich Angiospermen zuzuordnen sind (Abb. 1). Die sehr gut erhaltenen und mit modernsten Methoden optisch gut erfassten Pollenkörner zeigen im Feinbau der Pollenwand (Exine) sehr große Übereinstimmungen mit Angiospermen. Wie die ersten sonst nachgewiesenen Angiospermen-Pollenkörner besitzen sie nur eine Falte (Einfurchen-Pollen). Allerdings ist ein deutlicher Unterschied zu diesen durch die extrem dünne innerste Schicht gegeben. Sechs verschiedene Typen wurden festgestellt. Sie alle konnten keinem bisher bekannten Pollentyp zugeordnet werden. Außerdem wurde in den Trias-Schichten Pollen des *Afropollis*-Typs gefunden. Dieser konnte verschiedentlich auch in der Kreide nachgewiesen werden. Aber auch hierbei ist unklar, ob es sich um Gymnospermen oder Angiospermen handelt.

Die große Ähnlichkeit in der äußeren Pollenwand spricht bei den Neufunden sehr für die Zugehörigkeit zu den Angiospermen. Als Alternative bliebe eine bisher nicht bekannte Gruppe von Gymnospermen; aber das ist eher unwahrscheinlich. Entscheidend aber ist, dass die neu gefundenen Pollenkörner nicht als Vorläufer der Angiospermen betrachtet werden können, da sie vom Feinbau der Pollenwand her keinen Anschluss an frühe Angiospermen-Pollen darstellen. Im Übrigen sprechen auch einige andere Befunde gegen diese Denkmöglichkeit. Dazu gehört die beobachtete große Bandbreite der verschiedenen Typen und die aus den Begleitfunden von Gymnospermen-Pollen in den betreffenden Schichten zu schließende große Unterschiedlichkeit der zugehörigen Standorte. Außerdem hatten die Autoren schon früher in ähnlichen Trias-Abfolgen der Barentssee (Norwegen) vergleichbare Pollenkörner gefunden (HOCHULI & FEIST-BURKHARDT 2004). Dabei ist bemerkenswert, dass die dort als Begleitelemente gefundenen Sporen ein feuchtes Klima dokumentieren, während für die Schweizer Funde ein eher trockenes Klima anzunehmen ist.

Fazit

Die neuen mit ca. 240 Mio. rJ datierten Pollenfunde aus der Mittleren Trias der Nordschweiz und der Barentssee sind sehr bemerkenswert, da sie höchstwahrscheinlich Angiospermen zuzuordnen sind. Im Vergleich dazu stammen die ältesten bis dahin bekannten Pollenfunde

Abb. 2 Einige der im Text beschriebenen Pollenfunde. (Aus HOCHULI & FEIST-BURKHARDT (2013), Creative Commons Attribution License, CC BY)



Offenbar können ganze Organismengruppen über viele geologische Schichtglieder hinweg ohne fossile Dokumentation existieren.

und Makrofossilien von Angiospermen aus der Unterkreide (ca. 140–135 Mio. rJ). Es klafft also eine enorme Überlieferungslücke von ca. 100 Mio. rJ. Wie die zugehörigen Pflanzen ausgesehen haben, ist völlig unklar. Sicher ist aber von der Feinstruktur der Pollenwand her, dass es sich nicht um Vorläufer jener Pollentypen handelt, die man bei den für ursprünglich gehaltenen Angiospermen findet. Auch bleibt die Frage offen, wieso es über einen Zeitraum, der den gesamten Jura und die Untertrias umfasst, keine fossilen Nachweise gibt. Der Gedanke an geologisch nicht überlieferte Lebensräume liegt hier nahe (vgl. STEPHAN 2002). Außerdem passt die ökologische Bandbreite nicht ohne weiteres zu dem oben genannten Konzept von AXELROD, wonach Angiospermen-Fossilien in älteren Systemen als Kreide nur deshalb fehlen, weil

sie zu der Zeit an sehr speziellen Standorten wuchsen.

Insofern sind die Neufunde sehr bemerkenswert, weil sie darauf hinweisen, dass ganze Organismengruppen über große Zeiträume bzw. über viele geologische Schichtglieder hinweg ohne fossile Dokumentation existieren können. Zur Frage der Abstammung der Angiospermen bringen sie aber keine entscheidende Klärung.

Literatur

- AXELROD DI (1952) A theory of angiosperm evolution. *Evolution* 6, 29–60.
- HOCHULI PA & FEIST-BURKHARDT S (2004) A boreal early cradle of Angiosperms. Angiosperm-like pollen from the Middle Triassic of the Barents Sea (Norway). *J. Micropalaeontol.* 23, 97–104.
- HOCHULI PA & FEIST-BURKHARDT S (2013) Angiosperm-like pollen and *Afropollis* from the middle triassic of the Germanic basin (Northern Switzerland). *Frontiers in Plant Science*. doi: 10.3389/fpls.2013.00344.
- KUTZELNIGG H (2000, 2001): Das „abscheuliche Geheimnis“. Woher kommen die Angiospermen? *Stud. Integr. J.* 7, 51–58; 8, 10–15.
- STEPHAN M (2002) Der Mensch und die geologische Zeit. *Holzgerlingen*.

Meerwasser aus der Kreide?

Wasser ist eines der außergewöhnlichsten und vielseitigsten Substanzen unseres Planeten. H₂O ist der einzige Stoff, der auf unserem Planeten auf natürliche Weise in fester, flüssiger und gasförmiger Form vorkommt. Aus der mineralischen und isotopischen Zusammensetzung können Rückschlüsse auf das Alter und die Entstehungsgeschichte eines Wassers gezogen werden. Geowissenschaftler wollen nun an der US-Ostküste in einer Tiefbohrung ein 100 bis 145 Millionen Jahre altes Wasser angetroffen haben. Doch es gibt auch alternative Interpretationsmöglichkeiten.

Rafael Schäffer

An der US-Ostküste haben Wissenschaftler in einer 1.766 m tiefen Bohrung nach eigenen Angaben Meerwasser aus der Kreidezeit angetroffen (SANFORD et al. 2013). Ausgehend von der hydrochemischen und isotopischen Zusammensetzung des Wassers wird interpretiert, dass es sich um 100 bis 145 Millionen Jahre altes Meerwasser handelt. Die Bohrung wurde auf der Delmarva-Halbinsel im US-Bundesstaat Virginia in der Chesapeake Bay niedergebracht. Die Bucht befindet sich in einem Einschlagkrater aus dem mittleren Tertiär (POAG et al. 2004) mit einem Durchmesser von 75 km.

Konkret argumentieren die Autoren, dass das Massenverhältnis der Chlor- zu Bromionen von 262 auf fossiles Meerwasser hinweist (SANFORD et al. 2013). Dieser Wert ist in guter Übereinstimmung mit dem Cl/Br-Verhältnis heutigen Meerwassers von durchschnittlich 292.

Die Berechnung des Cl-/Br-Verhältnisses ist ein gängiges Verfahren zur Typisierung hochmineralisierter Wässer. Für Solen aus Evaporit- oder Kalkablagerungen sind nämlich um eine Größenordnung höhere, für Wässer aus kristallinen oder klastischen Gesteinen um eine Größenordnung geringere Cl/Br-Werte charakteristisch.

Das Cl/Br-Verhältnis an sich erlaubt jedoch keine Altersdatierung. Aussagen zum Alter eines Meerwassers basieren auf dem geologischen Modell, das zugrunde gelegt wird. STÖBER & BUCHER (1999) beispielsweise weisen Mineralwässern des Grundgebirges des Schwarzwaldes mit einem Cl/Br-Verhältnis von 288 ein oligozänes oder älteres Alter zu, da nach allgemeiner Auffassung im Oligozän letztmalig Meerwasser in den Oberrheingraben eindrang. Das Meerwasser der Bohrung in der Chesapeake Bay aufgrund der Cl/Br-Verhältnis in die Kreide zu



Abb. 1 Bunte Ablagerungen in der Brunnenschale des König-Heinrich-Sprudels in Bad Soden-Salmünster (Hessen). Das hochkonzentrierte Mineralwasser stammt aus einem 540 m tiefen Brunnen, beim Kontakt mit der Luft werden gelöste Metalle oxidiert und gefällt. (Foto: R. SCHÄFFER)

datieren, weil die Öffnung des Nordatlantiks in diese Zeit fallen soll, ist nicht überzeugend. Denn der Cl/Br-Wert könnte durch hydraulischen Kontakt mit heutigem Meerwasser des Atlantiks verursacht werden.

Auch die insgesamt hohe Salinität von 70‰ (etwa 70 mg/L), das entspricht in etwa der doppelten Konzentration heutigen Meerwassers, erlaubt keinen Rückschluss auf ein absolutes Alter. Der Lösungsgehalt eines Wassers hängt von vielen Faktoren ab, vor allem von der Löslichkeit der durchflossenen Gesteine, der Wassertemperatur, dem Gasgehalt, der Tiefe des Reservoirs und der Verweildauer des Wassers im Untergrund. Doch vom Lösungsgehalt eines Wassers kann weder auf eine absolute Reservoirtiefe noch auf ein absolutes Alter geschlossen werden. In Bad Soden-Salmünster in Hessen wird beispielsweise aus dem 540 m tiefen König-Heinrich-Sprudel eine Sole mit 122 mg/L gefördert (Abb. 1). Für den Lösungsprozess der Zechsteinsalze in Osthessen und den Fließweg nach Bad Soden-Salmünster sind *nur* wenige Jahrtausende ausreichend. Obwohl dieser Brunnen also nur 1/3 der Tiefe der Bohrung an der US-Ostküste aufweist, ist der Gesamtlösungsgehalt fast doppelt so hoch und das Alter völlig verschieden.

Die in der Publikation vorgenommene Altersdatierung kann sich letztlich nur auf die Interpretation der ^{14}C -, ^{36}Cl - und ^4He -Isotopendaten stützen. In der dortigen Abbildung 3 werden Heliumkonzentrationen aus PLUMMER et al. (2012) dargestellt, die auf ^4He -Akkumulationsraten basieren und anhand von ^{14}C - und ^{36}Cl -Daten kalibriert worden sind. Es bleibt dem Leser völlig unklar, welche Überlegungen und Hypothesen diesem Verfahren zugrunde liegen und wie PLUMMER et al. zu der Einschätzung gekommen sind, dass es sich bei ihren Wasserproben um tertiäre Wässer handelt. Bei der doppelt

logarithmischen Auftragung der Heliumkonzentration gegen das Alter in Abbildung 3 ergibt sich aus der Regressionsgeraden ein kretazisches Alter der Wasserproben aus der Bohrung in der Chesapeake Bay. Bei einer doppelt logarithmischen Auftragung ist eine Regressionsgerade nicht weiter verwunderlich. Doch für die Interpretation der Isotopendaten in dieser Form werden keinerlei wissenschaftlichen Beweise vorgelegt. Rückschlüsse auf Herkunft, Bildungsgeschichte und Alter eines Wassers sind dann möglich, wenn es keine Vermischung mit anderen Wässern gab bzw. wenn bei einem Mischwasser chemische und isotopische Zusammensetzung aller Komponenten sowie die Mischungsverhältnisse bekannt sind. Letzteres ist in der Natur eigentlich kaum präzise möglich.

Wenn das Wasser aus der Bohrung in der Chesapeake Bay tatsächlich aus einem Meer aus der Kreide stammt, warum sollte es bei einem postulierten so langen Zeitraum seitdem nicht in Kontakt mit anderen Wässern gestanden und dadurch seine hydrochemische und isotopische Zusammensetzung verändert haben? Für eine Vermischung sprechen mehrere Faktoren:

1. Das humide Klima an der US-Ostküste und die ständige Grundwasserneubildung;
2. die Nähe zum Atlantik und somit ein kurzer Infiltrationsweg für *modernes* Meerwasser;
3. das geologische Profil der Bohrung, in dem ein abdichtender Grundwassernichtleiter im Hangenden fehlt; sowie
4. die Struktur des Einschlagkraters selbst.

Denn erst durch den Meteoriteneinschlag haben die Wirtsgesteine eine ausreichende Porosität erhalten, um als Grundwasserreservoir angesehen zu werden. Da der Einschlag jünger ist als das postulierte Alter, muss das Grundwasser nach dem Einschlag in das Reservoir migriert sein.

Es gibt also einige begründete geologische Zweifel an der Methodik und den Prämissen, die SANFORD et al. 2013 gewählt haben, um das Grundwasser aus dem Brunnen in der Chesapeake Bay in die Kreide zu datieren. Dieses Wasser könnte auch ein ganz anderes Alter haben.

Literatur

- PLUMMER LN, EGGLESTON JR, ANDREASEN DC, RAFFENSBERGER JP, HUNT AG & CASILE GC (2012) Old groundwater in parts of the upper Patapsco aquifer, Atlantic Coastal Plain, Maryland, USA: evidence from radiocarbon, chlorine-36 and helium-4. *Hydrogeol. J.* 20, 1269-1294
- POAG C, KOEBERL C & REIMOLD WU (2004) The Chesapeake Crater – Geology and Geophysics of a Late Eocene Submarine Impact Structure. Springer.
- SANFORD WE, DOUGHTEN MW, COPLEN TB, HUNT AG & BULLEN TD (2013) Evidence for high salinity of Early Cretaceous sea water from the Chesapeake Bay crater. *Nature* 503, 252-256.
- STOBER I & BUCHER K (1999) Origin of salinity of deep groundwater in crystalline rocks. *Terra Nova* 11, 181-185.

■ Spinnengift als hochwirksames Insektizid

Als Jäger eines umfangreichen Spektrums von Insekten setzen Spinnen zu deren Überwältigung und Verdauung komplexe Stoffgemische ein, die sie durch ihre Kieferklauen (Cheliceren) in die Beutetiere injizieren. In toxikologischen Untersuchungen konnte gezeigt werden, dass Spinnengifte einzelner Spinnen mehr als 1000 giftige Peptide enthalten können; die meisten davon dürften für Insekten schädlich sein.

Bestimmte Insekten können unter wirtschaftlichen Gesichtspunkten bei der Herstellung von Nahrungsmitteln und deren Lagerung einen großen Schaden anrichten. Da viele dieser schädlichen Insekten gegen Insektizide Resistenzen entwickelt haben, wird intensiv nach neuen Peptiden gesucht, mit deren Hilfe diese Insekten kontrolliert werden können. Besonders interessant sind dabei Peptide, die von den Insekten mit der Nahrung (oral) aufgenommen werden und dann möglichst rasch ihre Wirkung entfalten.

Da Spinnen ihre komplexen Toxingemische direkt in ihre Beute injizieren, ist man bisher davon ausgegangen, dass diese nach oraler Verabreichung ihre Wirksamkeit durch Verdauung weitgehend einbüßen. Für eine Optimierung der Spinnengifte bezüglich ihrer Wirksamkeit nach oraler Aufnahme gibt es unter natürlichen Bedingungen keinen erkennbaren Selektionsdruck, da die Spinnengifte nicht durch die Mundöffnung in den Körper der Beutetiere gelangen. Dennoch gibt es Bestandteile in Spinnentoxinen, die bei oraler Aufnahme auch in sehr kleinen Mengen wirksam sind. HARADY et al. (2013) haben aus dem Spinnengift der Australischen Vogelspinne (*Selenoptus plumipes*) ein oral hoch aktives, als Insektizid wirksames Peptid isoliert und genauer untersucht. Das von den Autoren als OAIP-1 (orally active insecticidal peptide) bezeichnete Peptid erweist sich als hochwirksam gegen Termi-

ten, Mehlwürmer und die Baumwoll-Kapselseule (*Helicoverpa armigera*)

Das Peptid besteht aus 34 Aminosäuren und ist durch drei Disulfidbindungen (Cystein-Knotenstruktur) in seiner kompakten Struktur stabilisiert. OAIP-1 zeigt auffallende thermische und chemische Stabilität und ist auch widerstandsfähig gegen Proteasen (= Protein abbauende Enzyme). Bei Temperaturen von bis zu 30 °C ist das Peptid mindestens eine Woche lang in seiner Struktur unverändert und in Hämolymphe von Insekten über mehrere Stunden stabil.

HARADY et al. haben die Hoffnung, dass das von ihnen beschriebene Peptid zur Entwicklung neuer Insektizide führt. Ihre Untersuchung ist auch insofern interessant, als dass hier eine Komponente im Spinnengift beschrieben wird, die eine sehr spezifische Eigenschaft besitzt – nämlich die auffällig starke Wirkung als Insektizid nach oraler Aufnahme –, ohne dass hierfür bisher ein Selektionsfaktor bekannt ist.

[HARADY MC, DALY NL, MOBLI M, MORALES RAV & KING GF (2013) Isolation of an orally active insecticidal toxin venom of an Australian Tarantula. PLoS ONE 8: e73136.doi:10.1371/journal.pone.0073136.] H. Binder

■ Fisch mit Gesicht stellt Abstammung auf den Kopf

Bestätigen neue Fossilfunde immer wieder Evolution? Der Fund eines Fischfossils aus dem oberen Silur Chinas stellt eine etablierte Abstammungsvorstellung auf den Kopf: Knochenfische sollen nun vor den Knorpelfischen entstanden sein. Das hätte allerdings evolutionstheoretisch zur Folge, dass ein knöcherner Kiefer zweimal unabhängig entstand oder dass die Entstehung der Knorpelfische mit zahlreichen Rückbildungen einherging. Beides ist nicht gerade plausibel.

Die Einschätzung, dass eine allgemeine Evolution der Lebewesen eine Tatsache sei, wird häufig damit begründet, dass neue Befunde sich

immer wieder in das evolutionstheoretische Theoriegebäude einfügen ließen und aus Evolutionstheorien abgeleitete Vorhersagen sich erfüllten. So wird beispielsweise auf passende fossile Übergangsformen verwiesen. Tatsächlich aber entsprechen viele neue Fossilfunde jedoch gerade nicht den evolutionstheoretisch motivierten Erwartungen.

Ein jüngst entdecktes Fossil verlängert die Reihe evolutionstheoretisch völlig unerwarteter Formen. Von diesem Fund, der den Stammbaum der Wirbeltiere kräftig „durcheinanderwirbelt“ (<http://www.dradio.de/dlf/sendungen/forschak/2266356/>) berichteten Min ZHU und Kollegen von der Chinesischen Akademie der Wissenschaften in der Wissenschaftszeitschrift *Nature*. Es handelt sich dabei um das Fossil eines etwa 20 cm langen Fisches, das die etablierte Theorie über die stammesgeschichtlichen Beziehungen von Knochen- und Knorpelfischen komplett in Frage stellt (ZHU et al. 2013).

Bisher war man davon ausgegangen, dass Knorpelfische ähnlich den heutigen Haien Vorfahren der Knochenfische seien. Die beiden Gruppen bilden zusammen mit den ausgestorbenen Panzerfischen (Placodermi) und den Acanthodii die Kiefermäuler (Gnathostomata). Zu den Knorpelfischen gehören Haie, Rochen und Seekatzen. Sie besitzen keine Knochen; ihr Skelett ist aus Knorpel aufgebaut, der jedoch durch Kalkeinlagerung eine hohe Festigkeit erreicht, die die enorme Größe mancher Haie erlaubt. Richtiges Knochengewebe wird nur ganz selten bei großen alten Haien in den Wirbeln ausgebildet. Der Großteil der Fische (über 95% der Arten) hat dagegen ein knöchernes Skelett, das als evolutionäre Weiterentwicklung betrachtet wird. Im Kopfbereich besitzen die Knochenfische anders als die Knorpelfische feste Platten und hochentwickelte Kieferknochen, was den Fischen sozusagen ein „richtiges Gesicht“ verleiht. Dagegen besitzen die Knorpelfische im Schädelbereich nur winzige Schuppen.

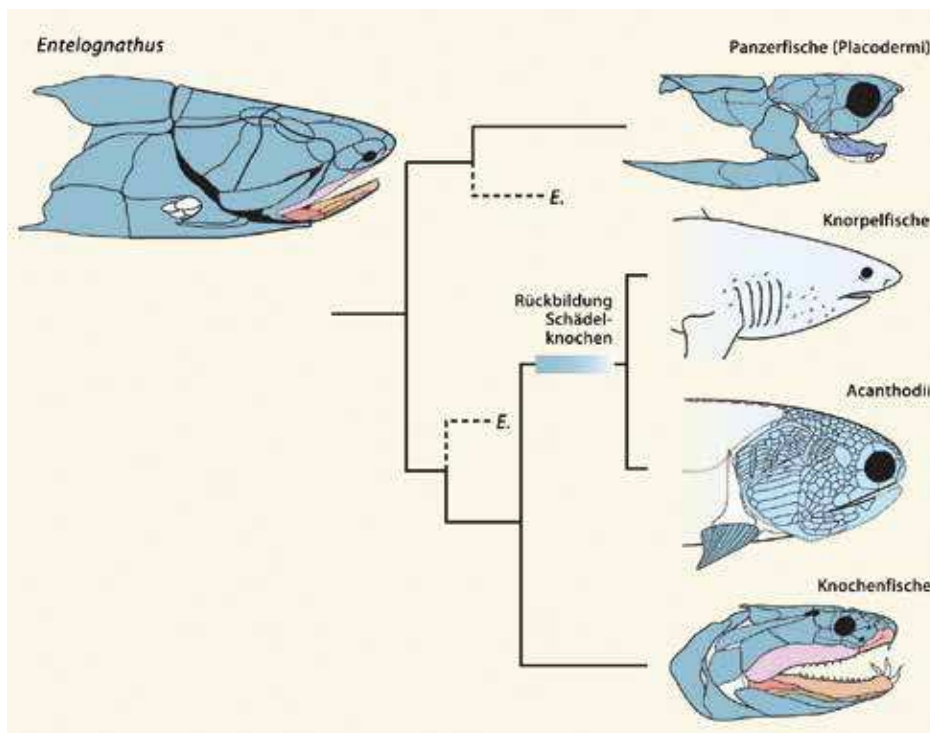


Abb. 1 Modellierung der Evolution des kiefertragenden Gesichts der Wirbeltiere. Die Knochenfische besitzen große Schädelknochen, während die fossilen Acanthodii und Knorpelfische (z. B. Haie) zahlreiche kleine Knochen oder winzige Schuppen tragen. Panzerfische besitzen ebenfalls große Schädelknochen. Die Position von *Entelognathus* (E.) ist unsicher, da diese fossile Gattung anatomische Merkmale der Knochenfische und Panzerfische besitzt. Entgegen früherer Annahmen lassen sich die Merkmalsverteilungen nun eher so erklären, dass die Knorpelfische abgeleitet und nicht ursprünglich sind. Weiteres im Text. (Nach FRIEDMAN & BRAZEAU 2013, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

Der Fund des neuen Fossils, das den Gattungsnamen *Entelognathus* erhielt, stammt aus dem oberen Silur der Yunnan-Provinz Chinas und wurde auf 419 Millionen Jahre datiert. *Entelognathus* ähnelt mit seiner knöchigen Schulter- und Schädelpartie den Panzerfischen, die als frühe Abspaltung der Linie gelten, aus denen sich Knorpel- und Knochenfische entwickelt haben sollen. Es stellte sich jedoch heraus, dass die neu entdeckte Art auch differenzierte Kieferknochen besaß, wie sie bisher nur von Knochenfischen bekannt sind, ein komplexes Arrangement kleinerer Knochen, die als Prämaxilla und Maxilla im Oberkiefer, als Dentale im Unterkiefer und als Wangenknochen bekannt sind (ZHU et al. 2013). Es handelt sich also um einen Fisch mit Gesicht, der damit der älteste bekannte Fisch mit Gesicht ist.

Das hat weitreichende Folgen für die stammesgeschichtliche Einordnung: *Entelognathus* könnte zu einer Schwestergruppe der Panzerfische gehören oder eng mit dem letzten gemeinsamen Vorfahren von Knorpel- und Knochenfischen verwandt

sein (Abb. 1). In jedem Fall kann der hochentwickelte Kiefer nicht mehr als Alleinstellungsmerkmal der Knochenfische angesehen werden. Der knöcherne Kiefer als Struktur könnte somit zweifach unabhängig (konvergent) entstanden sein. Oder aber, und dazu scheinen die Wissenschaftler zu neigen, die Schädelknochen sind in der Knorpelfisch-Linie wieder verlorengegangen, wenn die Knochenfische vor den Knorpelfischen entstanden sein sollen (FRIEDMAN & BRAZEAU 2013). Beide Möglichkeiten sind wenig plausibel – nicht umsonst wurde die Stammesgeschichte der beiden großen heute lebenden Fischgruppen bisher genau anders herum rekonstruiert: Knorpelfische vor Knochenfischen.

Unerwartete Funde und Evolution. Auf der Basis etablierter stammesgeschichtlicher Hypothesen war das neue Fossil mit der Kombination von Merkmalen aus Placodermen und Knochenfischen nicht vorhergesagt worden. Es erfordert die Annahme einer Umkehr der Evolutionsrichtung gegenüber den bisher favorisierten Hypothesen. Natürlich kann die (Re-)Konstruk-

tion von Stammbäumen immer an neue Fossilfunde angepasst werden; Fossilien können die Evolution als konzeptionelle Vorgabe nicht „umstürzen“. Aber die Anpassung der Theorie an die Befunde erfordert, hier wie in vielen anderen Fällen, eine Verkomplizierung evolutionstheoretischer Hypothesen: Entweder muss eine zweimal unabhängige Entstehung von knöchernem Kiefer und Knochenplatten oder deren Verlust bei den Knorpelfischen angenommen werden. Man kann schwerlich behaupten, dass der neue Fund das evolutionäre Paradigma einmal mehr bestätigt hätte.

[ZHU M, YU X et al. (2013) A Silurian placoderm with osteichthyan-like marginal jaw bones. *Nature* 502, 188-193; FRIEDMAN M & BRAZEAU MD (2013) A jaw-dropping fossil fish. *Nature* 502, 175-177] R. Junker

■ Von komplex nach einfach: Stachelweichtiere

Evolution der Lebewesen bedeutet u.a. schrittweiser Erwerb neuer Organe und neuer Funktionen. Alle lebendigen Konstruktionen müssen in der Regel auf einfacher gebaute Vorläufer zurückführbar sein, jedenfalls auf lange Sicht. Auch rückgebildete Organe müssen irgendwann *de novo* entstanden sein. Aus diesem Grund wird die Vielfalt der Organismen unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen im hypothetischen Stammbaum primär so angeordnet, dass einfache Formen näher an der Basis stehen als vergleichbare komplexere Varianten. Allerdings ist schon lange klar, dass es auch die umgekehrte Richtung hin zu Vereinfachung oder Verkümmern gibt. Das ändert jedoch nichts daran, dass auch rückgebildete Organe zuvor erst einmal entstehen mussten. Wenn Evolution abgelaufen ist, müssen alle Organe irgendwann „klein angefangen“ haben.

Vor diesem Hintergrund ist es überraschend, dass neuere Befunde immer wieder darauf hindeuten, dass Organismengruppen – soweit sie fossil zurückverfolgt werden können – in komplexer Ausprägung ihren Einstand in der Fossilüberlieferung geben, um anschließend zum Teil erhebliche Rückbildungen zu

erleben. Über ein solches Beispiel berichten Andreas WANNINGER von der Universität Wien und sein Team (SCHERHOLZ et al. 2013). Um die bis heute unklaren Abstammungsverhältnisse der Weichtiere (Mollusken) zu erhellen, untersuchten die Forscher den Entwicklungszyklus der einfach gebauten Art *Wirenia argentea* (Abb. 1) aus der Weichtiergruppe der Aculifera (Stachelweichtiere). Die Aculifera bilden eine der beiden großen Untergruppen der Mollusken; ihre wurmförmigen oder wälzlichen Vertreter haben keine typische Molluskenschale, sondern Kalknadeln oder kalkige Platten auf der Außenhaut. Unter ihnen werden schalenlose Tiere (Aplacophora, Wurmmollusken) und beschalte Formen (Polyplacophora, Käferschnecken) unterschieden. (Die andere Untergruppe sind die Conchifera, primär einschalige Formen, zu denen Schnecken, Muscheln und Tintenfische gehören.)

Bislang galten die wurmförmigen, meist nur einige Millimeter bis wenige Zentimeter großen Aplacophora als evolutionär ursprünglich, weil ihr innerer Bau deutlich einfacher ist als der der Polyplacophora. Die eher schneckenförmigen Polyplacophora haben dagegen eine ausgesprochen spezialisierte Muskulatur, Saugfüße und acht Schalenplatten.

Die Forscher fanden nun jedoch heraus, dass die Larven von *Wirenia* eine sehr viel komplexere Körpermuskulatur besitzen als die erwachsenen (adulten) Tiere. Der deutlich einfachere Bau der adulten Tiere wird erst nach der Metamorphose verwirklicht. Die komplexe Muskulatur der Larven gleicht dabei zudem der Muskulatur ausgewachsener Formen der Polyplacophora. Daraus ziehen die Wissenschaftler den Schluss, dass der einfache Bau der ausgewachsenen Aplacophora nicht die ursprüngliche Ausprägung gewesen sein kann, vielmehr muss dieser durch massive Vereinfachung sehr viel komplexer gebauter Vorfahren entstanden sein. Der evolutionäre Weg wäre damit von komplex nach einfach verlaufen, die Aplacophora wären sekundär vereinfacht. Das heißt umgekehrt auch,



Abb. 1 Der vier Millimeter lange, schalenlose Furchenfüßer *Wirenia argentea* liefert neue Erkenntnisse zum Entwicklungszyklus von Weichtieren. (© Universität Wien/Thomas SCHWAHA, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

dass der mutmaßliche gemeinsame Vorfahr ziemlich komplex gebaut war und sein Ursprung im Dunkeln liegt. Ein neuerer Fossilfund, *Kulindroplax perissokosmos* aus dem Silur und auf 425 Millionen Jahre datiert, stützt die Rückbildungshypothese (<http://idw-online.de/de/news557238>). Denn diese Art gleicht in wesentlichen Merkmalen den heute lebenden Aplacophoren, nur im Besitz von Schalenplatten unterscheidet sich diese Art von heutigen Formen – ein Beispiel für Stasis (evolutionärer Stillstand). „Es sieht also ganz danach aus, dass unsere heute lebenden, einfach gebauten ‚Nicht-Schalenträger‘ von einem schalentragenden Vorfahr mit einer hochkomplexeren Muskulatur abstammen“, wird WANNINGER zitiert (<http://idw-online.de/de/news557238>).

Wie im Falle der Knorpelfische (im vorigen Streiflicht) wird evolutionstheoretisch auch hier der Schluss einer Entwicklung Richtung Vereinfachung nahegelegt. Es gibt zahlreiche weitere Beispiele dieser Art.

[SCHERHOLZ M, REDL E, WOLLESEN T, TODT C & WANNINGER A (2013) Aplacophoran mollusks evolved from ancestors with Polyplacophoran-like features. *Curr. Biol.* <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2013.08.056>] R. Junker

■ Gliederfüßergehirn: Von Beginn an „modern“

Vergleichende Studien und Fossilfunde haben in der jüngeren Vergangenheit wiederholt nahegelegt, dass unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen eine früh etablierte große Komplexität von Organen angenommen werden muss und dass sich deren Bau bis heute nicht mehr wesentlich verändert hat. Beispiele aus jüngerer Zeit sind das Gehirn von Fliegen (STRAUSFELD & HIRTH 2012), das Nervensystem von Gliederfüßern (MA et al. 2012) und Komplexaugen (LEE et al. 2011). Entsprechendes gilt auch für die genetische Ausstattung (vgl. z. B. PUTNAM et al. 2007).

Erst kürzlich stellte sich heraus, dass das Gehirn des kambrischen Krebses *Fuxianhuia* in Proto-, Deutero- und Tritocerebrum gegliedert ist – genauso wie bei vielen heute lebenden Höheren Krebsen und Insekten. Nun bestätigt ein weiterer Gliederfüßer aus der Zeit der „Kambrischen Explosion“ die frühe Etablierung eines modernen Gliederfüßer-Gehirns von Beginn der Fossilüberlieferung der betreffenden Tiergruppe an. Es handelt sich dabei um *Alalcomenaeus* sp. aus der berühmten unterkambrischen



Abb. 1 *Alalcomenaeus* sp. aus der Chengjiang-Lagerstätte Chinas, seitliche Sicht. ey Auge, GA große Anhänge, C1-C3 zweigabelige Kopfanhänge, T1-T3 zweigabelige Rumpfanhänge. Balken: 2 mm. (Aus TANAKA et al. 2013; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

Chengjiang-Lagerstätte in Südwestchina (Alter: ca. 520 Millionen radiometrische Jahre). Gengo TANAKA (Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology, Yokosuka) und Mitarbeiter beschrieben dieses Fossil in einem *Nature*-Artikel.

Der fossile ca. 3 cm lange Gliederfüßer gleicht einigen typischen Vertretern der damaligen Fauna. Sein Körper ist segmentiert, das Tier besitzt ein Dutzend Beinpaare mit leicht verbreiterten Anhängen, die sowohl ein Krabbeln auf dem Meeresgrund als auch das Schwimmen ermöglichten. Erhalten sind auch paarige Augen mit einem Durchmesser von je 0,75 mm und zusammengesetzt aus 15 mm großen Facetten. Am Kopf trug das Tier zwei mit großen Klauen ausgestattete Anhänge, aufgrund derer es zu den Megacheira („große Hände“) gestellt wird.

Bei Fossilien ist es allerdings schwer zu entscheiden, ob die Scheren vom Krebstyp oder vom Spinnentyp sind. Die Scheren beider Gruppen sind zwar ähnlich, entstehen ontogenetisch aber auf verschiedene Weise und entsprechen verschiedenen Körperteilen. Bei *Alalcomenaeus* half jedoch die spinnentypische Struktur des Gehirns,

eine Entscheidung bezüglich der Zugehörigkeit zu treffen. Es konnte nachgewiesen werden, dass die großen, paarigen Scheren vom gleichen Hirnteil kontrolliert wurden wie bei den heutigen Spinnentieren (Webspinnen, Weberknechte, Skorpione und Milben) und Pfeilschwänzen, die als Kieferklauen- oder auch Scherenträger (*Chelicerata*) zusammengefasst werden. Somit ist klar, dass die Megacheira evolutionstheoretisch als die bislang ältesten bekannten Vorfahren der heutigen Spinnentiere angesehen werden können.

Mittels Computertomografie und einer Laser-Scanning Technik konnten TANAKA et al. (2013) die Anatomie des Nervensystems von *Alalcomenaeus* genau untersuchen – dank der sehr guten Erhaltung des Fossils. Der Urzeit-Gliederfüßer aus dem Kambrium ist so gut erhalten, dass sein Gehirn und Nervensystem weitgehend intakt konserviert sind. Dabei zeigte sich große Ähnlichkeit mit Gehirn und Nervensystem der heutigen Cheliceraten („Scherenträger“). Die Ähnlichkeiten betreffen die Anordnung der paarigen optischen Neuropile (Sehzentrum), das Gehirn (eine Art Vorhirn sowie ein aus vier Nervenknotten verschmolzenes Gehirn) und die Ganglien (TANAKA et al. 2013, 364).

Einmal mehr zeigt sich, dass Organe von Tieren, die während der „kambrischen Explosion“ fossil auftauchen, in ihrer Komplexität heutigen Formen gleichen. Mit *Alalcomenaeus* und *Fuxianhuia* sind nun aus Chengjiang Fossilien überliefert, deren Gehirn modernen Vertretern der beiden Hauptgruppen der Gliederfüßer ähnelt. Die Auto-

ren stellen fest: „*Alalcomenaeus* und *Fuxianhuia protensa* zeigen, dass die beiden Hauptkonfigurationen des Gehirns, wie wir sie bei modernen Gliederfüßern kennen, nämlich der Chelicerata und Mandibulata, im frühen Kambrium evolviert waren“ (zur Taxonomie siehe Kasten). Damit ist auch klar, dass diese beiden Gruppen bereits im Unterkambrium getrennt waren, denn *Alalcomenaeus* und *Fuxianhuia* lebten gleichzeitig, sind aber den beiden verschiedenen Gruppen zuzuordnen.

[LEE MSY, JAGO JB, GARCÍA-BELLIDO DC, EDGE-COMBE GD, GEHLING JG & PATERSON JR (2011) Modern optics in exceptionally preserved eyes of Early Cambrian arthropods from Australia. *Nature* 474, 631-634; MA X, HOU X, EDGE-COMBE GD & STRAUSFELD NJ (2012) Complex brain and optic lobes in an early Cambrian arthropod. *Nature* 490, 258-261; STRAUSFELD NJ & HIRTH F (2012) Deep homology of arthropod central complex and vertebrate basal ganglia. *Science* 340, 157-161; TANAKA G, HOU K, MA X, EDGE-COMBE GD & STRAUSFELD NJ (2013) Chelicerate neural ground pattern in a Cambrian great appendage arthropod. *Nature* 502, 364-367; PUTNAM NH, SRIVASTAVA M et al. (2007) Sea anemone genome reveals ancestral eumetazoan gene repertoire and genomic organization. *Science* 316, 86-94.] R. Junker

■ Ausgeklügelter Bau der Fledermauszunge

Manche Fledermäuse sind Feinschmecker. Anstatt nach Beutetieren zu jagen, halten sie Ausschau nach der nächsten besonders geeigneten Blüte, um sich deren Nektar auf der Zunge zergehen zu lassen. Nektar ist ein zuckerhaltiger nährhafter Saft, den viele Blüten als „Gegenleistung“ für die Bestäubung den Blütenbesuchern anbieten. Da sich der Nektar meist

Gliederfüßer

Die Gliederfüßer (Arthropoda) werden unterteilt in:

Chelicerata

Spinnentiere (Webspinnen, Weberknechte, Skorpione und Milben) und Pfeilschwänze

Mandibulata

Krebse, Hexapoden (Insekten u. a.) und Tausendfüßer

Abb. 1 Langzungenfledermaus (*Glossophaga soricina*) an einer Bananenblüte. (© fokusnatur)

tief in den Blüten am Blütenboden oder in einem Sporn befindet, sind besondere Einrichtungen an der Zunge unumgänglich, um an den Nektar zu gelangen. Bis vor kurzem ging man davon aus, dass den Zacken an der Zungenspitze mancher Fledermäuse keine große Bedeutung zukommt. In vivo-Experimente bei der Fledermaus *Glossophaga soricina* (Abb. 1) präsentieren nun das verblüffende Gegenteil (HARPER et al. 2013).

Nähert sich die Fledermaus einer Blüte, wird ihre Zunge durch vermehrten Blutzufluss in der Länge ausgedehnt. Dadurch gelingt es ihr, den Nektarvorrat der Blüte bis in den hintersten Winkel auszubeuten. Die Zunge kann dabei mehr als doppelt so lang werden. Die Spitze der Zunge ist zudem mit einem ganzen Büschel feiner Borstenhärchen besetzt und ähnelt dadurch einem Mop, den man vom Wischen von Böden kennt. Die Wissenschaftler fanden heraus, dass Arterien und Venen im Inneren der Zunge ein sich zur Spitze hin verästelndes Netz bilden, das sich bis in die Basis der Borsten hineinzieht. Die zuführenden Arterien sind zudem von Muskelfasern umgeben und stehen in direktem

Kontakt zu den Zungennerven. Diese Konstruktion ermöglicht es, dass sich durch starke Blutzufuhr die Borsten mit Blut füllen und dadurch aufrichten. Zwischen den einzelnen Borsten bleibt der Nektar aufgrund seiner Oberflächenspannung hängen. Somit kann der Säuger deutlich mehr Nektar auf einmal in den Mund befördern. Acht Mal in der Sekunde, so die Forscher von der Brown University, zieht der Säuger seine Zunge in den Gaumen zurück und fährt sie wieder heraus – ein unglaublich schneller hydraulischer Prozess. Die hohe Geschwindigkeit erlaubt es den Fledermäusen, den hohen Energieverlust mehr als auszugleichen, der für den Standflug beim Blütenbesuch erforderlich ist. Dieses ausgeklügelte System könnte nach Ansicht der Wissenschaftler auch als Vorbild für technische Anwendungen dienen.

Es ist schon seit längerer Zeit bekannt, dass Bienen mit langen Rüsseln ähnliche Strukturen an ihrer Rüsselspitze besitzen. Die Borsten richten sich gleich wie bei *Glossophaga soricina* während der Nektaraufnahme auf. Der Rüsselbeutler besitzt ebenfalls Borsten an der Zungenspitze. Es ist jedoch

noch nicht klar, ob diese während des Fressvorgangs durch eine stärkere Durchblutung vergrößert werden. Auch Kolibris, Honigsauger und Honigfresser haben ausdehbare Zungen mit Borstenhärchen. Hier bewirkt die röhrenförmige oder eingekerbte Struktur der Zunge einen Kapillareffekt und hilft den Nektar in den Mund zu befördern.

[HARPER C, SWARTZ SM & BRAINERD EL (2013) Specialized bat tongue is a hemodynamic nectar mop. Proc. Natl. Acad. Sci. 22, 8852–8857; http://www.mapoflife.org/topics/topic_404_Hummingbirds-sunbirds-and-honeyeaters/ (7.11.2013)] F. Hess

■ Lebst du noch oder wohnst du schon? – Ameisen als Immoscout

Umziehen oder bleiben? Diese Frage stellt sich uns beispielsweise, wenn sich in der momentanen Wohnung schwerwiegende Mängel auf tun. Je größer der Mangel (z. B. Schimmelbildung), desto dringlicher wird unsere Suche nach einer neuen Bleibe. Dieses Verhalten erscheint uns vernünftig, wer möchte schon längere Zeit in einer ungemütli-

chen Wohnung leben? Können aber Tiere ebenfalls solche vernünftigen Entscheidungen treffen? Offenbar ja. Ein Team von Biologen um Nigel FRANKS (University of Bristol, England) testete Schmalbrustameisen, um diese Frage zu beantworten. Schmalbrustameisen eignen sich, da sie kleine bis sehr kleine Kolonien bilden und auch in der Natur häufiger umziehen müssen. Eine komplette Kolonie mit höchstens 300 Arbeiterinnen hat beispielsweise in einer hohlen Eichel oder Walnuß Platz oder lebt in Rinden- oder Steinritzen. Diese Ameisen wurden nun in künstliche Nester mit fünf verschiedenen „Attraktivitätsgraden“ gesetzt. Unattraktiv sind zu flache, helle Nester mit einem weiten Eingang. Bevorzugt sind Dunkelheit, ein schmaler Eingang und eine genügende Deckenhöhe. Mittels Beobachtung wurde ermittelt, wie viele Ameisen sich in einer gewissen Zeit vom Nest entfernen, also wie häufig ein Kundschafter-Verhalten beobachtbar ist. Dabei ergab sich ein eindeutiger Zusammenhang zwischen Nestqualität und Suchverhalten: Wie zu erwarten suchten die Ameisen bei schlechten Nestern häufiger. Trotz eines im Grunde sehr einfachen Versuchsaufbaus konnte so zum ersten Mal gezeigt werden, dass Ameisen kollektiv auf ihre Wohnsituation reagieren und offenkundig eine Kosten/Nutzen-Abwägung durchführen. Suchen verbraucht Zeit und Ressourcen und die jetzige Behausung ist ja vorhanden. Je schlechter aber die Wohnsituation ist, umso größer die Chance, eine bessere Nistmöglichkeit zu finden, welche die bei der Suche verbrauchten Ressourcen wenigstens zum Teil oder darüber hinaus wieder aufwiegt. Die Ameisen sind also in der Lage, ihre jeweilige Wohnsituation einzuschätzen: Sie drückt sich in der Anzahl an suchenden Tieren aus. Dieses Verhalten zeigt außerdem die bemerkenswerte Fähigkeit der Ameisen, mit vorhandenen Ressourcen auch in unserem Sinne ökonomisch (d.h. Abwägung Kosten gegen Nutzen) umzugehen. Bei diesen häufig umziehenden Ameisenarten wäre es ja auch denkbar, dass sie beispielsweise in einem festgelegten Rhythmus

einfach umziehen. Das könnte aber bedeuten, dass sie eine optimale Wohnmöglichkeit „ohne Not“ verlassen. Ein solches Verhalten wäre unökonomisch und tritt offenbar hier nicht auf.

[DORAN C, PEARCE T, CONNOR A, SCHLEGEL T, FRANKLIN E, SENDOVA-FRANKS AB & FRANKS NR (2013) Economic investment by ant colonies in searches for better homes. *Biol Lett* 9: 20130685; vgl. http://www.wissenschaft.de/leben-umwelt/biologie/-/journal_content/56/12054/2260536] N. Winkler

■ Frühe Verschiedenartigkeit

Eine systematische Studie über die Fossilabfolgen verschiedener Organismengruppen zeigt – entgegen evolutionstheoretischen Erwartungen – einen klaren Trend: Das größte Ausmaß der Verschiedenartigkeit (s. Kasten) der untersuchten Gruppen wird frühzeitig erreicht und nimmt im Laufe der Fossilüberlieferung ab.

In Charles DARWINS Hauptwerk *On the origin of species* ist eine einzige Abbildung abgedruckt: Ein Baum mit allmählich zunehmender Verzweigung und zunehmender Verschiedenartigkeit (zum Begriff siehe Kasten). Die aufgezweigten Formen werden also im Laufe der Zeit allmählich unterschiedlicher. Am Anfang sind die Unterschiede zwischen den aufgespaltenen Formen noch gering, doch mit der Zeit nimmt die Verschiedenartigkeit immer mehr zu. Diese Darstellung ist folgerichtig, wenn die Lebewesen durch graduelle Evolution entstanden sind. Die experimentelle Forschung der Evolutionsmechanismen

unterstützt die Erwartung gradueller Veränderungen. Größere sprunghafte Änderungen (wie z. B. vier- statt zweiflügelige Taufiegen) kommen zwar auch vor, ihre Träger sind aber weniger konkurrenzfähig, falls sie überhaupt lebensfähig sind. Neuere Hypothesen, wonach selbst morphologische (die Gestalt, den Bau betreffende) Evolution sprunghaft durch Änderungen in der Verschaltung von (Regulations-)Genen ablaufen könne, sind weitgehend spekulativ, da nicht durch experimentelle Daten gedeckt.

Dementsprechend könnte man erwarten, dass die Fossilüberlieferung von Tier- und Pflanzengruppen einem sich allmählich verzweigenden Baum ähnelt. Doch wie die paläontologische Fachliteratur schon lange zeigt, trifft das nicht zu. Vielmehr scheinen die Stammbäume in gewisser Hinsicht auf dem Kopf zu stehen. Besonders ausgeprägt ist das bei der sogenannten „kambrischen Explosion“ der Fall (VALENTINE 2004, ERWIN & VALENTINE 2013). Nun haben HUGHES et al. (2013) diesen Befund durch eine umfangreiche Studie bestätigt.

Die Autoren führten eine Meta-Analyse von 98 Vielzellergruppen durch und ermittelten das Ausmaß an Verschiedenartigkeit der Gruppen im Laufe der Zeit. Sie stellten fest, dass eine früh etablierte *große Verschiedenartigkeit* das vorherrschende Muster während des gesamten Phanerozoikums (siehe Kasten) ist, d. h. seit Beginn der fossilen Vielzeller-Überlieferung (kambrische Explosion) bis zur Gegenwart. Dabei nimmt die Verschiedenartigkeit nach einem frühen Maximum im Laufe der Zeit wieder ab. Es sei auch kein Trend in den Verschiedenartigkeitsprofilen während dieser gesamten Zeitspanne erkennbar. Ausnahmen von diesem Befund gebe es nur bei Massenaussterbeereignissen sowie bei Formengruppen, die sich erst in jüngerer erdgeschichtlicher Zeit entfaltet haben und gegenwärtig noch existieren.

Dieser Befund steht den evolutionstheoretischen Erwartungen entgegen. Als Erklärung schlagen die Autoren vor, die schnell etablierte große Verschiedenartigkeit sei Folge

Verschiedenartigkeit

Mit Verschiedenartigkeit (disparity) wird die morphologische Variation, also die Unterschiedlichkeit von Bauplänen innerhalb einer größeren Formengruppe bezeichnet, im Gegensatz zur Vielfalt (diversity) innerhalb eines engen Verwandtschaftskreises. Beispielsweise würde man zehn Hunderassen als vielfältig bezeichnen, dagegen zehn sehr verschiedene Säugetierarten (etwa von Fledermaus bis Blauwal) als verschiedenartig.

Phanerozoikum

Das Phanerozoikum umfasst alle geologischen Systeme, die in nennenswertem Umfang Vielzeller-Fossilien bergen, das sind alle Systeme vom Kambrium bis heute. „Phanerozoikum“ bedeutet „das Leben erscheint“ (in fossil erhaltener Form). Mittlerweile sind auch im jüngeren Präkambrium eine Reihe von Vielzellergruppen entdeckt worden; diese zeigen im Großen und Ganzen jedoch wenige Ähnlichkeiten mit den Fossilien seit dem Kambrium.

der Evolution von Schlüsselneuheiten. Weniger wahrscheinlich seien dagegen Änderungen, die Umweltbedingungen als Ursache hatten, oder die durch katastrophische Umweltveränderungen eingetreten seien.

Kommentar. Alle genannten Erklärungsversuche sind jedoch ungeeignet, da sie nur als *Begleiterscheinungen* und nicht als *Ursachen* gelten können. Mit dem Nachweis von Begleitumständen ist aber niemals eine kausale Begründung gegeben. Wenn z. B. das Auftreten evolutionärer Neuheiten mit großer Verschiedenartigkeit am Beginn der Entfaltung einhergeht, resultiert daraus keine Erklärung, *woher* diese Neuheiten kommen und wie sie entstanden sind. Vielmehr wird das Ausmaß an Verschiedenartigkeit gerade an der Zahl unterschiedlicher Baupläne gemessen, die in evolutionstheoretischer Perspektive natürlich mit dem Auftreten von Neuheiten korreliert. Darin eine Ursache für das Phänomen der schnell etablierten Verschiedenartigkeit zu sehen, wäre ein Zirkelschluss.

Dass die Verschiedenartigkeit im Laufe der Zeit tendenziell eher abnimmt, könnte – so die Autoren – mit wachsenden Entwicklungszwängen (developmental constraints) zusammenhängen. Das heißt, je mehr die verschiedenen Organe der Lebewesen im Laufe der Zeit miteinander in Wechselwirkung treten, desto weniger konnte das Gesamtgefüge geändert werden. Auch diese Vorstellung ist spekulativ, darüber hinaus wenig plausibel, denn evolutionstheoretisch gesehen müssten vielfach Konstruktionszwänge

wieder aufgebrochen worden sein. Wie dies funktioniert und wie anschließend auf diese Weise immer wieder vergleichsweise schnell eine große Verschiedenartigkeit relativ frühzeitig in der (Fossil-)Geschichte von Organismengruppen etabliert wurde, ist unbekannt. Zudem ist unbekannt, wie komplexere Lebewesen mit deutlich geringeren Konstruktionszwängen existieren könnten.

[ERWIN D & VALENTINE JW (2013) The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity. Greenwood Village, Colorado; HUGHES M, GERBER S & WILLS MA (2013) Clades reach highest morphological disparity early in their evolution. Proc. Natl. Acad. Sci. 110, 13875-13879; VALENTINE JW (2004) On the origin of phyla. Chicago and London.]
R. Junker

■ Geheimnisvolle DNA – überlagernde Codes im Genom

Die Hinweise mehren sich, dass in der DNA, in der das Genom (gesamtes Erbgut eines Individuums) niedergelegt ist, dem „universellen“ genetischen Code für die Biosynthese von Proteinen verschiedene weitere Codes überlagert sind. Jüngst wurden experimentelle Befunde veröffentlicht, die zeigen, dass die Bindung von bestimmten Proteinen (sog. Transkriptionsfaktoren) an die DNA davon beeinflusst wird, welche Nukleotide in den Codons (Abfolge von drei Nukleobasen [= Triplet], die eine Aminosäure codiert) verwendet werden.¹ Ein und dieselbe DNA-Sequenz wird in diesen Fällen also auf mindestens zwei ganz verschiedene Weisen genutzt.

Nachdem WATSON & CRICK (1953) die Struktur der Doppelhelix für die DNA veröffentlicht hatten, wurde in den folgenden Jahren viel Forschung in die Entschlüsselung des genetischen Codes investiert. Das Schlüsselexperiment gelang Heinrich MATTHAEI im Labor von Marshall NIRENBERG am 27. Mai 1961. Die vollständige Zuordnung der 64 Nukleotidtripletts zu den 20 Aminosäuren, die für Proteine als Baustein verwendet werden, gelang bis 1966 vor allem auch durch die Beiträge aus der Arbeitsgruppe von KHORANA. Die vor allem in den letz-

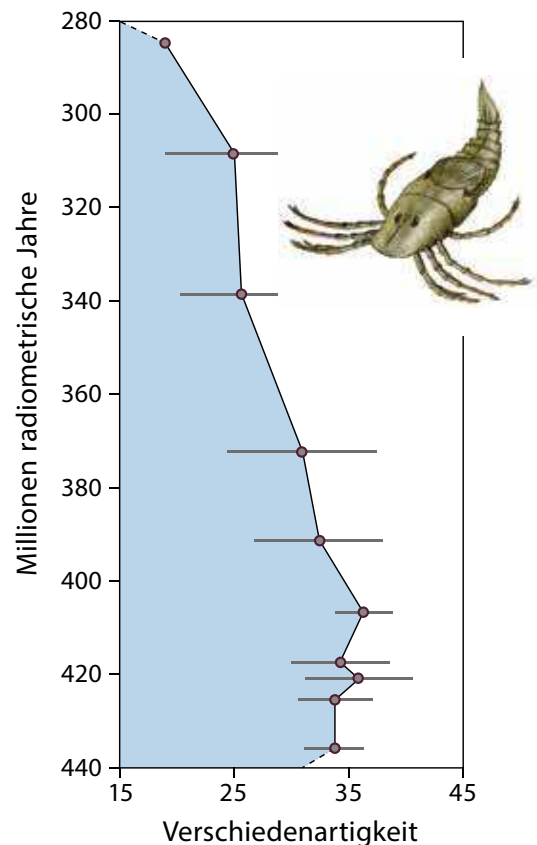


Abb. 1 Ausmaß der Verschiedenartigkeit im Laufe der erdgeschichtlichen Zeit am Beispiel der Styronurina, einer der zwei Unterordnungen aus der Ordnung der Seeskorpione (Eurypterida). Sie gelten als die basalen (ursprünglichen) Eurypteriden. Große Verschiedenartigkeit ist früh etabliert und nimmt dann tendenziell ab. (Nach HUGHES et al. 2013; kleines Bild: *Megarachne servinei* aus dem Oberkarbon, GNU Freie Dokumentations-Lizenz)

ten Jahren mit der Erforschung des menschlichen Genoms gesammelte Erfahrung, dass nur ein vergleichsweise kleiner Teil des Genoms für Proteine codiert, verstärkte die Fragen nach weiteren Funktionen des Genoms.

Inzwischen ist klar, dass manche Proteine spezifisch an DNA binden und dadurch die Verfügbarkeit der dort codierten Information regulieren. Auch die Wechselwirkung von DNA-Sequenzen mit verschiedenen RNA-Molekülen beeinflusst die Aktivität von Genen. WEATERITT & BABU (2013) sind der Meinung, dass die Bindungen von Proteinen und RNA an bestimmte genomische DNA-Sequenzen als unabhängige zusätzliche Codes betrachtet werden können. Beispielsweise untersuchten STERACHIS et al. (2013) die Bindung eines bestimmten Typs von Proteinen, sogenannten Transkriptionsfaktoren, an die DNA des menschlichen Genoms in 81 verschiedenen Zell-

typen. Sie konnten zeigen, dass etwa 15% der Codons eines Gens (also den Basentriplets, die sonst für eine Aminosäure codieren) in rund 87% der menschlichen Gene auch in die Bindung mit Transkriptionsfaktoren einbezogen werden. Die Autoren bezeichnen diese Genbereiche als „Duone“ und bringen damit zum Ausdruck, dass sie Information auf zwei Weisen codieren: einmal „klassisch“ für Proteine und zusätzlich durch die Bindung der Transkriptionsfaktoren für Regulation der Gene.

Die Wechselwirkung eines Proteins mit einer DNA-Sequenz, die gleichzeitig ein Protein codiert, stellt besondere Anforderungen an die genutzten Codons und die dadurch festgelegten Aminosäuren. STERACHIS et al. untersuchten die Auswirkung des Austausches einzelner Nukleotide in Duonen auf die Fähigkeit, Transkriptionsfaktoren zu binden. Zunächst stellten sie dazu die bekannten genetischen Varianten zusammen, die mit Krankheiten oder mit einer veränderten Funktion der Duonen in Zusammenhang gebracht werden. Mehr als 17% der Duonen, in denen einzelne Nukleotide ausgetauscht waren, zeigten eine veränderte Bindung der Transkriptionsfaktoren. Der Austausch von synonymen Codons, die also für dieselbe Aminosäure in den Proteinen codieren, führt zwar zum selben funktionsfähigen Protein, jedoch zu einer Veränderung der Bindung der Transkriptionsfaktoren. Dieser Befund deutet darauf hin, dass einige Änderungen in Duonen hauptsächlich ihre Transkriptionsfaktor-Bindung beeinflussen. Änderungen in der DNA-Sequenz können somit offensichtlich auch dann Krankheiten verursachen, wenn sie gar nicht zu Modifikationen in Proteinen führen. Der Austausch einzelner Nukleotide (single nucleotide polymorphism; snp) im Genom kann also auf vielfältige Weise einen Organismus beeinflussen; das gesamte Spektrum von regulatorischen Codes muss somit in Betracht gezogen werden.

Die Erkenntnis, dass im Genom verschiedene Codes enthalten sind und genutzt werden, eröffnet Einblicke in eine „Violdimensionalität“ des Genoms. Diese erst ansatzweise

verstandene Komplexität des Erbguts kann zum Staunen führen und eröffnet völlig neue Fragestellungen. Bisherige Vorstellungen zur Entstehung der im Genom abgespeicherten Information müssen neu überdacht werden, da die DNA-Sequenzen mit einer bisher ungeahnten Vielfalt an Codes abgelesen werden (s. z.B. auch FELLNER et al. 2014).

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

[FELLNER L, BECHTEL N, WITTING MA, SION S, SCHMITT-KOPPLIN P, KEIM D, SCHERER S & NEUHAUS K (2014) Phenotype of *htgA* (*mbiA*), a recently evolved orphan gene *Escherichia coli* and *Shigella*, completely overlapping in antisense to *yaaW*. FEMS Microbiol. Lett. 350, 57-64; TERGACHIS AB, HAUGEN E, SHAFER A, FU W, VERNOT B, REYNOLD A, RAUB-ITSCHKE A, ZIEGLER S, LEPROUSR EM, AKEY JM & STAMATOYANNOPOULOS JA (2013) Exonic transcription factor binding directs codon choice and affects protein evolution. Science 342, 1367-1372; WEATHERITT RJ & BABU MM (2013) The hidden codes that shape protein evolution. Science 342, 1325-1326; WATSON JD & CRICK FHC (1953) Molecular structure of nucleic acids. Nature 171, 737-738.] H. Binder

■ Bienen im Anflug

Honigbienen sind vermutlich die am besten wissenschaftlich untersuchten Insekten. Das liegt einerseits an ihrem ungeheuren Nutzen für uns Menschen als Honiglieferanten und als Bestäuber unserer Nutzpflanzen. Andererseits sind sie nicht nur als Einzeltiere, sondern auch als „Superorganismus“ faszinierende Studienobjekte. Doch selbst bei einem so intensiv untersuchten Lebewesen kommt es immer wieder zu neuen Entdeckungen. Eine der jüngsten wissenschaftlichen Überraschungen liefert das Navigationsvermögen der Bienen und der dazu verwendete optische Steuerungsmechanismus. Forscher aus Schweden (Emily BAIRD), Deutschland (Norbert BOEDEDEKER) und Australien (Michael R. IBBOTSON, Mandyam V. SRINIVASAN) konnten nachweisen, dass Bienen ihre Anfluggeschwindigkeit anhand optischer Eindrücke steuern (BAIRD et al. 2013). Bewegt man sich z.B. fliegend wie die Biene

auf ein Objekt mit einem bestimmten Umfang zu, vergrößert sich der scheinbare Durchmesser des Objektes innerhalb des zur Verfügung stehenden Gesichtsfeldes (Bildfeld) dem Strahlensatz entsprechend. Die Geschwindigkeit der Objektgrößenänderung innerhalb des Gesichtsfeldes korreliert mit der Variation der Annäherungsgeschwindigkeit. Beim gebremsten Anflug beispielsweise verlangsamt sich die Vergrößerung, bis bei Stillstand vor dem Objekt auch die Vergrößerung innerhalb des Gesichtsfeldes zum Stillstand kommt. Über diesen optischen Effekt der prozentualen Größenänderung eines Objektes innerhalb des Gesichtsfeldes steuern Bienen ganz offensichtlich die Geschwindigkeit ihres Anfluges z. B. an eine Blüte.

Um herauszufinden, ob Bienen sich mit Hilfe dieses Effekts an Objekte annähern, benutzten die Forscher eine Spirale, mit der sie ein optisches Täuschungsmanöver durchführten. Dies bildete den Kern des erforderlichen Versuchsaufbaus, um das entscheidende Element der Bienenavigation überprüfen zu können. Eine sich Richtung Krümmungsmaximum drehende schwarze Spirale auf weißem Grund täuscht eine Annäherung an deren Zentrum vor, selbst wenn man den Abstand zur Spirale unverändert beibehält. Dreht sich die Spirale anders herum, ist der Effekt gegenläufig. Es entsteht dann der Eindruck, dass man sich vom Mittelpunkt der Spirale entfernt. In der Mitte sich drehender Spiralen wurde im Versuch attraktives Futter angeboten. Die anfliegenden Bienen konnten so nachweislich manipuliert bzw. eine größere oder geringere Anfluggeschwindigkeit vorgetäuscht werden. Entweder stoppten die Bienen daraufhin ihren Flug weit vor der vermeintlichen Futterquelle oder sie kollidierten kaum gebremst mit der Scheibe. Die Art der Abstandskontrolle bei der Navigation während des Landeanfluges war damit nachgewiesen.

Solche Beispiele animieren Forscher zur Nachahmung in der Technik. Flugzeuge und Helikopter nutzen bisher sehr aufwändige Systeme, um den Landeanflug zu steuern. Hierbei werden vor allem



Abb. 1 Über ein geniales Navigationsvermögen verfügen Bienen. (Foto: W. BORLINGHAUS)

Geschwindigkeit und Zielentfernung permanent erfasst und in Beziehung zueinander gesetzt. Der Rechenaufwand ließe sich nach der genial einfachen Methode der Bienen (möglicherweise auch der anderer Insekten) minimieren, wenn man deren Vorgehensweise technisch präzise und sicher genug umsetzen könnte. Die Bienen-Methode hat nämlich den Vorteil, dass weder die exakte Geschwindigkeit noch die Entfernung bekannt sein muss, um einen korrekten Anflug inklusive Landung durchführen zu können. Das Beispiel zeigt, dass klug eingesetzte Vereinfachungen zur besseren Funktionalität eines hochkomplexen Organismus beitragen können. In diesem Fall wird eine extrem schnelle Datenverarbeitung im Bienenhirn ermöglicht. Eine solche „Vereinfachung“ kann sicher nicht als primitiv oder gar als Rückschritt gedeutet werden, wenn sie Bestandteil eines stimmigen Gesamtkonzepts ist.

[BAIRD E, BOEDDEKER N, IBBOTSON MR & SRINIVASAN MV (2013) A universal strategy for visually guided landing. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 110, 18686-18691.] W. Borlinghaus

■ Zahnräder bei Zikadenlarven

Zahnräder sind bereits in einfacher Form seit der Antike bekannt. Damals wurden Holzstücke von außen in Radreifen aus Holz gesteckt. Sogenannte Göpel bildeten einfache Kraftübertragungs-Getriebe. Diese wurden z.B. im Mittelalter bei Mahlwerkzeugen angewandt und besaßen oft einen „Pferdeantrieb“. Leonardo da Vinci experimentierte im 15. Jhd. mit Zahnradern und entwickelte entsprechende Getriebe, die seiner Zeit weit voraus waren. Zahnräder sind eine ideale Form der Kraftübertragung bei sich drehenden Wellen. Unterschiedliche Durchmesser ermöglichen bei komplexeren Getrieben unterschiedliche Drehzahlen. Zahnräder und deren Weiterentwicklungen finden sich in unzähligen Anwendungsbereichen. Besonders hochwertig sind mechanische Uhrwerke als Meisterwerke der Zahnradtechnik. Das Entscheidende beim Zahnrad ist die Kraftübertragung möglichst ohne Spiel. Dazu müssen die einzelnen Zähne eine

spezielle abgerundete Form aufweisen, um den Kraftschluss permanent aufrecht zu erhalten. Die abgerundete Form verhindert außerdem, dass sich die ineinander greifenden Zähne verklemmen. Dadurch werden Abrieb und Materialermüdung minimiert.

Die einfache Form der Zahnrad-Funktion, die Synchronisation von Bewegungen wurde 2013 bei der Käferzikaden-Larve *Issus coleoptratus* in Form zweier Zahnkränze nachgewiesen und damit ist diese Mechanik nachweislich keine Erst-Erfindung des Menschen. Der Deutsche Klaus SANDER hatte zwar bereits in den 1950er Jahren zahnradähnliche Strukturen bei Zikaden-Larven entdeckt, doch wurde erst durch die Beobachtungen und Hochgeschwindigkeits-Zeitlupenaufnahmen von Malcolm BURROWS von der University of Cambridge und Gregory SUTTON von der University of Bristol die genaue Funktion sichtbar gemacht und nachgewiesen. Die „Zahnräder“ sitzen an den Innenschenkeln der Zikaden-Larve und synchronisieren

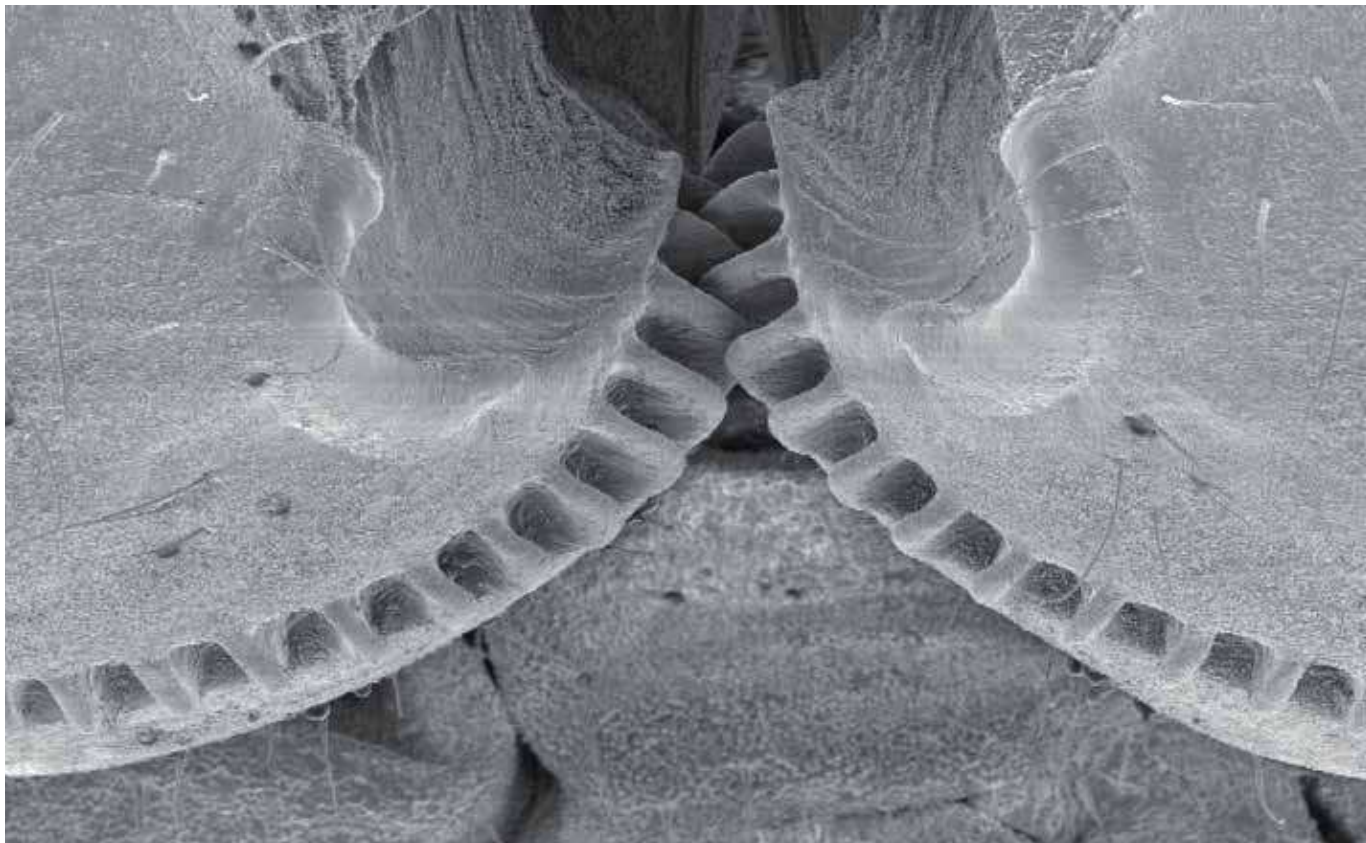


Abb. 1 Die Miniatur-Zahnräder der Käferzikaden-Larve *Issus coleoptratus*. Bildbreite ca. 0,5 mm! (© BURROWS & SUTTON, University of Cambridge, UK, Abdruck mit freundlicher Genehmigung.)

beim Absprung die Bewegung der Beine. Erstaunlicherweise handelt es sich um nahezu perfekt abgerundete „moderne“ Zahnräder. Sowohl die Zahnenden als auch deren Basis weisen statisch optimierte Abrundungen auf. Unklar bleibt, wie sich ein solcher Mechanismus inklusive der für den Funktionserhalt notwendigen Optimierungen im Laufe einer Evolutionsgeschichte ergeben haben sollen. Unklar bleibt auch, warum nur Jungtiere diesen Mechanismus aufweisen. Es wird vermutet, dass bei adulten Exemplaren das Risiko für einen Totalausfall des Systems zu hoch wäre, wenn ein Zahn bricht. Sie koordinieren die Sprungbewegung über Nerven-Impulse. „Zahn“-Brüche könnten bei juvenilen Zikaden durch weitere Häutungen repariert werden, vermuten die Forscher. Nicht nur die Zahnräder sind ausgeklügelt konstruiert, sondern – wie es scheint – auch der Zeitraum ihrer Nutzung im Laufe der individuellen Entwicklung.

[BURROWS M & SUTTON G (2013) Interacting gears synchronize propulsive leg movements in a jumping insect. *Science* 341, 1254-1256.] W. Borlinghaus.

■ Eichelwürmer – vom Kambrium bis heute unverändert

Eichelwürmer aus dem Mittelkambrium ähneln heutigen Formen in erstaunlichem Maße. Nachdem kürzlich in der Antarktis erstmals Eichelwürmer entdeckt wurden, die Röhren bilden, ist die Ähnlichkeit mit den ebenfalls röhrenbildenden fossilen Formen perfekt. Die zwischenzeitlich diskutierte Vorstellung, die fossilen Eichelwürmer könnten Bindeglieder zu den Flügelkiemern (Pterobranchia) sein, ist damit nach Ansicht der Entdecker nicht haltbar.

Anfang des Jahres wurden schon länger fossil bekannte wurmartige Organismen aus dem mittelkambri-schen Burgess-Schiefer eindeutig als Eichelwürmer identifiziert (CARON et al. 2013; GEE et al. 2013). Die betreffende Art wurde als *Spartobranchus tenuis* klassifiziert und gleicht heutigen Formen aus der Gruppe der Harrimaniiden bis in Details (vgl. Stud. Integr. J. 20, 118-119). Sie sind damit auch ein Beispiel für

Stasis – das nahezu unveränderte „Stehenbleiben“ eines Bauplans über geologische Zeiträume hinweg. Der Nachweis von Eichelwürmern im Kambrium vergrößert die ohnehin immense Vielfalt der während der kambrischen Explosion auftretenden Formen noch weiter.

Die Eichelwürmer (Enteropneusta) werden zusammen mit den Flügelkiemern (Pterobranchia) zu den Hemichordaten gestellt. Die Arten dieser auch als Kiemenlochtier benannten Gruppe besitzen einen weichen, wurmähnlichen, aber innen ungegliederten Körper und sind äußerlich in Kopfschild, Kragen und Rumpf dreigeteilt. Die bis zu 10 cm langen Eichelwürmer leben am Meeresboden und graben Gänge. Sie bewegen sich im Meeresboden durch wellenförmige Muskelkontraktionen vorwärts und leben von im Schlamm enthaltenen organischen Partikeln mit Hilfe eines Nahrungstrichters am Vorderende. Da auch die Pterobranchia aus dem Kambrium bekannt sind, ist klar, dass der Ursprung der Hemichordaten entsprechend ins Unterkambrium

verlegt werden muss (CARON et al. 2013, 503). Einen Unterschied schien es jedoch bei den fossilen Formen im Vergleich zu den heutigen zu geben. Bei den Fossilien wurden häufig faserige Röhren gefunden; in einem Fall war ein Eichelwurm mit dieser Röhre assoziiert. Daher wurde angenommen, dass die kambrischen Eichelwürmer anders als die heutigen zeitweise in Röhren lebten. Dieser Befund wurde von S. CONWAY MORRIS, einem der Bearbeiter so interpretiert, dass es sich hier um einen Hinweis handle, dass die fossilen Eichelwürmer Übergangsformen zu den Pterobranchia seien (<http://www.bbc.co.uk/nature/21745029>), die generell solche Röhren bilden. Es wurde allerdings auch diskutiert, dass die Eichelwürmer ursprünglich ebenso wie die Pterobranchia solche Röhren ausgebildet haben könnten, diese später aber verloren haben (CARON et al. 2013, 505).

Die letztere Deutung erhielt jüngst Unterstützung. Denn es wurden heute lebende Eichelwürmer in der Tiefsee der Antarktis entdeckt, die ebenfalls Röhren ausbilden und in eine neue Eichelwürmer-Familie, Torquaratoridae, gestellt werden (HALANYCH et al. 2013). Die Autoren nehmen in ihrem Artikel Bezug auf die mittelmkambrischen Eichelwürmer, die ebenfalls Röhren bilden, und stellen die enorme Ähnlichkeit der kambrischen mit den heutigen Formen heraus. Der faserige Bau der fossilen Röhren konnte durch den Vergleich mit den heutigen Formen als Erhaltungsartefakt erklärt werden. Denn einige Röhren waren mit Sediment bedeckt, was ihnen ein geripptes Aussehen verleiht, das der fossilen Erhaltung ähnlich ist. Die Autoren schließen aus dem ähnlichen Röhren-Design zwischen *S. tenuis* und den antarktischen Torquaratoridae auf ähnliche Verhaltensweisen, die sich demnach über einen Zeitraum von etwa 500 Millionen Jahren erhalten hätten.

Damit sei die Vorstellung, dass *S. tenuis* ein Bindeglied zwischen den Eichelwürmern und Pterobranchiern sei, unglaublich geworden. Die Autoren schreiben: „Da die Trennung zwischen Eichelwürmern



Abb. 1 Eichelwurm, Exemplar aus der Sammlung des Institutes für Zoologie, FU Berlin. (Foto: Necrophorus, GNU Freie Dokumentations-Lizenz)

und Pterobranchiern vor dem Mittelkambrium erfolgt sein muss, ist die Röhre von *S. tenuis* kein Vorläufer des Coeneciums [Röhren] der Pterobranchier“ (HALANYCH et al. 2013). Es sei anzunehmen, dass bereits der gemeinsame Vorfahre Röhren gebildet habe. Fossile Spuren dieses hypothetischen Vorfahren sind nicht bekannt.

[CARON JB, CONWAY MORRIS S & CAMERON CB (2013) Tubicolous enteropneusts from the Cambrian period. *Nature* 495, 503-506; GEE H (2013) Tubular worms from the Burgess Shale, *Nature* 495, 458-459; HALANYCH KM, CANNON JT, MAHON AR, SWALLA BJ & SMITH CR (2013) Modern Antarctic acorn worms form tubes. *Nature Communications* 4, No. 2738, doi: 10.1038/ncomms3738.] R. Junker

■ Hochgeschwindigkeitsverbindung zum Erdmantel – dramatisch schneller Aufstieg von Magma

Bisher dachten Wissenschaftler, dass ein Aufstieg von Magma aus dem Erdmantel Tausende Jahre oder mehr benötige. Doch Vulkanologen haben kürzlich an Costa Ricas höchstem Stratovulkan Irazú (Abb. 1) nachweisen können, dass dort die Zeitspanne des Aufstiegs nicht größer war als die Eruptionsphase selbst. „Das Magma, das die Eruption von 1963 auslöste,

war wahrscheinlich direkt aus dem Erdmantel aufgestiegen – und zwar sehr schnell: Es überwand die 35 Kilometer innerhalb von Monaten und löste dann in der Magmakammer den Ausbruch aus. Das ist ein wirklich überraschendes Ergebnis unserer Untersuchung“ (DLF).

Die neuen Erkenntnisse basieren auf geochemischen Untersuchungen an Olivinkristallen, die die Autoren der Studie, RUPRECHT & PLANK (2013), aus in 2010 gesammelten Aschen der Irazú-Eruption extrahiert hatten. Die Columbia Universität erklärte hierzu (in Übersetzung): „Da sich das aus dem Mantel stammende, aufsteigende Magma abkühlt, bilden sich Kristalle, die ihre eigenen Bildungsbedingungen konservieren. Die Kristalle von Irazú zeigten – vollkommen unerwartet – Ausschläge von Nickel, einem Spurenelement, das im Mantel anzutreffen ist. Die Ausschläge erzählten den Wissenschaftlern, dass ein Teil der eruptierten Magma des Irazú so frisch war, dass das Nickel keine Chance zum Diffundieren hatte.“

RUPRECHT & PLANK stützten sich auf bereits bekannte experimentelle Studien zur Nickel-Diffusion in Olivin ((Mg,Mn,Fe)₂[SiO₄]). Unter der Annahme einer magnesiumreichen Olivinkristallisation und einer



Abb. 1 Krater des Irazú („Grollender Berg“, 3432 m), Costa Rica. Ein Teil der eruptierten Magma der Ausbruchphase von 1963-65 stammte aus dem Erdmantel in etwa 35 km Tiefe und benötigte lediglich einige Monate bis zur Oberfläche (Foto: Rafael GOLAN, Wikimedia Commons).

Vermischung einer primären Mantelschmelze nahe des Grenzbereiches von Erdkruste und Erdmantel (9 kbar Tiefe, etwa 30 km tief) sowie einer Nickel-Diffusions-Zeitskala in der Größenordnung eines Jahres kalkulieren sie für das Mantelmagma eine durchschnittliche Transportrate in der Kruste von 80 m pro Tag. Adiabatische (quasi ohne Temperaturverlust) Bedingungen dagegen, in einem (nur) 2 m breiten und 25 km langen Gang würden sogar Transportraten von über 1000 m pro Tag erfordern. Die Autoren schließen u. a., dass eine direkte Verbindung zwischen dem Mantel und einer flachliegenden Magmenkammer (Eruptionskammer) vorgelegen haben muss. Die Magmenbahn beschreiben sie als „high-speed connection“, die Transportraten als „dramatisch schnell“ (RUPRECHT im DLF).

Überraschend ist auch, dass dieser Mechanismus erst jetzt erkannt worden ist. Anscheinend ist eine alte Vorstellung der Magmenentstehung und -differenzierung sowie des Magmentransports lange prägend gewesen. RUPRECHT (im DLF) zum Mechanismus: „Es ist einfach über-

sehen worden. Zwar wird nicht jeder Ausbruch eines Vulkans über einer Subduktionszone durch direkt aus dem Erdmantel aufsteigendes Magma ausgelöst. Aber wir finden diese Signaturen auch anderswo.“

[Columbia Universität (CU), Pressemitteilung vom 31. Juli 2013, <http://www.ideo.columbia.edu/news-events/highway-hell-fueled-costa-rican-volcano>. – Deutschlandfunk (DLF), Beitrag vom 1. August 2013, *Highway from Hell* von Dagmar Röhrlich, <http://www.dradio.de/dlf/sendungen/forschak/2200114/>. – RUPRECHT P & PLANK T (2013) Feeding andesitic eruptions with a high-speed connection from mantle. *Nature* 500, 68-72.] M. Kotulla

■ Tamu-Massiv – einer der größten Vulkane des Sonnensystems

Seit über 20 Jahren studiert William W. SAGER das untermeerische Shatsky-Rise-Plateau im nordwestlichen Pazifik. Nach Auswertung der jüngsten in 2009 durchgeführten Bohrkampagne des Integrated Ocean Drilling Program (IODP) und zusätzlich gewonnener seismischer Daten in 2010/2012 sind sich SAGER

et al. (2013) nun ziemlich sicher: Das größte Plateau des Shatsky-Rise, das Tamu-Massiv, ist ein *einzig*er gigantischer Schildvulkan, der es – bezogen auf die Flächenausdehnung – mit dem bislang größten bekannten Vulkan des Sonnensystems, dem Olympus Mons auf dem Mars, durchaus aufnehmen kann (Abb. 1).

Die über ein Areal von etwa 450 x 650 km ausgebreitete, schildartige Struktur hebt sich 3–4 km vom umliegenden Meeresboden ab (Abb. 2) und unterscheidet sich deutlich von anderen vulkanischen Komplexen wie Island oder Hawaii, die kleiner und aus mehreren, auch größeren Vulkanen aufgebaut sind. Die mit Anwendung der Seismik entschlüsselte Geometrie zeigt ein Zentrum und allseitig zum Rand hin abfallende linienhafte Konturen; die berechneten (interpretierten) Neigungen betragen an den Flanken etwa 1–1,5° und an der Basis <0,2–0,5°. Gewonnene Bohrkerne aus den obersten etwa 50–175 m des Schildvulkans lassen bis zu 23 m mächtige („dicke“) Einheiten erkennen. Demnach ist anzunehmen, dass die basaltischen Laven von dem zentralen Ausfluss

aus in mächtigen Ergüssen („massive sheet flows“), ähnlich den Flutbasalten, Hundert und mehr Kilometer zurückgelegt haben.

Geologisch zeitlich soll die vulkanische Aktivität etwa 12 Millionen [radiometrische] Jahre andauert und an der Wende Jura/Kreide geendet haben. Das radiometrische Alter wurde an Basalten am Top der Struktur mit $144,6 \pm 0,8$ Millionen [radiometrische] Jahre bestimmt (Site 1213 siehe Abb. 1, Expedition in 2001). Aufliegende Sedimente sind biostratigraphisch dem Berriasium (unterste Stufe der Kreide, Lokalität U1347, Abb. 1) und dem Aptium (höhere Unterkreide, Lokalität U1348) zugeordnet worden (Expedition 324 Scientists 2010). Demzufolge besteht zwischen den beiden Lokalitäten eine Sedimentationslücke von mindestens 15 Millionen [radiometrischen] Jahren. Während der aktiven Phase muss der Zentralbereich des Schildvulkans auf oder über Meereshöhe gelegen haben. Denn überlagernde und zwischengeschalte Sedimente am Top weisen auf Flachwasserbedingungen hin und nur ein Teil der Ergussgesteine ist als Kissen-Lava (subaquatische Entstehung) ausgebildet. Heute liegt die Oberfläche des Schildvulkans nach einer gewaltigen Absenkung 3000 m und mehr unter dem Meeresspiegel, an beiden U-Lokalitäten von etwa (nur) 200 m mächtigen Sedimentfolgen bedeckt.

Aber wie – und wodurch ausgelöst – Magma dieser Größenordnung und (anscheinend auch) geochemischen Konsistenz ihre „Inplatznahme“ in der Lithosphäre fand, ist ungeklärt. Gleich welches Konzept oder welches Modell – Plumes (Mantel-Aufströmungen), Platten tektonik oder Meteoritenimpakt – herangezogen wird, es muss die Datenlage erklären können (SAGER et al. 2013, in Übersetzung): „Die Daten von Shatsky-Rise und anderen ozeanischen Plateaus zeigen, dass in vielleicht kurzen Zeitperioden große Materialmengen vom Mantel in die Lithosphäre aufgestiegen sind, die große vulkanische Gebilde aufgebaut haben.“ Zeit scheint bei der Theorienbildung ein wesentlicher Faktor zu sein. Dass (geologisch) kurze

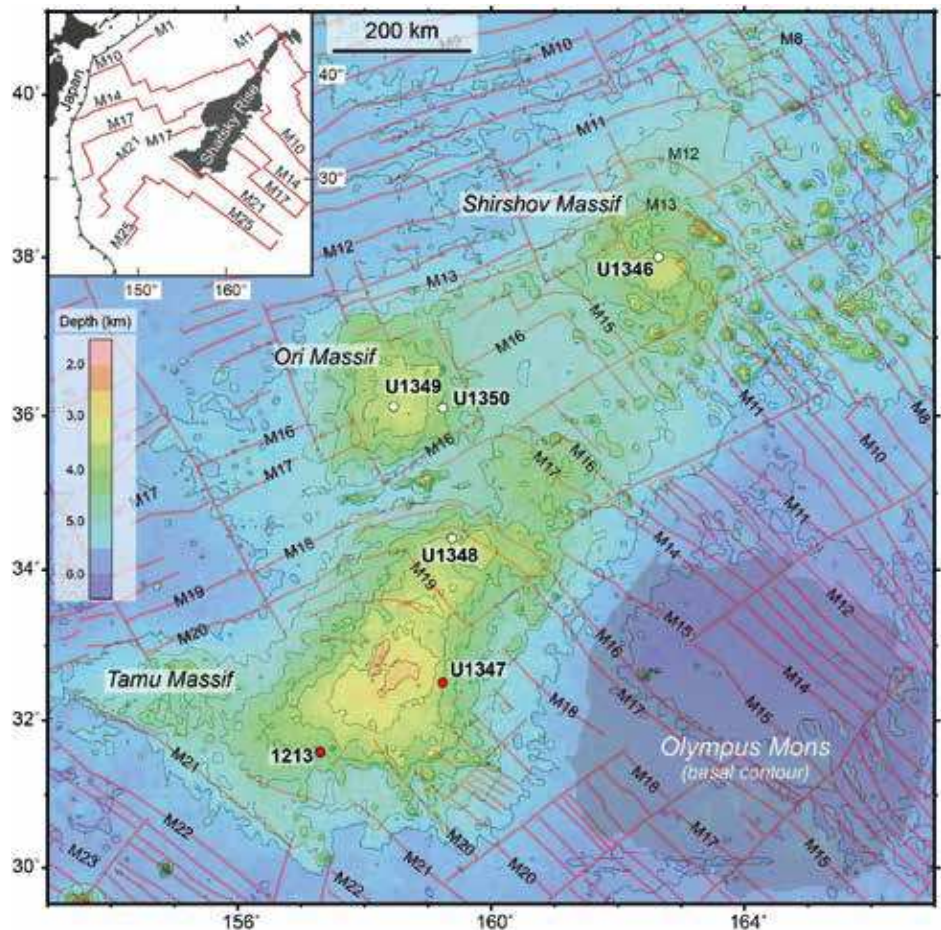


Abb. 1 Shatsky-Rise im nordwestlichen Pazifik, bathymetrische und tektonische Karte. Das Tamu-Massiv ist ein gigantischer Schildvulkan und hat etwa eine flächenmäßige Ausdehnung wie Olympus Mons auf dem Mars (Struktur rechts unten). Rote/weiße Punkte zeigen die Bohrlokalitäten, rote Linien magnetische Lineationen und Frakturzonen. (Grafik: W. SAGER; freundliche Überlassung).

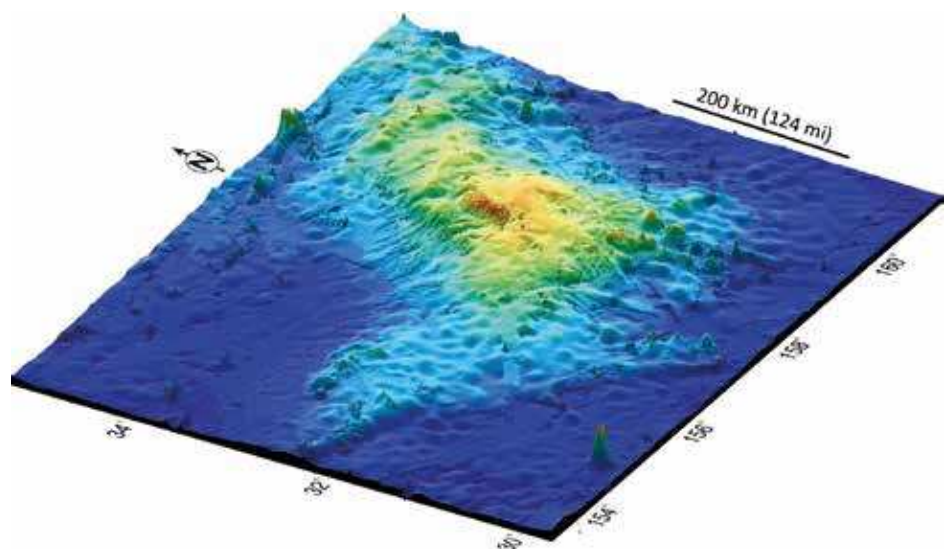
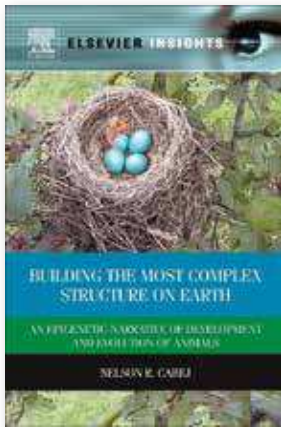


Abb. 2 Topographie des Tamu-Massivs, 3D, stark überhöht. Die Struktur hebt sich 3-4 km vom umliegenden Meeresboden ab. (Grafik: W. SAGER; freundliche Überlassung)

Zeitperioden in Betracht gezogen werden, ist ein neuer und sich noch in Entwicklung befindender Deutungsrahmen (vgl. auch das vorige Streiflicht).

[Expedition 324 Scientists (2010) Expedition 324 Summary. In: SAGER WW, SANO T, GELD-

MACHER J & the Expedition 324 Scientists. Proc. IODP 324, 1-69; SAGER WW, ZHANG J, KORENAGA J, SANO T, KOPPERS AAP, WIDDOWSON M & MAHONEY JJ (2013) An immense shield volcano within the Shatsky Rise oceanic plateau, northwest Pacific Ocean. Nature Geoscience 6, 976-981.] M. Kotulla



Cabej, Nelson R. (2013) Building the most complex structures on earth. An epigenetic narrative of development and evolution of animals. Amsterdam: Elsevier. 308 S., 85,20 €.

Vor einigen Jahren hat der albanische Biologe Nelson R. Cabej ein voluminöses Werk über „Epigenetic Principles of Evolution“ (Albanet, Dumont, NJ, 2008) veröffentlicht (vgl. JUNKER 2011). Eine weitere Buchpublikation des Autors ist „Neural Control of Development“. Dieser Titel macht deutlich, wo für Cabej bei biologischen Prozessen die Musik spielt und wo nicht: Nicht bei den Genen, sondern im Zentralnervensystem (ZNS). Nun erschien eine weitere Abhandlung über Epigenetik im renommierten Elsevier-Verlag Amsterdam in dessen Fachbuchreihe *Elsevier Insights*, in welchem Cabej die Vorrangstellung epigenetischer Prozesse erläutert und begründet. (In der Reihe *Elsevier Insights* veröffentlicht der Verlag nach eigenen Angaben spezielle Inhalte in hoher Qualität aus verschiedenen Disziplinen.)

Epigenetik umfasst alle Vorgänge, die sich sozusagen außerhalb der DNA abspielen und zeitlich vor der Nutzung der genetischen Information liegen. Dazu gehören intrazelluläre cytoplasmatische Faktoren, die Funktionen der Centriolen und von Elementen des Zellskeletts, Regulation durch DNA-Methylierung und Histon-Acetylierung und anderes (194). Extrazellulär gehören vor allem die biologische Wirksamkeit von Hormonen und die Tätigkeit des Nervensystems zur Epigenetik.

Cabej zeigt, dass die epigenetischen Prozesse maßgeblich sind für die korrekten Abläufe in den Zellen, in Geweben, in Organen und im ganzen Organismus. Nicht die DNA startet oder kontrolliert biologische Abläufe, sondern relevante Umweltreize, die den Organismus erreichen, und epigenetische Faktoren im Organismus. Ein Umweltreiz oder eine Störung wird im Organismus über mehrere Stufen umgewandelt und weitergeleitet, damit er in geeigneter Form das ZNS erreicht und dort gesammelt mit anderen eingehenden Informationen ausgewertet werden kann. Erst als Reaktion darauf wird mittels chemischer Faktoren über eine Signalkaskade schließlich der betreffende Teil der DNA erreicht, dessen Information für eine angepasste Reaktion benötigt wird (vgl. 79f., 279). Eine direkte Wechselwirkung zwischen Umweltreiz und Genen gibt es bis auf Spezialfälle¹ nicht.² Der Organismus ist in der Lage, viele Reize aufzusummieren; die Datenverarbeitung es ist ein hochgradig

komplexer Prozess, der von der Summe aller Umweltreize über das ZNS zu den Effektorsystemen (inklusive der DNA) führt. Die DNA selbst ist in diesem System völlig passiv. Es gebe „absolut keinen Hinweis darauf, dass das Genom irgendwie systemische Parameter in Vielzellern überwacht“ (21).³

Kontrollsysteme

Eine besondere Rolle in Verständnis der Organismen spielt bei Cabej die Tatsache, dass Lebewesen nur existieren können, wenn es *Kontrollsysteme* gibt, die garantieren, dass Gleichgewichte erhalten bleiben und Störungen ausgeglichen werden, und durch die der ständigen Zerfallstendenz entgegengewirkt wird. Damit Kontrollsysteme diese Aufgabe leisten können, müssen sie drei Basisleistungen erbringen: Sie müssen den Zustand des jeweils kontrollierten Systems überwachen, diesen mit Sollwerten abgleichen und im Falle einer Abweichung infolge äußerer oder innerer Störungen Vorgänge in Gang setzen, die den gewünschten Zustand wiederherstellen. Sie funktionieren also wie Regelkreise in der Technik. Diese Fähigkeiten erfordern gewaltige Rechenleistungen, außerdem müssen relevante von nicht-relevanten Umweltreizen unterschieden werden u. v. m.⁴ Die zentrale Rolle spielt bei Vielzellern dabei das Zentralnervensystem, wo in elektrische Signale umgewandelte Reize verarbeitet und Reaktionen eingeleitet werden.

Kontrollsystemen in Einzellern, Tieren und Pflanzen widmet sich das erste Kapitel des Buches.

Fortpflanzung, Ontogenese, Plastizität

In den Kapiteln 2 und 3 werden Fortpflanzung in verschiedenen Tiergruppen und die verschiedenen Phasen der Individualentwicklung (Ontogenese) bei Tieren besprochen und gezeigt, dass die betreffenden biologischen Vorgänge epigenetisch kontrolliert sind. Ein wichtiger Aspekt dabei ist eine *zweiphasige Kontrolle* der ontogenetischen Prozesse. Die erste Phase umfasst die Entwicklung von der befruchteten Eizelle bzw. Zygote bis zum Erreichen der Körpergrundgestalt (so genanntes „phylotypisches Stadium“). In dieser Zeit wird die Entwicklung durch die epigenetische Kontrolle elterlicher cytoplasmatischer (in der Zelle befindlicher) Faktoren dominiert⁵, die im Gameten vorhanden sind, anfangs sogar ausschließlich. Bei manchen Tieren wird bis zur 13. Zellteilung die DNA noch gar nicht genutzt. Die genetische Information wird demnach in dieser ersten Phase der Ontogenese anfangs gar nicht oder kaum, dann zunehmend und schrittweise genutzt (135). Die elterlichen epigenetischen Faktoren sind zu Beginn des phylotypischen Stadiums schließlich „aufgebraucht“ und werden in der

zweiten Phase der Entwicklung durch die Aktivität der bis dahin gebildeten embryonalen ZNS-Strukturen abgelöst (62, 110, 149, 271). Die ontogenetische Entwicklung wird weiterhin allein epigenetisch gesteuert; die Gene dagegen steuern nicht. „No one has ever successfully demonstrated steps by which a gene or a number of genes, *per se*, lead to the formation of a morphological character“ (65). Die Idee, dass Gene morphologischen Strukturen entsprechen oder Information für ihre Entwicklung enthalten, ist nach Cabej unhaltbar (65).

Der Autor präsentiert zahlreiche Befunde als Belege dafür, dass die Entwicklung epigenetisch kontrolliert wird, wobei das ZNS eine zentrale Rolle spielt. Selbst epigenetische Veränderungen der DNA wie DNA-Methylierung oder Histon-Acetylierung gehen vom Nervensystem aus (72).⁶ Sie stehen unter der Kontrolle externer Faktoren und werden nicht in diesen Strukturen selbst erzeugt (75).⁷ Cabej schreibt: „Man kann nicht vernünftigerweise glauben, dass die Entwicklung eines Organismus von einer einzigen Zelle ausgehend zu den komplexen Strukturen eines ausgewachsenen Vielzeller-Organismus aus der Umsetzung eines genetischen Programms resultiert“ (68). Aus einer genzentrierten Sicht sei es unverständlich, wie von einem initialen Entwicklungsprogramm ausgehend verschiedene Programme entstehen, die in bis zu hunderten verschiedener Zelltypen operieren (68), und wie aus einer einzigen Zelle verschiedenste Zelltypen entstehen (128). Ein Zitat von MARUYAMA et al. macht deutlich, dass die Informationskaskade nicht beim Genom der Zellen beginnen kann: „Zelluläre Differenzierung ist ein fein abgestimmtes epigenetisches Programm, durch welches das Entwicklungspotential der Zelle zunehmend eingeschränkt wird“ (86).⁸ Es gebe keine Hinweise darauf, dass die genetische Information die Ordnung oder das Muster der räumlichen Anordnung verschiedener Zelltypen in Organen bestimmt (86).

Kapitel 4 widmet sich ökologischen Anpassungen und dem Phänomen der Plastizität. Damit ist die Fähigkeit der Organismen gemeint, ausgelöst durch Umweltreize individuelle Formänderungen vornehmen zu können, was offenkundig epigenetisch vermittelt wird, da sich dabei die Gene nicht ändern.

Epigenetik und Evolution – kritische Anmerkungen

Im 5. Kapitel werden evolutionstheoretische Aspekte behandelt. In der Überschrift angekündigt werden epigenetische Mechanismen der Evolution. Cabejs These lautet, dass die Zentralisierung des Nervensystems mit der Ausbildung eines voll entwickelten integrierten Kontrollsystems (ICS) die treibende Kraft für die Entstehung der Vielzeller-Baupläne und damit auch für die kambrische Explosion gewesen sei (269). Entsprechend bezeichnet er seine Evolutionstheorie als „*Kontrollsystem-Theorie der Evolution*“ (259ff.). Allerdings macht er keine Aussagen über *Mechanismen*. Vielmehr wird lediglich der Erwerb von Kontrollsystemen (s. o.) als entscheidende Vorausset-

zung für Evolution komplexer Vielzeller herausgestellt. Cabej benennt damit wichtige Voraussetzungen, die in einer Theorie über evolutionäre Mechanismen beachtet werden müssen, ohne jedoch eine solche Theorie auszuformulieren. „Multicellular organisms could not emerge until a control system for regulating and maintaining the multicellular structure in state of dynamic equilibrium would be ‚invented‘“ (259). Wie diese „Erfindung“ jedoch vonstattenging und wie sie im weiteren Verlauf verändert wurde, ist nicht Gegenstand der Ausführungen von Cabej. Er stellt nur fest, dass diese Mechanismen von Beginn des Kambriums an wirksam gewesen seien (283).

Kontrollsysteme brauchen alle oben genannten Eigenschaften *gleichzeitig*, sie machen nur im Verbund einen Sinn. Man könnte daher von nichtreduzierbarer Komplexität sprechen, denn weder Überwachung noch Vergleich mit Sollwerten noch Effektorsysteme zur (Wieder-)Herstellung des Sollzustandes machen für sich alleine biologisch Sinn. Dabei weist Cabej auch noch darauf hin, dass Kontrollsysteme auf verschiedenen Ebenen der Lebewesen erforderlich sind, auf der molekularen, der zellulären und der geweblichen Ebene, weiter auf der Ebene der Organe und der des gesamten Organismus – und die Kontrollsysteme der verschiedenen Ebenen stehen zudem miteinander in Wechselwirkung und müssen koordiniert werden (260).

Dass Vielzeller ohne Kontrollsysteme nicht auskommen, ist leicht nachvollziehbar. Doch dies hat – wie schon angedeutet – an sich mit einer evolutionären Entstehung und Weiterentwicklung nichts zu tun. Dasselbe gilt für die Entstehung des Zentralnervensystems. Cabej bringt im 3. Kapitel viele Indizien dafür, dass das ZNS der Controller darstellt. Es übernimmt während der Ontogenese ab dem sogenannten phylotypischen Stadium das Kommando als erstes ausgebildetes Organsystem (während bis dahin noch wirkende epigenetische Faktoren der Elternindividuen eine abnehmende Rolle in der embryonalen Formbildung spielen; s. o.). Cabej mutmaßt, dass die ontogenetische Abfolge auch die phylogenetische sein dürfte und bezeichnet diese Vorstellung als „*phylogenetischen Aktualismus*“ (272). Änderungen in der Ontogenese und evolutionäre Änderungen seien zwei Seiten derselben Münze; was die ontogenetische Entwicklung kontrolliert, kontrolliere auch Evolution (271). Diese Sicht erscheint jedoch sehr fragwürdig, sind doch die realen ontogenetischen und die hypothetischen phylogenetischen Vorgänge in ihren (realen bzw. hypothetischen) Abläufen und Ausgangssituationen sehr verschieden. Ontogenetische Systeme, die wir erforschen können, sind sozusagen eingespielt; man kann daraus nicht ohne Weiteres Schlüsse über die *Entstehung* dieser Systeme, also ihre erstmalige Etablierung ziehen. Ontogenetische Prozesse sind zudem zielorientiert, die hypothetischen, phylogenetischen Abläufe dagegen nicht – ein entscheidender Unterschied!

Cabej wendet sich gegen die Vorstellung, die Änderung oder Rekrutierung von (Regulations-)Genen für neue Aufgaben liefere eine Erklärung des evolutiven Wandels (dieser Ansatz wird unter dem Kürzel „Evo-Devo“ verfolgt, s. u.). In der Ontogenese ginge die Rekrutierung

von Genen bei Anpassungen an geänderte Umweltbedingungen (Plastizität) von chemischen Signalen des ZNS aus. In allen untersuchten Fällen sei die Rekrutierung von Genen oder Genprodukten unter neuraler Kontrolle (291). Dies wiederum legt Cabej als Modell für die Phylogenese zugrunde (289). „Federführend“ seien demnach nicht Rekrutierungen von Genen für neue, zusätzliche Aufgaben, sondern Vorgänge im ZNS.

Cabej hat zweifellos recht damit, die Kontrollvorgänge als top-down-Modelle zu beschreiben – vom ZNS bis zur DNA – und nicht umgekehrt als bottom-up – von der DNA ausgehend – wie im Neodarwinismus (260f.). Denn die DNA-Aktivität unterliegt epigenetischer Steuerung und nicht umgekehrt (261).⁹ Die bis zu 1 Billion Neuronen, die mit tausenden anderen verbunden sein können, ermöglichen – so Cabej – ein viel größeres Informationsreservoir als die DNA mit ihren (beim Menschen) „nur“ etwa 3 Milliarden Bausteinen (vgl. 68). Auch aufgrund dieser Tatsache sei nur eine top-town-Regulation denkbar.

Bevor Cabej seine Idee (mehr als das ist sie nicht) einer „Kontrollsystem-Theorie der Evolution“ vorstellt, befasst er sich mit der weithin als Standard akzeptierten Synthetischen Evolutionstheorie, deren Kernstück – das Wechselspiel von Mutation und Selektion – er für völlig unzulänglich hält, den makroevolutionären Wandel zu erklären; die Synthetische Theorie habe keine Erklärung für viele neuere biologische Entdeckungen: „In relation to evolutionary change, natural selection is a *post factum* action. ... No empirical evidence demonstrates that acquisition of a new gene or a change in a gene *per se*, not involving epigenetic factors, produces a morphological novelty. ... it [the paradigm] has not shown in any concrete case, the specific steps through which the genetic information is embodied in the animal morphology“ (247).¹⁰ Aber auch andere, neuere Evolutionstheorien hält Cabej für unzureichend, so die „Regulationshypothese“ (Evolution durch Änderungen in der Regulation von Genen; Evo-Devo), die Hypothese von Änderungen des Gen-Regulations-Netzwerks, den Punktualismus, die Hypothese von der Erleichterten Variation, die Entwicklungs-Plastizitäts-Hypothese und andere (249-259).

Zusammenfassung

Cabej sieht im Zentralnervensystem die entscheidende Instanz der Vielzeller, um die Evolution der Lebewesen zu verstehen. Die genetische Erbinformation betrachtet er dagegen als untergeordnet. Die starke Betonung der Wirksamkeit des ZNS mag einseitig sein; die Beachtung der Wirksamkeit des ZNS ist jedoch als eine der notwendigen Korrekturen der über Jahrzehnte vorherrschenden genzentrierten Sicht sowohl der Ontogenese als auch der hypothetischen Evolution. Zum eigentlichen Mechanismus evolutionärer Veränderungen oder gar der Entstehung evolutiver Neuheiten tragen Cabejs Ausführungen nichts bei. Wie manche andere Kritiker der vorherrschenden Synthetischen Evolutionstheorie (Neodarwinismus) zeigt Cabej zwar die Mängel auch neuerer Evolutions-

hypothesen auf, ohne jedoch eine eigene tragfähige und prüfbar Alternative zu präsentieren. Seine Ausführungen sind jedoch ein wichtiger Beitrag zu einem ganzheitlichen Verständnis, machen damit aber auch deutlich, dass die Hürden, eine evolutive Entstehung zu erklären, noch erheblich höher sind als sie nach dem Standardmodell der Synthetischen Theorie erscheinen. Sein Buch ist sehr lesenswert und verdient weite Beachtung.

Reinhard Junker

Literatur

JUNKER R (2011) Rezension: Epigenetic Principles of Evolution (Nelson Cabej). Stud. Int. J. 18, 116-120.

Anmerkungen

- 1 Z. B. kann Sonnen- oder andere Strahlung DNA direkt zerstören.
- 2 Näheres dazu S. 80: „Neither sunlight nor temperature can induce the expression of specific genes. Only manipulation of these environmental data in the nervous system provides them with meaning, translates them into semantic information, and makes them intelligible to the genes“ (81). „All major transduction pathways in metazoans are activated by extracellular signals such as hormones, growth factors, ECM proteins, and neurotransmitters, which in turn are neutrally regulated. The overwhelming majority of these signals are the final elements of signal cascades originating in the nervous system“ (84).
- 3 „There is absolutely no evidence, no hint, or even any hypothesis of a genome somehow controlling any systemic parameter in multicellulars“ (21).
- 4 Es geht noch weiter: „Since the normal development of the phenotype requires precise implementation of the program in time and space, the genome must also receive updated information on the implementation of a preceding step of the developmental program, release the relevant signal to implement the next step, and so on. Moreover, the genome has to restrict the effects of specific circulating inducers on the developing organ and block their effects on the rest of the animal body“ (67).
- 5 Deren Informationsquelle ist unklar (112).
- 6 „In a number of cases, histone acetylation and chromatin remodeling are induced directly by chemical signals released by nerve endings“ (75).
- 7 Ein Beispiel – vom Reiz bis zur DNA-Methylierung – wird auf S. 76 gezeigt.
- 8 Cabej weist auch darauf hin, dass die Anzahl der durch alternativen Spleißen entstehenden Proteine die Anzahl der Gene weit übertrifft. Auch das ist nur durch epigenetische Kontrolle möglich.
- 9 „The epigenetic top-down-model is supported by two fundamental biological phenomena: 1. Expression of housekeeping genes in animals is regulated by epigenetic signals from the cytoskeleton ... 2. Expression of systemic (nonhousekeeping) genes is controlled by extracellular signals, which ultimately originate in the CNS (nervous system)“ (261).
- 10 „Accumulation of a body of challenging evidence from various fields of biological study is exposing the inadequacy of the neoDarwinian paradigm to account for a number of important biological phenomena, such as the sudden emergence of new Bauplans in the highest Linnean ranks of phyla during the Cambrian explosion, transgenerational phenotypic plasticity, ‘genetic polymorphism’, sympatric speciation, induction of inherited changes without changes in genes, and transmission of learned behaviors of the offspring“ (247f.).

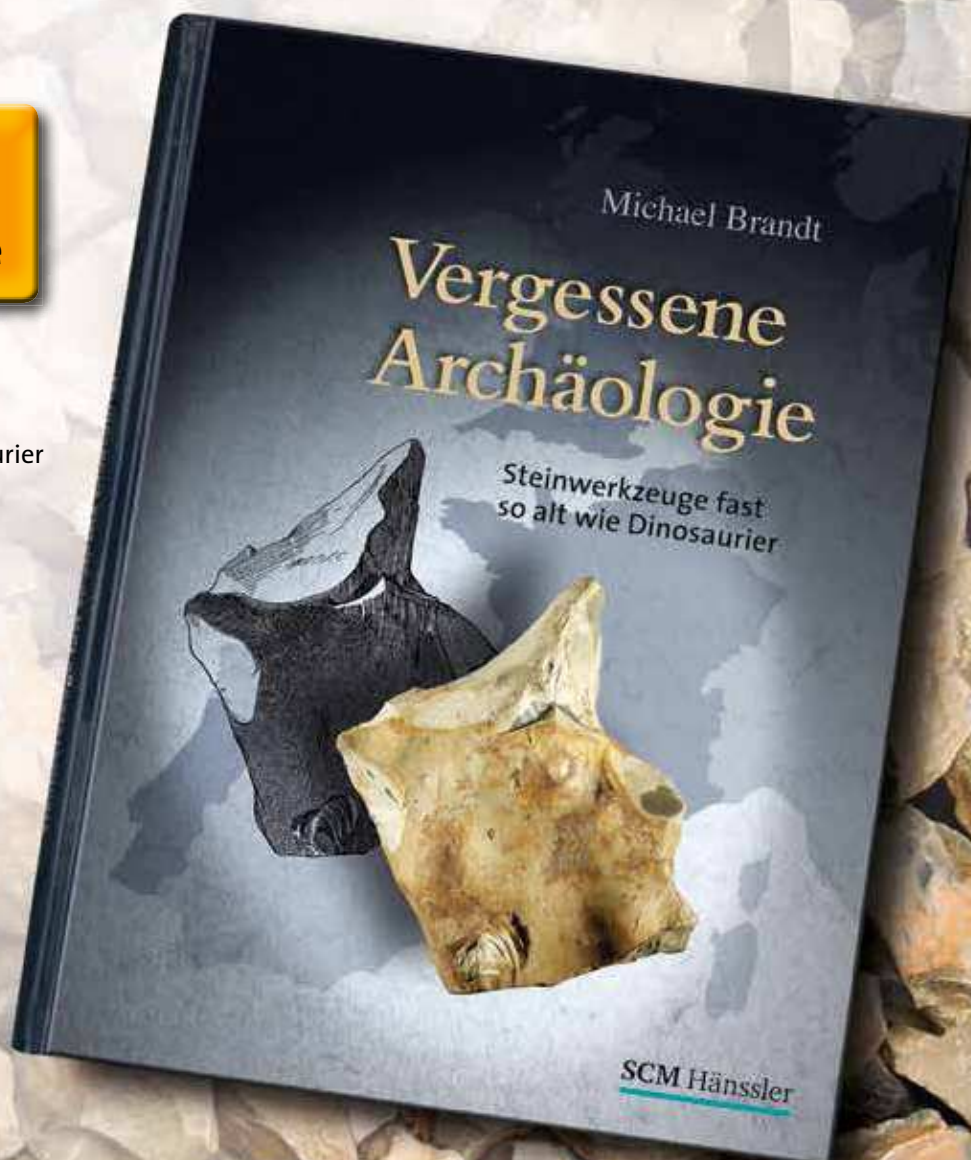
Steinwerkzeuge fast so alt wie Dinosaurier

Vergessene Archäologie

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

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

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



Erhältlich auch bei:

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

