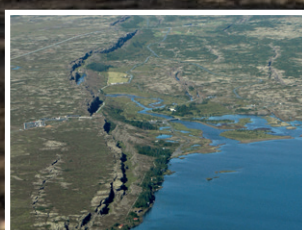


STUDIUM INTEGRALE

Entstehung der Säugetiere



Island: Eine Insel,
zwei Kontinente



Ursachen der
Domestikation



Vegetarischer
Fleischfresser

Ist die Welt aus sich selbst erklärbar?

Eine kritische Analyse des Naturalismus

Markus Widenmeyer:
Welt ohne Gott?
Eine kritische Analyse des Naturalismus
Holzgerlingen: SCM Hänssler, 2015
Hardcover, Format 16,5 x 24, 235 Seiten
ISBN 978-3-7751-5619-6
19,95 EUR [D] / 20,60 EUR [A] /
29,95 CHF

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



Nach der heute weit verbreiteten naturalistischen Weltsicht ist die Welt von selbst aus einem nicht-geistigen, nichtrationalen Zustand heraus entstanden und damit ohne Gott erklärbar. Diese Sichtweise gilt oft als Ausdruck wissenschaftlichen und aufgeklärten Denkens.

Eine gründliche Analyse zeigt jedoch etwas völlig anderes: In einer Welt, wie sie der Naturalismus zeichnet, wäre der Mensch lediglich das Produkt blinder, physikalischer Prozesse. Die Würde, Freiheit und Wahrheitsfähigkeit des Menschen würden genauso hinfällig wie eine objektive Moral. Ohne Wahrheitsfähigkeit ist aber Wissenschaft eine bloße Illusion. „Wahrheit“ und „Ethik“ werden zudem zwangsläufig zum Gegenstand politischer Deutungshoheit – eine willkommene Grundlage für moderne, totalitäre Systeme.

Außerdem bleiben die wesentlichen Merkmale der Welt im Rahmen des Naturalismus radikal unerklärt. Beispiele sind die hochgradige, mathematische Ordnung des Universums sowie Geist und Bewusstsein. Stattdessen muss der Naturalist von einer praktisch unbegrenzten, magisch anmutenden Schöpferkraft der Materie ausgehen – eine Vorstellung, die auffällige Parallelen zu heidnischen Mythen zeigt und die die entscheidende Voraussetzung für eine rationale Weltsicht ausblendet: Gott.

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**



Entwarnung: Die vulkanische Spalteneruption im Holuhraun-Gebiet in Zentralisland, die am 29. August 2014 begann, fand nach sechs Monaten am 27. Februar 2015 ein unspektakuläres Ende – der Vulkan ist einfach ausgebrannt. Zur gleichen Zeit nahm die seismische Aktivität am nahegelegenen Bárðarbunga-Vulkankomplex unterhalb des Vatnajökull-Eisschildes so stark ab, dass nunmehr Ende April vom zuständigen Isländischen Meteorologischen Dienst (IMO) eine Rückstufung auf „grün“ (normal; Skala der Flugsicherung) erfolgte. Das neuentstandene Lavafeld hat eine Ausdehnung von etwa 85 km². Verglichen mit dem Vulkanismus, der die Insel aufbaute, ist die gegenwärtige vulkanische Aktivität in Island extrem niedrig. Schließlich hat die isländische Plattform etwa eine Fläche von 300.000 km²

und eine Höhe von 2 bis 3 km.

Mit den geologischen Phänomenen in Island beschäftigt sich Michael KOTULLA. Im ersten Teil seines Beitrages „Island: eine Insel, zwei ‚Kontinente‘“ stellte er in der letzten Ausgabe von **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL** u.a. die geologische Einzigartigkeit Islands heraus: Eine über Island verlaufende vulkano-tektonisch aktive Zone, die als divergierende Plattengrenze definiert ist; die angenommene Drift aber führte nicht zu einer Spaltung der Insel. Daran anschließend geht es in dieser Ausgabe hauptsächlich um die Deutung geologischer Prozesse im Rahmen der vorherrschenden Hypothesen von Plattentektonik und Manteldiapirismus (Aufsteigen von Magma), insbesondere in Bezug auf ihre Dynamik und Zeitläufe. Thematisiert werden Dehnung der Kruste, Bewegung von Platten und Spreizungsraten, Flutbasalte und Ausmaß der Vulkantätigkeit, Bruchzonen mittelozeanischer Rücken und ihre Entstehung, magnetische Signaturen des Meeresbodens und die Bedeutung der Streifenmuster, Perioden geomagnetischer Polaritätswechsel und subduzierte Platten im Erdmantel. Es wird dargelegt, dass es zahlreiche Indizien für schnell ablaufende (geodynamische) Prozesse in der erdgeschichtlichen Vergangenheit gibt. Auch scheint es angezeigt, trotz aller Erkenntnisfortschritte, insbesondere die Plattentektonik weiterhin „nur“ als ein geotektonisches Konzept (Hypothese) zu verstehen.

Vor gut zehn Jahren schafften es Fossilien eines sehr kleinen Menschen mit ungewöhnlich geringem Gehirnvolumen in die Schlagzeilen der Wissenschafts-News. Auf der indonesischen Insel Flores waren Überreste einer ganz ungewöhnlichen menschlichen Zwergform entdeckt worden. Trotz sehr geringen Gehirnvolumens zeichneten sich diese „Hobbit-Menschen“ als intelligente Mitglieder der Gattung *Homo* aus, denn sie waren wahrscheinlich geschickte Jäger, beherrschten das Feuer und stellten Werkzeuge her. Der Zwergmensch, als *Homo floresiensis* benannt (siehe Bild oben), warf einige bis dahin gültige Vorstellungen über die Variabilität des Menschen über den Haufen, und in den folgenden Jahren gab es kontroverse Diskussionen über seinen Status. Einige Forscher waren allerdings der Meinung, dass die besonderen Merkmale des Flores-Menschen durch eine Krankheit bedingt seien. Im Jahr 2014 wurden zwei fundierte Arbeiten vorgelegt, nach denen es sich bei *Homo floresiensis* um eine kleinwüchsige *Homo sapiens*-Population mit einem am Down-Syndrom erkrankten Individuum handelt. Michael BRANDT erläutert die Gründe für diese Einschätzung und geht auf Kritik daran ein. Der Fall ist nicht endgültig entschieden, aber die Krankheits-Hypothese ist gut begründet und stellt eine ziemlich überraschende Wendung in der Deutungsgeschichte des „Hobbits“ dar.

Dass Deutungen fossiler Funde oft unsicher und revidierbar sind, zeigt Michael BRANDT auch an weiteren Beispielen aus der neueren paläontologischen Forschung über den Menschen und seine mutmaßlichen Vorfahren. In zwei Streiflichtern geht es dabei um die Deutung der Fußbeweglichkeit und um die Stärke bestimmter Muskeln im Beinbereich – wichtige Indizien für die Fortbewegungsweise (zweibeinig aufrecht oder nicht?). Die Fortbewegungsweise wiederum stellt ein zentrales Merkmal bei der evolutionstheoretisch motivierten Suche nach Übergangsformen zwischen Menschenaffen und Menschen dar, womit die Bedeutung dieser Befunde klar umrissen ist. In einem dritten Streiflicht zu diesem Themenkomplex geht es um ein fossiles Unterkieferbruchstück aus Äthiopien, das als ältester Beleg der Gattung *Homo* interpretiert wird. An dieser Hypothese gibt es berechnete Zweifel.

Die Deutung von Fossilfunden ist auch Thema eines Beitrags über die Entstehung der Säugetiere. Zu Beginn des Paläogens (Tertiärs) erscheint ziemlich abrupt eine Vielzahl von Säugetiergruppen im Fossilbericht. Nach klassischer Sicht soll das Aussterben der Dinosaurier Platz für die modernen Säuger geschaffen haben. Doch sowohl zahlreiche Fossilfunde als auch molekulare Daten sprechen mittlerweile für eine sehr viel frühere Entstehung der Säugetiere und weisen zudem systematisch einige Diskrepanzen auf. Henrik ULLRICH diskutiert die Konsequenzen der wachsenden Datenfülle für evolutionstheoretische Modellierungen und regt alternative nicht-evolutionäre Deutungen der Fossildokumentation an.

Auch zahlreiche weitere Themen aus der aktuellen Forschung versprechen eine spannende Lektüre.

■ IMPRESSUM

Herausgeber

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

Korrespondenzadresse

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

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

Die Vorstellungen über die Entstehung der
Säugetiere haben sich in den letzten Jahren
stark gewandelt, wie unser Beitrag ab S. 23
erläutert.

Bild: © 263oben (fotolia.com)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

M. Kotulla	Island: eine Insel, zwei „Kontinente“. 2. Geodynamische Phänomene und Zeit	4
R. Junker	Die kambrische Explosion der Lebewesen. 2. Ursachenforschung	16
H. Ullrich	Wann entstanden die modernen Säugetiere? Einsichten aus Fossilien, Molekülen und Datierungen	23

■ REZENSION

F. Hess	Unser Haushund – eine Spitzmaus im Wolfspelz? (W.-E. Lönning)	63
---------	--	----

■ LESERECHO

P. Klöckner	Landgänger unter den Fischen	52
-------------	------------------------------	----



■ KURZBEITRÄGE

M. Brandt	Flores-Mensch: Moderner <i>Homo sapiens</i> mit Down-Syndrom?	30
M. Noe	Warum die Feuerameisen im Kollektiv nicht untergehen	34
M. Noe	Kleiner Defekt – große Wirkung: Zähmtheit und Merkmale bei Haustieren	37
M. Kotulla	„Grand Canyon“ des Da'an Chi (Taiwan) – Erosion im Eiltempo	40
P. Imming	Schritte ungeplanter, ungerichteter Entstehung von DNA und RNA?	42

■ KOMMENTARE

R. Junker	Evolution von Komplexität über Fehlentwicklungen?	46
R. Junker	„Brauchen wir eine neue Evolutionstheorie?“	48

■ STREIFLICHTER

Abdominalknochen der Wale: Das Ende eines rudimentären Organs	53
Fliegen – mit Kupplung und Getriebe	54
Kurzflügler – hocheffiziente Flügel-Falttechnik	54
Afrikanische Pflanze geht in Sachen Bestäubung auf Nummer sicher	55
Fleischfressende Pflanzen mit vegetarischer Beikost	57
Viren können für ihre Wirte nützliche Wirkung haben	58
Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? Das Beispiel Fußbeweglichkeit und zweibeinige Fortbewegung	58
Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? Das Beispiel der Muskelstärke	59
Chemie im Kosmos – Moleküle für das Leben?	61
Bindeglied zwischen „Affenmensch“ und Mensch?	62

Island: eine Insel, zwei „Kontinente“

2. Geodynamische Phänomene und Zeit

Island ist Ausgangspunkt, den geodynamischen Erscheinungen (Vulkanismus, Erdbebenzonen, Graben- und Gebirgsbildung etc.) nachzuspüren, die im Wesentlichen durch das globale Konzept der Plattentektonik interpretiert werden. Von besonderem Interesse ist, ob und inwieweit aktuelle Beobachtungen auf die Vergangenheit übertragen werden können bzw. umgekehrt, wie sich die (interpretierte) Vergangenheit zur Gegenwart verhält. Bei allen Überlegungen und Deutungen geologischer Prozesse scheint die Zeit eine wesentliche Rolle zu spielen.

Michael Kotulla

Abb. 1 (oben) Island, größte vulkanische Insel der Erde. Satellitenaufnahme der NASA.

In Teil 1 (KOTULLA 2014c, nachfolgend auch T1) ist Islands geologische Einzigartigkeit herausgestellt worden: Die quer über Island verlaufende 50 bis 150 km breite vulkano-tektonisch aktive Zone (T1-Abb. 3) markiert im Konzept der Plattentektonik den Grenzbereich der nord-amerikanischen und eurasischen Platte (T1-Abb. 10). Die Deformationszone wird als Rift-Zone (Grabenbruch) verstanden, als festländischer Anteil des Mittelatlantischen Rückens, an welchem die Lithosphärenplatten durch auf- bzw. nachströmendes Mantelmaterial anwachsen und auseinanderdriften. Diese angenommene Drift führte allerdings nicht zu einer Spaltung Islands (Abb. 1). Ein exzessiver Hotspot-Vulkanismus, so die Vorstellung nach dem Konzept des Manteldiapirismus, hat die Nahtstelle permanent verkitet und darüber hinaus überhaupt erst den Auf-

bau der mehrere Kilometer dicken isländischen Plattform ermöglicht (T1-Abb. 2).

Bei der nachfolgenden vertiefenden Betrachtung und Diskussion einzelner tektonischer und vulkanischer Phänomene kann der Eindruck entstehen, es handle sich bei den oben genannten interpretativen Konzepten (Hypothesen) um Tatsachen. Das ist aber nicht der Fall; an geeigneter Stelle wird auf den Konzept-Charakter hingewiesen.

Krustendehnung in Island: Relativbewegungen der großen tektonischen Platten?

Die Spalten in den postglazialen Lavafeldern auf Island wurden erstmals in den 1930er-

Hinweis: Die Z-Verweise beziehen sich auf das Zusatzmaterial unter www.si-journal.de/jg21/heft2/island1.pdf (Teil 1) sowie www.si-journal.de/jg22/heft1/island2.pdf (Teil 2).

Jahren vermessen. Am eindrucksvollen, 5 km breiten Thingvellir-Graben (Abb. 2) wurde eine Dehnung der Erdoberfläche von 1,25 % (SCHWARZBACH 1964, 84) ermittelt und eine Dehnungsrate von 10–15 m/1000 [Warven-]¹ Jahre (TRYGGVASON 1982, nach BERNAUER 1943) geschätzt (entspricht 10–15 mm/[Warven-] Jahr).

Seit den 1990er-Jahren erlauben Hochpräzisions-Messungen mit GPS (Global Positioning System, Abb. 3) die Überprüfung von (Krusten-) Bewegungen im Millimeter-Bereich. Kontinuierliche GPS-Messungen (CGPS) in Island begannen 1995 mit der Einrichtung der Station REYK (Reykjavik, nordamerikanische Platte, Abb. Z-1) durch das Bundesamt für Kartographie und Geodäsie (BKG, zuvor IfAG); in 2004 waren insgesamt 18 permanente GPS-Stationen aktiv, wovon 14 dem (neuen, durch isländische Einrichtungen verantworteten) ISGPS-Netzwerk angehörten (GEIRSSON et al. 2006).

LAFEMINA et al. (2005) ermittelten auf dieser Grundlage für den Zeitraum 1994 bis 2003 in Summe (westliche und östliche vulkanische Zone; WVZ, EVZ) eine relative Spreizungs- bzw. Divergenzrate von ungefähr 18–20 mm/Jahr in Richtung der Plattenbewegung (102°O). Im Detail war zu beobachten, dass die Spreizungsrate in der WVZ von Nordosten nach Südwesten von ca. 2,6 mm/Jahr auf ca. 7,0

Mit Hochpräzisions-GPS wird in Island eine Krustendehnung von aktuell etwa 2 cm/Jahr gemessen.

mm/Jahr zunimmt, währenddessen die Rate in der EVZ von Nordosten nach Südwesten von ca. 19 mm/Jahr auf ca. 11 mm/Jahr abnimmt. Insgesamt sei die Aktivität in der EVZ deutlich höher. Für den Zeitraum 1999 bis 2008 gibt EINARSSON (2008), teilweise unter Bezugnahme auf GEIRSSON et al. (2006), für die Station HOFN (Höfn, eurasische Platte) im südöstlichen Island eine Relativbewegung zur Referenz-Station REYK von 22,4 mm/Jahr in Richtung 100°O an (T1-Abb. 10, rechte Pfeil).

Zur Rekonstruktion von Plattenbewegungen und ihrer Bewegungsraten in der Vergangenheit sowie Vorhersagen für die Zukunft sind Modelle entwickelt worden, u.a. MORVEL (DEMETTS et al. 2010), basierend auf NUVEL-1 und NUVEL-1A (DEMETTS et al. 1990, 1994), und REVEL (SELLA 2002).² NUVEL-1A basiert hauptsächlich auf mittelozeanischen Spreizungsraten, die durch die magnetische Anomalie 2A stratigraphisch fixiert und datiert sind (~3 Millionen [radiometrische] Jahre). REVEL gründet primär auf weltweit gewonnenen GPS-Daten der Jahre 1993 bis 2000, aus denen aktuelle Plattengeschwindigkeiten errechnet wurden.

Kompakt

Ausgehend von der geologischen Situation in Island werden einige geodynamische Erscheinungen im Rahmen der vorherrschenden Hypothesen von Plattentektonik und Manteldiapirismus in Bezug auf ihre Dynamik und Zeitläufe in der Vergangenheit näher betrachtet und alternativ interpretiert, u.a.:

Die isländische Plattform wurde hauptsächlich von lokalen Flutbasalten, wahrscheinlich in rascher Abfolge, gebildet. Demzufolge sind nicht nur die gemessenen geomagnetischen Polaritätswechsel rapide geschehen, sondern die jeweiligen Perioden einheitlicher Polarität müssen kurz gewesen sein.

Im oberen und unteren Mantel scheinen sich, tomographischen Bildern zufolge, zahlreiche Platten bzw. Plattenfragmente angesammelt zu haben; sie sind thermisch an ihre Umgebung (noch) nicht angepasst. Dies lässt eine kurze Verweildauer im Mantel vermuten und in Verbindung mit Autocrash-ähnlichen Kontinent-Kontinent-Kollisionen auf zeitweilig hohe Plattengeschwindigkeiten schließen.



Anhand des NUVEL-1A-Modells ermittelt EINARSSON (2008) auf Basis einer relativen Rotationsgeschwindigkeit von 0,21° pro 1 Million [radiometrischer] Jahre eine durchschnittliche Plattengeschwindigkeit für die kürzere geologische Vergangenheit Islands von 18,2 mm/[radiometrischem] Jahr. Des Weiteren weist er auf die Übereinstimmung mit den Ergebnissen von SELLA et al. (2002) hin; diese Autoren errechneten für die West-Ost-Komponente der GPS-Stationen REYK und HOFN ca. 22,8 mm/Jahr (ihre Table 1). EINARSSON (2008, 38)

Abb. 2 Westliche Grabenbruchzone des Thingvellir-Grabens, 40 km NO Reykjavik. Verwerfung mit Spaltensystem und abgesunkenem Ostflügel; die spektakuläre Hauptspalte, die Allmännerschluft, entfaltet ihre Dimension erst aus der Vogelperspektive. Mit Thingvallavatn-See, im Hintergrund Armannsfell sowie das Inlandeis des Langjökull; Foto: F. SCHINDLER (freundliche Zurverfügungstellung).

stellt fest, dass die Geschwindigkeit der Platten auf Zeitskalen, die von einigen Jahren bis einige Millionen [radiometrische] Jahre reicht, übereinstimmend ist.³

Die Uniformität der Plattengeschwindigkeit, die Übereinstimmung aktuell ermittelter und für die Vergangenheit errechneter [radiometrischer] Spreizungsraten, wird nicht nur als eine Bestätigung der Theorie der Plattentektonik, sondern auch als Bestätigung der Gültigkeit einer geologischen (Lang-) Zeit angesehen. Zur weiteren Erhärtung von Bewegungen der aktuell definierten Lithosphärenplatten gilt es insbesondere, kontinuierliche Messungen für weitere Jahrzehnte fortzusetzen und den Effekt über mehrere Tausend Kilometer genau zu ermitteln, beispielsweise vom Westrand der eurasischen Platte (Station HOFN) zu ihrem Ostrand in Russland.

Theorie der Plattentektonik: Eine uniformitaristische Betrachtungsweise

Die Theorie der Plattentektonik – so AGER (1975, 28–29) – hat die Geologie revolutioniert; er schreibt von einer zweiten aufregenden „heroischen Ära“ der Geologie, die in den 1960er-Jahren begann. „Wir sind erstmals in der glücklichen Lage, eine generelle Theorie der Geologie zu besitzen, zu welcher alles andere in Beziehung gesetzt werden muss.“ Im Anfang der Geologie seien die ersten Anhaltspunkte zum Verständnis der Erde von der Doktrin des Uniformitarismus zur Verfügung gestellt worden – in Kurzform: „Die Gegenwart ist der Schlüssel zur Vergangenheit.“ Diese Doktrin lieferte die grundlegende Philosophie, die es den Geowissenschaftlern ermöglichte, die geologische Geschichte unseres Planeten auszuarbeiten.

Abb. 3 GPS-Station auf dem Vikhraun-Lavafeld (Eruption von 1961) im Nordteil der Askja-Caldera, Zentralisland. Foto: M. KOTULLA.



Zur ‚neuen‘ Geologie schreibt AGER weiter: „Nun gebrauchen wir in der ‚neuen‘ Geologie weiterhin die uniformitaristische Betrachtungsweise, aber wir wenden sie nicht nur auf die Phänomene der Oberfläche wie Sedimentation und Erosion an, sondern auch auf die internen Prozesse, die im Inneren der Erde vorgehen und die wir aufspüren.“ Mit anderen Worten: das plattentektonische Konzept mit seiner (extrem mobilistischen*) Geodynamik* wurde von Anfang an in die uniformitaristische Doktrin und in den Altersrahmen der Langzeit-Skala eingepreßt.

Was zählt? Intensität oder Zeit?

Eine uniformitaristische Betrachtungsweise wird den Befunden allerdings nicht gerecht. Die in allen Facetten heute zu beobachtenden Geoprozesse sind verglichen mit der Vorzeit extrem niedrig-dynamisch und lokal begrenzt. Für die Plattentektonik beschreibt es FRANKE so (2000, 30): „Die einzelnen Platten, aus denen sich die Kontinente zusammensetzen, sind größtenteils zur Ruhe gekommen, so dass die Plattenbewegungen innerhalb der heutigen Kontinente meist vollständig erloschen sind.“ Zur Natur der stratigraphischen Überlieferung legt AGER (1993, 70) dar, dass die Sedimentation in der Vergangenheit sehr oft rasch und sehr unregelmäßig gewesen sei (also nicht ausnahmsweise, sondern quasi im Regelfall); zum Uniformitarismus bekennt er⁴ (vgl. oben): „(...) wir haben uns erlaubt, uns einer Gehirnwäsche zu unterziehen, einer Vermeidung jeglicher Interpretation der Vergangenheit, die Extreme involviert und die als ‚katastrophisch‘ bezeichnet werden können“ (siehe auch KOTULLA 2014a, 2–21).

In unserer vergleichsweise (geologisch) ruhigen Gegenwart werden vereinzelt auch stärkere Aktivitäten beobachtet. Die Rifting-Episode des Krafla-Feuers (1975–1984) in Nordisland (siehe Teil 1) verursachte eine horizontale Dehnung der Oberfläche von bis zu 9 m (ÁRNADÓTTIR et al. 2008). Die durchschnittliche Weitung von 5 m entspricht bezogen auf die Dauer von 10 Jahren einem Faktor von 25 gegenüber der aktuellen Spreizungsrate von 2 cm/Jahr.

Das folgenschwere Tohoku-Erdbeben (11. März 2011, $M = 9,0$) bewirkte tiefgreifende und rasche Veränderungen im nahegelegenen Japan-Graben, der den konvergenten Grenzbeereich der Pazifischen Platte (Osten, abtauchend) zur Ochotsk-Platte (Westen, mit Teilen des japanischen Vulkanbogens) markiert: 1. Eine Deformation des frontalen Keils am Ostrand der westlichen, oberen Platte mit einer horizontalen Meeresboden-Verlagerung >50 m und einer angenommenen relativen Verschiebung der Schollen zueinander um etwa 80 m entlang der



flach geneigten Plattengrenze (ITO et al. 2011). 2. Eine Verschiebung der oberflächennahen Grenze der Platten um zwei bis drei Kilometer nach Osten (STRASSER et al. 2013; siehe auch KOTULLA 2013). Wird die horizontale Verlagerung von 50 m (in max. 30 Minuten) zur aktuellen Plattengeschwindigkeit von 9,2 cm/Jahr in Beziehung gesetzt, ergibt sich eine etwa um den Faktor 10^7 höhere Rate. Zur Verschiebung der oberflächennahen Grenze äußerte sich Gerold WEFER, Co-Autor, in MARUM.de: „Als Geowissenschaftler sind wir es gewohnt, in sehr langen Zeiträumen von Jahrhunderttausenden oder gar -millionen zu denken.“ Und weiter: „Diese Expeditionen haben uns gezeigt, dass Plattengrenzen bisweilen auch von plötzlichen Ereignissen in Sekunden oder Minuten tiefgreifend verändert werden können.“

Islands älterer Vulkanismus: Ein Meer von Flutbasalten

Wird der rezente Vulkanismus in Island (Teil 1) mit dem älteren, neogenen Vulkanismus verglichen, zeigen sich deutliche Unterschiede in der Ausbildung und insbesondere in der Intensität. An der Ostküste beispielsweise können zur Inselmitte einfallende ($4-7^\circ$) miozäne Lavastapel (Abb. 4) bis zu einer Mächtigkeit von >3 km (KRISTJANSSON et al. 1995) zusammengesetzt werden.

Die kürzlich von ÓSKARSSON & RIISHUUS (2013) untersuchten Basalt-Einheiten, die Hólmar- und die mittelbar überlagernde Grjóta-Gruppe, erstrecken sich in Nord-Süd-Richtung über >80 bzw. >50 km und umfassen im Durchschnitt etwa 20 bzw. 40 Lavaströme mit Dicken von <2 bis >30 m bei einer Gesamtmächtigkeit von jeweils bis zu 250 m. Einzelne Ströme erreichen eine Länge von bis zu 20 km. Es dominieren spalteninduzierte basaltische Lavaergüsse, die, verglichen mit den extrem mächtigen Ergüssen von Flutbasaltprovinzen (z.B. Columbia River

Plateau), aufgrund ihrer Architektur und ihrer Struktur (und der daraus entwickelten Genese) zu den Flutbasalten gezählt werden müssen, jedoch insgesamt von kleinerer Dimension sind. Flutbasalte zeichnen sich durch hohe Effusionsraten, geringe Viskosität und extrem rasche Ausbreitung über Zehner und Hunderte Kilometer aus; ihre Ergüsse sind Ereignisse sehr kurzer Dauer.

Die reine Bildungszeit der ca. 60 Lavaströme mit einem Gesamtvolumen von etwa 200 km^3 schätzen ÓSKARSSON & RIISHUUS unter Annahme einer (moderaten) Effusionsrate* von $10^3 \text{ m}^3/\text{s}$ auf etwa 7 Jahre (ihre Table 5); für die Initialphase jeder Eruption gehen sie aber von einer um eine Größenordnung höheren Effusionsrate aus. Auch wissen sie um den Umstand, dass Distanzen von 20 km bei einer moderat großen Eruption innerhalb von Stunden oder Tagen erzielt werden können. Die Zeitperiode

Abb. 4 Abfolge miozäner Flutbasalte im äußersten Osten Islands, Höhe 500-700 m; Küstenabschnitt nördlich Djúpivogur. Die Deckenergüsse mit Dicken im Meter- und Zehnermeter-Bereich halten hier über mehrere Kilometer aus und haben vermessene Reichweiten von bis >80 km. Foto: M. KOTULLA.

Glossar

Chron: Grundeinheit der → Polaritätszeitskala.

Corioliskraft: In einem rotierenden Bezugssystem (z.B. Erde) auf einen sich bewegenden Körper einwirkende Trägheitskraft; die Erdrotation bewirkt eine Ablenkung von bewegten Massen, z.B. Luft und Wasser.

Curie-Temperatur: Temperatur, unterhalb welcher ein Mineral magnetische Eigenschaften annimmt; für Magnetit 578°C .
Effusionsrate: Ausfließen (Ausgießen) von Lava (z.B. aus Krater oder Spalte) gemessen in m^3/s oder km^3/s .

Eötvös-Kraft: Vertikale Komponente der → Corioliskraft.

Geodynamik: Kräfte, Bewegungen und Veränderungen, denen die Erde insbesondere an der Oberfläche ausgesetzt ist.

Mobilistisch, Mobilismus: Beweglich; Anschauung, die Bewegungen von

Krusten- oder Lithosphärenteilern über den Untergrund vorsieht (z.B. Platten-tektonik); Gegensatz: Fixismus.

Polaritätszeitskala: Abstrahierte Skala, die in Gesteinen „aufgezeichnete“ magnetische Richtungsschwankungen (Anomalien), geomagnetische Polaritätsänderungen in ihrer Nacheinanderfolge ausweist; durch radiometrische Eichung der Folge entsteht die Geomagnetische Polaritätszeitskala. Grundeinheit der Skala ist das → Chron, ein definierter Zeitabschnitt einheitlicher Polarität.

Subduktion: Im Kontext des Konzeptes der Plattentektonik das Ab- oder Unterführen von Lithosphärenteilern in die Tiefe des Oberen Mantels.

Westwärtsdrift: Angenommene Westdrift der Lithosphäre, die auf eine angenommene Verlangsamung der Erdrotation zurückgeführt wird.

Abb. 5 Hengifoss, 118 m hoher Wasserfall mit scharfer Fallkante in hufeisenförmigen Kessel. Die Abfolge besteht aus mio-pliozänen Flutbasalten mit eingeschalteten Rotschichten (weiße Pfeile). Etwa 30 km SO Egilsstaðir, Ostisland; Foto: M. KOTULLA.



zwischen den Eruptionen allerdings errechnen sie aus der radiometrisch vorgegebenen Zeitspanne von $220\,000 \pm 190\,000$ [radiometrischen] Jahren und ermitteln auf Basis von insgesamt 72 Lavaströmen (deren Bildungszeit vernachlässigend) eine durchschnittliche Eruptionspause von gerundet 400 – 5 700 bzw. $3100 \pm 2\,600$ [radiometrische] Jahre.

Gleichermaßen hatten KRISTJANSSON et al. (1995) zuvor aus einer vorgegebenen Zeitspanne von etwa 3 Millionen [radiometrischen] Jahren, ebenfalls unter Zugrundelegung einer Vernachlässigung der Bildungszeit der Laven, Eruptionspausen in der Größenordnung von 10 000 [radiometrischen] Jahren ermittelt. Ihre zusammengesetzten, >3 km mächtigen Profile aus der Umgebung der Fjorde Mjóifjörður und Seyðisfjörður bestehen aus bis zu 240 Ergusseinheiten mit teilweise zwischenliegendem „rötlichem äolischem Sediment“ (s.u.); innerhalb der Abfolgen werden mindestens 19 geomagnetische Polaritätswechsel gemessen und einem konkreten Abschnitt der Polaritätszeitskala* (Chrono* C5ABn bis C5n.2n) zugewiesen (aktuelle Skala siehe GRADSTEIN et al. 2012, 950).

Im Kontext einer in der Vergangenheit extrem erhöhten Krustenproduktion (Teil 1) scheinen die Effusionsraten sehr moderat gewählt (ÓSKARSSON & RÍSHUUS 2013) und die in beiden Artikeln angegebenen Eruptionspausen unplausibel; gerade die (vermeintlichen) Eruptionspausen sind im Verhältnis eher als zu vernachlässigen zu betrachten. Demzufolge wären nicht nur die Polaritätswechsel (KRISTJANSSON et al. 1995)

selbst kurzzeitige Ereignisse, auch die jeweiligen Perioden einheitlicher Polarität wären nur von sehr kurzer Dauer gewesen.

Die Rotschichten

Rote, den Lavaströmen teilweise zwischengeschaltete Lagen (Abb. 5) bzw. ihre Oberflächen wurden bisher als Indizien für längere Eruptionsunterbrechungen interpretiert, u.a. weil ihnen eine intensive Verwitterung und Bodenbildung zugesprochen wurde.

Die bereits oben erwähnten Lavaströme der Hólmar- und der Grjóta-Gruppe zeigen einen rötlich gebrannten Horizont, der von dünnen Rotschichten und ab und zu von dickeren Tuffablagerungen überdeckt ist. Die Rotschichten sind Vulkanoklastika, die eine Dicke von 1 cm bis etwa 2 m erreichen können, üblicherweise aber im Bereich von 5–10 cm liegen. Die Tuffschichten können bis über 30 m mächtig werden.

Bei den Flutbasalten in Island kann hauptsächlich von raschen Ergussfolgen ohne längere Unterbrechungen ausgegangen werden.

Die Rotschichten liegen unabhängig von ihren Dicken gut erhaltenen Lavaström-Oberflächen auf, ohne jeglichen graduellen Übergang; so ist evident, dass sie nicht durch Verwitterung der Lavakrusten entstanden sein können. ÓSKARSSON

& RIISHUUS (2013) interpretieren sie als direkte Ablagerungen basaltischer Tuffe oder als äolisch remobilisierten vulkanischen Staub. Die Zunahme der Dicke der Rotschichten in der Umgebung von Zentralvulkanen unterstützt zusätzlich die Vorstellung, dass die Ablagerung bzw. Remobilisierung vulkanoklastischen Materials auf diese Gebiete konzentriert war. Eine Rotschicht war sogar mit der Kruste eines sich überrollenden Lavaflusses verfalet; dies legt eine gleichzeitige Bildung nahe.

Aus der Vollständigkeit der internen Struktur der Lavaströme am Top, dem Fehlen einer Verwitterung und der hohen direkten Kontakttrate von Lavastrom zu Lavastrom (30–50 %) schließen ÓSKARSSON & RIISHUUS auf eine kurze Zeitperiode zwischen den Eruptionen.⁵ Diese Beobachtung und Schlussfolgerung gilt es für andere Lokalitäten zu prüfen und ggf. zu übertragen. Dass Rotschichten mit längeren Eruptionsunterbrechungen gleichzusetzen sind, ist nach diesen Befunden nicht gegeben. Es scheint vielmehr der Fall vorzuliegen, dass die Oberflächenphänomene bisher fehlinterpretiert wurden.

Mittelozeanische Rücken: Rätselhafte Frakturzonen

Die ozeanischen Rücken unterschiedlicher Ausprägung nehmen etwa ein Drittel der Fläche der Tiefsee ein. Die langgestreckten, zusammenhängenden Erhebungen (Schwellen) überragen die Tiefseebecken deutlich; ihre Kammregionen bestehen aus einem 20 bis 50 Kilometer breiten, teilweise seismisch aktiven Zentral- bzw. Scheitelgraben von 1000 bis 3000 m Tiefe. Untergeordnet sind auch Horst-Strukturen ausgebildet

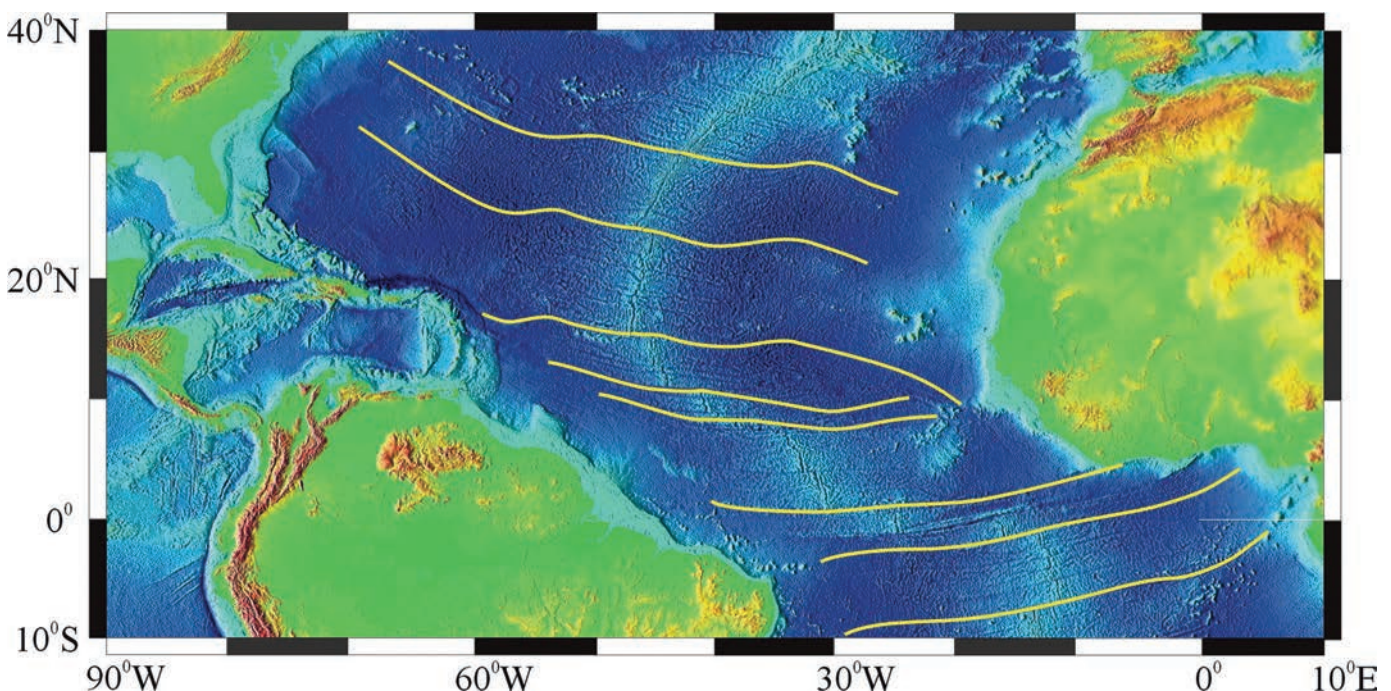
(ostpazifischer Rücken z.T., Reykjanes-Rücken). In unregelmäßigen Abständen werden die Rücken von etwa rechtwinklig zur Kammregion verlaufenden Querelementen unterbrochen, die die Schwellen in zahlreiche (vermeintlich) gegeneinander versetzte Teilstücke gliedern.

Die Querelemente werden als Fraktur- oder Bruchzonen (fracture zone) bezeichnet. Sie werden als Transformstörungen interpretiert (transform faults, WILSON 1965), „Umformungsverwerfungen“, mit einer entgegengesetzten Bewegungsrichtung wie bei normalen Horizontalverschiebungen (FRISCH & LOESCHKE schreiben von einer „Theorie der Transformstörung“). Die Interpretation allerdings ist umstritten. Bei den Frakturzonen Islands (Tjörnes Fracture Zone, TFZ, im Norden und die Südisländische Seismische Zone, SISZ, auch Reykjanes Fracture Zone, im Süden; siehe Teil 1) handelt es sich jedenfalls nicht um Blattverschiebungen; ein erkennbarer Versatz geologischer Baueinheiten ist hier nicht festzustellen.

Katastrophische Entstehung der Frakturzonen?

FRIEDRICH & LEDUC (2004) haben anhand einer Stichprobe von 214 Frakturzonen ihre Geometrie beschrieben und ausgewertet. Der Großteil (etwa 90 %) folgt einem gleichen geometrischen Verhalten, welches sie einfach als Kurven-Muster („curve pattern“) bezeichnen: Ausgehend von einem festgelegten Startpunkt (Achse des mittelozeanischen Rückens) zeigen die Frakturzonen (Verlauf jeweils nach rechts zu ihrem Endpunkt, beim Mittelatlantischen Rücken östlich) der nördlichen Hemisphäre in der Regel eine erste

Abb. 6 Kurvenförmige Frakturzonen im Atlantik, Nachzeichnungen in Gelb. Westlich des afrikanischen Festlandes, bei etwa 10° N, stoßen die Zonen aufeinander. Grafik: FRIEDRICH & LEDUC (2004, ihre Abb. 3, hier in Farbe), freundliche Zurverfügungstellung G. LEDUC; Basis: Reliefkarte der NOAA (NGDC)⁶.



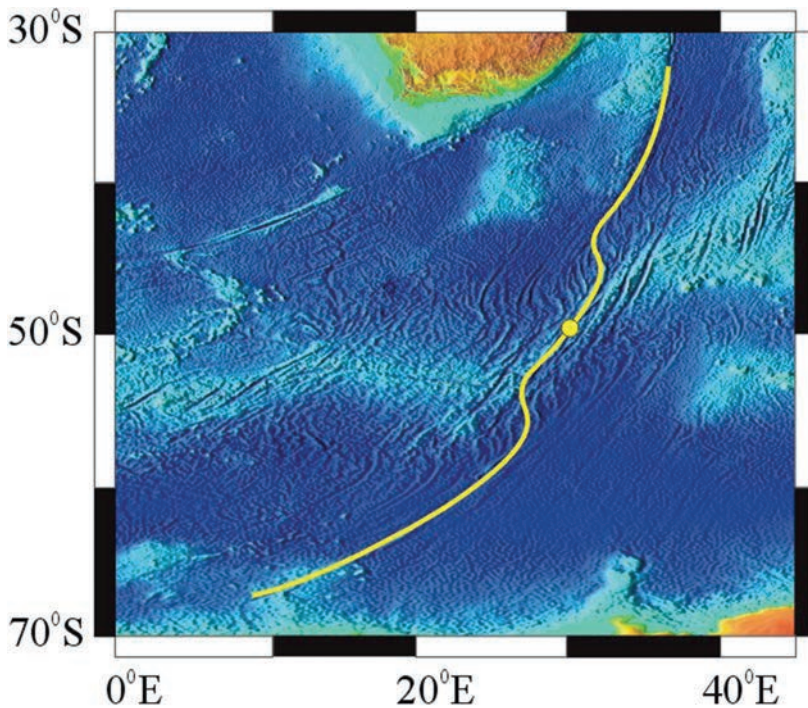


Abb. 7 Kurvenförmige Frakturzonen am Atlantisch-Indischen Rücken, eine Nachzeichnung in Gelb. Grafik: FRIEDRICH & LEDUC (2004, ihre Abb. 4, hier in Farbe), freundliche Zurverfügungstellung G. LEDUC; Basis: Reliefkarte der NOAA (NGDC)⁶.

rechtsgeneigte Kurve, die der südlichen Hemisphäre dagegen in der Regel eine erste linksgeneigte Kurve (siehe Abb. 6 und 7). Hat eine Frakturzone mehr als eine Kurve, verhält sich die 2. Kurve jeweils invers zur ersten. Ausnahmen zu dem hemisphärisch-spiegelbildlichen Verhalten sind vorwiegend in einem Breitenbereich von $\pm 10^\circ$ zum Äquator anzutreffen; ein Anomalie-Typ ist ein Aufeinander-Zulaufen von Frakturzonen (Abb. 6).

Es scheint, als hätten die Frakturzonen bei ihrer Entstehung der Corioliskraft gehorcht.

Die Autoren stellen sich die Frage, welche Kräfte die Entstehung dieses regelhaften Kurven-Musters bewirkt haben könnten. Sie schließen die lokalen Primärkräfte des plattentektonischen Konzeptes wie Plattenzug („slab pull“) und Plattenschub („ridge push“) aus und lenken die Aufmerksamkeit auf global wirksame Kräfte wie Westwärtsdrift* und Eötvös-Kraft*. Erstere erachten sie als alleinwirksame Kraft aber als zu schwach; GASPERINI (1993) habe aber unter gewissen Voraussetzungen für das Paläozoikum und Mesozoikum demonstriert, dass beide Kräfte einen Einfluss auf die Konfiguration der Kontinente gehabt haben könnten.

Werden diese Vorstellungen weiter entwickelt, scheint es, als hätten die Frakturzonen bei ihrer Entstehung der Corioliskraft* gehorcht. Demnach hätten sich die Frakturen im Körper wie Körper selbst verhalten; sie wären mit hoher Geschwindigkeit und möglicherweise gleichzeitig entstanden, davon zeugt ihre Ablenkung, ihr kurvenförmiger („curvilinear“) Verlauf.

Auch FRIEDRICH & LEDUC (2004) äußern die Vermutung, dass das spiegelbildliche Kurven-Muster gesamthaft entstanden und zu einem globalen Ereignis im Känozoikum in Beziehung gesetzt werden könnte.⁷

Des Weiteren ist festzuhalten, dass einige Frakturzonen, insbesondere am Äquator (z.B. St. Paul, Romanche, Chain), eine Fortsetzung in Lineamenten der Festlandsschollen (Südamerika, Afrika) erfahren, die teilweise präkambrischen Alters sind; strukturgeologisch sind also „neu“ und „alt“ miteinander verwoben. Der genetische Zusammenhang allerdings ist unklar.

Magnetische Signaturen des Meeresbodens

Die magnetische Vermessung des Untergrundes der Ozeane erfolgt mit Magnetometern im Schlepptau von Schiffen (Seemagnetik) oder aus der Luft (Aeromagnetik). Die ausgewiesene magnetische Anomalie ergibt sich aus der gemessenen Totalintensität abzüglich eines Referenzfeldes. Die magnetische Anomaliesignatur über den ozeanischen Rücken ist häufig auffällig streifenförmig; die Streifen verlaufen parallelsymmetrisch zur Achse der Rücken.

VINE & MATTHEWS (1963) hatten diese Streifenmuster mit Ideen einer Ozeanboden-Spreizung („Sea Floor Spreading“) in Verbindung gebracht und als Aufzeichnung und Überlieferung der Polaritätswechsel des irdischen Magnetfeldes mit der Zeit interpretiert. „Demnach, wenn Spreizung des Ozeanbodens geschieht“, so die Autoren, „würden Schollen von normal und revers wechselnden, magnetisierten Materials vom Zentrum der Rücken und parallel zu ihrem Scheitel wegdriften.“ Infolgedessen ist das jüngste Material im Zentrum, das älteste Material am äußersten Rand anzutreffen. Das häufig dargestellte Streifenmuster des Reykjanes-Rücken südwestlich Islands basiert auf aeromagnetischen Messungen (HEIRTZLER et al. 1966).

In der Folge hatten HEIRTZLER et al. (1968) unter Zugrundelegung einer Korrelation der Muster der magnetischen Anomalien (Pazifik, Atlantik, Indik) erstmals eine geomagnetische Zeitskala aufgestellt und den Versuch unternommen, ihre absoluten Alter über paläontologische und paläomagnetische (d.h. radiometrisch geeichte) Ereignisse zu bestimmen (aktuelle Polaritätszeitskala siehe GRADSTEIN et al. 2012).

Nach FRISCH & MESCHEDÉ (2011, 17) war es „die Auffindung dieser zu den ozeanischen Rücken symmetrischen Streifenmuster, die Anfang der 1960er-Jahre den Beweis für die Bildung und das Auseinanderdriften ozeanischer Kruste brachte und damit den Grundstein für das Konzept der Plattentektonik legte.“

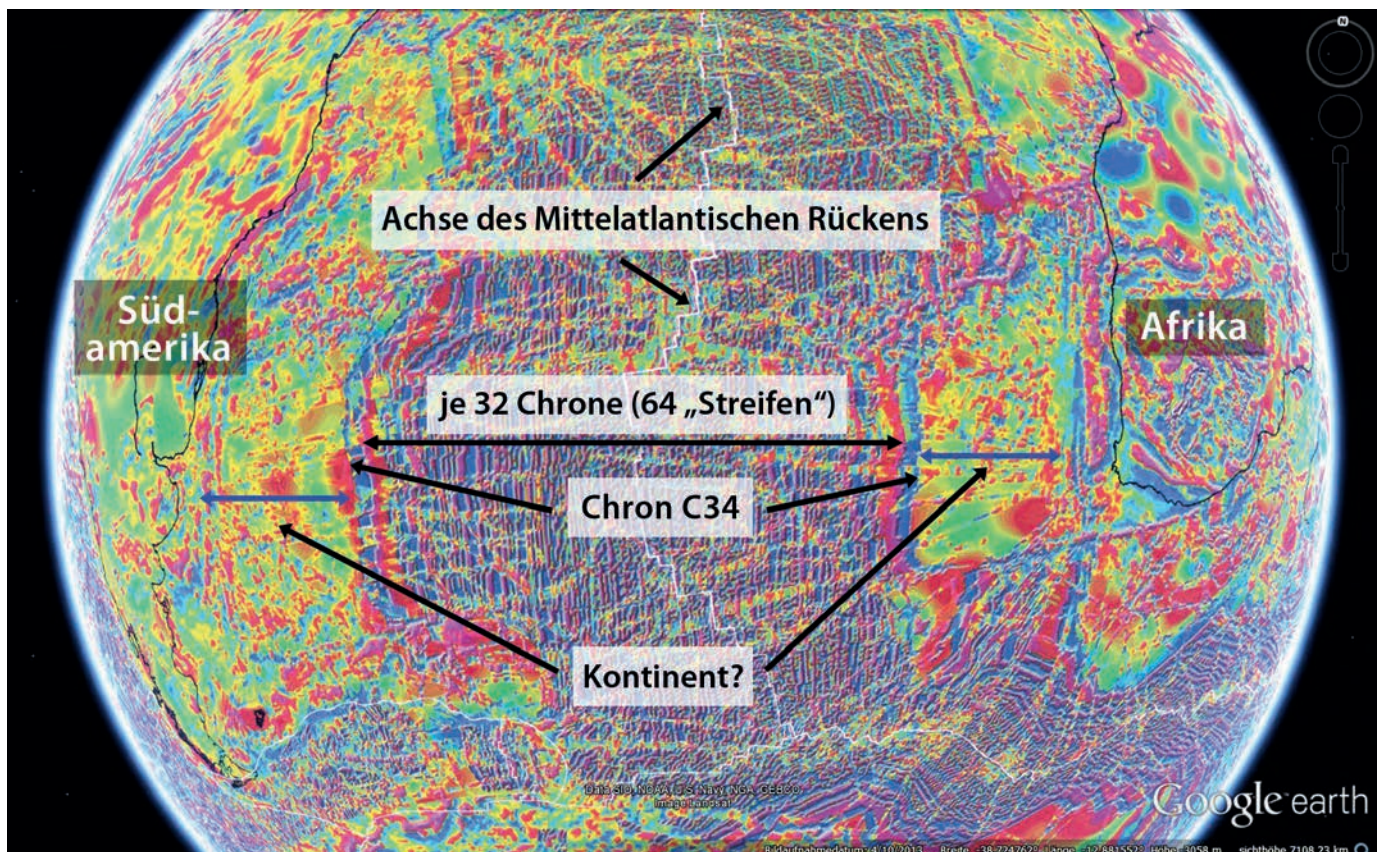
Kontinent unter den Ozeanen? Ein bisschen weniger Plattentektonik?

JAMES (2010) unterscheidet auf der magnetischen Anomaliekarte (Magnetic Anomaly Map, KORHONEN et al. 2007) zwischen zwei unterschiedlichen magnetischen Signaturen, einer „kontinentalen“ und einer „stark gestreiften“ (s.o.). Der Kartenausschnitt der südlichen Hemisphäre zwischen Südamerika und Afrika (Abb. 8) weist für den Atlantik die höchste Anzahl magnetischer Streifen beidseits des Atlantischen Rückens aus (weiße Linie markiert die Achse). Auf Grundlage eines einzigen südatlantischen Messprofils (und unter Einbeziehung einzelner Daten pazifischer und indischer Profile) ist von CANDE & KENT (1992, 1995) ein synthetisches südatlantisches magnetisches Anomaliemodell mit 33 definierten Chronen (C-Serie, C1–C34; Chron 14 entfällt) für den stratigraphischen Abschnitt von der Campanium-Stufe (Oberkreide, die Basis bildet die Grenze C33 zu C34; ca. 84 Mio. [radiometrische] Jahre) bis heute erstellt worden. Die N-S-gerichtete Streifenzone endet in W-O-Orientierung etwa auf halber Strecke beidseits in Richtung der Kontinente. Angrenzend beginnt eine magnetische Signatur, die der der Kontinente gleicht. Diese Beobachtung veranlasst JAMES – neben weiteren Indizien⁸ – für diese untermeerischen Krustenteile auch kontinentale bzw. (Kontinent-) Kruste anzunehmen, im Gegensatz zur plattentektonischen Interpretation einer ozeanischen Kruste. Wird

der mittlere Teil mit der Streifen-Signatur (siehe Fig. 4) entfernt, verringert sich die Distanz zwischen Südamerika und Afrika etwa um die Hälfte. Das verbleibende „Dazwischen“ wären die (ursprünglichen) kontinentalen Krustenbereiche, die wahrscheinlich ab bzw. im Eozän einer gewaltigen und raschen Absenkung unterworfen waren. Nach diesem Szenario wäre das „anomale“ C34–(Super)–Chron (den kretazischen Stufen Aptium bis Santonium zugewiesen), das bislang als eine lange geomagnetische Ruheperiode interpretiert wird (40 Mio. [radiometrische] Jahre), fiktiv. Es existierte nicht, es fehlte schlichtweg die geologische Überlieferung, denn die submarine Kruste wäre kontinentaler und nicht ozeanischer Natur.

Ist JAMES' Rekonstruktion korrekt, würde sich die Spreizungsdistanz – aufgrund der größeren Ausdehnung der Kontinente, hier Südamerika und Afrika – um etwa die Hälfte verringern. Darüber hinaus hätte sie wichtige Implikationen für Paläogeographie, Paläoozeanographie sowie die Verteilung von Flora und Fauna. Zur weiteren Erhärtung und Überprüfung wären u. a. Tiefbohrungen in der Tiefsee notwendig; bis zu einer Wassertiefe von 4000 m sind sie bereits technisch möglich. JAMES (2011) hofft insbesondere auf weitere Erkenntnisgewinne durch die Erdölindustrie. Die riesigen Gebiete mit abgesunkenen Kontinentteilen bergen möglicherweise ein großes Potential an Kohlenwasserstoffen, und die Prospektion sei nicht modellgetrieben.

Abb. 8 Ausschnitt aus der magnetischen Anomaliekarte, südliche Hemisphäre zwischen Südamerika und Afrika. Das magnetische, N-S-verlaufende Streifenmuster längs der Achse des Mittelatlantischen Rückens (weiße Linie) endet abrupt beidseits in Richtung der Kontinente etwa auf halber Distanz mit Beginn des Chrons C34 der magnetischen Polaritätszeitskala; der blaumarkierte Teil wird von JAMES (2010) als „Kontinent unter den Ozeanen“ interpretiert (siehe Textteil). Distanzen durch Krümmung verzerrt. Karte von KORHONEN et al. (2007); Abb.: Übertragung der Karte durch <http://www.geology.sdsu.edu> nach Google Earth, Eintragungen durch den Verfasser in Anlehnung an JAMES (2010).



Die Ursache der magnetischen Streifensignatur des Meeresbodens ist bis heute nicht bekannt.

Die geomagnetischen Polaritätswechsel der C-Serie sind nicht durch entsprechende Beprobungen (Beborungen, flach und tief) der magnetischen Gesteine des Untergrundes verifiziert bzw. abgesichert worden; dies gilt gleichermaßen für die radiometrisch begründete Zeitskala. WUNDERLICH (1975, 319f) hat schon früh darauf hingewiesen, dass das paläomagnetische Streifenmuster letztlich nur besagen kann, dass innerhalb einer bestimmten paläomagnetischen Phase (mit normaler oder inverser Orientierung des Erdfeldes) ein bestimmter Krustenabschnitt (Streifen) unter Curie-Temperatur* abgekühlt ist. Dies könne bei konstanter Anordnung der Temperatur-Isograden durch Verlagerung der Lithosphäre erfolgen [Ozeanspreizung], jedoch auch bei konstanter Lage der Lithosphärenmassen [keine Spreizung] durch Verschiebung der Temperatur-Isograden [beidseits des Zentrums von außen nach innen] erzielt werden. Auch könnten Krustenverlagerung und Verschiebung der Temperatur-Isograden gleichzeitig auftreten; man dürfe mit Sicherheit das paläomagnetische Streifenmuster nicht allein auf die Öffnung der Ozeane zurückführen.

FRISCH & LOESCHKE (1990, 62) zufolge ist unklar, wodurch überhaupt das Streifenmuster hervorgerufen wird. Die Vermessung der magnetischen Inklination in den Basalten des Zentralgrabens jedenfalls zeige kaum eine Übereinstimmung mit den von der Wasseroberfläche aus gemessenen magnetischen Anomalien. Diese Situation des Nichtwissens hat sich nach rund 50 Jahren nicht geändert (FRISCH & MESCHÉDE 2011, 77); es wird „(...) allgemein angenommen, dass der streng parallel zur Plattengrenze ausgerichtete Gangkomplex [Bereich unter der bis >1 km mächtigen obersten basaltischen Lage aus Kissenlaven, M.K.; Lagenbau nach seismischer Interpretation] das lineare Muster hervorruft.“ Das heißt, dass der ursprüngliche Beweis für das Auseinanderdriften ozeanischer Kruste (s.o.) zwar auf Beobachtungsdaten basiert, aber deren kausaler Zusammenhang bis heute nicht festgestellt ist, also der Beweis bei genauer Betrachtung kein Beweis ist.

Subduktion, Kollision, Stillstand

Nach dem Konzept der Plattentektonik muss es zum Ausgleich für das Krustenwachstum an den ozeanischen Rücken (divergierende Platten) – unter der Annahme, dass die Erde nicht größer werden (expandieren) kann bzw. konnte – Be-

reiche geben, wo Kruste „vernichtet“ wird: die Subduktionszonen* („Unterführungszone“). Schiebt sich eine ozeanische Platte unter eine stationäre kontinentale Platte, bilden sich vor dem Kontinentalrand Inselbögen (z.B. indonesischer Inselbogen), im umgekehrten Fall dagegen Gebirge wie die Anden in Südamerika. Treffen zwei kontinentale Platten aufeinander, ist mit gewaltigen Stauchungen sowie Unter- und Überschiebungen zu rechnen.

Seismische Tomographie: Ein Plattenfriedhof im Erdmantel?

Mit der seismischen Tomographie als bildgebendes Verfahren werden die großskaligen Strukturelemente des Erdinneren durchleuchtet und sichtbar gemacht (KOTULLA 2014d). Ist die Interpretation der seismischen Daten mitsamt ihrer Transformation in Temperaturunterschiede korrekt, zeigen diese dreidimensionalen und hochauflösenden Bilder (im Dekakilometer-Bereich) Strukturen, die zum Beispiel als Manteldiapire oder (subduzierte) Platten bzw. Subduktionszungen („slab“) sowie Fragmenten davon gedeutet werden können. Die Slabs scheinen sich an der Übergangszone vom oberen zum unteren Mantel teilweise zu „sammeln“ (in 410 bis 660 km Tiefe), weil sie dort Widerstand erfahren haben, oder sie haben diese Grenzzone durchstoßen und durchdringen den unteren Mantel bis an seine Basis (in 2 700 bis 2 900 km Tiefe), teils „zusammengestaucht“ (HUTKO et al. 2006), zu ihrem möglicherweise „letzten Bestimmungsort“. So betrachtet ist der Mantel der Erde zu einem Plattenfriedhof geworden.

Auffallend ist, dass die Slabs über mehrere Tausend Kilometer überhaupt sichtbar sind. Es müsste erwartet werden können, so SCHMID et al. (2002, 17), dass sich die [„kältere“] subduzierte Farallon-Platte thermisch weitestgehend an das umgebende [„wärmere“] Mantelmaterial unterhalb Nordamerikas angeglichen hat. Stattdessen zeige die Tomographie, so die Autoren weiter, positive seismische Geschwindigkeitsanomalien, die einer Wärmeanomalie von 200°C bis 400°C entspreche. Die Erwartungshaltung bezieht sich auf die lange Zeitskala und ist nicht nur auf die Farallon-Platte beschränkt. Hat also keine signifikante thermische Angleichung stattgefunden, lässt dies auf eine ehemals extrem hohe Platten- bzw. Subduktionsgeschwindigkeit und eine kurze Zeitskala schließen.

Sind aber die Verbindungen zwischen der Oberfläche und den Tiefen des Erdmantels einst fahrradartiger Natur gewesen, so ist dies auch für den umgekehrten Weg anzunehmen. BORTNIKOV et al. (2008) zum Beispiel berichten von ungewöhnlich alten (etwa 100 bis 330 und

sogar etwa 2 230 Millionen [radiometrische] Jahre) und jungen (etwa 1,2 bis 1,4 Millionen [radiometrische] Jahre) Zirkonen in denselben gabbroiden (basaltischen) Gesteinsproben aus der Markov-Tiefe des Mittelatlantischen Rückens. Das plattentektonische Konzept aber, so die Autoren, erwarte in der Spreizungszone nur die Bildung neuer ozeanischer Kruste, also nicht das Vorkommen unterschiedlich alter Zirkon-Populationen dieser Streuung. Unter der Annahme, dass die alten Zirkone artfremd sind, schlagen BORTNIKOV et al. (2008) zur Lösung des vermeintlichen Widerspruchs einen aus dem Kern-Mantel-Grenzbereich aufströmenden Plume (Manteldiapir) vor, der partiell Material unterschiedlichen Alters vom Friedhof („graveyard“) subduzierter Krusten-Fragmente aufnahm (siehe auch KOTULLA 2014e).

Megastauchungen und -überschiebungen: Kontinente im Crash-Test?

Für die Kollision von Platten (Schollen) im Konzept der Plattentektonik gebraucht FRANKE (2002, 35) für die europäischen Kontinentalschollen das Bild einer Auto-Karambolage: „Die europäischen Kontinentalschollen sind bei ihrem Zusammenstoß wie Autos bei einer Massenkarambolage zusammengestaucht worden, die damit einhergehenden Veränderungen machen es schwer die ehemaligen Schollen zu rekonstruieren. Zudem haben sie sich teilweise auch um 700 km übereinander geschoben.“

Nicht umsonst wird FRANKE dieses eindrückliche Bild gewählt haben. Eine Auto-Karambolage (im übertragenen Sinne) dieses Ausmaßes erfordert mindestens eine Geschwindigkeit von 80 km/h oder mehr. Bei einer Geschwindigkeit von 0,8 km/h wäre es zwar zu einem Zusammenstoß, aber nicht zu einer nennenswerten Stauchung gekommen. Bei einer angenommenen Kollisionsgeschwindigkeit von Schollen von 2 cm/Jahr (= 0,00023 cm/h) ist ein Zusammenstauchen höchst unwahrscheinlich. Es bedurfte vermutlich zeitweise um etliche Größenordnungen höherer Geschwindigkeiten.

Stillstand: Zielkonfiguration erreicht?

Die aktuelle globalgeologische Situation wird mit Stillstand oder Quasi-Stillstand beschrieben, neben FRANKE (s.o.) zum Beispiel auch von MARTHALER (2005): „Aus der Luft ist dieses fast zum Stillstand gekommene Abtauchen der europäischen Platte unter die Alpen noch sichtbar (...).“ Unter anderem aus dem Verständnis einer Langzeitskala vertreten nicht wenige Geowissenschaftler für die erdgeschichtliche Vergangenheit

geotektonische Großzyklen; eine neue, zukünftige Phase in Europa soll nach FRANKE (2000, 35) wie folgt verlaufen: „(...) in geologisch kurzer Zeit wird die Subduktion des Atlantischen Ozeanbodens unter Westafrika, Iberien und die Britischen Inseln beginnen. Entlang einer Zone ausgedünnter Kruste, die von der Nordsee über Rhein und Rhône bis zum Mittelmeer reicht, wird sich wahrscheinlich ein Meeresarm öffnen. Dann driftet Westeuropa nach Westen (...). Die Drift der Kontinente ist eine (fast) unendliche Geschichte.“

Die globaltektonischen Ereignisse der erdgeschichtlichen Vergangenheit können in ihrer relativen Folge auch als eine gerichtete und verkettete Abfolge betrachtet werden, also nicht als Zyklus bzw. eine Folge von Zyklen, sondern als Zeitpfeil. Ausgehend von einem heutigen Quasi-Stillstand (s.o.) ist bemerkenswert, dass eine Konfiguration vorliegt, die sich u.a. in der Besonderheit ausdrückt, dass weltweit alle (modernen) Faltengebirge quasi gleichzeitig einen Hochgebirgs-„Reifegrad“ erreicht haben, und dies nach dem Konzept der Plattentektonik durch drei ganz unterschiedliche Mechanismen: Inselbogentyp, Andine Typ, Alpine Typ. Grenzüberschreitend könnte dies als Erreichung einer Zielkonfiguration aufgefasst werden.

Ähnlich geo-prophetisch wie FRANKE äußert sich auch ZSCHAU zur Zukunft der Erde (Planet Wissen, WDR-Sendung vom 20. Mai 2009; ZE-2): Was in einigen hundert Millionen Jahren passiert, werde den Menschen nicht mehr betreffen; man könne dem Menschen noch einmal 2 Millionen Jahre geben, obwohl das natürlich keiner wissen könne. Solcher Art evolutions- und Langzeitskalen-bedingter Aussagen sind wahrscheinlich nicht nur einem methodischen Atheismus geschuldet. Nochmals grenzüberschreitend: Nach der biblischen Offenbarung sind die Himmel und die Erde und alles Leben von Gott erschaffen (Genesis 1). Die Erde ist für den Menschen gemacht – und folglich nicht der Mensch für die Erde. Hier verweise ich auch auf meine Ausführung in KOTULLA (2014b, 10).

Zusammenfassung und ergänzende Bemerkung

Es gibt zahlreiche Indizien für schnell ablaufende (geodynamische) Prozesse in der erdgeschichtlichen Vergangenheit, insbesondere auch im Vergleich zur Gegenwart: Extrem hohe vulkanische Intensität (ozeanische Rücken, Island), daraus abgeleitet rapide geomagnetische Polaritätswechsel und kurze Perioden einheitlicher Polarität; tomographische Momentaufnahmen des Untergrundes mit „sichtbaren“ Platten im Mantel, die (noch) nicht thermisch an ihre Umgebung

angepaßten (assimiliert) sind; recycelte „alte“ Krustenfragmente in „jungen“ Gesteinen (ozeanische Rücken); unter extremsten Bedingungen (Kräfte) zusammengestauchte und über- und untereinander geschobene Kontinentalschollen; sowie parallel dazu, nur am Rande erwähnt, im Wesentlichen rasche Sedimentation über die gesamte stratigraphische Überlieferung hinweg.

Diese Indizien können – übertragen auf das Konzept der Plattentektonik – als indirekte Indikatoren für eine rasche Spreizung (Krustenproduktion) und rasche Subduktion (Krustenvernichtung) und Kollision (Krustenstauchung) und folglich einer hohen Plattengeschwindigkeit angesehen werden.

Trotz aller Erkenntnisfortschritte sollte insbesondere die Plattentektonik, die bereits Schulbuch- und Tatsachen-Status erreicht hat, weiterhin – und insbesondere unter dem Aspekt der Zeitläufe – nur als ein geotektonisches Konzept (Hypothese) verstanden werden. Der Charme der Plattentektonik besteht, so bereits WUNDERLICH (1973), in der „Klarheit der Darstellung und Einfachheit des mechanischen Konzeptes bei weltweiter Anwendung“. Es ist aber in der Breite weniger bekannt, dass noch alternative, teils ältere, teils auch ergänzende Vorstellungen bestehen (z.B. BELOUSSOV 1980, „Ozeanisierung“; RITTMANN 1981, „Unterströmung“, und CAREY 1976, „Expansion“). Auch wurden „Alternative Theorien zur Plattentektonik“ auf dem Symposium beim 30. Internationalen Geologischen Kongress 1996 in Peking diskutiert. Es entstand daraus eine Bewegung zu alternativen Konzepten, die seitdem im Journal „New Concepts in Global Tectonics“ ihren Niederschlag finden (<http://www.ncgt.org/>).

Zur Globaltektonik, zum Verständnis der Mechanismen und den Ursachen der Entstehung der Großstrukturen der Erdkruste haben die „warrenden“ Worte von HOHL (1980, 234f) nicht an Gültigkeit verloren; denn der direkte Zugang in die Tiefen der Erde ist (und bleibt) dem Menschen verschlossen: „Alle geotektonischen Hypothesen sind Gleichungen mit mehreren Unbekannten (RÜGER).“ Und: „Geotektonische Hypothesen wollen und können keine letzten Wahrheiten sein, sie bilden zeit- und kenntnisbedingte ‚Rastvorstellungen des Denkens‘ (v. BUBNOFF) (...).“

Dank

Dr. Reinhard JUNKER und Dr. Martin ERNST danke ich für die Durchsicht des Manuskripts und wertvolle Hinweise, Dr. Jürgen FRIEDRICH und Guy LEDUC für anregende Diskussionen sowie Fritz SCHINDLER für die Zurverfügungstellung von Abb. 2.

Anmerkungen

- 1 Die Dauer der nacheiszeitlichen Periode (Postglazial) wurde zu BERNAUERS Zeit von DE GEER's Warvenchronologie abgeleitet. Es gibt keine fundierte Grundlage dafür, dass diese „Warven“-Jahre mit Real-Jahren gleichgesetzt werden können (vgl. KOTULLA 2014a).
- 2 MORVEL (Mid-Ocean Ridge Velocity, Geschwindigkeit mittelozeanischer Rücken); REVEL (recent plate velocities, aktuelle Plattengeschwindigkeiten); NUVEL (Northwestern University velocity modell; Geschwindigkeitsmodell der Northwestern Universität in Evanston, Ill.).
- 3 „This demonstrates that the plate movements are consistent on time scales ranging between years and million years“ (EINARSSON 2008, 38).
- 4 Derek V. AGER (1923–1993) bekannte sich im gleichen Buch zu einer „uneingeschränkten Akzeptanz der Evolution durch natürliche Selektion als ausreichende Erklärung für das, was er in der fossilen Überlieferung gesehen hatte“ und zur geologischen Langzeit; für AGER lag die [restliche] Zeit [Differenz zwischen radiometrischen Altersrahmen und einer dazu nahezu zu vernachlässigenden Sedimentationszeit] zwischen den raschen Sedimentationsereignissen. Eine Begründung nannte er allerdings nicht.
- 5 „The completeness of the internal structure of the lava flows, lack of weathering, high frequency of direct contacts (with 30 for GOB [Grjótá-Gruppe, M.K.] and 50 % for HOB [Hólmar -Gruppe, M.K.], respectively, Tables 1–2) are collectively suggesting of short periods between eruptions“ (ÓSKARSSON & RIIISHUUS 2013, 113).
- 6 <http://www.ngdc.noaa.gov/mgg/image/2minrelief.html>; NGDC und NOAA sind Organisationen der US-Administration: National Geophysical Data Center, National Oceanic and Atmospheric Administration.
- 7 „It is noteworthy that the mirror-like curve pattern (Fig. 2 a,b) could have been related to a global event within the Cenozoic period“ (FRIEDRICH & LEDUC 2004, 176).
- 8 Die ozeanischen Rücken, nach dem plattentektonischen Konzept nur aus neugebildeter ozeanischer Kruste bestehend, enthalten alte und kontinentale Krustenrelikte, z.B. Granitoide, Gneise, Schiefer, Granulite und grobkörnige terrigene Klastika. YANO et al. (2009) interpretieren die gegenwärtig verfügbaren Daten dahingehend, dass die Entstehung des Atlantischen Ozeans im mittleren Mesozoikum ein Resultat aus einer komplexen Interaktion tektonisch-thermaler, magmatischer und Rifting-Prozesse darstelle, die die alte kontinentale Kruste weitestgehend zerstört und ozeanisiert habe.

Literatur

- AGER DV (1975) *Introducing Geology. The earth's crust considered as history.* London.
- AGER DV (1993) *The nature of the stratigraphical record.* 3rd ed., Chichester.
- ÁRNADÓTTIR T, GEIRSSON H & JIANG W (2008) Crustal deformation in Iceland: Plate spreading and earthquake deformation. *Jökull* 58, 59–74.
- BELOUSSOV VV (1980) *Geotectonics.* Berlin.
- BERNAUER F (1943) Junge Tektonik auf Island und ihre Ursachen. In: NIEMCZYK O (Ed.) *Spalten auf Island.* Stuttgart, S. 14–64.

- CAREY SW (1976) The expanding Earth. Amsterdam.
- DEMETTS C, GORDON RG & ARGUS DF (2010) Geologically current plate motions. *Geophys. J. Int.* **181**, 1–80.
- DEMETTS C, GORDON RG, ARGUS DF & STEIN S (1990) Current plate motions, *Geophys. J. Int.* **101**, 425–478.
- DEMETTS C, GORDON RG, ARGUS DF & STEIN S (1994) Effect of recent revisions to the geomagnetic reversal time scale on estimates of current plate motions. *Geophys. Res. Lett.* **21**, 2191–2194.
- EINARSSON P (2008) Plate boundaries, rifts and transforms in Iceland. *Jökull* **58**, 35–58.
- FRANKE W (2002) Die vereinigten Platten von Europa. In: WEFER G (Ed.) *Expedition Erde*. Berlin, S. 30–34.
- FRIEDRICH J & LEDUC G (2004) Curvilinear patterns of oceanic fracture zones. *Journal of Geodynamics* **37**, 169–179.
- FRISCH W & LOESCHKE J (1990) *Plattentektonik*. 2., unveränd. Aufl., Darmstadt.
- FRISCH W & MESCHKE M (2011) *Plattentektonik. Kontinentverschiebung und Gebirgsbildung*. 4., durchgesehene und aktualisierte Auflage, Darmstadt.
- GASPERINI M (1993) Global forces on the lithosphere. *J. Geodynamics* **17**, 121–132.
- GEIRSSON H, ÁRNADÓTTIR T, VÖLKEN C, JIANG W, STURKELL E, VILLEMEN T, EINARSSON P, SIGMUNDSSON F & STEFÁNSSON R (2006) Current plate movements across the Mid-Atlantic Ridge determined from 5 years of continuous GPS measurements in Iceland. *J. Geophys. Res.* **111**, doi: 10.1029/2005JB003717.
- GRADSTEIN FM, OGG JG, SCHMITZ MD & OGG GM (2012) *The Geologic Time Scale 2012*. Volume 1/2, Oxford Amsterdam.
- HEIRTZLER JR, DICKSON GO, HERRON EM, PITMAN III WC & LE PICHON X (1968) Marine magnetic anomalies, geomagnetic field reversals, and motions of the ocean floor and continents. *Journal of Geophysical Research* **73**, 2119–2136.
- HEIRTZLER JR, LE PICHON X & BARON G (1966) Magnetic anomalies over the Reykjanes Ridge. *Deep-Sea Research* **13**, 427–443.
- HOHL R (1980) (Hrsg.) *Die Entwicklungsgeschichte der Erde*. Leipzig.
- ITO Y, TSUJI T, OSADA Y, KIDO M, INAZU D, HAYASHI Y, TSUSHIMA H, HINO R & FUJIMOTO H (2011) Frontal wedge deformation near the source region of the 2011 Tohoku-Oki earthquake. *Geophys. Res. Lett.* **38**, doi: 10.1029/2011GL048355.
- JAMES KH (2010) Observations on new magnetic map from the Commission of the Geological Map of the World. *New Concepts in Global Tectonics* **53**, 14–37.
- JAMES KH (2011) Continent below oceans: how much and how far? The future for deepwater exploration (and geopolitics). *Oil and Gas Journal* **109/10**, 44–53.
- KORHONEN JV, FAIRHEAD JD, HAMOUDI M, HEMANT K, LESUR V, MANDEA M, MAUS S, PURUCKER M, RAVAT D, SAZONOVA T & THÉBAULT (2007) *Magnetic Anomaly Map of the World*. 1:50 000 000. Commission for the Geological Map of the World. Paris. [siehe auch: <http://projects.gtk.fi/WDMAM/general/Preliminary/>].
- KOTULLA M (2013) Tiefgreifende Veränderung von Plattengrenzen in Sekunden oder Minuten – Folge des verheerenden Erdbebens vom 11. März 2011. *Stud. Integr. J.* **20**, 121–122.
- KOTULLA M (2014a) Gültigkeit und Grenzen geologischer Zeitbestimmung. *Online-Loseblattsammlung*, Stand: 1. Ergänzungslieferung 03/2014, <http://www.wort-und-wissen.de/loseblattsammlung.html>.
- KOTULLA M (2014b) Megafluten. *Stud. Integr. J.* **21**, 4–11.
- KOTULLA M (2014c) Island: Eine Insel, zwei „Kontinente“. 1. Was Island einzigartig macht. *Stud. Integr. J.* **21**, 81–90.
- KOTULLA M (2014d) Seismische Tomographie gewinnt an Schärfe. *Stud. Integr. J.* **21**, 110–113.
- KOTULLA M (2014e) Zirkon-Populationen unterschiedlichen Alters fordern geodynamische Modelle heraus. *Stud. Integr. J.* **21**, 123.
- KRISTJANSSON L, GUÐMUNDSSON A & HARALDSSON (1995) Stratigraphy and paleomagnetism of a 3-km-thick lava pile in the Mjóifjörður area, eastern Iceland. *Geol. Rundschau* **84**, 813–830.
- MARUM.de: http://www.marum.de/Turbulenzen_in_der_Tiefe.html, Zugriff 19. 8. 2013.
- LA FEMINA PC, DIXON TH, MALSERVISI R, ÁRNADÓTTIR T, STURKELL E, SIGMUNDSSON F & EINARSSON P (2005) Geodetic GPS measurements in south Iceland: Strain accumulation and partitioning in a propagating ridge system. *J. Geophys. Res.* **110**, doi: 10.1029/2005JB003675.
- ÓSKARSSON BV & RIIHUUUS MS (2013) The mode of emplacement of Neogene flood basalts in Eastern Iceland: Facies architecture and structure of the Hólmar and Grjóta olivine basalt groups. *Journal of Volcanology and Geothermal Research* **267**, 92–118.
- RITTMANN A (1981) *Vulkane und ihre Tätigkeit*. 3., völlig umgearbeitete Aufl., Stuttgart.
- SCHMID C, GOES S, VAN DER LEE S & GIARDINI D (2002) Fate of the Cenozoic Farallon slab from a comparison of kinematic thermal modeling with tomographic images. *Earth and Planetary Science Letters* **204**, 17–32.
- SCHWARZBACH M (1964) *Geologenfahrten in Island*. 2. erweiterte Auflage, Ludwigsburg.
- SELLA GF, DIXON TH & MAO A (2002) REVEL: A model for recent plate velocities from space geodesy. *J. Geophys. Res.* **107**, doi: 10.1029/2000JB000033.
- STRASSER M, KÖLLING M, SANTOS FERREIRA C DOS, FINK HG, FUJIWARA T, HENKEL S, IKEHARA K, KANAMATSU T, KAWAMURA K, KODAIRA S, RÖMER M, WEFER G & the R/V Sonne Cruise SO219A & JAMSTEC Cruise MR12-E01 scientists (2013) A slump in the trench: Tracking the impact of the 2011 Tohoku-Oki earthquake. *Geology* **41**, 935–938.
- TRYGGVASON E (1982) Recent Ground Deformation in Continental and Oceanic Rift Zones. In: PÁLMASSON G (Ed.) *Continental and Oceanic Rifts*. Washington, 17–30.
- VINE FJ & MATHEWS DH (1963) Magnetic Anomalies over Oceanic Ridges. *Nature* **199**, 947–949.
- WILSON JT (1965) A new class of faults and their bearing on continental drift. *Nature* **207**, 343–347.
- WUNDERLICH H-G (1973) *Plattentektonik in kritischer Sicht*. Zeitschrift der Deutschen Geologischen Gesellschaft **124**, 309–328.
- WUNDERLICH H-G (1975) *Das neue Bild der Erde. Faszinierende Entdeckungen der modernen Geologie*. Hamburg.
- YANO T, CHOI DR, GAVRILOV AA, MIYAGI S & VASILEV BI (2009) Ancient and Continental Rocks in the Atlantic Ocean. *New Concepts in Global Tectonics Newsletter* **53**, 4–35.

Anschrift des Verfassers:

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

Die kambrische Explosion der Lebewesen

2. Ursachenforschung

Die Fossilüberlieferung zeigt im Unterkambrium ein plötzliches Erscheinen verschiedenster Tierstämme. Wie kann dieses fast schlagartige Auftreten evolutionstheoretisch erklärt werden? Diskutiert werden genetische Neuerschaltungen und geologische oder ökologische Auslöser, aber auch die Unvollständigkeit des Fossilberichts vom Kambrium und Präkambrium.

Reinhard Junker

Einleitung

Im ersten Teil des Artikels über die kambrische Explosion der Tierstämme wurde der paläontologische Befund vorgestellt. Die Fossilüberlieferung zeigt im Unterkambrium ein plötzliches erstmaliges Erscheinen zahlreicher Tierstämme in großer Verschiedenartigkeit und Vielfalt und auch in weiter geographischer Verbreitung. Dieser Befund ist evolutionstheoretisch unerwartet und wurde durch neuere Funde eher noch verstärkt. Es stellt sich evolutionstheoretisch die Frage nach den Triebfedern und den Mechanismen der Entstehung der Vielfalt der kambrischen Tierwelt.

Musste überhaupt neue genetische Information entstehen?

Das Erscheinen einer sehr verschiedenartigen Tierwelt im Kambrium beinhaltet die Entstehung zahlreicher neuer Organe. Dies wiederum erfordert unter anderem auch ein entsprechendes Ausmaß an genetischer Innovation und entsprechend neuer Proteine. Grundsätzlich sind zwei Wege der Entstehung neuer „Proteinfolds“ (Faltungsstrukturen) als kleinster selektierbarer Einheiten struktureller Neuheiten möglich: Von einem funktionalen Gen (bzw. Protein) zu einem neuen funktionalen Gen oder ausgehend von einem funktionslosen DNA-Abschnitt zu einem funktionalen Gen. Inwieweit diese Wege gangbar sind, ist Gegenstand aktueller Forschung

– Ausgang offen (vgl. CARVUNIS et al. 2012). Im ersten Fall muss der vorübergehende Verlust von Funktionalität, dem Selektion entgegensteuern würde, verkraftet werden, während im zweiten Fall Selektion nur dann wirken kann, wenn irgendeine Minimalfunktion vorliegt. Dahinter steht das Problem, dass nach empirischen Studien unter den möglichen Aminosäurekombinationen von Proteinen nur ein winziger Bruchteil ein funktionales Protein ermöglicht; SCHERER & KEIM (2013, 122) geben die Zahl 10^{-44} an, wenn ein Protein nur *irgendeine beliebige* Funktion erfüllen soll. LEISOLA (2014) kommt zum Schluss, dass die Entstehung einer gänzlich neuen Funktion durch ungerichtete natürliche Evolution bislang nicht nachgewiesen ist.

Die Entstehung neuer Tierstämme erfordert aber weit mehr als einzelne neue Gene. Darüber hinaus stellt sich nämlich die schwierige Frage, woher *Regulationsgene* und die hierarchisch aufgebauten Gen-Regulationsnetzwerke (GRN*) kommen. Diese werden für die korrekte Ausbildung verschiedenster Organe (insbesondere ihrer frühen Stadien) benötigt und sind sehr empfindlich gegen Mutationen. Änderungen der GRN führen zum Zusammenbruch des betreffenden Organs und zu schweren Missbildungen. Wie können sie also Schritt für Schritt evolutiv aufgebaut worden sein, wenn schon kleine Änderungen zum Ausfall führen? Und wie konnten sie anschließend so stark geändert worden sein, dass sie zur genetischen Grundlage für neue Bauplanelemente wurden? Mutationen, die die frühe Embryogenese (und damit die

Regulationsgene und -netzwerke) betreffen, könnten zwar größere Auswirkungen haben, weil sie frühe Weichenstellungen betreffen, erwiesen sich im Experiment aber durchweg als destruktiv. Auf der anderen Seite sind *geringe* Änderungen zwar selektierbar, ermöglichen aber nicht die Entstehung neuer Baupläne – ein Umstand, den der Genetiker John F. McDONALD (1983, 92f.) als „Großes Darwin'sches Paradoxon“ bezeichnet hat. Dieses Paradoxon spricht ebenfalls gegen eine evolutive Entstehung der Vielfalt der kambrischen Formen.

Wird ein Teil eines Entwicklungs-GRN unterbrochen, hat dies immer katastrophale Folgen, weshalb ihre Flexibilität minimal ist.

MARSHALL (2013) bestreitet, dass der Ursprung neuer Baupläne enorme Mengen neuer genetischer Information und viele neue Proteinfolds erfordere. Neue Tierstämme beruhten nicht auf dem Besitz bzw. dem Erwerb neuer Gene, sondern auf *Neuverschaltungen vorhandener Gene* in den GRN. Auch ERWIN & VALENTINE (2013, 264) und SPERLING et al. (2013, 13450) sehen in den kombinatorischen Möglichkeiten der Regulations-Netzwerke eine Quelle für evolutionäre Neuheiten. Doch diese Idee ist reine Spekulation und darüber hinaus stehen ihr experimentelle Befunde entgegen. Denn wie bereits erwähnt, sind schon kleinste Änderungen der Kernbereiche der GRN nachteilig und oft tödlich. Der Entwicklungsbiologe Eric DAVIDSON schreibt: „Es gibt *immer* eine beobachtbare Auswirkung, wenn ein Teil eines Entwicklungs-GRN unterbrochen wird. Da die Folgen *immer* katastrophal schlecht sind, ist ihre Flexibilität minimal, und da alle Teile miteinander verbunden sind, hat das ganze Netzwerk daran Anteil, dass es nur einen Weg gibt, wie die Sache funktioniert“ (DAVIDSON 2011, 40; Hervorhebungen nicht im Original).

Entwicklungs-GRN sind Kontrollsysteme, die mindestens drei Aufgaben gleichzeitig bewältigen müssen: Überwachung, Vergleich mit Sollwerten und bei Bedarf Korrektur. Wenn MARSHALL (2013) annimmt, dass zur Zeit der kambrischen Explosion die GRN labiler als heute oder daher eher veränderbar waren, hat er die Empirie gegen sich. Nach allem, was wir über GRN wissen, würde eine Labilität zu fehlerhaften Reaktionen führen; wie solche labilen GRN aussehen könnten, wurde daher aus gutem Grund vermutlich noch nie konkret vorgeschlagen. Dazu kommt, dass die Annahme, Änderungen der GRN könnten konstruktive *morphologische Innovationen* nach sich ziehen, reine Spekulation ist. Experimentelle Belege fehlen. Angesichts der Tatsache, dass die GRN nach

Kompakt

Im unteren Teil des Kambriums* erscheint in einem geologisch kurzen Zeitraum erstmals eine große fossile Vielfalt unterschiedlichster Tierbaupläne. Worauf diese „kambrische Explosion“ des Lebens zurückzuführen ist, konnte im Rahmen evolutionärer Modelle bisher nicht geklärt werden.

Häufig werden zahlreiche Neuverschaltungen von Genen als Ursache angenommen, doch ist experimentell nicht gezeigt, dass auf diese Weise neue Bauplanelemente entstehen können; vielmehr führen Änderungen in Kernbereichen von Gen-Regulations-Netzwerken zu schweren Schädigungen.

Aufgrund von Genvergleichen heute lebender Formen verschiedener Tierstämme wird evolutionstheoretisch allgemein ein genetisch komplexer Vorfahre angenommen. Wie dieser hypothetische Organismus entstanden ist, ist unbekannt. Unklar ist auch, wofür er die vielen Gene primär benötigte, die bei den später auftauchenden kambrischen Tierstämmen für die Ausbildung von neuen Organen genutzt werden.

Die Auffassung, der Fossilbericht des Kambriums und Präkambriums könnte sehr unvollständig sein (Artefakt-Hypothese), ist angesichts zahlreicher für Fossilisierung geeigneter Sedimentgesteine* sowie aufgrund des Vorkommens von sehr kleinen Fossilien und von fossilisierten Weichteilen unplausibel. Molekulare Daten (Gensequenzvergleiche von Tieren aus verschiedenen heutigen Tierstämmen) lassen zwar den Schluss auf eine mehr oder weniger tief präkambrische Entstehung der Tierstämme zu (die dann erst im Kambrium fossil in Erscheinung treten). Daraus resultiert jedoch keine Erklärung für die Entstehung der kambrischen Formen, sondern die Befunde dokumentieren eine Diskrepanz zwischen morphologisch-paläontologischen und molekularen Daten.

Auch ökologische und geologische Veränderungen werden als Auslöser der kambrischen Explosion in Betracht gezogen. Diese liefern lediglich ein Spektrum der zu berücksichtigenden Begleitumstände, können aber nicht als Ursachen gelten. So ermöglichen weder ein freier Raum, abiotische Faktoren wie Klimaänderungen oder ein hypothetisches Räuber-Beute-Wettrüsten *an sich* eine Evolution der Baupläne, sondern könnten allenfalls als Triebfedern dafür gewertet werden. Alle Vorschläge für ökologische und / oder geologische Auslöser sind umstritten.

allem, was wir wissen, kaum veränderbar sind, gibt es auch keinen Grund zur Annahme, dass sie durch einen natürlichen Evolutionsprozess aus sehr viel einfacheren Vorstufen *aufgebaut* werden konnten.

Selbst wenn man MARSHALLS Hypothese von der Labilität der GRN zur Zeit des Kambriums gelten lassen würde, würde auch die funktionale *Neuverschaltung* vorhandener Gene neue Information benötigen – angesichts der vielfältigen Baupläne in einem enormen Ausmaß. Die Neuverschaltung müsste mit nachgeschalteten Genen harmonisieren. Eine Neuverschaltung innerhalb der GRN alleine würde zudem noch keine neuen Strukturen ermöglichen, denn dafür würde genetische Information für viele spezialisierte Proteine benötigt, z.B. für die Bildung der extra-

Glossar

Genduplikation: Gen-Verdopplung.

GRN: Gen-Regulations-Netzwerk.

homolog: bauplangleich, als „abstammungsbedingt ähnlich“ interpretiert.

Hox-Gene: Familie von Regulationsgenen, die bei der Gliederung des Embryos entlang der Körperlängsachse maßgeblich beteiligt sind.

Kambrium: Erdgeschichtliche Periode, in der in großer Zahl und Verschiedenartigkeit zahlreiche Tierbaupläne erstmals

fossil überliefert sind.

Sediment(gestein): Durch Ablagerung entstandene Schichten bzw. geschichtetes Gestein.

Signalübertragung: Auf Signalübertragungswegen werden in den Zellen zum Beispiel äußere Reize nach ihrer Umwandlung ins Zellinnere mittels Enzymen und Botenstoffen weitergeleitet. Über diese Signalkette wird der zelluläre Effekt erreicht.

Genetische Studien weisen auf einen komplexen Vorfahren hin

Unter der evolutionstheoretischen Voraussetzung eines gemeinsamen Ursprungs aller Tierstämme resultiert aus zahlreichen vergleichenden genetischen Studien an heutigen Arten, dass der zu postulierende gemeinsame Vorfahr genetisch überraschend komplex gewesen sein muss (vgl. z. B. OHNO 1996). Heute ist nachgewiesen, dass auch bei entfernt verwandten Tiergruppen und über die verschiedensten Tierbaupläne hinweg oft dieselben Regulationsgene bei den einzelnen Organsystemen genutzt werden. Beispielsweise spielt dasselbe Regulationsgen *dll* eine zentrale Rolle bei der Bildung der Beine von Wirbeltieren und von Gliederfüßern, den Röhrenfüßchen der Stachelhäuter, den Ampullae und Siphons der Manteltiere, den Parapodien der Ringelwürmer und den Lobopodien der Onychophoren (TABIN et al. 1999) (Abb. 1). Das Masterkontrollgen *Pax6* bzw. *eyeless* kann sogar zwischen Maus und Fruchtfliege ausgetauscht werden, ohne dass es seine Wirkung verliert. Ähnliche Regulationsgene bei nichtverwandten Tiergruppen werden auch bei der Bildung von Herzen (CARROLL 2005a, 70), des Kopfes (GILBERT 2003, 754), der Körperachse und der Achse der Extremitäten (SHUBIN & MARSHALL 2000, 327) oder bei der segmentalen Wiederholung von Strukturen (WILLMER 2003, 39) aktiviert.

Diese erstaunliche Ähnlichkeit gilt nicht nur für einzelne Gene, sondern sogar für ganze Signalübertragungswege*. So sind z. B. der Notch-Signalweg (SHUBIN & MARSHALL 2000, 327) oder die Wnt-Genfamilie (notwendig bei der Signaltransduktion in der frühen Embryonalentwicklung; KUSSEROW et al. 2005) weit verbreitet und gelten daher als früh etabliert.

Evolutionstheoretisch muss angenommen werden, dass der hypothetische gemeinsame Vorfahr alle homologen* genetischen Elemente besaß, die aber z. T. ursprünglich im Organismus andere Funktionen hatten als heute (ARTHUR 2002, 761). Diese Überlegungen laufen darauf hinaus, dass ein (unerwartet) komplexer Vorläufer der Tierstämme angenommen werden muss (CARROLL 2005a, 144; ADOUTTE et al. 2000, 4456; NEWMAN 2010; MARSHALL & VALENTINE 2010; ERWIN & VALENTINE 2013, 336). Wie dieser evolutiv entstanden sein könnte, ist völlig unklar; das Problem der Entstehung wird in die fernere Vergangenheit verschoben. Als Alternative könnte eine konvergente (unabhängige) Evolution von gleichen Regulationsgenen in Betracht gezogen werden, doch das gilt als noch unwahrscheinlicher (s. z. B. GILBERT 2003, 753) und wird faktisch ausgeschlossen. Nach der kambrischen Evolution gab es dann – in evolutionstheoretischer Perspektive – keinen nennenswerten Zuwachs im „genetischen Baukasten“ mehr (NEWMAN 2010, 284). ERWIN et al. (2011, 1094) fassen diese Befunde zusammen: „Daher war der letzte gemeinsame Vorfahr der Vielzeller und besonders der Eumetazoa (Gewebetiere) ein genetisch komplexes Tier, das alle Familien proteincodierender Gene besaß, die während der Entwicklung benötigt werden, bis auf das potentielle Fehlen des Hox-Gen-Komplexes, welcher benötigt wird, um die Vielfalt der morphologischen Strukturen auszubilden, welche in den Kronengruppen vorkommen.“

Wie aber sind die betreffenden Gene entstanden, bevor die Vielzeller evolvierten? Und warum sind sie entstanden, bevor sie in der Weise benötigt wurden, wie sie in den Vielzellern eingesetzt werden? Hier wird argumentiert, dass sie in den Vorfahren der kambrischen Tierwelt andere Aufgaben erfüllten und später für neue Aufgaben rekrutiert bzw. mehrfach verwendet wurden (siehe Abschnitt „Musste überhaupt neue genetische Information entstehen?“).

zellulären Matrix oder für Skelettelemente, für Regulation der Entwicklung, für spezialisierte Gewebe, für Instandhaltung der Gewebe und Organe, für die Bestandteile der Sinnesorgane und die Auswertung der durch sie aufgenommenen Umweltinformation, für die Produktion der Geschlechtszellen und vieles mehr. Dass alleine Neuerschaltungen vorhandener Gene das ermöglichen sollen, ist empirisch ohne Grundlage.

Erklärungen oder Beschreibungen?

Die Argumentation mit Neuerschaltungen vorhandener Gene beruht auf einer Argumentation,

in der Evolution *vorausgesetzt* wird. Nur dann kann aus Unterschieden zwischen Tierstämmen und aus der Art dieser Unterschiede ein möglicher „Mechanismus“ erschlossen werden. Diese Vorgehensweise, aus der Art der Unterschiede zwischen verschiedenen Organismen auf den Modus der Evolution zu schließen, mag üblich und selbstverständlich sein; logisch ist sie nicht. Denn Unterschiede können keinen Mechanismus begründen. *Beschreibungen des Istzustands ermöglichen keine Erklärungen des Werdegangs*. Sie können lediglich als Indizien für ein *vorgegebenes* Ursprungsmodell fungieren. Hier von Mechanismen oder Erklärungen zu sprechen, ohne die (unbewiesene) Voraussetzung dafür zu nennen, ist irreführend. Dass und wie genetische Änderungen die kambrische Explosion ausgelöst haben, bleibt ohne entsprechende experimentelle Belege spekulativ.

Es wurde auch die Idee geäußert, dass die Hox-Gene eine besondere kausale Rolle bei der kambrischen Explosion gespielt haben (MARSHALL 2003; 2006, 366). Dem widersprechen VALENTINE et al. (1999, 851) und CABEJ (2013, 269): Es gebe keine Korrelation zwischen Hox-Genen und der morphologischen Entwicklung der kambrischen Tierwelt (vgl. FINNERTY et al. 1996; ERWIN et al. 1997, 135; KNOLL & CARROLL 1999, 2134). Hox-Gene sind bei Rippenquallen nachgewiesen, die bereits vor der kambrischen Explosion existiert haben (RYAN et al. 2007). Auch Genduplikationen lieferten keine überzeugende Begründung für die kambrische Explosion: „Im Gegenteil zeigen die Befunde, dass das Kambrium in die ‚stillen Perioden‘ der Genduplikationen fällt“ (CABEJ 2013, 269).

Dass und wie genetische Änderungen die kambrische Explosion ausgelöst haben, bleibt ohne entsprechende experimentelle Belege spekulativ.

CARROLL (2005b, 1162) schreibt zur Rolle von Genduplikationen, dass die Daten zwar einen Beitrag von Genduplikationen zur Evolution der Körperformen nahelegen, diese sich aber zu selten ereigneten, als dass sie als Ursache für die weitere Evolution gelten könnten. Für CARROLL (2005b) sind daher Änderungen in Regulationsgenen entscheidend (s. o.). CABEJ (2013, 269) dagegen sieht eher in der Zentralisierung des Nervensystems mit der Ausbildung eines voll entwickelten integrierten Kontrollsystems die treibende Kraft hinter der kambrischen Explosion. Doch auch hier kann nur eine Begleiterscheinung konstatiert werden; die Herkunft der Kontrollsysteme liegt im Dunkeln (vgl. JUNKER 2014).

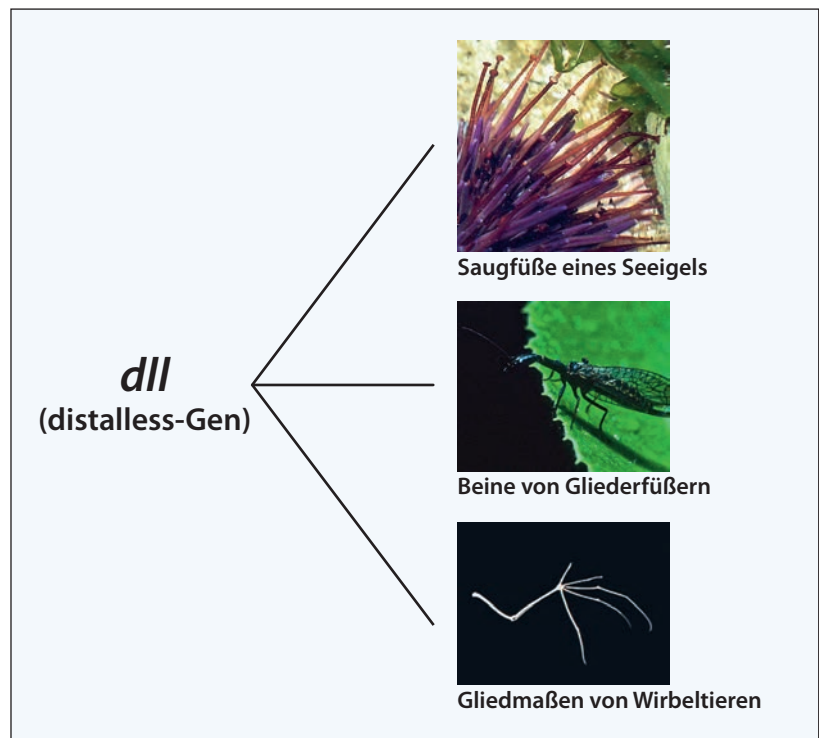
Unvollständigkeit des Fossilberichts? Die Artefakt-Hypothese

Nach der Artefakt-Hypothese ist die Explosion gar nicht „echt“. Vielmehr hätten sich die Tierstämme in einem für die Evolution sonst normalen Tempo gleichsam im Verborgenen entwickelt, seien aber größtenteils erst im Kambrium in fossiler Form in Erscheinung getreten. Die Rede ist also von der Unvollständigkeit des Fossilberichts, was bereits Charles DARWIN als mögliche Lösung des Rätsels der kambrischen Explosion ins Spiel brachte (DARWIN 1859, 365–369).

Doch die Gründe, die für das fossile Fehlen von bereits existierenden Formen vorgebracht werden, sind nicht stichhaltig. Denn es sind Weichteilerhaltungen und auch sehr kleine Organismen fossil bekannt, so dass Vorläufer fossilisierbar gewesen wären. Aus dem Präkambrium sind zahlreiche Vielzellerfossilien bekannt, aber kaum solche, die als Vorfahren der kambrischen Tierwelt geeignet sein könnten.

Hatten die Vorläufer noch keine fossilisierbaren Hartteile? Diese Vermutung äußert BRASIER (1998). Es handelt sich dabei um eine ad hoc-Hypothese, für die es keine Anhaltspunkte gibt. Auch in diesem Szenario könnte man in seltenen Fällen Fossilisation erwarten, zumal fossile Weichteilerhaltung unter besonderen Bedingungen grundsätzlich möglich ist, wie z.B. die präkambrische Ediacara-Fauna zeigt. Präkambrische Gesteinsschichten bestehen aus vielen Arten von Sedimenten*, in denen Organismenreste detailliert erhalten bleiben können (MEYER et al. 2001, 17). BROOKE (1999, 211) stellt fest, dass es präkambrische Sedimente gibt, in denen Tiere hätten fossilisiert werden können, und erwähnt gelegentlich auftretende Spurenfossilien. Weiter stellt sich die Frage, wie die Hartteile plötzlich entstehen konnten, und zwar vielfach unabhängig voneinander. VALENTINE (2004, 463) weist in diesem Zusammenhang auch darauf hin, dass in kleinerem Maßstab auch *nach dem Erwerb von Hartteilen* regelmäßig ein explosives Auftreten von niederrangigeren Taxa und das Fehlen von Bindegliedern zu beobachten sei. Hier scheidet das Fehlen von Hartteilen als Erklärung für das Fehlen einer Fossildokumentation definitiv aus; diese Erklärung ist auch für die kambrische Explosion unglaublich.

Das Postulat, vorkambrische Organismen hätten nur Weichteile gehabt, ist zudem aus anatomischen Gründen unplausibel. Viele Stämme wie z.B. die Armfüßer (Brachiopoda) konnten nicht zuerst Weichteile evolvieren und erst später die Hartteile, weil ihr Überleben großenteils von der Schutzwirkung der Hartteile abhängt. Beides müsste zusammen evolvieren.



Verschaffen molekulare Daten Zeit für die Bildung der kambrischen Baupläne?

Neben den Fossilien bieten Daten der vergleichenden Biologie unter evolutionstheoretischen Prämissen einen völlig unabhängigen Zugang zur Frage nach der Entstehungszeit der Tierstämme (d.h. der Zeitpunkte der Aufspaltung der evolutionstheoretisch postulierten gemeinsamen Vorläufer). Es wird evolutionstheoretisch argumentiert, dass je länger zwei Arten auf getrennten Wegen evolviert sind, desto größere Unterschiede in den Sequenzen von Proteinen (Abfolgen der Aminosäuren) bzw. der DNA zu erwarten sind. Kann aus paläontologischen und geologischen Daten der Zeitpunkt der Trennung zweier Linien abgeschätzt werden, so ergibt sich unter geeigneten Umständen aus den Sequenzunterschieden eine „Ganggeschwindigkeit“ der „molekularen Uhr“ für das betreffende Protein bzw. Gen. Die so bestimmte molekulare Uhr kann dann eingesetzt werden, um den ungefähren Trennungszeitpunkt anderer Arten anzugeben, für die es keine fossile Dokumentation gibt. Voraussetzung für eine brauchbare molekulare Uhr ist allerdings, dass Aminosäure- bzw. Nukleotidaustausche über längere Zeiträume hinweg in konstanten Raten erfolgen, was häufig nicht der Fall ist (AYALA 1999; vgl. JUNKER 2001).

Verschiedene Studien mit Hilfe molekularer Uhren erbrachten in den letzten knapp 20 Jahren sehr unterschiedliche Ergebnisse (Abb. 2). Nach Daten von WRAY et al. (1996) unter Zugrundelegung von sieben Uhren muss die Aufspaltung der Tierstämme tief ins Präkambrium verlegt wer-

Abb. 1 Das Regulationsgen *dll* (*distalless*) bzw. das homologe Gen *dlx* codiert für ein Steuerprotein der Transkription (mit einem besonderen Abschnitt, der Homeodomäne, welche an der DNA andockt), das während der Embryonalentwicklung verschiedenster Tierstämme (drei davon sind abgebildet) exprimiert wird, in z. T. sehr verschiedenen, nicht homologen Strukturen. (Erläuterungen im Text; Fotos: von oben nach unten: GNU-Lizenz für freie Dokumentation, R. JUNKER, Westfälisches Museum für Naturkunde Münster)

den, teilweise bis auf ca. 1,6 Milliarden Jahre (das wären über 1 Milliarde Jahre vor der Kambrium-Grenze). Dabei ergeben sich je nach zugrunde gelegtem Gen bzw. Protein sehr verschiedene Zeiten (Tab. 1; vgl. CONWAY MORRIS 1997). Neuere Studien haben das Blatt in Richtung sehr viel späterer Divergenzzeiten gewendet. Mittlerweile scheint sich ein Konsens von ca. 700 Millionen Jahren für den letzten gemeinsamen Vorfahren der Bilateria („Zweiseitentiere“) und von ca. 800 Millionen Jahren für alle Metazoen (vielzellige Tiere) herauszukristallisieren (ERWIN et al. 2011). Es verbleibt damit eine zeitliche Lücke von ca. 150-170 Millionen Jahren vom theoretisch ermittelten Ursprung der Bilateria und der (eigentlichen) kambrischen Explosion. Das sei Zeit genug für die evolutive Entwicklung der Baupläne, wird manchmal argumentiert, und man müsse daher keine explosive Entstehung der kambrischen Tierwelt annehmen. Doch angesichts der Tatsache, dass trotz guter Fossilisationsbedingungen im jüngsten Präkambrium kaum halbwegs passende Vorläufer gefunden

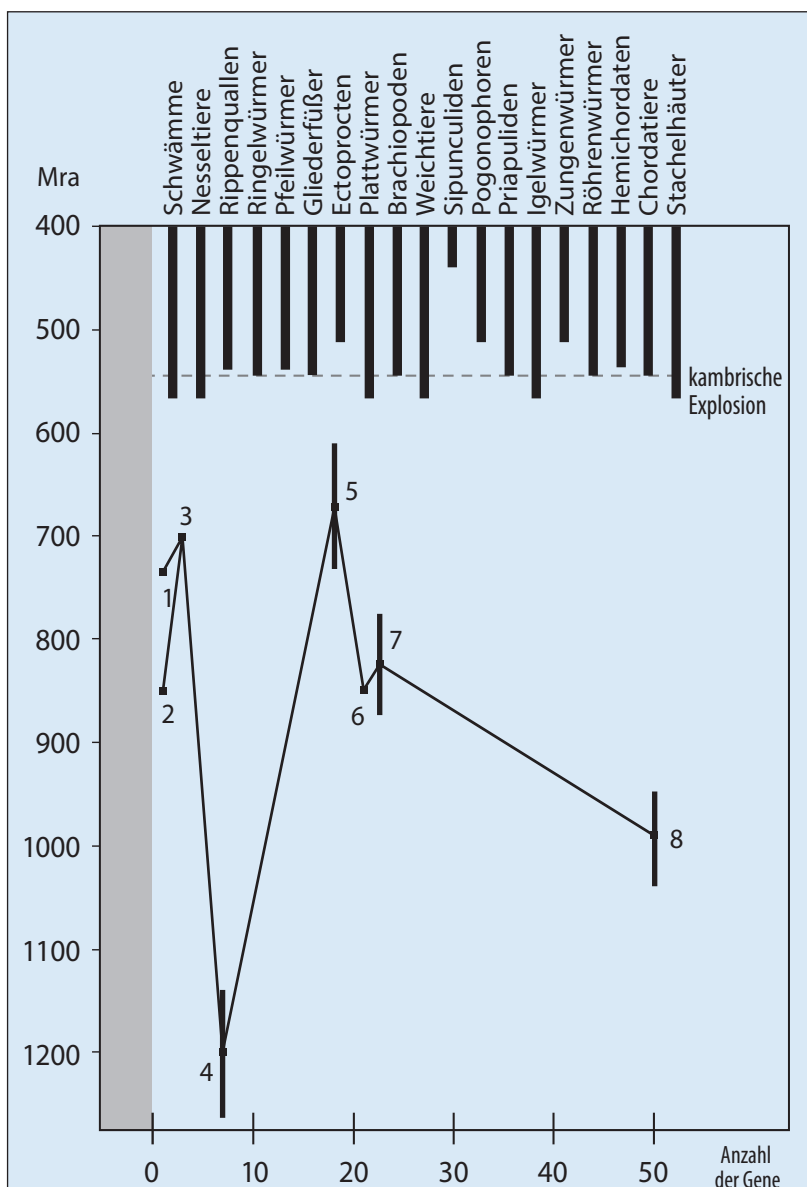
wurden, ergibt sich aus dieser Konstellation eher ein Problem für evolutionäre Deutungen: Die evolutionäre Deutung der molekularen Ähnlichkeiten passt nicht ohne weiteres mit den fossilen Zeugnissen zusammen.

Zudem beruht die Argumentation, die molekularen Daten sprächen für einen größeren Entstehungszeitraum der kambrischen Tierwelt auf der Voraussetzung, dass die molekularen Unterschiede evolutionär entstanden sind.

Ökologische und andere Auslöser

Angesichts der Datenlage akzeptieren viele Biologen, dass es im Verlauf des Kambriums eine mehr oder weniger heftige „Explosion“ der Tierstämme gegeben hat, so dass sich die Frage nach möglichen Ursachen oder Auslösern für eine stark beschleunigte Evolution stellt. Die Idee eines genetischen Auslösers wurde bereits diskutiert. Nachfolgend werden ökologische und geologische Auslöser sowie weitere Vorschläge kurz vorgestellt (vgl. VALENTINE 2002, 300ff.).

Abb. 2 Divergenzzeiten für die Trennung von Protostomiern (Gliederfüßern u. a.) und Deuterostomiern (Chordatiere u. a.) nach unterschiedlichen Studien. Die Zahlen stehen für verschiedene Studien. Mra: Millionen radiometrische Jahre. (Nach WANG et al. 1999)



Waren die Vorläuferformen sehr klein?

Eine Variante der bereits erwähnten Artefakt-Hypothese ist die Mutmaßung, dass die Vorläuferformen sehr klein, vielleicht sogar mikroskopisch klein waren und daher unentdeckt blieben (CONWAY MORRIS 1997, FORTEY et al. 1996, 26). Was aber führte dann zu ihrer Größenzunahme? BROOKE (1999, 121) referiert dazu die Vermutung einiger Wissenschaftler, dass größere chemische Veränderungen in den Ozeanen und die stark erhöhte Sauerstoffkonzentration in der Erdatmosphäre den Tieren ermöglicht hätte, Hartteile zu bilden (vgl. MARSHALL 2006, 364, der aber auf Kritiker dieser Auffassung hinweist: Die Ediacara-Formen seien teilweise so groß gewesen, dass kein Sauerstoffmangel angenommen werden könne). Die Gewebe konnten an Größe zunehmen, weil der Sauerstoff besser in die Organe diffundieren konnte. Die Kette von Ursache und Wirkung sei jedoch bei weitem nicht geklärt. Hier werden allenfalls notwendige Voraussetzungen genannt, jedoch keine Erklärungen gegeben. Außerdem könnten solche Miniaturorganismen angesichts unzähliger Mikrofossilfunde fossil durchaus entdeckt werden. Immerhin sind über 400 Fundstellen im Präkambrium bekannt, die so zarte Geschöpfe wie Mikrofossilien (einzellige Organismen), Algen u. a. bergen (SCHOPF 1994). Die Ansicht, wonach die evolutionär zu fordernden Vorläufer aufgrund der Zartheit ihres Baus oder aufgrund schlechter Fossilisationsbedingungen nicht gefunden worden seien, kann daher nicht überzeugen.

	Divergenzzeit (Millionen Jahre) nach Daten von:						
	ATPase 6	Cyto- chrom	Cyto- chrom- oxidase I	Cyto- chrom- oxidase II	β- Hämo- globin	NADH 1	18S rRNA
Stachelhäuter-Chordaten	786	883	1160	608	1312	971	1288
Gliederfüßer-Chordaten	887	953	1272	803	1506	1338	1453
Ringelwürmer-Chordaten	1059	1078	1465	773	1621	1221	1214
Weichtiere-Chordaten	1045	–	1333	788	1511	1492	1183
Kieferlose-Kiefermäuler	462	895	511	487	–	638	–

Tab. 1 Divergenzzeiten für Aufspaltungen einiger Tierstämme. (Nach WRAY et al. 1996)

Theorie vom „freien Raum“

Nach dieser Theorie konnten die vielen Baupläne sich deshalb so schnell entwickeln, weil viele unbesetzte ökologische Nischen vorhanden waren. Nach verbreiteter Auffassung gab es jedoch auch sonst in der Erdgeschichte Phasen mit vielen freien ökologischen Nischen, ohne dass neue Grundbaupläne entstanden wären. Zudem kann ein ökologisch freier Raum an sich nicht ursächlich dafür sein, dass neue Baupläne entstehen.

Abiotische und biotische Auslöser

Gegen Ende des Präkambriums soll es mehrere starke Vereisungen der Erde gegeben haben; man spricht von einer „Schneeball-Erde“ (vgl. STEPHAN 2004). Deren Ende wird manchmal im Zusammenhang mit der Entstehung der Vielzeller und damit letztlich auch der kambrischen Explosion gesehen. Doch ein zeitlicher Zusammenhang ist fraglich, erst recht aber ein ursächlicher (MARSHALL 2006, 364f.): Es ist nicht ersichtlich, wie eine größere Umweltkatastrophe zu grundlegend neuen Komplexitätsstufen des Lebens geführt haben sollte. Dieser Einwand gilt auch für andere diskutierte Auslöser wie z.B. eine Anomalie der Kohlenstoffisotope an der Grenze zwischen Präkambrium und Kambrium (MARSHALL 2006, 365) oder die Zunahme des Sauerstoffgehalts in der Atmosphäre (BUDD 2008).

Kann eine Umweltkatastrophe ursächlich für grundlegend neue Komplexitätsstufen des Lebens sein?

SPELTING et al. (2013) diskutieren als mögliche Auslöser für die kambrische Explosion ein Räuber-Beute-Wettrüsten; damit könnte das evolutionäre Muster erklärt werden, allerdings nicht das Timing des Auftretens der Tiergruppen. YOUNG (2013) meint, dass ungewöhnliche Umweltänderungen eine Schlüsselrolle bei der Entstehung komplexer Lebensformen gespielt hätten (vgl. auch MARSHALL 2006, 369f.).

Aber alle diese Faktoren können nur als Bedingungen oder Koinzidenzen gewertet werden (vgl. auch SMITH & HARPER 2013); sie begründen in keiner Weise einen Mechanismus und ermöglichen somit keine Erklärung (vgl. SPELTING et al. 2013, 13446; CONWAY MORRIS 2003, 24). Das gilt auch für geologische Veränderungen (vgl. z.B. PETERS & GAINES 2012). Für deren *kausale Verknüpfung* mit dem Auftreten evolutionärer Innovationen gibt es keine Anhaltspunkte. Dass Veränderungen von Lebensbedingungen eine Änderung der Lebensgemeinschaften nach sich ziehen, könnte auch ausschließlich ökologische Ursachen haben: Günstige Lebensbedingungen führen zu Ausbreitung vorhandener Formen, was die Chancen auf fossile Erhaltung erhöht.

PETERSON et al. (2009, 737) äußern sich zur Frage nach den Ursachen skeptisch: Je mehr wir über die kambrische Explosion wüssten, desto unklarer würde die Ursache dafür. Bezüglich geologischer Aspekte als Auslöser schreibt BUDD (2008, 1431), dass geologische Änderungen während des jüngsten Präkambriums und des Unterkambriums zwar bei der Ursachenforschung berücksichtigt werden müssten, diese jedoch eher als „Szenerie“ und nicht als „Hauptakteure“ des „kambrischen Dramas“ angesehen werden müssten. ERWIN & VALENTINE (2013, 157) weisen außerdem darauf hin, dass die kambrischen Baupläne nach ihrer Etablierung trotz wechselnder Umweltbedingungen auf den kambrischen Meeresböden stabil geblieben seien.

Fazit

Worauf die kambrische Explosion zurückzuführen ist, konnte bisher also nicht geklärt werden. VALENTINES (2004, 194) zusammenfassende Feststellung in seiner Monographie gilt nach wie vor: „Zusammengefasst implizieren die kambrischen Fossilien eine Explosion der Baupläne, aber die zugrundeliegenden Ursachen bleiben unsicher.“ Damit widerspricht der paläontologische Befund des plötzlichen fossilen Erscheinens der kambrischen Tierwelt nach wie vor evolutionstheoretischen Erwartungen.

Literatur

- ADOUTTE A, BALAVOINE G, LARTILLOT N, LESPINET O, PRUD'HOMME B & DE ROSA R (2000) The new animal phylogeny: Reliability and implications. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 97, 4453–4456.
- ARTHUR W (2002) The emerging conceptual framework of evolutionary developmental biology. *Nature* 415, 757–764.
- AYALA FJ (1999) Molecular clock mirages. *BioEssays* 21, 71–75.
- BRASIER M (1998) From deep time to late arrivals. *Nature* 395, 547–548.
- BROOKE M de L (1999) How old are animals? *Trends Ecol. Evol.* 14, 211–212.
- BUDD GE (2008) The earliest fossil record of the animals and its significance. *Phil. Trans. R. Soc. B* 363, 1425–1434.
- CABEJ NR (2013) Building the most complex structures on earth. An epigenetic narrative of development and evolution of animals. Amsterdam: Elsevier.
- CARROLL SB (2005a) Endless forms most beautiful. The new science of evo devo and the making of the animal kingdom. London.
- CARROLL SB (2005b) Evolution at two levels: On Genes and Form. *PLoS Biol.* 3(7): e245.
- CARVUNIS AR, ROLLAND T et al. (2012) Protogenes and *de novo* gene birth. *Nature* 487, 370–374.
- CONWAY MORRIS S (1997) Molecular clocks: Defusing the Cambrian 'explosion'? *Curr. Biol.* 7, R71–R74.
- CONWAY MORRIS S (2003) The Cambrian „explosion“ of metazoans. In: MÜLLER GB & NEWMAN SA (eds) *Origination of organismal form*. Cambridge, MA, pp 13–31.
- DARWIN C (1990/1859) *Die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl*. Leipzig, 3. Aufl. der deutschen Übersetzung von Carl W. Neumann.
- DAVIDSON EH (2011) Evolutionary bioscience as regulatory systems biology. *Dev. Biol.* 357, 35–40.
- ERWIN DH, VALENTINE J & JABLONSKI D (1997) The origin of animal body plans. *Am. Sci.* 85, 126–137.
- ERWIN DH, LAFLAMME M, TWEEDT SM, SPERLING EA, PISANI D & PETERSON KJ (2011) The Cambrian conundrum: Early divergence and later ecological success in the early history of animals. *Science* 334, 1091–1097.
- ERWIN DH & VALENTINE JW (2013) *The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity*. Greenwood Village, Colorado.
- FINNERTY JR, MASTER VA, IRVINE S, KOURAKIS MJ, WARRINER S & MARTINDALE MQ (1996) Homeobox genes in the Ctenophora: identification of paired-type and Hox homologues in the tentaculate ctenophore, *Beroë ovata*. *Mol. Mar. Biol. Biotechnol.* 5, 249–258.
- FORTEY RA, BRIGGS DEG & WILLS MA (1996) The Cambrian evolutionary 'explosion': decoupling cladogenesis from morphological disparity. *Biol. J. Linn. Soc.* 57, 13–33.
- GILBERT SF (2003) *Developmental Biology*. 7th ed. Sunderland, Mass.
- JUNKER R (2001) Unbeständige molekulare Uhren. *Stud. Integr. J.* 8, 30–31.
- JUNKER R (2014) Rezension von: Building the most complex structures on earth (N. Cabej). *Stud. Integr. J.* 21, 58–60.
- KNOLL AH & CARROLL SB (1999) Early animal evolution: Emerging views from comparative biology and geology. *Science* 284, 2129–2137.
- KUSSEROW A, PANG K et al. (2005) Unexpected complexity of the Wnt gene family in a sea anemone. *Nature* 433, 156–160.
- LEISOLA M (2014) Die Suche nach der Nadel im Heuhaufen. *Stud. Integr. J.* 21, 99–103.
- MARSHALL CR (2003) Nomothetism and understanding the Cambrian „explosion“. *Palaios* 18, 195–196.
- MARSHALL CR (2006) Explaining the Cambrian 'explosion' of animals. *Ann. Rev. Earth Planet. Sci.* 34, 355–384.
- MARSHALL CR (2013) When prior belief trumps scholarship. *Science* 341, 1344.
- MARSHALL CR & VALENTINE JW (2010) The importance of preadapted genomes in the origin of the animal bodyplans and the Cambrian explosion. *Evolution* 64, 1189–1201.
- MCDONALD JF (1983) The molecular basis of adaptation: A critical review of relevant ideas and observations. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 14, 77–102.
- MEYER SC, NELSON PA & CHIEN P (2001) The Cambrian explosion: Biology's big bang. <http://www.discovery.org/articleFiles/PDFs/Cambrian.pdf>.
- NEWMAN SA (2010) Dynamical pattern modules. In: PIGLIUCCI M & MÜLLER GB (eds) *Evolution. The extended synthesis*. The MIT Press, Cambridge, Mass. & London, S. 281–306.
- OHNO S (1996) The notion of the Cambrian pananimalia genome. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 93, 8475–8478.
- PETERS SE & GAINES RR (2012) Formation of the 'Great Unconformity' as a trigger for the Cambrian explosion. *Nature* 484, 363–366.
- PETERSON KJ, DIETRICH MR & MCPEEK MA (2009) MicroRNAs and metazoan macroevolution: insights into canalization, complexity, and the Cambrian explosion. *BioEssays* 31, 736–747.
- RYAN JF, MAZZA ME, PANG K, MATUS DQ, BAXEVANIS AD, MARTINDALE MQ & FINNERTY JR (2007) Pre-bilaterian origins of the Hox cluster and the Hox code: Evidence from the sea anemone, *Nematostella vectensis*. *PLoS ONE* 2(1), e153, doi:10.1371/journal.pone.0000153.
- SCHERER S & KEIM D (2013) Entstehung biologischer Information unter präbiotischen Bedingungen? In: JUNKER R & SCHERER S (Hg) *Evolution – ein kritisches Lehrbuch*. Gießen, 7. Auflage, Kap. IV. 8.
- SCHOPF JW (1994) The early evolution of life: solution to Darwin's dilemma. *Trends Ecol. Syst.* 9, 375–377.
- SHUBIN NH & MARSHALL CR (2000) Fossils, genes, and the origin of novelty. *Paleobiology* 26, 324–340.
- SMITH MP & HARPER DAT (2013) Causes of the Cambrian explosion. *Science* 341, 1355–1356.
- STEPHAN M (2004) Eine katastrophische Hypothese: Die „Schneeball-Vereisung“ der Erde. *Stud. Integr. J.* 11, 93–97.
- SPERLING EA, FRIEDER CA, RAMAN AV, GIRGIS PR, LEVIN LA & KNOLL AH (2013) Oxygen, ecology, and the Cambrian radiation of animals. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 110, 13446–13451.
- TABIN CT, CARROLL SB & PANGANIBAN G (1999) Out on a limb: Parallels in vertebrate and invertebrate limb patterning and the origin of appendages. *Amer. Zool.* 39, 650–663.
- VALENTINE JW (1986) Fossil record of the origin of Baupläne and its implications. In: RAUP DM & JABLONSKI D (eds) *Patterns and processes in the history of life*. Berlin, pp 209–222.
- VALENTINE JW (2002) Prelude to the Cambrian explosion. *Annu. Rev. Earth Planet. Sci.* 30, 285–306.
- VALENTINE JW (2004) *On the origin of phyla*. Chicago and London.
- VALENTINE JW, JABLONSKI D & ERWIN DH (1999) Fossils, molecules and embryos: new perspectives on the Cambrian explosion. *Development* 126, 851–859.
- WANG DY-C, KUMAR S & HEDGES SB (1999) Divergence time estimates for the early history of animal phyla and the origin of plants, animals and fungi. *Proc. R. Soc. Lond. B* 266, 163–171.
- WILLMER P (2003) Convergence and homoplasy in the evolution of organismal form. In: MÜLLER GB & NEWMAN SA (eds) *Origination of organismal form. Beyond the gene in developmental and evolutionary biology*. Cambridge, MA, pp 33–49.
- WRAY GA, LEVINTON JS & SHAPIRO LH (1996) Molecular evidence for deep Pre-Cambrian divergences among metazoan phyla. *Science* 274, 568–573.
- YOUNG GM (2013) Evolution of Earth's climatic system: Evidence from ice ages, isotopes, and impacts. *GSA Today* 23 (10), 4–10. doi: 10.1130/GSATG183A.1

Anschrift des Verfassers:

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

Wann entstanden die modernen Säugetiere?

Einsichten aus Fossilien, Molekülen und Datierungen

Zu Beginn des Tertiärs erscheint ziemlich abrupt eine Vielzahl von Säugetiergruppen im Fossilbericht, die den auch heute lebenden Plazentatieren zugeordnet werden. Nach klassischer Sicht soll das Aussterben der Dinosaurier Platz für die Säuger geschaffen haben. Doch sowohl zahlreiche Fossilfunde als auch molekulare Daten widersprechen zunehmend diesem Bild, und die wachsende Datenfülle erschwert evolutionstheoretische Modellierungen.

Henrik Ullrich

Klassisches Bild der Evolution moderner Säugetiere (Mammalia)

Es gehört zum heutigen Lehrbuchwissen, dass das Aussterben der Dinosaurier am Ende des Erdmittelalters (Mesozoikum) den Weg frei gemacht haben soll für eine explosionsartige Evolution der modernen Säugetiere in der Erdneuzeit (Känozoikum). Während zur Zeit der Dinosaurier nach diesem Szenario nur einzelne insektenjagende Vertreter urtümlicher Säugetiergruppen existierten, soll der Einschlag eines großen Asteroiden vor ca. 66 Millionen radiometrischen Jahren durch die damit verbundene weltweite Umweltzerstörung und den Klimawandel den Freiraum für den evolutionären Siegeszug der modernen plazentalen Säugetiere (Plazentalier) geschaffen haben. Innerhalb nur weniger Jahrmillionen (maximal in ca. 10–15 Millionen Jahren) seien anschließend erste Vertreter nahezu aller Ordnungen heutiger Plazentatiere aufgetreten. Diese rasante Evolution wurde begleitet von der ebenso rasch aufblühenden Vielfalt unter den Beuteltieren (Marsupialier) und der Evolution der Kloakentiere (Monotremata), welche die anderen modernen Zweige heutiger Säugetierordnungen repräsentieren.

Der Fossilbericht hat diese klassische Rekonstruktion über viele Jahrzehnte unterstützt. Zum einen mutet das Erscheinungsbild der mesozoischen Säugetierformen im Vergleich mit den modernen Formen sehr fremd an. Zum anderen

finden sich erst in den Gesteinsschichten im Bereich des Übergangs vom mittleren Paläozän zum Eozän (auf ca. 60–55 Millionen radiometrische Jahre datiert) vermehrt fossile Reste, die

Kompakt

Das Aussterben der Dinosaurier am Ende des Erdmittelalters (Mesozoikum) soll den Weg für eine explosionsartige Evolution der modernen plazentalen Säugetiere in der Erdneuzeit (Känozoikum) frei gemacht haben. Dieses klassische Bild kann mittlerweile angesichts zahlreicher neuer Fossilfunde aus dem Mesozoikum und einer Fülle molekulargenetischer Daten nicht mehr aufrechterhalten werden. Beide Datenfelder fordern nicht nur eine sehr viel frühere Entstehung der Säugetiere, sondern weisen einige Diskrepanzen auf.

So sind wie auch bei anderen Tierklassen in der Regel die anhand molekularer Uhren ermittelten Aufspaltungszeitpunkte gegenüber den auf Fossilien basierenden Ergebnissen deutlich früher. Für diese Diskrepanz werden verschiedene Erklärungen diskutiert: das „Explosive Modell“, das Modell „Lange Zündschnur“ (long fuse) und das Modell „Kurze Zündschnur“ (short fuse). Alle Modelle können bestimmte Aspekte der fossilen und molekularen Daten verständlich machen, lassen aber auch unterschiedliche Fragen offen. Die evolutionstheoretischen Modellierungen werden erschwert durch die Unvollständigkeit des Fossilberichts, durch subjektive Faktoren in der Merkmalsbewertung und durch uneinheitliche Ganggeschwindigkeiten der molekularen Uhren.

Die evolutionstheoretischen Modellierungen können nicht als unabhängige Belege für eine stattgefundene Evolution gewertet werden, denn sie basieren auf der Vorgabe, dass eine natürliche Entstehungsgeschichte des Lebens Tatsache ist. Daraus können auch keine Aussagen über Ursachen und Mechanismen der Evolution abgeleitet werden.

Die zunehmenden Widersprüche zwischen verschiedenen Datensätzen werfen die Frage nach alternativen nicht-evolutionären Deutungen auf. Ein Ansatz ist, die fossilen Überlieferungshorizonte als Zeugnisse mehrfacher, katastrophisch bedingter Vernichtungen einzelner Säugetierordnungen in spezifischen Ökosystemen zu interpretieren, die zeitgleich, aber biogeographisch getrennt von anderen Säugetierordnungen existierten.

Abb. 1 Darstellung der fossilen Fundsituation und der vermuteten stammesgeschichtlichen Beziehungen zwischen säugetierähnlichen Organismen (Mammaliaformes, gelb unterlegt) und ausgestorbenen und rezenten echten Säugetieren (blau unterlegt) nach Vorlagen von Luo et al. (2007) und ZHENG et al. (2013). Grün hervorgehoben sind Säugetiergruppen, die als Theria bezeichnet werden und eine ausgeprägte Konvergenz bezüglich verschiedener Merkmalskomplexe aufweisen (vgl. dazu Luo 2007). Der thematische Schwerpunkt im vorliegenden Beitrag konzentriert sich auf die Diskussion zur Evolution der Plazentalier. Mra: Millionen radiometrische Jahre.

heutigen Säugetieren zugeordnet werden können. Keine Antwort konnten die Fossilien auf die Frage nach dem „Warum“ und dem „Wie“ des explosionsartigen Auftretens der modernen Formen geben. Ebenso unklar blieb, welche der bis heute immerhin mehr als 40 bekannten Gruppen mesozoischer Eutheria als Vorfahren der heutigen Säugetiere in Betracht kommen, da vermittelnde Zwischenformen fehlen (vgl. YODER et al. 2013).

Neue molekulare und fossile Daten fordern andere Modelle

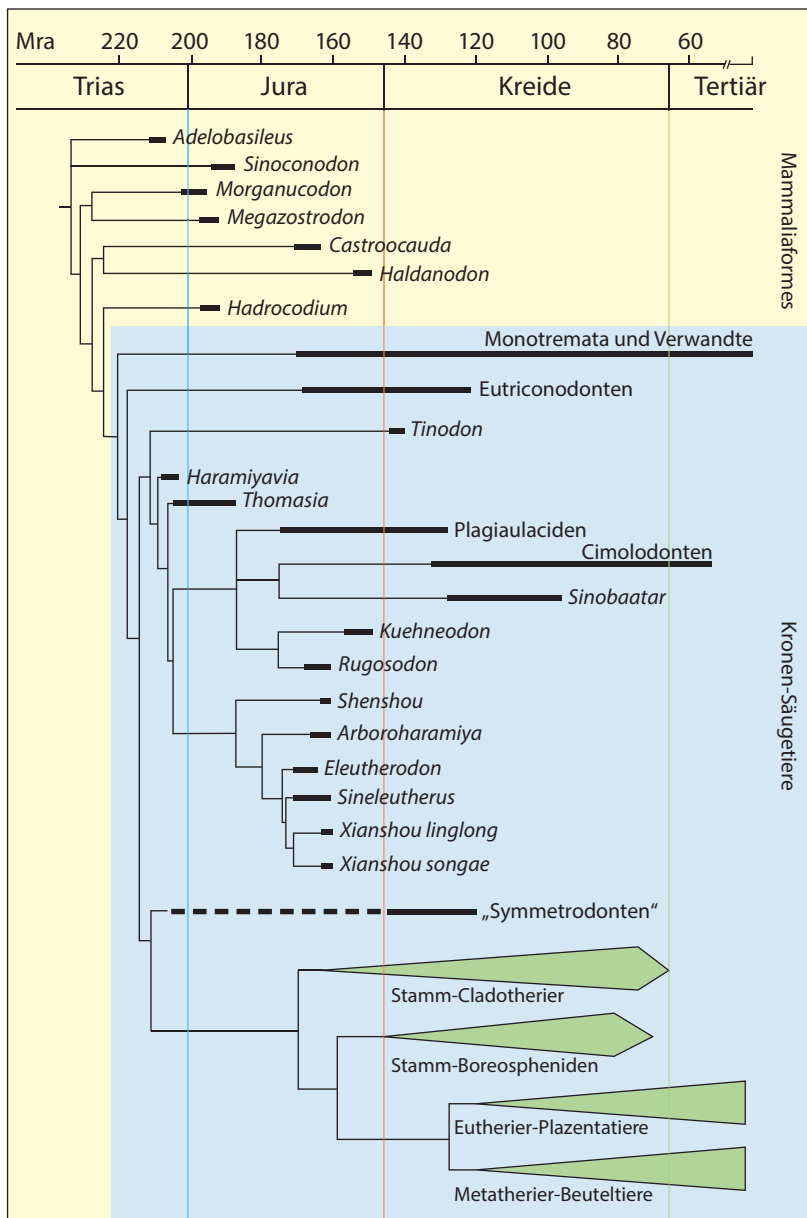
In den letzten zwanzig Jahren haben zahlreiche neue Fossilfunde und ein nahezu unüberschaubarer Wissenszuwachs – generiert aus molekulargenetischen Untersuchungen – dieses klassische Bild zur Evolution der Säugetiere z. T. aufgelöst bzw. tiefgreifend verändert (vgl. Abb. 1). Zusätzlich sieht sich die evolutionsbiologische Forschung aufgrund der Datenlage mit

grundsätzlichen Fragestellungen bezüglich der Anwendbarkeit bisher genutzter Methoden und der Aussagekraft vorliegender Modellierungen der Säugerevolution konfrontiert. So ist die Rolle sogenannter Schlüsselmerkmale zur Abgrenzung moderner Säugetiere (z. B. der Mittelohrknochen, vgl. ULLRICH 2012) und die damit verbundene Relevanz homologer Merkmale bei der Stammbaumrekonstruktion umstritten. Besonders auffällig ist die aus Sicht der Paläontologie erforderliche Postulierung mehrerer Evolutionsschübe im Mesozoikum und Känozoikum, in denen nacheinander und unabhängig voneinander Säugerlinien mit ausgeprägten konvergenten Merkmalskomplexen entstanden sein sollen (vgl. Abb. 2 und Abb. 5; vgl. LUO 2007, SPRINGER et al. 2007).

Die Nutzung molekularbiologischer Studien zur Ermittlung hypothetischer phylogenetischer Beziehungen und der Evolution der Säugetiere führten zu unerwarteten, z. T. sehr kontrovers diskutierten Konsequenzen für die wissenschaftliche Bewertung ihres heutigen Erscheinungsbildes. Ein wichtiges Ergebnis ist die mittlerweile weitestgehend etablierte reformierte biologische Systematik der Plazentalier. Die aktuelle auf molekulargenetischen Daten basierende Systematik ordnet die 18 Säugetierordnungen der Plazentalia vier neuen Überordnungen zu, den Xenarthra (Nebengelenktieren), Afrotheria, Laurasiatheria und Euarchontoglires (SPRINGER et al. 2004, vgl. Abb. 3). Die zuletzt genannten drei Überordnungen tragen ihren Namen aufgrund der vermuteten Regionen ihrer evolutionären Verwurzelung. Bemerkenswert ist, dass in den jetzigen Überordnungen placentale Säugetiere vereinigt wurden, die allein nach morphologischen Kriterien so nie zusammengestellt worden wären (vgl. dazu ausführlich ULLRICH 2013). Die Ergebnisse molekularer Studien haben also – anders als immer wieder behauptet – klassische Abstammungsbeziehungen nicht bestätigt, sondern mehr oder weniger stark durcheinandergewirbelt.

Die Ergebnisse molekularer Studien haben klassische Abstammungsbeziehungen nicht bestätigt, sondern mehr oder weniger stark durcheinandergewirbelt.

Unter dem Einfluss der Synthetischen Evolutionstheorie entwickelten ZUCKERKANDL (1960) und PAULING (1962, 1965) erste Modelle zur Bestimmung von spezifischen Zeitpunkten von evolutionären Aufspaltungen und der Zeitdauer evolutionärer Prozesse bei Proteinen. Die Vorstellung langsam und kontinuierlich sich ändernder Gene und der von ihnen codierten Proteine bildete die Basis für die Etablierung



einer Vielzahl methodischer Ansätze zur Nutzung molekularer Uhren. Während sich, wie oben erwähnt (Abb. 3), bezüglich der phylogenetischen Systematik der Säugetiere ein mittlerweile allgemein akzeptiertes, jedoch nicht widerspruchsfreies Bild bei der Kombination von Morphologie, Fossilien und Molekülen ergab, kann Gleiches bezüglich der Ergebnisse molekularer Uhren nicht gesagt werden. Wie auch bei anderen Tierklassen sind in der Regel die anhand molekularer Uhren

ermittelten Aufspaltungszeitpunkte gegenüber den auf Fossilien basierenden Ergebnissen deutlich früher anzusetzen (BININDA-EMONDS et al. 2012). Dennoch geht O'LEARY (2013) weiterhin davon aus, dass die Entstehung der plazentalen Säugetiere erst im Känozoikum (Erdneuzeit) stattfand (vor ca. 65 Millionen radiometrischen Jahren); BININDA-EMONDS et al. (2007) und MEREDITH et al. (2011) dagegen verlegen diesen Zeitpunkt unter Nutzung molekularer Uhren ca. 35 Millionen Jahre früher in die Kreidezeit des Mesozoikums. Diese großen Differenzen haben natürlich Konsequenzen für die Modellierung der hypothetischen Evolutionsprozesse der Säugetiere. Welchen Einfluss hatte das Aussterbeereignis am Übergang von der Kreide zum Tertiär vor ca. 65 Millionen Jahren auf die Säugetierevolution? War das Verschwinden der Dinosaurier eine der entscheidenden Rahmenbedingungen dafür? Wo vollzog sich die Entstehung und welche Wege nahm die geographische Ausbreitung der modernen Säugetierordnungen? Wie diese Fragen beantwortet werden, wird wesentlich durch die jeweils favorisierten Altersabschätzungen bestimmt. Nachfolgend werden die in der Literatur dominierenden und widerstreitenden Hypothesen zur zeitlichen Modellierung der Säugetierevolution kurz vorgestellt.

Wie lang war die Zündschnur?

Über den Zeitpunkt der Entstehung der ersten Vertreter von modernen Säugetierordnungen und ihrer evolutionären Diversifikation (Aufspaltung und zunehmende Verschiedenartigkeit) werden drei Sichtweisen diskutiert (vgl. Abb. 4). Der Begriff „Zündschnur“ bezieht sich auf das vermutete Zeitintervall zwischen dem erstmaligen Auftreten von Grundformen der moder-

	Explosives Modell	Modell Kurze Zündschnur Intermediär	Modell Lange Zündschnur	Differenz zum Explosiven Modell
	O'Leary et al. (2013)	Bininda-Emonds et al. (2007)	Meredith et al. (2011)	Kurze/Lange Zündschnur
Mammalia	166,2	166,2	217,8	0/-50,1
Monotremata 	20,0	63,6±11,4	36,7	-35,2/-8,4
Theria	127,5		190,0	-/-60,0
Marsupialia 	64,85	82,5±11,1	81,8	-11,7/-17,0
Plazentalia	64,85	101,3±7,4	101,3	-36,5/-36,5
Xenarthra 	58,3	72,5±5,1	65,4	-13,5/-6,4
Afrotheria 	64,85	93,4±3,6	80,9	-28,6/-16,1
Laurasiatheria 	64,85	91,8±2,6	84,6	-27,0/-19,8
Euarcontoglires 	64,85	94,5±2,0	83,3	-29,7/-18,5
Primaten	53,1	87,7±2,7	71,5	-31,9/-15,7
Rodentia	56,8	85,3±3,0	69,0	-28,5/-12,2
Lagomorpha	53,0	66,8±5,1	50,2	-13,8/2,8

Zahlenangaben jeweils in Millionen radiometrischen Jahren

nen Säugetiere und ihrer weiteren Aufspaltung (Diversifikation).

Das Explosive Modell. Darunter versteht man die klassische, zumeist auf fossilem, morphologischem und molekulargenetischem Datenmaterial basierende phylogenetisch-cladistische Modellierung (WIBLE et al. 2007, O'LEARY et al. 2013). Untersuchungen einzelner Säugetiergruppen auf der Basis molekularer Uhren unterstützen ebenfalls diese Sichtweise (z. B. WU et al. 2012). Urtümliche Säuger (Eutheria) zur Zeit der Dinosaurier sind danach nicht die unmittelbaren Vorfahren moderner Säugetiere. Erst zu Beginn der Erdneuzeit (nach O'LEARY et al. 2013: vor ca. 64,85 Millionen Jahren) entstand demnach der erste Vertreter der modernen Säugetiere. Innerhalb nur weniger Jahrtausende kam es danach zu einer explosionsartigen Diversifikation in die heute bekannten mehr als 5000 Säugetierarten. Dieses Modell wurde vordergründig durch die paläontologische Befundlage gestützt, verliert jedoch aufgrund der aktuellen molekularbiologischen Befunde, aber auch aufgrund aktueller Fossilfunde wie *Juramaia* (Abb. 2) und *Eomaia* (Abb. 5) an Glaubwürdigkeit.

Tab. 1 Vergleich unterschiedlicher Studienergebnisse zur Entstehung und erstmaligen Diversifikation von einzelnen modernen Säugetierordnungen und -überordnungen. (Nach O'LEARY et al. 2013)

Abb. 2 *Juramaia sinensis* ist ein ausgestorbenes Säugetier, der bislang einzige Vertreter Gattung *Juramaia*. Es wurde 2011 in Schichten des Oberjura in der Provinz Liaoning (China) entdeckt, die auf 160 Millionen radiometrische Jahre datiert sind. Für Luo et al. (2007) gilt *Juramaia* als ältester fossiler Vertreter der modernen Plazentatiere. Damit müsste, so die Autoren, die Entstehung der Plazentatiere und ihre Abspaltung von den Beuteltieren um 35 Millionen Jahre vordatiert werden. Bis dahin galt *Eomaia* (Abb. 5) als ältester fossiler Vertreter der modernen Plazentatiere. (<http://phys.org/news/2011-08-discovery-million-year-old-fossil-milestone-early.html>)

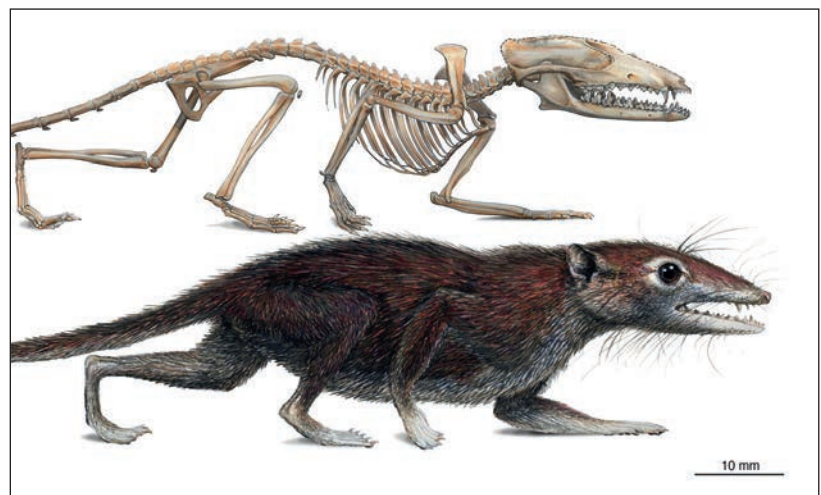
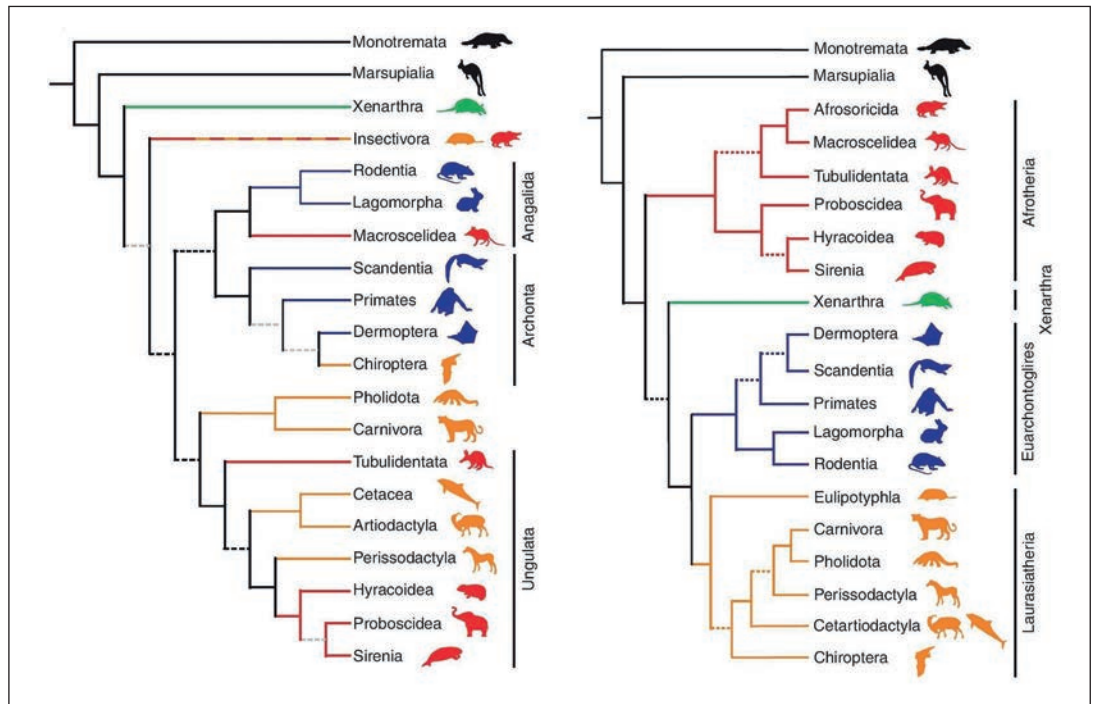


Abb. 3 Links der bislang akzeptierte Baum der plazentalen Säugetiere nach morphologischen Merkmalen, rechts der sich abzeichnende Baum nach molekularen Daten. (Aus SPRINGER et al. 2004; Trends in Ecology and Evolution)



Das Explosive Modell mit kurzer Zündschnur („Short-fuse“-Modell). Dieses Modell basiert vorrangig auf Ergebnissen molekularer Uhren, die an Fossilien kalibriert wurden (z.B. SPRINGER et al. 1997, PENNY et al. 1999). Der hypothetische Vorfahre der modernen Säugetiergruppen entstand danach – wie beim explosiven Modell – vor ca. 160 Millionen Jahren. Aber bereits nach 60 Millionen Jahren („kurze Zündschnur“) in der Kreide evolvierten danach erste Vertreter moderner Säugetiere (vor ca. 100 Millionen Jahren) und auch deren erste Diversifikation begann lange vor der Kreide-Tertiär-Grenze.

Das Explosive Modell mit langer Zündschnur („Long-fuse“-Modell). Auch dieses Modell basiert vorrangig auf Ergebnissen molekularer Uhren, die an Fossilien kalibriert wurden (z.B. MEREDITH et al. 2011, SPRINGER et al. 2003). Die Entstehung des hypothetischen Vorfahren der modernen Säugetiergruppen wird aber deutlich vorverlegt auf vor 217 Millionen Jahre in die Trias. Erst 117 Millionen Jahre später („lange Zündschnur“) evolvierten in der Kreide die ersten Vertreter moderner Säugetierordnungen (vor ca. 100 Millionen Jahren). Die ersten Diversifikationen innerhalb dieser Ordnungen begannen dann aber erst jenseits der Kreide-Tertiär-Grenze vor ca. 65 Millionen Jahren.

Im Gegensatz zum Explosiven Modell wurden das Short-fuse-Modell und das Long-fuse-Modell zunächst nur durch molekularbiologische Daten gestützt. Mittlerweile können sich diese Sichtweisen auch auf – bislang noch sehr wenige – Fossilfunde berufen. Darüber hinaus passen diese Modelle besser zum Szenario der Kontinentaldrift (Spaltung Pangäas im Zeitraum von 200–52 Millionen Jahren) und daran ge-

knüpfte paläogeographische Überlegungen zur Besiedlung der Kontinente durch die Säugetiere (BININDA-EMONDS et al. 2012).

Basierend auf den zuletzt genannten zwei Modellen gibt es noch intermediäre Szenarien, in denen z.B. mehrere Diversifikationsschübe einzelner Säugergruppen in der Kreide und/oder im Känozoikum vermutet werden (KITAZOE et al. 2007, BININDA-EMONDS et al. 2007). In Tab. 1 werden Ergebnisse der vorgestellten unterschiedlichen Studienansätze zur Entstehung und erstmaligen Diversifikation von einzelnen modernen Säugetierordnungen und -überordnungen einander gegenübergestellt.

Ursachen des Konflikts „Fossilien versus molekulare Uhren“

Wie kommt es zu derartig großen Unterschieden (bis maximal 62,5 Millionen Jahre bzw. bis zu 30% höheren Altern der molekularen Uhren im Vergleich mit dem Explosiven Modell) in den einzelnen Studien (Tab. 1)? Welchen Einfluss haben studienspezifische Methoden und die ihnen zugrundeliegenden Modelle zum Ablauf von Evolutionsprozessen auf die vorgelegten Zeitangaben? Ist langfristig eine Harmonisierung der aktuell stark voneinander abweichenden Resultate zu erwarten? In einer detaillierten Arbeit haben sich BININDA-EMONDS et al. (2012) dieser Thematik angenommen und verweisen auf eine hohe Anzahl von theoretischen und methodischen Problemfeldern, die bei der Diskussion und Wertung der jeweiligen Ergebnisse Berücksichtigung finden müssen. Die Autoren zeigen die Bedeutung evolutionstheoretischer Vorannahmen auf, die in

die jeweiligen Datierungsmodelle einfließen und sie bestimmen (z.B. Definition und Gewichtung phylogenetisch relevanter Schlüsselmerkmale, Geschwindigkeit von Evolutionsprozessen auf molekulargenetischer Ebene), sie diskutieren die Bedeutung der Kalibrierung molekularer Uhren durch Fossilien und legen spezifische methodische Schwächen bei der isolierten und kombinierten Nutzung fossiler und molekularer Befunde zur Datierung evolutionärer Prozesse offen (für eine ausführliche Diskussion siehe Originalarbeit).

Zusammenfassung der Methodenkritik

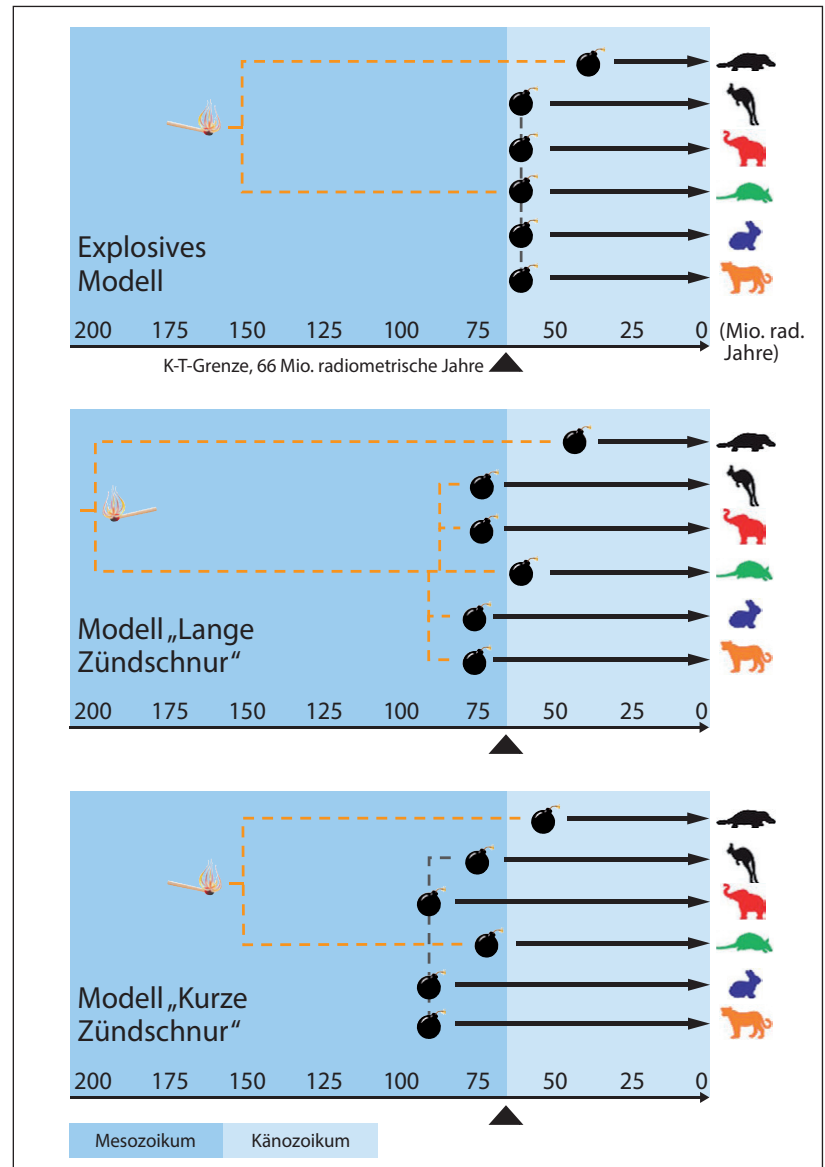
Zusammenfassend seien einige zentrale Aspekte der Methodenkritik von BININDA-EMONDS et al. (2012) an den Modellen zur Säugetierevolution aufgeführt.

Fossilien sind die einzigen direkten Kalibrierungspunkte für die Eichung molekularer Uhren. Die Anzahl der verfügbaren Fossilien, deren richtige Datierung sowie phylogenetische Interpretation (z.B. die Festlegung des Beginns und der Geschwindigkeit der Aufspaltung seit dem letzten gemeinsamen Vorfahren) haben maßgeblichen Einfluss auf die ermittelten Zeitpunkte. Die Unvollständigkeit des Fossilberichts, fehlende Überlieferungshorizonte (z.B. in Afrika und Australien) und die Dürftigkeit der Überreste (z.B. meist nur fossile Zähne von Eutheria) einzelner Individuen erschweren neben anderen Aspekten ein Urteil darüber, wie repräsentativ der jeweilige Fund für eine Abstammungslinie ist oder nicht. Die klassische **Phylogenetik** ist einerseits hoch standardisiert (statistische Auswertungsverfahren), andererseits von vielen weichen Faktoren abhängig (z.B. Merkmalsbezeichnung, Merkmalsbewertung, Definition von Schlüsselmerkmalen).

Die Autoren beschreiben die Nutzung von Fossilien wie folgt: „Am Ende entsteht ein Ergebnis, das – im Bild gesprochen – einer Serie von Perlen auf einer Kette entspricht, jede Perle unterscheidet sich mehr oder weniger von den anderen – obwohl sie doch verwandt sind –, ob sie nun oberhalb oder unterhalb in der Kette folgen. Was sie aber im Geist des Systematikers zusammenbringt, sind aufeinander folgende, vererbte Merkmale von Eigenschaften, welche sie vermeintlich miteinander verknüpfen“ (S. 42).

Die Einführung von „Geisterlinien“ (ghost lineages), welche Überlieferungslücken von

Die Einführung von „Geisterlinien“, welche Überlieferungslücken von mehr als 40 Millionen Jahren theoretisch überbrücken, ist u. a. Ausdruck methodischer Unsicherheit.



mehr als 40 Millionen Jahren theoretisch überbrücken (so bei Lemuren; O’LEARY et al. 2013), ist u.a. Ausdruck der damit verbundenen großen methodischen Unsicherheit. Die Frage ist berechtigt: „Kurzum, können wir jemals darauf hoffen, die vermeintlich frühesten Vertreter einer Gruppe als die zu erkennen, die sie tatsächlich sind“ (S. 48)? Zum Beispiel ist es unmöglich zu entscheiden, ob die gefundenen Zahnreste aus der Oberkreide (ca. 100–65 Millionen Jahre) lediglich ausgestorbenen Vertretern der Eutheria zuzuordnen sind oder bereits Individuen gehörten, die als unmittelbare Vorfahren der Plazentalia einzuordnen wären.

Das Konzept der **Molekularen Uhren** basierte auf der Hoffnung, ein uhrenähnliches Verhalten bei der Veränderung von Genen und Proteinen im Verlauf ihrer Evolution vorzufinden und als Datierungsmethode nutzen zu können. Die mittlerweile zahlreich bekannten Belege für die Variabilität der Taktfrequenzen (bzw. Mutationsraten) sprechen jedoch eine ganz andere Sprache. Es gibt keine einheitlich konstant tickende molekulare Uhr. Die aus den Ähnlich-

Abb. 4 Gegenüberstellung der gegenwärtig dominierenden Sichtweisen zur zeitlichen Fixierung der Evolution der Plazentatiere (inklusive ihrer Überordnungen) im Vergleich mit der Evolution der Beuteltiere (Marsupialier) und Kloakentiere (Monotremata). Das Schema basiert auf der tabellarischen Zusammenstellung entsprechender Zeitpunkte aus O’LEARY et al. (2013, vgl. Tab. 1) und auf dem von SPRINGER et al. (2007) vorgestellten molekularen Stammbaum. Die durchgezogenen Linien berücksichtigen aktuell verfügbare fossile und molekularbiologische Daten heutiger Säugetierformen zur Bestimmung ihres evolutionären Entstehungszeitpunktes („Explosion“). Die unterbrochenen Linien („Zündschnur“) stellen die Zeitdauer dar, die vom Auftreten der vermuteten Ausgangsform bis zur „Explosion“ der jeweiligen modernen Säugetierform vergangen sein soll.



Abb. 5 *Eomaia scansoria* galt – wenn auch nicht unwidersprochen –, bis 2011 als ältester fossiler Vertreter der modernen Plazentatiere. Ji et al. beschrieben den Fund 2002, der wie der bislang älteste fossile Vertreter der Plazentatiere, *Juramaia* (siehe Abb. 2), in Kreideschichten der chinesischen Provinz Liaoning gefunden und auf 125 Millionen radiometrische Jahre datiert wurde. Dieser Fund rückte damals den Zeitpunkt der Entstehung der Plazentatiere aus dem Känozoikum um 65 Millionen Jahre zurück in das Mesozoikum. (http://de.wikipedia.org/wiki/Eomaia_scansoria)

keitsanalysen von Genen, Gensequenzen und Genomen ableitbaren Differenzen führen aus evolutionstheoretischer Perspektive zur Annahme komplizierter und zeitlich extrem variabler Evolutionsabläufe, die ihrerseits bei der Modellierung molekularer Uhren methodisch schwer darzustellen sind. Es müssen u.a. Taktfrequenzunterschiede (das sind variierende Mutationsraten) zwischen Genen in den Mitochondrien und den Genen im Zellkern, zwischen Genen mit unterschiedlich hoher hierarchischer Einbindung („constraint genes“, z.B. Masterkontrollgene) im selben Individuum und variierende Raten identischer Gene in verschiedenen Individuen (Heterotachie) berücksichtigt werden.

Weiterhin geht man davon aus, dass in kurzen Zeitspannen molekulare Uhren sehr variabel laufen können und erst über einen längeren evolutionären Zeitraum das uhrenartige Verhalten des Genwandels nutzbar wird. Keinerlei Aussagen sind aus den zugrundeliegenden genetischen Sequenzunterschieden darüber möglich, ob deren Evolution schnell in kurzen Zeitabschnitten oder langsam über einen langen Zeitabschnitt verlief. Dennoch bilden die theoretischen Vorgaben zur Geschwindigkeit von Evolutionsprozessen einen wichtigen Faktor für das jeweilige Uhrenmodell.

Ein zusätzlich erschwerender Punkt bei der Modellierung ist die Unterscheidung homologer – also verwandtschaftlich bedingter – von konvergent entstandenen Sequenzunterschieden (deren Ähnlichkeit also unabhängig auftrat), insbesondere bei schnell evolvierenden Linien. Abschließend räumen die Autoren ein: „Bei der Bestimmung des Zeitpunktes der (molekularen) Aufzweigung jagen wir eine Unbekannte, oder noch schlimmer, die Zusammensetzung zweier Unbekannter: Die Topologie des phylogenetischen Baumes und die Länge seiner Äste“ (S. 66).

Für BININDA-EMONDS et al. (2012) repräsentieren molekulare *Datierungsmethoden* eine „black box“, da sie stärker als die phylogenetischen *Rekonstruktionsmethoden* auf subjektiven Annahmen basieren und deshalb hinsichtlich ihrer Ergebnisse stärker divergieren.

Methodische Grenzen der naturhistorischen Forschung

Während einerseits immer größere Datenmengen bei phylogenetischen und molekularbiologischen Analysen (z.B. BININDA-EMONDS 2007, O’LEARY et al. 2013) dank leistungsstarker Algorithmen Berücksichtigung finden können, zeigen die vorgelegten Ergebnisse eine zunehmende Spannweite daran anknüpfender widersprüchlicher Deutungen. Und das obwohl bei allen Studien höchst standardisierte statistische Methoden zum Einsatz kommen und die Auswertung der unüberschaubaren Einzeldaten nur noch durch computergestützte Verfahren erfolgt – also ein höchstes Maß an mathematisch-naturwissenschaftlichem „Know How“ vorausgesetzt werden kann (vgl. dazu auch JUNKER & SCHERER 2013, Abschnitt V.10.2). Die hier diskutierten Ergebnisse der jeweiligen Studien und die daraus abgeleiteten Modellierungen sind keine unabhängigen Belege für eine abgelaufene Evolution, sondern basieren auf der Vorgabe, dass eine natürliche Entstehungsgeschichte des Lebens Tatsache ist. Deswegen sind von ihnen auch keine Aussagen über Ursachen und Mechanismen der Evolution zu erwarten. Die extremen Unterschiede hinsichtlich der vermuteten Zeitpunkte der evolutionären Entstehung der modernen Säugetierordnungen und ihrer Diversifikation dokumentieren einmal mehr die besondere Qualität und die Komplexität des Forschungsgegenstandes der Evolutionsbiologie: die Geschichte des Lebens. Die methodischen Grenzen und die Abhängigkeit der Ergebnisbewertung von theoretischen Vorannahmen, denen sich die Naturwissenschaften bei der hypothetischen Rekonstruktion der Naturgeschichte (GUTMANN 2005) stellen müssen, sind offensichtlich. Erst die Berücksichtigung dieser Zusammenhänge und Rahmenbedingungen ermöglicht eine sachliche Einordnung und Wertung der jeweiligen Forschungsergebnisse. Diese sind also im Einzelnen nicht als absolut und über jeden Zweifel erhaben anzusehen, sondern repräsentieren Wahrscheinlichkeitsaussagen, die

ohne Offenlegung von Stärken und Schwächen der jeweils verwendeten Methodik und aller der Modellbildung zugrundeliegenden theoretischen Annahmen nicht vergleichbar sind.

Alternativen: Ursachen des fossil belegten biogeographischen Wechsels

Der Konflikt zwischen Molekülen und Morphologie (Fossilien) zur Bestimmung von relevanten Zeitpunkten und der Dauer von Evolutionsprozessen zur Modellierung der Säugetierevolution ist kein Einzelfall. Die Diskussionen um den Zeitpunkt der Trennung von Protostomata (Urmündern) und Deuterostomata (Neumündern), um den Verlauf der Kambrischen Explosion oder zur Entstehung der Vögel zeigen identische inhaltliche und methodische Schwierigkeiten. Auch wenn sich das evolutionsbiologische Forschungsprogramm häufig bewährt und zu einem heuristisch wichtigen Werkzeug in der Biologie geworden ist, kann es dennoch angezeigt sein, die Leitidee „Evolution“ in Frage zu stellen, wenn die Zunahme der Widersprüche evolutionsbiologischer Modellierungen trotz immer größer werdender Datenmengen eine empirische Begründung dafür liefert, nach Alternativen zu suchen.

Dass diese nicht allein auf der Basis des naturwissenschaftlich Erklärbaren zu finden sind, ist eine theoretische Vorgabe schöpfungsbasierter Vorstellungen. Auf naturwissenschaftlicher Ebene bieten sich – unter Vorgabe geschaffener Säugetiergrundtypen – die bei der fossilen Überlieferung von Säugetieren auffällig häufig dokumentierten biogeographischen Wechsel an, um nach einem anderen ordnenden Grund ihrer geologischen Überlieferung zu fahnden. Die fossilen Überlieferungshorizonte könnten Zeugnisse mehrfacher, katastrophisch bedingter Vernichtungen einzelner Säugetierordnungen in spezifischen Ökosystemen sein, die zeitgleich, aber biogeographisch getrennt von anderen Säugetierordnungen existierten. Der immer häufiger erforderliche Rückgriff auf „nicht überlieferte Lebensräume“ und „Geisterlinien“ in der evolutionsbiologischen Modellbildung sowie die außergewöhnlich hohe Anzahl der zu postulierenden Konvergenzentwicklungen innerhalb der Mammalia sind interessante Indizien dafür, dieser Alternative zu folgen (vgl. STEPHAN 2002). Ob diese Vermutung im Gesamtkonzept der geologischen Überlieferungsgeschichte aller Organismen und auch in Bezug auf die Altersfrage eine fruchtbare Alternative sein kann, wird das weitere wissenschaftliche Suchen zeigen.

Literatur

- BININDA-EMONDS ORP et al. (2007) The delayed rise of present-day mammals. *Nature* 446, 507–512.
- BININDA-EMONDS ORP et al. (2012) Rocking clocks and clocking rocks: a critical look at divergence time estimation in mammals. In: ASHER RJ & MÜLLER J (eds) *From Clone to Bone: The Synergy of morphological and molecular tools in palaeobiology*. Cambridge University Press, pp 38–82.
- GUTMANN M (2005) Begründungsstrukturen von Evolutionstheorien. In: KROHS H & TOEPFER G (Hg) *Philosophie der Biologie*. Frankfurt a.M., S. 249–266.
- Ji et al. (2002) The earliest known eutherian mammal. *Nature* 416, 816–822.
- JUNKER R & SCHERER S (Hg., 2013) *Evolution – Ein kritisches Lehrbuch*. 7. Auflage. Gießen.
- KITAZOE Y et al. (2007) Robust time estimation reconciles views of the antiquity of placental mammals. *PLoS ONE* 2(4): e384.
- LUO ZX et al. (2007) A new eutriconodont mammal and evolutionary development in early mammals. *Nature* 446, 288–293.
- LUO Z et al. (2011) A Jurassic eutherian mammal and divergence of marsupials and placentals. *Nature* 476, 442–445.
- MEREDITH RW et al. (2011) Impacts of the Cretaceous terrestrial revolution and KPg extinction on mammal diversification. *Science* 334, 521–524.
- O'LEARY MA et al. (2013) The placental mammal ancestor and the post-K-Pg Radiation of Placentals. *Science* 339, 662–667.
- PENNY D et al. (1999) Mammalian evolution: timing and implications from using the LogDeterminant transform for proteins of differing amino acid composition. *Syst. Biol.* 48, 76–93.
- SPRINGER MS (1997) Molecular clocks and the timing of the placental and marsupial radiations in relation to the Cretaceous-Tertiary boundary. *J. Mammal. Evol.* 4, 285–302.
- SPRINGER MS et al. (2003) Placental mammal diversification and the Cretaceous-Tertiary boundary. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 100, 1056–1061.
- SPRINGER MS et al. (2004) Molecules consolidate the placental mammal tree. *Trends Ecol. Evol.* 19, 430–438.
- SPRINGER MS et al. (2007) The adequacy of morphology for reconstructing the early history of placental mammals. *Syst. Biol.* 56, 673–684.
- STEPHAN M (2002) *Der Mensch und die geologische Zeittafel*. Holzgerlingen.
- ULLRICH H (2012) Verwirrende Konvergenzen. Zur Evolution des Mittelohres der Säugetiere. *Stud. Integr. J.* 19, 20–33.
- ULLRICH H (2013) Moleküle und Anatomie im Konflikt? Die Systematik der Säugetiere. *Stud. Integr. J.* 20, 119–121.
- WIBLE JR et al. (2007) Cretaceous eutherians and Laurasian origin for placental mammals near the K/T boundary. *Nature* 447, 1003–1006.
- WU S et al. (2012) Molecular and paleontological evidence for a post-Cretaceous prigin of rodents. *PLoS ONE* 7(10): e46445
- YODER AD et al. (2013) Fossils versus clocks. *Science* 339, 656–658.
- ZHENG X et al. (2013) A new arboreal haramiyid shows the diversity of crown mammals in the Jurassic period. *Nature* 500, 199–202.
- ZUCKERKANDL E & PAULING L (1962) Molecular disease, evolution, and genetic heterogeneity. In: KASHA M & PULLMAN B (eds) *Horizons in biochemistry*. New York.
- ZUCKERKANDL E & PAULING L (1965) Evolutionary divergence and convergence in proteins. In: BRYSON V & Vogel HJ (eds) *Evolving genes and proteins*. New York.

Anschrift des Verfassers:

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

Flores-Mensch: Moderner *Homo sapiens* mit Down-Syndrom?

Auf der indonesischen Insel Flores entdeckte man 2003 Knochenüberreste, die als neue Art *Homo floresiensis* beschrieben wurden. Es gab aber auch Forscher, nach deren Meinung die besonderen Merkmale des Flores-Menschen durch eine Krankheit bedingt sind. 2014 wurden zwei fundierte Arbeiten vorlegt, nach denen es sich beim *Homo floresiensis* um eine kleinwüchsige *Homo sapiens*-Population mit einem am Down-Syndrom erkrankten Individuum (LB1) handelt. Eine endgültige Klärung könnte eine Genomanalyse des Flores-Menschen erbringen, aber leider sind die tropischen Klimabedingungen auf Flores für die Erhaltung von DNA sehr ungünstig.

Michael Brandt

Einleitung

Auf der indonesischen Insel Flores entdeckte man 2003 in der Liang Bua-Höhle Knochenüberreste mehrerer Individuen, die als neue Art *Homo floresiensis* beschrieben wurden. Die Funde wurden auf ca. 95 000–17 000 Jahre v.h. datiert.

Homo floresiensis besitzt die extremsten Merkmale, die jemals bei Menschen nachgewiesen wurden. Sie sind denen von Australopithecinen*, Großaffen und *Homo erectus* ähnlich oder einmalig, d.h. bisher unbekannt. Manche Wissenschaftler sprachen deshalb von der bedeutendsten anthropologischen Entdeckung der letzten 100 Jahre. Zu den besonders auffälligen Merkmalen des Flores-Menschen zählten die extrem geringe Körpergröße weit unterhalb der Körpergröße heute lebender Pygmäen (weshalb der Flores-Mensch auch als „Hobbit“ bekannt wurde) und ein extrem kleines Schädelvolumen im Bereich der Australopithecinen. *Homo floresiensis* soll von einer *Homo prä-erectus/erectus*-Population aus Afrika abstammen und nach Ankunft auf Flores eine Inselverzweigung durchgemacht haben (Übersicht AIELLO 2010).

Eine Gruppe von Forschern schloss sich jedoch dieser Meinung nicht an. Ihrer Auffassung nach litt der Flores-Mensch an einer Entwicklungsstörung, wobei mikrozephaler Kleinwuchs (MARTIN et al. 2006a, b), Laron-Syndrom (HERSHKOVITZ et al. 2007) und endemischer Kretinismus* (OBERNDORF et al. 2008, OXNARD et al. 2010, 2012) als spezifische Erkrankungen vorgeschlagen wurden. Diese Auffassung ist jedoch bis heute nur eine Außenseitermeinung (siehe z.B. den deutschen und englischen Artikel zu *Homo floresiensis* in Wikipedia, Stand 25.8.2014).

Als Hauptargument gegen eine krankheitsbedingte Ursache der besonderen Merkmale des Flores-Menschen wurde vorgebracht, dass nicht eine ganze Population an solch einer Krankheit leiden könne (siehe ECKHARDT et al. 2014). Dieses Argument überzeugte auch den Autor dieses Beitrages von der neuen Art *Homo floresiensis*. Sind die Argumente der Befürworter der neuen Spezies aber wirklich stichhaltig?

In zwei neuen umfangreichen detaillierten Arbeiten in der Fachzeitschrift *PNAS* ziehen Wissenschaftler unter Führung von Robert B. ECKHARDT und Maciej HENNEBERG die Hypothese, dass der Flores-Mensch eine eigene Art sei (Spezies-Hypothese), massiv in Zweifel (ECKHARDT et al. 2014, HENNEBERG et al. 2014). Die Forscher arbeiten die Kontroverse um den Flores-Menschen von Beginn im Jahr 2004 auf, gehen auf alle wesentlichen vorgebrachten Argumente ein und geben darüber hinaus interessante Einblicke in Hintergründe der Erforschungsgeschichte des Flores-Menschen, die sehr nachdenklich stimmen.

Flores-Mensch (LB1) mit typischen Merkmalen des Down-Syndroms

Die Beschreibung der neuen Art *Homo floresiensis* basiert nahezu ausschließlich auf dem Teilskelett LB (Liang Bua) 1 (Abb. 1). *Homo floresiensis* soll nach erster Schätzung ein Schädelvolumen von nur 380 cm³ und eine Körpergröße von nur 106 cm gehabt haben. Beide Werte sind Schlüsselmerkmale, sie wurden aber zu niedrig ermittelt. In der Vergangenheit haben verschiedene Autoren die beiden Größen schon nach

oben korrigiert. Die Forscher um ECKHARDT und HENNEBERG ermittelten für LB1 ein Schädelvolumen von 430 cm³. Dabei maßen sie zum ersten Mal den Stirn-Hinterhaupts-Umfang des Schädels LB1 und konnten nachweisen, dass es sich um einen mikrozephalen (krankhaft kleinen) Schädel handelt. Die Extremitäten, insbesondere die Oberschenkelknochen von LB1 sind abnorm kurz (und nicht die Füße extrem lang wie behauptet) und deshalb für eine Größenbestimmung nicht geeignet. Nimmt man die durchschnittliche Körpergröße einer *Homo sapiens*-Population als Grundlage, von der das entwicklungsmäßig beeinträchtigte Individuum LB1 wahrscheinlich abstammt, dann betrug seine Körpergröße nicht 106 cm, sondern 126–146 cm (Differenz zur Hälfte durch Korrektur der abnorm kurzen unteren Extremitäten und der restliche Unterschied durch die Verwendung von realistischeren Regressionsgleichungen regionaler Populationen bedingt). Die durchschnittliche Körpergröße der anderen Individuen der Liang Bua-Höhle beträgt 126 cm. Der Flores-Mensch liegt damit innerhalb der Variationsbreite moderner kleinwüchsiger Populationen Australomelanesiens. Damit entfällt die Notwendigkeit der postulierten Inselverzweigung des Flores-Menschen. Es wäre auch die erste bekanntgewordene Inselverzweigung von Menschen.

Die breiten Beckenschaufeln und die kurzen Oberschenkelknochen sind typische Merkmale für eine Entwicklungsstörung im Rahmen des Down-Syndroms (Trisomie 21).

Darüber hinaus gibt es aber auch keine plausiblen geologischen und biogeografischen Hinweise für die Annahme einer Isolation irgendeiner Population auf Flores, die für die Herausbildung einer neuen Art ausreichend lang gewesen wäre. Der zeitweise geringe Meeresspiegel führte zu kurzen Entfernungen zwischen den Inseln und dem Festland und es gibt Argumente für wiederholte Kontakte und Besiedlungen von Flores durch Menschen von nördlich und westlich gelegenen größeren Landgebieten während der Eiszeit (HENNEBERG et al. 2014).

Die breiten Beckenschaufeln und die kurzen Oberschenkelknochen von LB1 sind typische Merkmale für eine Entwicklungsstörung, wie sie im Rahmen des Down-Syndroms (Trisomie 21) auftreten. Es existieren aber zahlreiche weitere Merkmale bei LB1, die typisch für diese Entwicklungsstörung sind. Dazu gehören eine atlanto-occipitale Deformation, kleine oder fehlende Nasennebenhöhlen, eine Micrognathie (unterentwickeltes Kinn), Plattfüße, eine Brachycephalie (Rundköpfigkeit), verbreiterte



Abb. 1 Das Teilskelett LB1 des Flores-Menschen. Das Individuum LB1 ist die Grundlage für die Definition und Benennung der postulierten Art *Homo floresiensis*. (© William JUNGERS, Stony Brook University)

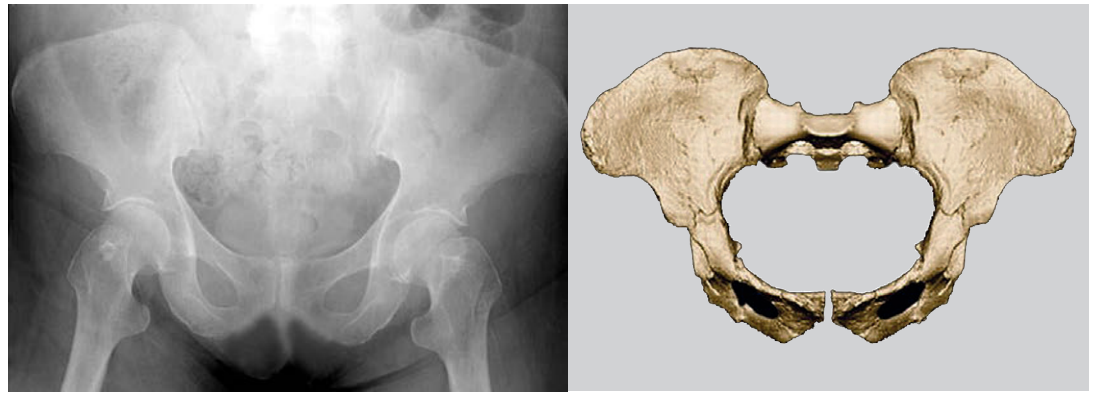
Beckenschaufeln¹ (Abb. 2, vgl. mit Abb. 1) und ein kleines Kleinhirn (cerebellare Hypoplasie). Insgesamt zeigt die Untersuchung der Forscher um HENNEBERG und ECKHARDT, dass keine Merkmale von LB1 einmalig sind. Alle vom modernen Menschen abweichenden Merkmale sind krankheitsbedingt. LB1 zeigt viele Anzeichen eines missgebildeten Individuums eines modernen *Homo sapiens*, wie er heute im australomelanesischen Raum auf den Andaman-Inseln, Palau und auch Flores vorkommt. Die Knochenüberreste der anderen Individuen der Liang Bua-Höhle zeigen im Gegensatz zu LB1

Glossar

Australopithecinen: „südliche Affen“, vielgestaltige Gruppe ausgestorbener Lebewesen mit vielen großaffenähnlichen Merkmalen, die im Evolutionsmodell als „Vormenschen“ oder „Affmenenschen“

und im Schöpfungsmodell als ausgestorbene Großaffen gedeutet werden. **Endemischer Kretinismus:** örtlich begrenzt gehäuft auftretende Schilddrüsenunterfunktion.

Abb. 2 Links: Röntgenbild des Beckens eines Menschen mit Down-Syndrom (mit freundlicher Genehmigung von LearningRadiology.com). Rechts: Becken von *Australopithecus africanus* (Stw 14) (aus KIBI et al. 2011). Das Becken des Flores-Menschen (siehe Abb. 1) ähnelt mit den seitlich ausladenden Darmbeinschalen („flaring ilia“) dem Becken von Menschen mit Down-Syndrom und dem Becken von Australopithecinen (siehe auch Fußnote 1).



keine eindeutig pathologischen Merkmale, wobei ihre starke Fragmentierung eine Beurteilung erschwert (HENNEBERG et al. 2014, siehe auch ECKHARDT et al. 2014). Lediglich bei drei nicht LB1 zugehörigen Handknochenelementen sind noch nicht alle Fragen geklärt. Die Forscher um HENNEBERG und ECKHARDT kritisieren jedoch mit Recht die methodische Qualität der bisherigen Untersuchungen der Handknochenelemente aus der Liang Bua-Höhle und die gewonnenen Schlüsse. An dieser Stelle muss betont werden, dass eine neue Menschen-Art noch nie auf der Basis von Handknochenelementen aufgestellt wurde (ECKHARDT et al. 2014, HENNEBERG et al. 2014).

Auch wenn vom modernen *Homo sapiens* abweichende Merkmale an anderen Individuen der Liang Bua-Höhle gefunden werden, ist die Diskussion nicht zugunsten der Vertreter der Spezies-Hypothese des Flores-Menschen entschieden, wie behauptet wurde. Die Existenz von mehr als einem Individuum mit pathologischen Merkmalen des Down-Syndroms an einem Fundplatz ist zwar nicht wahrscheinlich, aber auch nicht auszuschließen, denn beim Down-Syndrom sind familiäre Häufungen bekannt (HENNEBERG et al. 2014).

Wenn es sich beim Flores-Menschen nicht um eine archaische neue Menschen-Art handelt, entfällt die Suche nach archaischen Vorfahren in Afrika und ihr Weg nach Flores. Bisher gab es dazu auch keine überzeugenden Hypothesen. Es existieren keine Hinweise auf vorhergehende Populationen mit den vermeintlichen einmaligen Merkmalen des Flores-Menschen irgendwo zwischen einem hypothetischen Ursprung in Afrika und irgendwo entlang einer Route durch die Sunda-Region oder woanders nach Flores. In Abwesenheit von Hinweisen auf eine Entstehung sowohl *in situ* (an Ort und Stelle) auf der Insel Flores als auch auf die Ausbreitung einer Population mit solchen Merkmalen von anderswo, ist die Deutung der ungewöhnlichen Merkmale von LB1 im Rahmen einer Entwicklungsstörung wahrscheinlicher als im Rahmen der Ausbildung einer neuen Menschen-Art (HENNEBERG et al. 2014).

Skandalöse Forschungshintergründe

Seit 2004 haben Forscher beständig die Auffassung vertreten, dass LB1 ein Individuum einer regionalen *Homo sapiens*-Population ist, das Merkmale einer Entwicklungsanomalie zeigt. HENNEBERG und ECKHARDT hatten im Februar 2005 kurzzeitigen Zugang zu den Originalfossilien. Als Ergebnis dieser Studien verfassten die Forscher eine sehr kurze Arbeit, in der sie verschiedene Beobachtungsfehler sowie Fehler bei den Beschreibungen und Interpretationen von LB1 auflisteten, und reichten sie als Manuskript zur Publikation bei *Nature* ein. (Der erste Bericht über die neue Art *Homo floresiensis* wurde in *Nature* 2004 von BROWN et al. publiziert.) Nach einer Rücksprache mit Peter BROWN lehnte *Nature* die Publikation der Arbeit ab. Als ein Ergebnis des Begutachtungsprozesses wurden das nicht publizierte Manuskript und die Gutachterkommentare einem anderen Hauptbefürworter der Spezies-Hypothese und Mitautor der Erstpublikation über den Flores-Menschen, Michael MORWOOD, zur Verfügung gestellt. MORWOOD verwendete das nichtpublizierte Manuskript und die Gutachterkommentare ohne Wissen und Erlaubnis von HENNEBERG und ECKHARDT dann in dem späteren Buch *A New Human*. MORWOOD und VAN OOSTERZEE machten in dem Buch die Verletzung der Schweigepflicht der an einem professionellen Begutachtungsprozess teilnehmenden Wissenschaftler auf S. 228 und 229 ungeniert publik: „Mitte März reichten JACOB und sein Team einen kurzen Artikel bei *Nature* unter dem Titel ‚Große Fehler bei der Beschreibung eines kleinen Menschen‘ ein. In dem Artikel führten sie richtig aus, dass die Fotografie des beschriebenen Femurs von LB1 verkehrt war, denn der nahezu komplette Femur stammt von der linken und nicht von der rechten Seite, wie wir geschrieben hatten. Keine ihrer anderen Kritiken war substantiell und einige waren irreführend... Sie schlussfolgerten wieder, dass LB1 pathologisch ist. ... Einer der Gutachter sagte, dass die Arbeit von JACOB et al. keinen wirklichen Gehalt hat. Sie machen ein

„Fange‘spiel [game of „gotcha“] und *Nature* oder irgendeine andere seriöse Fachzeitschrift sollten über solch einem Verhalten stehen. Die anderen Gutachter beanstandeten mit Nachdruck, dass das Material in Verwahrung genommen wurde, bevor das Ausgrabungsteam die Möglichkeit hatte, es zu studieren und empfahlen die Arbeit abzulehnen – was dann auch geschah.“

Folge dieser Ablehnung war die Verhinderung einer Publikation in den ersten Monaten der wissenschaftlichen Kontroverse, die die Validität der neuen Art mit starken Argumenten in Frage stellte. Diese Verzögerung wurde ein Jahr später teilweise (JACOB et al. 2006) und nahezu eine Dekade später vollständig von den Autoren behoben (HENNEBERG et al. 2014).²

Wie bereits erwähnt hatten HENNEBERG und ECKHARDT die Möglichkeit, die Originalknochen im Februar 2005 zu studieren. Leider konnte dies nur kurz geschehen, weil Teuku JACOB die Knochen aus der Liang Bua-Höhle zum Indonesischen Nationalen Archäologischen Forschungszentrum rasch zurückbringen musste. Danach hatten beide Wissenschaftler (und die meisten anderen qualifizierten Forscher) keinen weiteren Zugang zu den Originalknochen oder Abgüssen (!), wobei wiederholte Auskunftersuchen ignoriert oder abgelehnt wurden. Die verfügbaren Daten zu LB1 reichen aber für Zweifel an der Art-Hypothese des Flores-Menschen aus (ECKHARDT et al. 2014).

Zusammenfassung

Auf der indonesischen Insel Flores wurden in der Liang Bua-Höhle 2003 Knochenüberreste entdeckt, die zur Aufstellung der neuen Art *Homo floresiensis* führten. Der Flores-Mensch soll ein Zwergemensch mit nur 106 cm Körpergröße gewesen sein und eine Gehirngröße im Bereich von *Australopithecus* gehabt haben. Eine Forschergruppe war jedoch von Anfang an der Meinung, dass es sich beim Flores-Menschen um eine kleinwüchsige *Homo sapiens*-Population handelt, wobei das die neue Spezies begründende Skelett LB1 nicht Merkmale einer neuen Art, sondern einer Erkrankung aufweist. Diese Auffassung blieb eine Außenseitermeinung. Die Forschungen dieser Wissenschaftler wurden erheblich behindert, indem ihnen der Zugang zu den Originalfossilien und selbst zu Abgüssen verwehrt und eine frühe fundierte Gegendarstellung in *Nature*, in der die Spezies-Hypothese der wissenschaftlichen Öffentlichkeit zum ersten Mal vorgestellt wurde, mit nicht qualifizierten Begründungen abgelehnt wurde.

Forscher um HENNEBERG und ECKHARDT haben anhand der zugänglichen Informationen gute Argumente für die These vorgelegt,

dass die vom normalen modernen *Homo sapiens* abweichenden Merkmale von LB1 keine Merkmale einer neuen Menschen-Art sind, sondern eher auf ein Down-Syndrom (Trisomie 21) hinweisen. Der Flores-Mensch war nicht so klein wie ursprünglich vermutet, sondern seine Körpergröße lag wahrscheinlich im unteren Variationsbereich heute lebender Menschen. Eher als eine eigene Menschen-Art repräsentieren die spätpleistozänen Flores-Menschen nach den neuen Forschungsergebnissen eine kleinwüchsige moderne *Homo sapiens*-Population, wie sie auch heute noch im australomelanesischen Raum vorkommt, mit einem Individuum, das vermutlich am Down-Syndrom litt.

WESTAWAY et al. (2015) haben in einer Entgegnung auf HENNEBERG et al. (2014) und ECKHARDT et al. (2014) Merkmale der Unterkiefer LB1 und LB6 aus der Liang Bua-Höhle angeführt, die der moderne *Homo sapiens* nicht aufweist und deshalb nur mit der Hypothese einer neuen Art vereinbar seien. Dazu gehören ein fehlendes Kinn, ein weiterer Sulcus retromolaris, eine innere Verstärkung der Unterkiefersymphyse und die Zahnwurzelmorphologie. WESTAWAY et al. (2015) lassen Hinweise auf das Fehlen eines Kinnes nicht nur bei archaischen, sondern auch bei modernen Menschen nicht gelten. Bei vielen lebenden Rampasasa-Pygmäen aus West-Flores³ (ECKHARDT et al. 2014) und kleinwüchsigen Menschen aus Palau, Mikronesien, deren Skelettüberreste auf ca. 2.900 bis 1.400 Jahre datiert werden (BERGER et al. 2008) fehlt aber nachweislich ein Kinn. Aber nicht nur das fehlende Kinn, sondern auch die anderen von WESTAWAY et al. (2015) angeführten Merkmale des Flores-Menschen finden sich nach ECKHARDT et al. (2015) auch beim modernen *Homo sapiens*. Man darf gespannt sein, ob die Vertreter der Spezies-Hypothese stichhaltige Argumente gegen die neue Hypothese vorbringen können. Eine endgültige Klärung des Status des Flores-Menschen könnte eine Genomanalyse erbringen, aber leider sind die tropischen Klimabedingungen auf Flores für die Erhaltung von DNA sehr ungünstig. Es besteht deshalb wenig Hoffnung, das Problem auf diesem Wege zu klären.⁴

Anmerkungen

¹ Der Flores-Mensch besitzt nach BROWN et al. (2004) deutlich zu den Seiten aufgeweitete Darmbeinschaukeln („ilium has marked lateral flare“). Nach LESLIE AIELLO ähnelt das Becken des Flores-Menschen, das deutlich weiter als das Becken des modernen Menschen ist, dem Becken eines *Australopithecinen* („The pelvis is virtually identical to that of an australopithecine“) (BALTER 2004).

² Man kann spekulieren, ob die Diskussion um den Flores-Menschen ohne die Verhinderung der frühen

- Entgegnung auf die Arbeit von BROWN et al. (2004) in *Nature* einen anderen Verlauf genommen hätte.
- ³ <http://liangbuacave.org/2014/12/19/rampasasamandibles/> (Zugriff am 1.2.2015)
- ⁴ http://www.mpg.de/6332779/denisova_genom (Zugriff am 29. 12. 2014)

Literatur

- AIELLO LC (2010) Five years of *Homo floresiensis*. *Am. J. Phys. Anthropol.* 142, 142–179.
- BALTER M (2004) Skeptics question whether Flores hominid is a new species. *Nature* 306, 1116.
- BROWN P, SUTIKNA T, MORWOOD MJ, SOEJONO RP, JATMIKO, WAYHU SAPTOMO E & ROKUS AWE DUE (2004) A new small-bodied hominin from the Late Pleistocene of Flores, Indonesia. *Nature* 431, 1055–1061.
- ECKHARDT RB, HENNEBERG M, WELLER AS & HSÜ KJ (2014) Rare events in earth history include the LB1 human skeleton from Flores, Indonesia, as a developmental singularity, not a unique taxon. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 111, 11961–11966.
- ECKHARDT RB, HENNEBERG M, CHAVANAVES S, WELLER AS & HSÜ KJ (2015) Reply to Westaway et al.: Mandibular misrepresentations fail to support the invalid species *Homo floresiensis*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 112, E606.
- HENNEBERG M, ECKHARDT RB, CHAVANAVES S & HSÜ KJ (2014) Evolved developmental homeostasis disturbed in LB1 from Flores, Indonesia, denotes Down syndrome and not diagnostic traits of the invalid species *Homo floresiensis*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 111, 11967–11972.
- HERSHKOVITZ I, KORNREICH L & LARON Z (2007) Comparative skeletal features between *Homo floresiensis* and patients with primary growth hormone insensitivity (Laron Syndrom). *Am. J. Phys. Anthropol.* 134, 198–208.
- JACOB T, INDRIATI E, SOEJONO RP, HSÜ K, FRAYER DW, ECKHARDT RB, KUPERAVAGE AJ, THORNE A & HENNEBERG M (2006) Pygmoid Australomelanesian *Homo sapiens* skeletal remains from Liang Bua, Flores: Population affinities and pathological abnormalities. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 103, 13421–13426.
- KIBII JM, CHURCHILL SE, SCHMID P, CARLSON KJ, REED ND, DE RUITER DJ & BERGER LR (2011) A partial pelvis of *Australopithecus sediba*. *Science* 333, 1407–1411.
- MARTIN RD, MACLARNON AM, PHILLIPS JL, DUSSUBIEUX L, WILLIAMS PR & DOBYNS WB (2006a) Comment on “The Brain of LB1, *Homo floresiensis*”. *Science* 312, 999, author reply 999.
- MARTIN RD, MACLARNON AM, PHILLIPS JL & DOBYNS WB (2006b) Flores hominid: News species or microcephalic dwarf? *Anat. Rec. A. Discov. Mol. Cell Evol. Biol.* 288, 1123–1145.
- OBENDORF PJ, OXNARD C & KEFFORD BJ (2008) Are the small human-like fossils found on Flores human endemic cretins? *Proc. Biol. Sci.* 275, 1287–1296.
- OXNARD C, OBENDORF PJ, KEFFORD BJ (2010) Post-cranial skeletons of hypothyroid cretins show a similar anatomical mosaic as *Homo floresiensis*. *PLoS ONE* 5:e13018.
- OXNARD C, OBENDORF PJ, KEFFORD BJ & DENNIKSON J (2012) More on the Liang Bua finds and modern human cretins. *Homo* 63, 407–412.
- WESTAWAY MC, DURBAN AC, CROVES CP & COLLARD M (2015) Mandibular evidence supports *Homo floresiensis* as a distinct species. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 112, E604–605.

Warum die Feuerameisen im Kollektiv nicht untergehen

Starker Regen und Hochwasser können für Ameisen existentielle Bedrohungen darstellen. Wassermassen können eine ganze Kolonie auslöschen. Rote Feuerameisen wissen sich zu helfen. Diese kleinen Lebewesen haben je nach Gattung ein ausgeklügeltes System, bei dem sie ihre Körper geschickt einsetzen, um das Überleben der Gruppe zu sichern. Neue Studien zeigen, dass ihr Sozialverhalten noch sehr viel ausgefeilter ist als bisher bereits bekannt.

Michelle Noe

David HU vom Technology Institute von Georgia, USA hat mit seinen Kollegen Nathan MLOT und Paul FOSTER über Verhaltensweisen der Roten Feuerameise (*Solenopsis invicta*) bei Überschwemmungsgefahr geforscht und präsentiert erstaunliche Ergebnisse.

Für eine Rote Feuerameise ist das leichte Trommeln auf der Erde, welches bei Regen entsteht, das Warnsignal für Gefahr durch Wasser und einer daher eventuell bald nahenden Überschwemmung. Daraufhin fangen die einzelnen Tiere sofort an sich zu versammeln und schaffen aus ihren Körpern ein Gebilde, welches

es ihnen ermöglicht, als Ameisenhaufen auf der Wasseroberfläche wie ein lebendes Rettungsfloß zu schwimmen (Abb. 1). Darüber hatten die Forscher bereits in einer früheren Arbeit berichtet (MLOT et al. 2011; vgl. die zusammenfassende Darstellung von KOLREP 2011).

Um nun diesen Vorgang des Aufbaus des Rettungsfloßes besser erforschen zu können, haben die Forscher darauf gewartet, bis die untersuchten Tiere – aufgrund äußerer Einflüsse – sich zu einem Floß zusammenfügten und sie dann mit flüssigem Stickstoff schockgefroren (FOSTER et al. 2014; KNIGHT 2014). Das dadurch erstarrte



Gebilde aus Ameisenkörpern untersuchten sie dann mittels Computertomographie. Sie erstellten damit 3D-Bilder, anhand derer sie untersuchen konnten, wie die Tiere sich miteinander verbunden hatten.

Dabei fanden sie heraus, dass die Feuerameisen weniger ihre Mundwerkzeuge benutzen als vielmehr ihre Beine, bei denen jeweils zwei Klauen und ein Haftpolster (Haftapparat) helfen, sich aneinander festzuhalten (Abb. 2).

Bei 99 % der Ameisen kommen alle sechs Beine zum Einsatz, wodurch stabile Verbindungen entstehen. Eine einzelne Ameise schafft durch Verhaken mit anderen Tieren im Durchschnitt 14 Verbindungen; sechs durch ihre eigenen Beine und acht durch Beine ihrer Nachbarn. Große Ameisen können sogar bis zu 20 Verhakungen erreichen. Kleinere Ameisen – die im Durchschnitt nur acht Verbindungen haben – werden dafür genutzt, um die Lücken zwischen den größeren Ameisen zu füllen.

Erstaunlich dabei ist, dass jede einzelne Ameise genau weiß, wo ihr Platz ist und in welchem Winkel sie sich zu ihren Kollegen befinden muss (vgl. Abb. 3). Die Tiere ordnen sich dabei nicht parallel zueinander an, sondern senkrecht. Dabei bilden sie eine Art T-Kreuzung, wodurch ein stabiles schwimmendes Floß entsteht. Diese Kooperation zeigt, dass die Ameisen über nicht geahnte Reaktions- und Verständigungsmöglichkeiten verfügen. Selbst durch das Einwirken eines

Fremdkörpers (Ast, Stein, Regentropfen / Pinzette) werden die erzeugten Verbindungen und damit das Floß nicht zerstört; daran zeigt sich die hohe Stabilität. Warum jede Ameise genau weiß, wo sie sich innerhalb dieses Haufens einpassen muss, ist wissenschaftlich noch nicht geklärt. Es ist jedoch deutlich ersichtlich, dass die Art der Verhakungen optimale Schwimmigenschaften ermöglicht.

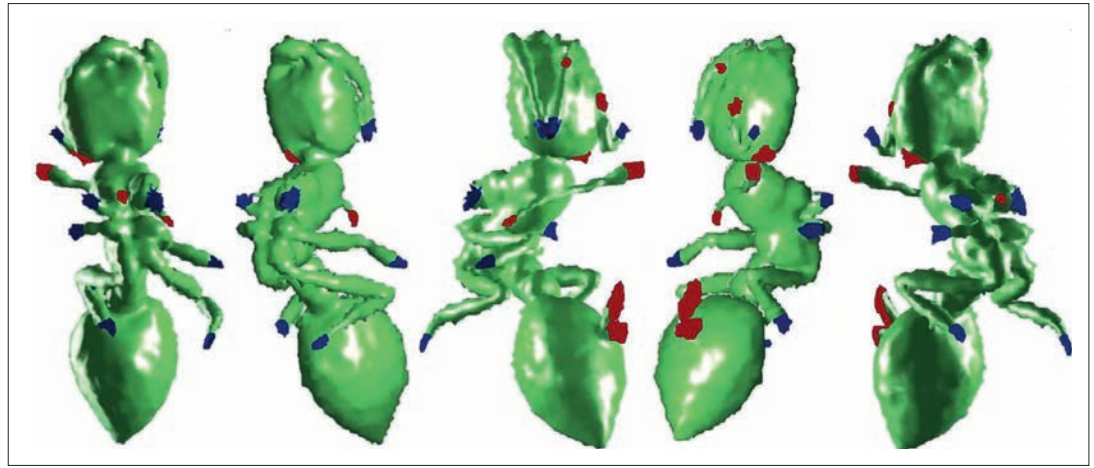
Die netzförmige Anordnung schließt Luft innerhalb der Ameisenkörper ein, was ihnen Auftrieb und Atmung ermöglicht und Wasser verdrängt. Dabei drücken sich die Ameisen mit ihren verzahnten Beinen aktiv voneinander weg, um die Dichte des Floßes zu verringern und die



Abb. 1 Das höchst erstaunliche Ameisenfloß. (© Tim NOWACK, Nathan MLOT und David Hu, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

Abb. 2 Die Ameisen benutzen ihre Beine und Mundwerkzeuge, um Verbindungen zu den Nachbarn herzustellen. Das elektronenmikroskopische Bild zeigt Krallen und Haftpolster, verbunden mit einem Bein. (Aus FOSTER et al. 2014)

Abb. 3 Die Ameisen verhalten sich nach einem ausgeklügelten System. Blau sind von einem Individuum ausgehende Verbindungen, rot die angeschlossenen Verbindungen. (Aus FOSTER et al. 2014)



Abstände zu vergrößern, wodurch genügend Platz für Luft geschaffen wird. Dazu kommt, dass die Körperoberfläche der Ameise eine wasserabweisende Cuticula besitzt. Unter Wasser schließen die Tiere dann mit Hilfe ihrer Cuticulaborsten zusätzlich Luftblasen ein, die ihnen eine ausreichende Sauerstoffversorgung garantieren. Zwischendurch lösen sich die Tiere, die in Höhe des Wassers liegen, gelegentlich mit denen ab, die oben auf liegen. Auf einem solchen Floß befinden sich auch Ameisenlarven, welche sogar noch mehr Luftblasen zwischen sich bilden können als ausgewachsene Ameisen. Deshalb sind Gebilde mit höherer Larvenanzahl auch stabiler.

Die Wissenschaftler bezeichnen den schwimmenden Ameisenhaufen als Biwakfloß. Es kann einen Durchmesser von bis zu 45 cm haben. Selbst hohe Wellen können dieser Konstruktion nichts anhaben. Die Kolonie treibt solange auf der Wasseroberfläche, bis sie wieder festes Land erreicht. Dann löst sich das Biwakfloß auf.

Es ist faszinierend, welches ausgeklügelte System die Ameisen als erfolgreiche Überlebensstrategie verwenden. Dazu gehören die zweckmäßige Positionierung der Ameisen zueinander,

das Vergrößern der Lücken durch das aktive Wegdrücken, der Einsatz der kleineren Ameisen, um die Lücken zwischen den größeren Ameisen zu füllen und schließlich die Bestückung des Floßes mit Larven, durch die noch zusätzliche Luftbläschen gebunden werden.

Positionierung der Ameisen zueinander, Vergrößern der Lücken durch aktives Wegdrücken, Einsatz kleinerer Ameisen in den Lücken zwischen den größeren und Bestückung mit Larven sind aufeinander abgestimmt.

Besonders inspirierend sind diese Erkenntnisse in Bezug auf Entwicklungen in der Technik. Die Ameisen regen die Entwicklung sich selbst zusammenbauender sowie selbst heilender Materialien an, da sie auf schnelle Weise Kooperation und Verbindungen untereinander schaffen, je nach herrschenden Umwelteinflüssen. So könnte man anhand dieser Vorlage Roboter bauen, die sich bei Hochwasser selbstständig verbinden und somit Brücken schaffen.

Einmal mehr lehrt uns die Schöpfung, wie Probleme gelöst oder auf Störungen effektiv reagiert werden kann. Auch und gerade in den kleinsten Lebewesen stecken erstaunliche Fähigkeiten und eine überraschende Kreativität.

Literatur

- FOSTER PC, MLOT NJ, LIN A & HU DL (2014) Fire ants actively control spacing and orientation within self-assemblages. *J. Exp. Biol.* 217, 2089–2100.
- KNIGHT K (2014) How fire ant architects connect to build balls. *J. Exp. Biol.* 217, 2029.
- KOLREP KU (2011) Das lebende Rettungsfloß. *Stud. Integr. J.* 18, 104–105.
- MLOT NJ, TOVEY CA & HU DL (2011) Fire ants self-assemble into waterproof rafts to survive floods. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 108, 7669–7673.

Abb. 4 Das Ameisenfloß ist äußerst robust und verkraftet erhebliche Störungen. (© Tim Nowack, Nathan MLOT und David HU, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)



Kleiner Defekt – große Wirkung: Zahmheit und Merkmale bei Haustieren



Schon Charles DARWIN beschrieb ein interessantes Phänomen bei Zuchttieren, das bis heute Gegenstand der Forschung ist: Verschiedene Arten zeigen in der Zucht nach einigen Generationen ähnliche äußere Merkmale wie z. B. eine abwechslungsreiche Musterung des Fells. Die Ursachen dafür waren bisher unklar. Eine neue wegweisende Hypothese besagt, dass eine Veränderung der Zellen aus der embryonal angelegten Neuralleiste ursächlich ist sowohl für veränderte Verhaltensweisen als auch die Vielfalt der Haustiermerkmale. Es zeigt sich, dass diese geringfügige Ursache weitreichende, für den Menschen nützliche Wirkungen haben kann.

Michelle Noe

Tiere sind schon immer Begleiter des Menschen und für ihn sehr nützlich. Deshalb wurden verschiedenste Arten über mehrere tausend Jahre gezähmt und gezüchtet. In der Folge bildete sich bei diesen Tieren eine Reihe besonderer Eigenschaften heraus, die für die Wissenschaft von Interesse sind. Besonders auffällig sind die phänotypischen (gestaltlichen) Veränderungen der gezüchteten Nachkommen im Gegensatz zu ihrer wilden Ausgangsart (vgl. Abb. 2). So hat der Hund im Gegensatz zum Wolf eine Vielzahl an unterschiedlichen Fellfarben und Mustern angenommen und unterscheidet sich z.B. auch hinsichtlich der Größe von Gehirn, Zähnen oder Pfoten von seinem einstigen Vorfahren.

Erstaunlich ist jedoch, dass Veränderungen dieser Art nicht nur beim Hund auftraten. Auch bei anderen gezüchteten Tieren wie Füchsen, Nerzen, Schweinen, Ratten, Vögel oder auch Fischen wurden vergleichbare Entwicklungen beobachtet. Forschern gab diese Tatsache lange Zeit Rätsel auf. Anfangs wurde nach einer Art Züchtungs-Gen bzw. einem mutierten Gen in solchen Tieren gesucht, welches die abweichende

Fellfärbung mit der Zeit kodiert haben könnte. Oder es wurde die These aufgestellt, dass die veränderten Einflüsse in der Gefangenschaft (wie z.B. das bessere Futter) die phänotypische Veränderung ausgelöst haben könnten. Allerdings wurden diese Erklärungen mit der Zeit durch verschiedenste Versuche ausgeschlossen.

Ein Team von Forschern (WILKINS et al. 2014) schlägt eine neue Lösung vor und hat folgende Hypothese dazu aufgestellt: Die Erklärung für dieses Phänomen soll in den embryonalen Anfängen der Tiere zu finden sein. Die Haustiermerkmale würden besonders durch die Zellen der Neuralleiste beeinflusst. Diese kleine Gruppe von Stammzellen bildet sich aus der Anlage des Rückenmarks und wandert von dort in verschiedene Teile des Körpers. In Wechselwirkung mit den jeweiligen Geweben ihres Zielgebietes verursachen und beeinflussen sie die Entstehung vieler Gewebetypen und von Organen. Diese Vorgänge wirken sich später phänotypisch und auch physiologisch (funktionell) auf die Tiere aus. Zu den Prozessen, bei denen diese Zellen beteiligt sind, gehören unter anderem die Bil-

Eine Ursache – vielfältige Wirkungen

Die phänotypischen Veränderungen aufgrund der Veränderungen der Neuralleistenzellen werden nachfolgend anhand einiger Beispiele genauer erklärt.

Die Veränderung der Fellfarbe

Fellfarben und -muster gehören zu den auffälligsten Veränderungen bei der Züchtung bzw. Zähmung von zuvor wilden Tieren, und sie gehören zu den zuerst auftretenden Änderungen. Alle gezüchteten Arten zeigen mit der Zeit eine Verringerung der Pigmentierung in ihren Fellfarben (Hypopigmentierung). Häufig macht sich diese durch helle Punkte oder komplett hellere Fellbereiche bemerkbar.



Die Änderungen der Fellfarben treten bevorzugt unterhalb des Halses, über den Augen, auf den Pfoten und an der Schwanzspitze auf. Es ist nachvollziehbar, dass diese Hypopigmentierung im Zusammenhang mit der verminderten Wirkung von Neuralleistenzellen zu tun hat, da die helle Fellfärbung auf das Fehlen von Melanocyten zurückzuführen ist – Zellen, die aus der Neuralleiste stammen. Die Pigmentierung eines Tieres wird darüber hinaus soweit bekannt von insgesamt 125 Genen beeinflusst.

Das macht verständlich, dass trotz der gleichen Ursache des Mangels an Neuralleistenzellen die individuelle Pigmentierung am Schluss immer noch einzigartig ausfällt. Dennoch bleibt die Hauptursache für die buntere Fellfärbung der anfängliche „Defekt“ einer reduzierten Anzahl von Zellen der Neuralleiste.

Verkleinerter Kopf (kürzere Schnauze und schmalerer Kiefer)

Ein weiteres Charakteristikum gezüchteter Säugetiere ist die Verkleinerung des Kiefers und des umliegenden Skelettes. Die Tiere bekommen dadurch ein runderes und flacheres Gesicht. Dieser Phänotyp ist häufig mit einem besonders fügsamen Wesen gekoppelt, wie Forscher aus Novosibirsk herausgefunden haben. Das Gesichtsskelett wird hauptsächlich durch Oberkiefer und Unterkiefer ausgeprägt. Beide Knochen entstehen u.a. durch und unter dem Einfluss der Stammzellen der Neuralleiste. Ihre Größe ist ein Zeichen für das Ausmaß der Wirkung von Neuralleistenzellen, womit ein kleiner Kopf auf einen verminderten Einfluss schließen lässt.



Verkleinerte Zähne

Ebenfalls wie beim Kiefer kann man auch bei der Größe der Zähne eine Verkleinerung bei gezüchteten und zahmen Tieren feststellen. Die Zellen der Neuralleiste haben einen besonders starken Einfluss auf die Entstehung der Zähne, da der größte Teil der Zähne aus Odontoblasten (Zellen neuromesenchymalen Ursprungs) gebildet werden, die auch aus der Neuralleiste stammen.

Schlappohren

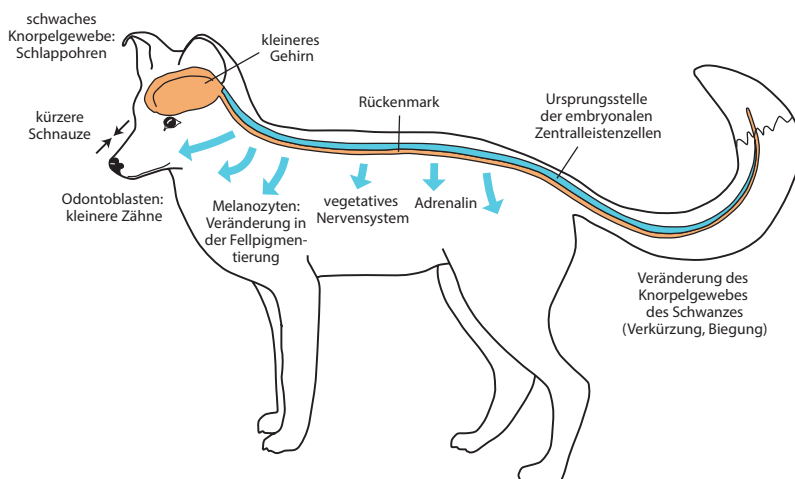
Schlappohren sind ein häufiges Zeichen von Zähmung und Züchtung bei Tieren. Nur der Elefant hat als einziges wildlebendes Tier ebenfalls hängende Ohren.



Die Entstehung dieser Form kann auf einen Mangel an Knorpel zurückgeführt werden, welcher ebenfalls aus Zellen der Neuralleiste hervorgeht. Wenn nicht genügend Stammzellen vorhanden sind, kann dementsprechend wenig Knorpel produziert werden. Dadurch kann das äußere Ohr nicht mehr wie im Normalfall komplett aufgerichtet werden und folglich entsteht ein Schlappohr.

Abb. 1 Veränderungen der Neuralleiste haben vielfältige Folgen. (Nach WILKINS et al. 2014)

derung von Drüsen, Nerven des Gehirns und des Rückenmarks, des Nebennierenmarks, der Pigmentierung der Zähne, des Knorpelgewebes und Teile des vegetativen Nervensystems.



Besonders signifikant ist die Beteiligung der Neuralleiste an der Bildung der Hirnanhangsdrüse und des Nebennierenmarks. So nehmen die Zellen der Neuralleiste auch indirekt Einfluss auf die Reizverarbeitung und Hormonausschüttung und somit auf das Verhalten eines Tieres, besonders wenn es zu einer Stresssituation kommt.

Die embryonalen Neuralleistenzellen spielen also eine wichtige Rolle in verschiedenen Teilen des Körpers eines Tieres und die Qualität der Ausprägung vieler Merkmale hängt direkt oder indirekt von diesen Stammzellen ab. Wenn es beispielsweise zu einer verminderten Auswanderung dieser Zellen kommt, werden folglich auch die daraus entstehenden Organe unterentwickelt oder funktionsgestört sein.

Beispielsweise hat die embryonale Differenzierung der Neuralleistenzellen wie beschrieben auch Auswirkungen auf die Funktion des Hypothalamus (Nervenzellen im Gehirn) und der Nebennierenrinde, die die sogenannte Stressachse beim Tier bildet. Sie beeinflusst, ab wann eine

Situation als bedrohlich eingestuft wird und ob das Tier daraufhin mit Flucht oder Aggression reagiert. Dabei spielt die Ausschüttung des Stresshormons Adrenalin aus der Nebennierenrinde eine besondere Rolle. Wenn nun im Embryonalstadium die Bildung der Neuralleistenzellen verringert war, ist die Nebennierenrinde unterentwickelt und damit die beschriebene Stressachse weniger stark ausgebildet. Das betroffene Tier reagiert im Vergleich mit anderen aufgrund einer verringerten Ausschüttung von Adrenalin entspannter.

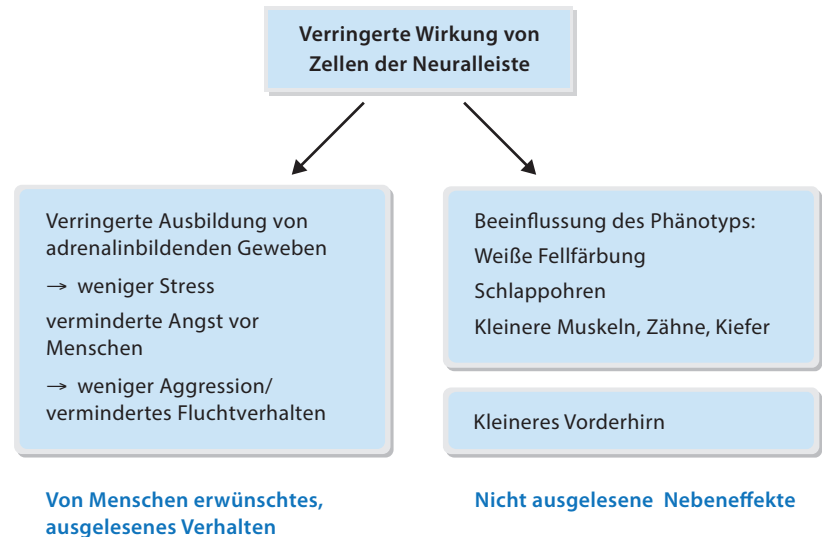
Bei gezüchteten Tieren scheint dieses System derart verändert zu sein, dass eine unbekannte Situation weniger schnell als Gefahr erkannt wird. Die Tiere reagieren folglich friedlicher und zutraulicher. Dabei wird weniger Adrenalin durch das Nebennierenmark ausgeschüttet, letztlich weil anfangs eine geringere Konzentration von Zellen der Neuralleiste vorhanden war, die die Bildung dieser Drüse beeinflussen (s.o.). Folglich zeigt ein solches Tier weniger schnell Stressreaktionen als seine wilden Artgenossen. Dadurch kann es den Menschen auch eher als einen Verbündeten oder Freund erleben, was die zutraulichen Reaktionen noch verstärken wird. Diese Zahmheit ist für Züchter erstrebenswert und somit werden solche Tiere, die diesen anfänglichen „Fehler“ aufweisen – weitergezüchtet.

Die gewünschte Zahmheit hat einige Nebeneffekte, die im Erscheinungsbild auftreten.

Denn für Menschen hat dieser Defekt durchaus Vorteile. Dass die Weiterzüchtung auch noch andere Nebeneffekte hat, kann man nun leicht verstehen. Eine Verringerung der Anzahl der Neuralleistenzellen führt beispielsweise auch zu einer Verringerung der Pigmentierung – weiße Flecken treten auf –, zu einer verringerten Bildung von Knorpelgewebe und somit zu Schlappohren, zu einer Verkleinerung des Schädels oder auch zu kleineren Zähnen. Demnach hat die gewünschte Zahmheit einige Nebeneffekte, die im Phänotyp (Erscheinungsbild, äußeres Aussehen) auftreten. Der Phänotyp von domestizierten Tieren ist also vielfach gekoppelt an die gewünschte Zahmheit, da beides Folgen einer verringerten Wirkung von Neuralleistenzellen sind.

Schlussfolgerungen

Alle beschriebenen phänotypischen Merkmale sind von der Anzahl und der Wirkung der an-



fangs entstehenden Neuralleistenzellen abhängig. Die Konzentration dieser Stammzellen bewirkt die Ausformung vieler Gewebetypen und der von ihnen beeinflussten Organe. Da diese Ursache ganz am Anfang der Entwicklung eines Tieres steht, können die Folgen kleinerer Veränderungen erheblich sein. Eine kleine Ursache hat hier eine große Wirkung. Bis zu einem bestimmten Umfang führen Veränderungen nicht zum Zusammenbruch des Systems, sondern zu einer u.U. erheblichen Veränderung von Merkmalen, die mit dem Leben vereinbar sind.

Im Rahmen der Grundtypenbiologie kann dies so interpretiert werden, dass sehr viele Variationen möglich sind, was als Indiz für eine Vorprogrammierung interpretiert werden kann. Die Möglichkeit für diese ungeahnten Erscheinungsformen wären von Anfang an vorhanden, sie musste nur durch gewisse Faktoren realisiert werden. Dazu ist interessant, dass die Phänotypen, die gekoppelt mit Zahmheit entstehen, als Nebeneffekt besser geeignet für ein Zusammenleben mit dem Menschen zu sein scheinen (vgl. die schönere Fellpigmentierung, kleinere Zähne, kleinere Pfoten, weniger ausgeprägte Schnauze). Es ist sicherlich faszinierend, welche Geheimnisse in Genen, Zellen und Geweben noch schlummern können und welche Vielfalt es noch zu entdecken gibt.

Literatur und Quellen

COLE, Tyler: The incredible fox domestication experiment in Novosibirsk, Russia, <http://vimeo.com/22734940>
 WILKINS AS, WRANGHAM RW & FITCH WT (2014) The “domestication syndrome” in mammals: A unified explanation based on neural crest cell behavior and genetics. *Genetics* 197, 795–808.

Abb. 2 Überblick über einige Zusammenhänge zwischen der Ausbildung der Neuralleiste und gestaltlichen und verhaltensbiologischen Merkmalen.



„Grand Canyon“ des Da'an Chi (Taiwan) – Erosion im Eiltempo

Für das Phänomen der Erosion gibt es wenige Beobachtungsdaten. Ein Mechanismus der Flusserosion, der einschneidenden und ausfurchenden Wirkung fließenden Wassers, kann zur Zeit in einem kleinen, aber dennoch substantiellen Umfang in Taiwan in Echtzeit beobachtet werden.

Michael Kotulla

Abb. 1 Schlucht des Da'an Chi (Taiwan), gegenwärtig knapp 1 km lang, 25 m breit und bis zu 20 m tief. Die Schlucht bildete sich nach dem Jiji-Erdbeben (1999) hauptsächlich in den Jahren 2004-2008. Der große Felsporn in der Bildmitte (grüner Pfeil) wurde während eines Hochwassers im Juni 2012 binnen einer Stunde weggespült (BBC). Zur Erosion siehe Textteil. Foto: Kristen Cook (freundliche Zurverfügungstellung, GFZ-Pressestelle), siehe auch BBC-Video über eines der heftigeren Flutereignisse (Link am Textende).

Kristen COOK ist begeistert: „(...) es passiert so schnell, wir können dabei zusehen“ (BBC). Diese Aussage gilt der Schlucht im Flusslauf des Da'an Chi in West-Taiwan (Abb. 1). Die Schlucht ist erst vor einigen Jahren entstanden, und es wird sie sehr wahrscheinlich, wie kürzlich in *Nature Geoscience* publiziert (COOK et al. 2014), in wenigen Jahrzehnten nicht mehr geben. Die Autoren identifizierten einen bis dahin unbekannten, hochwirksamen Abtragungsmechanismus, den sie als „flussabwärts fortschreitende Erosion“ (Downstream Sweep Erosion) bezeichneten. Die mehrjährige Studie ist, so betont die GFZ, die „weltweit erste Echtzeitbeobachtung der Entwicklung der Breite einer Schlucht durch fluviale¹ Erosion“.

Was war im Flussbett des Da'an Chi geschehen? Ein Erdbeben aktivierte² am 21. September 1999 (Magnitude M_w 7,6) die 90 km lange

Chenlungpu-Verwerfung; dabei entstanden vielerorts Oberflächenbrüche mit 2+ m hohen Steilstufen (LEE & CHAN 2007, Abb. 2). Am Nordende der Verwerfung löste das Beben quer zum Da'an Chi eine Hebung des Untergrundes (infolge Einengung) von bis zu 10 m aus; sie erstreckt sich über einen 1 km langen Streifen des Flussbetts und wird jeweils randlich von einer Bruchstufe begrenzt. An der oberen Bruchstufe bildete sich schnell ein Stausee, und – einer Katastrophe zuvorkommend – wurden künstliche, bis zu 2 m tiefe Kanäle zur kontrollierten Entwässerung geschaffen (COOK et al. 2013). Der natürliche Damm allerdings wurde 2004 durchbrochen und bis 2008 bildete sich in den plio-pleistozänen Wechsellagerungen aus Sand- und Tonstein eine „brandneue“ 1200 m lange, über 20 m breite und bis 20 m tiefe Schlucht (Abb. 1).

Die Weitungsrate der aktiven Schlucht (laterale Erosion) betrug für den Zeitraum 2005–2008 etwa 5 m pro Jahr, für den Zeitraum 2009–2013 dagegen nur noch etwa 1,5 m pro Jahr. Die weitaus größere Erosionsleistung geschieht seit 2008 im Übergangsbereich vom etwa 500 m breiten oberstromigen Flussbett zur engen Schlucht. Im oberstromigen Bereich verlagert der verflochtene („braided“) Fluss seinen primären Flusslauf häufig, aber unregelmäßig, so dass es zum Abfluss in die (stationäre) Schlucht für die häufigsten Situationen scharfer Kurven bedarf. In diesen Umbiegungen prallt das vom Fluss mitgeführte Geschiebematerial auf die Oberkante der Schlucht (s.o., durch Hebung) und bewirkt dadurch erhebliche Erosion. Auf diese Weise fräst der oberstromige, breite Fluss über die gesamte Breite des Tals (etwa 500 m) den angehobenen Bereich samt Schlucht um 17 m pro Jahr flussabwärts weg („flussabwärts fortschreitende Erosion“); demzufolge wird auch die Schlucht sukzessive ausgelöscht („eradication“), und möglicherweise ist sie in 50–100 Jahren verschwunden. Der Mechanismus kann, so die Autoren, in zahlreichen Abwandlungen auftreten, und die geologische Situation ist nicht auf eine tektonische Entstehung beschränkt. Die außergewöhnlich hohe Erosionsrate beruht auf regelmäßigen, sedimentgeladenen Fluten und (relativ) weichem Gestein.

Zur Entstehung von Schluchten bedarf es nicht notwendigerweise geologischer Zeiträume von Tausenden bis Millionen Jahren.

Die mittlere Fluss- bzw. Abflussrate beträgt lediglich $\sim 30 \text{ m}^3/\text{s}$; bei Fluten nach Starkregenfällen werden Raten von $>1000 \text{ m}^3/\text{s}$ erreicht. Das macht verständlich, dass es zahlreicher Fluten bedarf, bis das Material endgültig ausgeräumt ist. Verglichen mit Megafluten mit Flussraten von $\geq 1 \text{ Million m}^3/\text{s}$ (KOTULLA 2014) ist die maximale Flussrate des Da'an Chi sehr klein.

Insgesamt liefert die Echtzeitbeobachtung von COOK et al. (2014) zum Verständnis bestimmter geologischer Prozesse zahlreiche wertvolle Informationen und Impulse:

Die substanzielle Erosion ist an Ereignisse (hier: Starkregenniederschläge) gebunden, also ereignisinduziert bzw. -basiert.

Mit steigender Fluss- bzw. Abflussrate erhöht sich die Erosionsleistung; sie ist aber maßgeblich beeinflusst vom Anteil und der Beschaffenheit der Sedimentfracht (hier: Geschiebefracht, sedimentgeladene Flutwasser).

Das Phänomen des „Auslöschens der (eigenen) Geschichte“ (hier: eine Schlucht, die es in einigen Jahrzehnten nicht mehr geben wird; dadurch auch das „Glattziehen“ einer



erdbebeninduzierten steilstufigen Bruchlinie) – eine (ehemals) hochenergetische Situation bzw. Ablauffolge, die nicht mehr rekonstruierbar ist bzw. zu sein scheint (Relikte?) – ist ein zu berücksichtigendes Kriterium zur Entschlüsselung der Erdgeschichte.

Die Vorstellungen über die Bildung von Schluchten (und Tälern) – i.d.R. vergangene Ereignisse, die historisch bzw. „wissenschaftlich“ – historisch nicht dokumentiert sind – sind für den Einzelfall und ggf. in der Gesamtheit eventuell zu überdenken bzw. zu überprüfen.

Ergänzend hierzu ist das Ergebnis der Analyse von LAMB & FONSTAD (2010) zur Bildung von Canyons nennenswert, zusammengefasst in ERNST (2010, 91): „Nicht die Stabilität und Bruchfestigkeit des anstehenden Gesteins, sondern die Transportkapazität des Wassers ist für die Erosionsrate entscheidend.“

„Schluchten entstehen und verschwinden normalerweise in geologischen Zeiträumen von Tausenden bis Millionen Jahren“, so formuliert es *Die Welt* und so denkt vermutlich auch die Mehrzahl der Menschen. COOK et al. (2014) zeigen allerdings an einem realen Fall, dass dies nicht zutreffen muss. Hinsichtlich „alter“ Schluchten formulieren sie so (zusammengefasst): Im Gegensatz zu den langlebigen („long-lived“) Schluchten (z.B. Grand Canyon des Colorado River) kann es Konstellationen kurzlebiger („short-lived“) Natur geben, bei denen der Einschnitt von Schluchten und deren Auslöschung wiederholt stattfinden kann.

Die angenommene Langlebigkeit des Grand Canyon erschließt sich aber nicht aus der Morphologie – im Gegenteil: die bemerkenswerten steilen und undeformierten Wände ohne nennenswerte Schuttkegel sprechen für ein junges Alter –, sondern aus den vorgegebenen radiometrischen Altersdaten (ERNST & KOTULLA 2013).

Abb. 2 Verwerfung auf dem Sportgelände der ehemaligen Guangfu Junior High School in Wufeng (Taiwan). Die etwa 2 m hohe Steilstufe – hier schräg zur 400-Meter-Laufbahn verlaufend – entstand bei dem Jiji-Erdbeben am 21. September 1999 (Magnitude M 7,6). Foto: Ivo202 (Wikimedia Commons), 921 Earthquake Museum of Taiwan.

Anmerkungen

- ¹ Erosion durch fließendes (Fluss-) Wasser.
- ² Reaktivierung (erneuter Versatz) an einer bereits bestehenden Verwerfungsfläche.

Literatur

- COOK KL, TUROWSKI JM & HOVIUS N (2013) A demonstration of the importance of bedload transport for fluvial bedrock erosion and knickpoint propagation. *Earth Surf. Process. Landforms* 38, 683–695.
- COOK KL, TUROWSKI JM & HOVIUS N (2014) River gorge eradication by downstream sweep erosion. *Nat. Geosci.* 7, 682–686, doi: 10.1038/ngeo2224.
- Die Welt (18. 08. 2014) Fluss in Taiwan erodiert Felswände im Rekordtempo.
- ERNST M (2010) Bildung eines Canyons in nur 3 Tagen. *Stud. Integr. J.* 17, 88–92.
- ERNST M & KOTULLA M (2013) Das Grand-Canyon-Geheimnis. *Factum* 7/13, 32–35.
- Helmholtz-Zentrum Potsdam – Deutsches GeoForschungszentrum GFZ (17. 8. 2014) Schluchten verschwinden durch flussabwärts fortschreitende Erosion. Pressemitteilung.
- KOTULLA M (2014) Megafluten. *Stud. Integr. J.* 21, 4–11.
- LAMB MP & FONSTAD MA (2010) Rapid formation of a modern bedrock canyon by a single flood event. *Nature Geoscience* 3, 477–481.
- LEE J-C & CHAN Y-C (2007) Structure of the 1999 Chi-Chi earthquake rupture and interaction of thrust faults in the active fold belt of Western Taiwan. *Journal of Asian Earth Sciences* 31, 226–239.
- WEBB J (18. 8. 2014) Taiwan's 'vanishing canyon' erasing quake record. BBC News.
- Video: <http://www.bbc.com/news/science-environment-28810357>

Schritte ungeplanter, un gelenkter Entstehung von DNA und RNA?

Simulation von Nichtgleichgewichtsbedingungen in Gesteinsporen heißer Unterwasserquellen

Ein kürzlich erschienener Übersichtsartikel (MAST et al. 2013a) befasst sich mit dem Problem der erstmaligen Entstehung langer Molekülketten, die für lebende Zellen unerlässlich sind. Es wird der Frage nachgegangen, wie unter geologisch plausiblen Nichtgleichgewichtssituationen auf einer frühen Erde die Konzentrierung sowie nachfolgend die Replikation* und Polymerisation* von Biomolekülen stattfinden kann. Geologische Nichtgleichgewichtsbedingungen in Gesteinsporen heißer Unterwasserquellen, die auch für eine frühe Erde angenommen werden, wurden experimentell durch Nachbildung als halboffene Kapillaren mit Temperaturgradienten realisiert. Unter diesen Bedingungen gelingt die Konzentrierung von Biomolekülen; auch die Zusammenlagerung vorgefertigter DNA-Oligomere* wurde experimentell gezeigt. Die Befunde hängen aber von notwendigen, gezielt herbeigeführten Gegebenheiten und Versuchsbedingungen ab. Eine Übertragung auf eine unbeabsichtigte erstmalige Entstehung oder Polymerisation von RNA auf einer hypothetischen frühen Erde ist daher weniger plausibel als die Übertragung auf Bedingungen gezielt herbeigeführter RNA-Herstellung.

Peter Imming

Konzentrierungsprozesse in Kapillaren

Eines der grundlegenden Probleme einer natürlichen Lebensentstehung ist die Bildung kettenförmiger Makromoleküle wie Proteine, DNA (die Erbsubstanz) und RNA (die Substanz, die biochemisch zwischen Proteinen und DNA steht). Schon die Entstehung ihrer Bausteine (Aminosäuren bzw. Nukleotide) ist problematisch. Als weiterer Schritt in Richtung „Leben“ müsste deren Verknüpfung zu langen Molekülketten (Polymerisation) folgen.

Die Arbeitsgruppe des Biophysikers Dieter BRAUN widmet sich diesen Problemen. U.a. wurden experimentelle Untersuchungen von physikalisch-chemischen Prozessen durchgeführt, die für den Ursprung erster lebender Systeme von Bedeutung sein könnten (BINDER 2012). In diesem Zusammenhang bildeten MAST und Mitarbeiter thermische Gesteinsporen im Labor nach, die auf kleinem Raum hohe Temperaturunterschiede aufweisen (MAST & BRAUN 2010). Als Modell für Nichtgleichgewichtsbedingungen dienten mit Wasser gefüllte, im Querschnitt rechteckige Glaskapillaren (50 µm x

100 µm), in deren Zentrum die wässrige Lösung mit einem fokussierten Infrarotlaser erwärmt wird. Dadurch wird ein Temperaturunterschied (Gradient) von ca. 10–25 K zwischen dem Kapillarrinneren und den Wänden aufrechterhalten (Nichtgleichgewichtsbedingung). Eine solche thermophoretische* Falle lässt die Flüssigkeit und die in ihr gelösten Moleküle durch thermische Konvektion* entlang der langen Achse der Kapillare zirkulieren. Diese Kreisbewegung ist mit einem entsprechenden Transport der im Wasser gelösten Moleküle entlang des thermischen Gradienten verbunden (Thermophorese). Beide Effekte überlagern und verstärken sich gegenseitig und führen lokal zu einer starken Konzentrierung der Moleküle. In einer rein theoretischen Arbeit (BAASKE 2007) wurden durch Modellierung weitere Aspekte herausgearbeitet: (1) längere Moleküle werden besser konzentriert als kurze Moleküle, (2) geladene Moleküle wie RNA oder DNA werden dabei bevorzugt, (3) lange Gesteinsporen sind günstig, wobei (4) die vertikale Form der Pore einen geringeren Einfluss hat, (5) eine Porenbreite zwischen 40–400 µm wird benötigt. Allerdings behindern (6) ein Leck an der Unterseite der Pore, sowie (7) eine Strömung von unten nach oben die Konzentrierung erheblich.

Die Autoren präsentierten damit einen experimentell untermauerten Lösungsvorschlag für das Konzentrierungsproblem des Nukleinsäure-Ursprungs. Dafür wird vermutlich eine Erhöhung der Konzentration der präbiotischen* Moleküle um den Faktor 10^6 bei gleichzeitig erhaltener Beweglichkeit benötigt. Dadurch sollten weitere Reaktionen mit anderen Molekülen wahrscheinlich werden. Das Gleichgewicht würde auf die Seite von Oligo- und Polymeren verschoben, die ja z.B. durch Hydrolyse* abgebaut werden (BAASKE 2007). Es muss also nicht nur eine Verknüpfung (Zusammenlagerung) zu Molekülketten erfolgen; diese dürfen auch nicht wieder auseinanderbrechen. Man müsste Nukleotidmonomere in millimolaren Konzentrationen zu Oligonukleotiden hinzufügen, um eine Kettenverlängerung zu erreichen, was auch MAST et al. (2013b) für ein „optimistisches Setting“ halten. Durch die thermophoretische Falle wird ein Entweichen der Moleküle in den umgebenden Ozean verhindert, der die Moleküle nur in sehr hoher Verdünnung enthält, wodurch chemische Reaktionen unwahrscheinlich werden. Allerdings werden die vielen wichtigen, oben genannten Schlussfolgerungen (1)–(7), die mit heutigen Bedingungen in untermeerischen Hydrothermalquellen verglichen werden, vorerst nur aus den Simulationen abgeleitet. Interessant wären weitere Experimente, um diese Schlussfolgerungen zu überprüfen.

Glossar

Fluoreszenz: Emission von Energie nach Anregung, wobei die emittierte Energie und deren Frequenz geringer ist als die der Anregung.

Fluoreszenzspektroskopie: Eine sehr empfindliche analytische Methode zum Nachweis kleinster Substanzmengen. Sie basiert auf der physikalischen Gegebenheit, dass manche Moleküle, wenn sie mit Licht einer bestimmten Wellenlänge bestrahlt werden, diese Wellenlänge absorbieren und Licht größerer Wellenlänge aussenden, dessen Intensität gemessen wird.

Hydrolyse: Auftrennung chemischer Bindungen durch Reaktion mit Wasser. Die Hydrolyse von DNA, RNA, Proteinen und Kohlenhydraten führt zur Entstehung von deren Bausteinen (Monomeren). Hier ist die Hydrolyse also der umgekehrte Vorgang der Polymerisation, die chemisch als Kondensation (Zusammenlagerung zweier Moleküle unter Freisetzung eines Wassermoleküls) bezeichnet wird.

Konvektion: Strömung, gemeinsame, gleichzeitige Bewegung von Molekülverbänden unter Mitführung von z.B. Wärmeenergie.

kovalente Verknüpfung, kovalente Bindung: So bezeichnet man die Verknüpfung von Atomen, die darauf beruht, dass sie ein Elektronenpaar gemeinsam haben. In Proteinen sind die konstituierenden Aminosäuren über eine kovalente Amidbindung verknüpft. In RNA und DNA sind innerhalb eines Einzelstranges

die (Desoxy-)Ribose und Phosphorsäure über kovalente Esterbindungen verknüpft. Die beiden DNA-Stränge einer Doppelhelix sind nicht kovalent, sondern über Wasserstoffbrücken-Bindungen der Basen aneinandergelagert.

Monomere: Einzelbausteine, z.B. Aminosäuren bei Proteinen, Nukleotide bei den Nukleinsäuren RNA und DNA und Kohlenhydrate wie Glucose bei Polysacchariden.

Nukleotide: die Bausteine (Monomere) von DNA und RNA.

Oligomer: aus wenigen bis mehreren Bausteinen bestehendes Molekül. „Oligo“ steht zwischen „mono“ und „poly“, ist nicht eindeutig definiert und wird normalerweise als 10–100 verstanden.

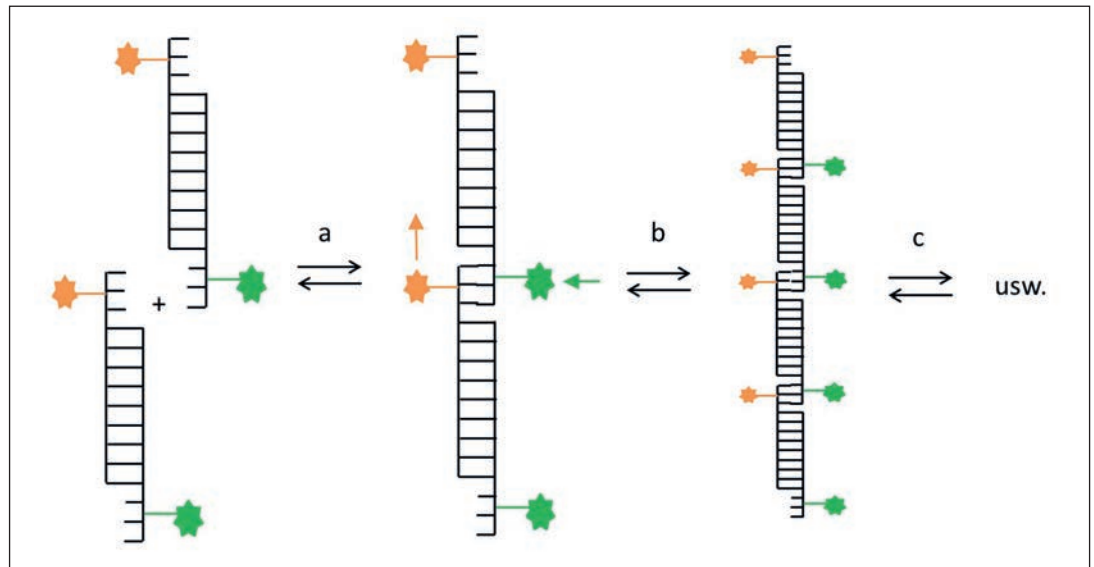
Polymerisation: Zusammenfügung von Einzelbausteinen (Monomeren), so dass ein Polymer entsteht, also ein Molekül, das aus vielen Einzelbausteinen besteht. Die wichtigsten Biopolymere: DNA, RNA, Proteine (Eiweiße), Polysaccharide.

Präbiotisch: wörtlich „vor dem Leben“; bezieht sich auf einen Zustand oder eine Zeit, zu dem (noch) keine Lebewesen, auch keine einfachsten Zellen vorhanden sind bzw. waren. Präbiotische Chemie fragt nach der Entstehung der Moleküle, die typischerweise und ausschließlich in Lebewesen angetroffen werden und dort konstitutiv sind.

Thermophorese: die Bewegung von Teilchen aufgrund eines Temperaturgradienten innerhalb einer Flüssigkeit oder eines Gases.

Unter den heutigen Hydrothermalquellen scheint nur ein bestimmter Typ als geologisches Pendant in Frage zu kommen: „Lost-City“ (MARTIN 2009). Die Autoren vergleichen ausführlich die dort vorgefundene Porengeometrie und die abgeschätzten Temperaturgradienten (BAASKE 2007). Abgesehen von der Frage, ob ähnliche geometrische Bedingungen auf der frühen Erde existiert haben, ist jedoch zu erwarten, dass das stark alkalische Milieu mit einem pH-Wert zwischen 9 und 11 sowie die immer noch hohen Wassertemperaturen von 40 bis 90 °C ein schwerwiegendes Problem für die weiteren Schritte zur Synthese und dem Erhalt von Polymeren wie RNA, DNA und Proteinen sowie von Kohlenhydraten darstellen. Alle diese Biopolymere sind gegenüber der Hydrolyse und anderen chemischen Reaktionen empfindlich, insbesondere bei erhöhten Temperaturen. Wenn Hydrothermalquellen als weit verbreitetes Milieu auf der frühen Erde angenommen werden, muss man sich generell mit der Frage auseinandersetzen, ob die dortigen chemisch anspruchsvollen

Abb. 1 Schematische Darstellung des experimentellen Modellsystems zum Nachweis der Polymerisation (MAST et al. 2013b). Doppelsträngige DNA-Stücke (95 bp lang) mit zwei komplementären sticky ends (25 bp lang) dienten als „Monomere“ für die Polymerisation. Schritt a zeigt die Zusammenlagerung zweier DNA-Stücke, Schritt b die Zusammenlagerung zweier gemäß a entstandener Oligomere zu einem (verkleinert gezeichneten) längeren Oligomer. Die sticky ends waren mit einem Paar fluoreszierender Farbstoffe (in der Zeichnung gelb und grün) markiert. Wenn sich die DNA-Stücke zusammenlagern, kommen die beiden Farbstoffe einander sehr nahe. Energieübertragung und in der Folge Fluoreszenz, die gemessen wird, tritt auf. Die Lösung der DNA-Stücke wurde in eine Kapillare eingebracht, in der mittels IR-Laser eine Temperaturkonvektion erzeugt wurde. – Verändert nach MAST et al. (2013b).



Umgebungen die Bildung komplexer Moleküle zulassen.

Auf die Konzentrierung folgende Replikation

Christoph MAST und Dieter BRAUN nutzten weiterhin den konzentrierenden Effekt der thermophoretischen Falle, um die Replikation einer doppelsträngigen DNA mit 143 Basenpaaren (bp) zu zeigen (MAST & BRAUN 2010). Da dabei jedoch eine Polymerase-Kettenreaktion mit vorgegebenem Replikatorprotein verwendet wurde, soll hier nicht ausführlicher darauf eingegangen werden. Es wäre ja zunächst zu diskutieren, inwieweit die Synthese (Replikation) einer DNA mit reinen Bausteinen (Nukleotiden*) und einer Polymerase Rückschlüsse auf eine ungeplante, un gelenkte *de-novo*-Entstehung von DNA und DNA-Replikation erlaubt. Unter präbiotischen Bedingungen sind reine Ausgangsstoffe und eine Polymerase schließlich nicht zu erwarten.

Wichtiger zu diskutieren ist an dieser Stelle die Realisierung eines Polymerisationsmechanismus in einer thermophoretischen Falle (MAST et al. 2013b). Die Polymerisation von Monomeren zu langkettigen Molekülen wird insbesondere innerhalb der RNA-Welt-Hypothese als kritischer Schritt auf dem Weg zu selbst replizierenden Systemen angesehen. Es wird vermutet, dass ein 200bp langes Ribozym benötigt wird, das die weitere RNA-Replikation ermöglicht. Die Autoren um Christof MAST schlagen nun die Polymerisation von RNA-Nukleotiden – also den biochemischen Bausteinen der RNA – insbesondere in Abwesenheit von Polymerasen innerhalb der thermophoretischen Falle vor. Dabei stellt die Konzentrierung von Oligonukleotiden an der geschlossenen Porenseite ein

chemisches Nichtgleichgewichtssystem dar, was die weitere Polymerisation begünstigt. Sogar unter Annahme eines reversiblen Polymerisationsmechanismus sagen die Autoren die Existenz 200bp langer RNA-Moleküle mit hinreichend hoher Konzentration im μM -Bereich voraus. Dieses Ergebnis wurde durch Simulationen und durch den Vergleich mit einer analytischen Theorie gewonnen.

Welche experimentellen Belege liefern die Autoren für diese theoretischen Voraussagen? Die Konzentration der Moleküle und der Polymerisationsgrad (eigentlich: Zusammenlagerung vorgefertigter DNA-Stücke mit sticky ends) wurde zeitabhängig durch Fluoreszenzspektroskopie* gemessen. Zur Bestimmung der Konzentration konnten kleine Moleküle, sprich RNA-Nukleotide als Monomere, nicht verwendet werden, da das detektierte Fluoreszenzsignal trotz der Empfindlichkeit der Methode (siehe *Glossar*) noch zu schwach wäre. Daher wurden DNA-Einzelstränge aus 95 Nukleotiden mit identischer Sequenz verwendet, deren Enden so konstruiert waren, dass sie sich komplementär miteinander zusammenlagern können („sticky ends“). Diese vorgegebenen DNA-Stränge dienten als Modelle für die zu beobachtende Polymerisation (Abb. 1). Sie bildeten stabile Doppelstränge. Die „sticky ends“ waren in einer Weise fluoreszenzmarkiert, dass die Bildung des Doppelstrangs in Echtzeit mitverfolgt werden konnte. Die Thermofalle war so aufgebaut, dass vier Thermofallen strömungstechnisch und dank einem asymmetrischen Lasereinstrahlungsmuster verbunden waren. Als weiteres Detail, das für das Gelingen des Experiments wichtig war, sei noch genannt: Eine Spritzenpumpe mit einer bestimmten optimierten Flussgeschwindigkeit beschleunigte die diffusionskontrollierte Befüllung der Kapillare permanent.

Kritische Anmerkungen

Es bleibt fraglich, ob die Polymerisation ausgewählter, vorher hergestellter und in reiner Form dem Versuchsaufbau zugesetzter DNA-Modell-Oligomere eine realistische Abbildung einer eigenständigen RNA-Polymerisation darstellt bzw. sogar der ursprünglichen Entstehung von RNA-Polymeren entsprechen kann. Die Autoren äußern ohne weitere Begründung die Ansicht, diese Vorgabe ändere nichts an der allgemeinen Aussage des Experiments zu Polymerisationsvorgängen. Dabei wurde gar keine Polymerisation im Sinne einer kovalenten Verknüpfung* der Oligonukleotide beabsichtigt und beobachtet, sondern ausschließlich nichtkovalente Zusammenlagerung von DNA-Stücken durch die vorgegebene Komplementarität der sticky ends (s. die Lücken im Rückgrat des Polymers in Abb. 1). Bei der Polymerisation langer RNA-Ketten aber sollte letztlich als Resultat ein RNA-Einzelstrang vorliegen, der durch Verknüpfung von RNA-Nukleotiden entstanden ist. Dabei müssen entlang des RNA-Rückgrats zwischen dem Phosphat eines Nukleotids und der Ribose eines anderen Nukleotids kovalente Bindungen gebildet werden; die Zusammenlagerung zweier Nukleinsäurestränge ist ein chemisch völlig andersartiger Vorgang. Mindestens die folgenden grundsätzlichen Fragen müssen überzeugend beantwortet werden, wenn die referierten DNA-Polymerisationsversuche Aussagekraft für die Entstehung einer RNA-Welt haben sollen:

(1) Die experimentell gewählten DNA-Stränge (Modell-Oligomere) sind chemisch deutlich verschieden von einzelnen RNA-Nukleotiden. Daher muss sichergestellt werden, dass ihr oligomerer Charakter inklusive komplementärer sticky ends sie trotzdem zu geeigneten Modellen für RNA-Polymerisation macht. Natürlich müsste zuerst auch noch ihre Entstehung und die Synthese ihrer Bausteine plausibel gemacht werden.

(2) Durch die 25bp sticky ends am DNA-Strang sind die Wechselwirkungsbedingungen mit einem anderen DNA-Modell-Oligomer vorgegeben und werden durch nichtkovalente Wasserstoffbrückenbindungen realisiert. Diese Wechselwirkung hat nichts mit der zu zeigenden Bildung kovalenter Bindungen entlang dem Rückgrat einer RNA-Kette zu tun.

(3) RNA ist im Vergleich zu DNA chemisch weniger stabil und wird viel schneller durch Reaktion mit Wasser (Hydrolyse) in die Bausteine gespalten. Auch insofern ist die Übertragbarkeit

„Zeit“ ist kein Ersatz für kausalmechanische Vorgänge, nach denen hier (bisher vergeblich) gesucht wird. Ähnlich wie anderen Termini wird der Zeit hier das kreative Vorgehen zugeordnet, das die Forscher geleistet haben.

von Experimenten mit DNA auf RNA im chemischen Detail, um das es in den Arbeiten ja geht, gründlich zu überprüfen.

Robert SHAPIRO, ein bekannter Forscher auf dem Gebiet der ursprünglichen Entstehung von Biomolekülen, hat schon vor einigen Jahren in *Scientific American* einen Vergleich gezogen, der auch für die hier referierten Experimente zuzutreffen scheint: „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“ (SHAPIRO 2007). „Zeit“ ist aber kein Ersatz für kausalmechanische Vorgänge, nach denen hier (bisher vergeblich) gesucht wird. Ähnlich wie anderen Termini wird der Zeit hier das kreative Vorgehen zugeordnet, das die Forscher geleistet haben. „Lange Zeiten“ wirken sich gerade bei Biomolekülen außerhalb lebendiger Zellen und Organismen jedoch nicht kreativ, sondern zerstörerisch aus (synthetisierte Molekülverbände neigen aufgrund des chemischen Gleichgewichts dazu, sich wieder aufzulösen).

Literatur

- BAASKE P, WEINERT FM, DUHR S, LEMKE KH, RUSSELL MJ & BRAUN D (2007) Extreme Accumulation of nucleotides in simulated hydrothermal pore systems. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104, 9346–9351.
- BINDER H (2012) Wurde die RNA-Welt am Grunde des Ozeans etabliert? *Stud. Integr. J.* 19, 61–62.
- MAST C & BRAUN D (2010) Thermal Trap for DNA Replication. *Physical Review Letters* 104, 188102.
- MAST C, MÖLLER FM & BRAUN D (2013a) Lebendiges Nichtgleichgewicht. *Physik Journal* 12, Nr. 10.
- MAST C, SCHINK S, GERLAND U & BRAUN D (2013b) Escalation of polymerization in a thermal gradient. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 110, 8030–8035.
- MARTIN W (2009) Hydrothermalquellen und der Ursprung des Lebens. *Biologie in unserer Zeit* 39, 166ff.
- SHAPIRO R (2007) A simpler origin for life. In: *Scientific American* June, Nr. 2, Jg. 296, S. 23–31; auf Deutsch in: *Spektrum der Wissenschaft*, November 2007, S. 65–72. S. 67.

Evolution von Komplexität über Fehlentwicklungen?

Können Missbildungen und Abnormitäten das Rohmaterial für eine Zunahme der Komplexität im Laufe von Evolution sein? Nach einem in *Spektrum der Wissenschaft* vorgestellten Modell einer „selektionsfreien Evolution“ soll dies tatsächlich möglich sein. Doch stellen sich einige Fragen, ob dieser Ansatz realistisch ist.

Reinhard Junker

Unter der Überschrift „Evolution ohne Selektion“ veröffentlichte der bekannte Wissenschaftsjournalist Carl ZIMMER in der viel gelesenen Zeitschrift *Spektrum der Wissenschaft* im Mai 2014 einen Artikel über eine neue Idee, wie Komplexität im Laufe der hypothetischen Evolution entstehen könnte. „Evolution ohne Selektion“ ist als Schlagwort nicht neu; schon im Jahr 1988 veröffentlichte A. LIMA-DE-FARIA ein Buch unter dem Titel „Evolution without selection“. Eine neue Grundidee zu „Evolution ohne Selektion“ wird im kurzen Intro-Text so zusammengefasst: „Nach Ansicht mancher Forscher können auch ohne Selektionskräfte komplexere biologische Strukturen und Lebewesen entstehen – quasi als Nebeneffekt von zunächst unbedeutenden Fehlentwicklungen.“

In den letzten Jahrzehnten wurde eine ganze Reihe neuer Ansätze entwickelt, mit denen man dem Problem Makroevolution – die Entstehung konstruktiver und funktioneller Neuheiten – zu Leibe rücken möchte (eine kurzgefasste Übersicht findet sich bei CABEJ 2013, 249ff.). Das ist ein Indiz dafür, dass hier ein Problem gesehen wird; entgegen oft geäußerten Beteuerungen, die Frage nach den Evolutionsmechanismen sei im Wesentlichen beantwortet. Auch ZIMMER (2014, 26) meint, im Großen und Ganzen bestätige die moderne Biologie DARWINS Gedanken zur Entstehung von Komplexität, wonach neue Organe unter dem Wirken der natürlichen Auslese schrittweise aufgebaut würden. (Das zur Illustration angeführte Beispiel des Linsen-*Auges* ist dafür aber denkbar schlecht geeignet, vgl. ULLRICH et al. 2006.) Doch sei fraglich, ob Komplexität immer auf solche Weise entsteht. Zum einen gebe es eine dem Leben innewohnende Tendenz zur Komplexitätssteigerung. Was das sein soll und woher diese kommt, wird allerdings nicht gesagt.

Komplexität als Nebeneffekt?

Zum anderen soll eine Komplexitätssteigerung auch ohne Selektion als *Nebeneffekt* von Mutationen möglich sein. Das sind richtungslose Änderungen des Erbguts. Manchmal entstünden auf diese Weise „einfach so“ komplexe Phänomene. Das klingt zwar fast wie Zauberei, aber ZIMMER nimmt hier Bezug auf das Buch „Biology’s First Law“ von MCSHEA und BRANDON (2010). Darin wird die Entstehung neuer Komplexität als eine Art „Gesetz“ gefasst, das sie als „zero-force evolutionary law“ bezeichnen, was man als „kraftfreies Evolutionsgesetz“ übersetzen kann. Getestet haben sie dieses Gesetz – so berichtet ZIMMER weiter – an Laborstämmen der Taufliege *Drosophila*. Diese wurden dauerhaft rundum versorgt und hatten somit ein stressfreies Leben bzw. sind vergleichsweise wenig mit Selektionsdrücken konfrontiert. Anders als bei wild lebenden Populationen, die unterschiedlichen Selektionsfaktoren unterworfen sind, können bei Wegfall von Selektion Individuen mit Mutationen, die ihre Vitalität einschränken, überleben und werden nicht ausgemerzt. Denn gewisse Schäden durch Mutationen sind unter den günstigen Lebensbedingungen verkraftbar, während sie unter den härteren Freilandbedingungen nachteilig wären und die betreffenden Formen der Auslese zum Opfer fallen würden. Also müssten die Laborfliegen „allmählich komplexer geworden sein als ihre Artgenossen in der Wildnis“ (ZIMMER 2014, 28) – so die Hypothese, weil sich mehr Mutationen ansammeln und weniger durch Auslese verloren gingen.

MCSHEA und seine Doktorandin Leonore FLEMING haben die wissenschaftliche Literatur zu 916 Laborlinien der Taufliege nach „Missbildungen“ durchgeforstet und stießen dabei auf eine große Zahl von Abnormitäten, z.B. auf Tiere

„mit ungleichen Beinen, mit ungewöhnlich gemusterten oder deformierten Flügeln oder mit ‚verkehrt‘ gebildeten Fühlern (Antennen) und so weiter.“ Diesen (eigentlich altbekannten) Befund werten die Forscher als Bestätigung dafür, dass die Fliegen bei Abwesenheit oder Minderung der Selektion komplexer geworden seien als ihre wild lebenden Verwandten und mithin als Beleg für ihre Hypothese. ZIMMER untermauert diese Deutung mit einer Abbildung, in der eine deformierte *Drosophila* einer normalen gegenübergestellt wird und interpretiert dies in der Legende so: „In der Wildnis sind Taufiegen starken Anpassungszwängen ausgesetzt, die bei einer Laborhaltung wegfallen. Dadurch treten bei Laborstämmen auffallend viele Abweichungen von Körperstrukturen auf, die sich erhalten, weil sie den Tieren nicht schaden (...). Verglichen mit Wildformen (...) sind die Laborstämme nach Ansicht von Forschern komplexer“ (ZIMMER 2014, 27).

Man nimmt es verwundert zur Kenntnis, denn worin besteht überhaupt die Zunahme an Komplexität? Zugenommen hat die Vielfalt an unterschiedlichen Ausprägungen von Körpermerkmalen. Von diesen schränken aber viele die Vitalität des entsprechenden Individuums nachhaltig ein. Ist dann aber der Begriff „Komplexität“, verstanden als formale Steigerung der Vielfalt an Strukturen, überhaupt hilfreich, wenn keine Bewertung der neuen Vielfalt vorgenommen wird? Offenbar wird die größere Anzahl an gestaltlichen Ausprägungen als „Komplexitätszunahme“ bezeichnet, doch besteht kein Zweifel daran, dass es sich dabei um mehr oder weniger ausgeprägte *Missbildungen* handelt; ZIMMER selbst spricht von „Abnormitäten“. In Bezug auf die eigentlich relevante Frage nach einer Erklärung für die Entstehung evolutionärer struktureller oder funktioneller Neuheiten wird dagegen mit diesen Befunden nichts gewonnen.

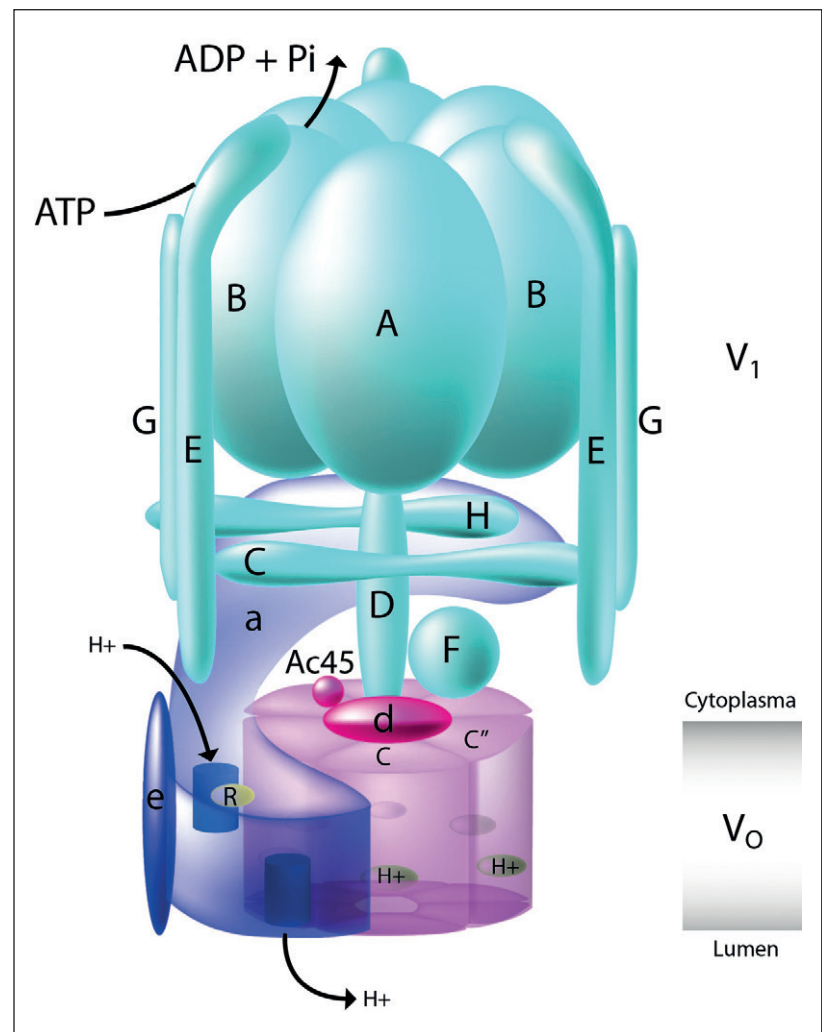
Kritik

ZIMMER erwähnt denn auch in seinem *Spektrum*-Artikel einige Kritiker dieses Konzepts, die noch andere Einwände bringen. So weist der Paläontologe Douglas ERWIN darauf hin, dass auch bei den umhegten *Drosophila*-Fliegen in vielerlei Hinsicht Selektion massiv wirke und dass schon bei der Larvalentwicklung hunderte Gene genau aufeinander abgestimmt sein müssten, damit die Gewebe und Organe sich funktionsfähig entwickeln könnten. Hier seien schon kleinere Störungen meist tödlich; sie werden durch die so genannte „innere Selektion“ ausgemerzt (auch im Labor sterben viele *Drosophila*-Mutanten während der Embryonalentwicklung aufgrund von Mutationen).

Auch die Handhabung des Begriffs „Komplexität“ wird von manchen kritisch gesehen. MCSHEA und BRANDON entgegnen – so ZIMMER (2014, 29) –, sie würden „eine Komplexität betrachten, aus der die andere Komplexität erwachsen könne. Die bei *Drosophila* beobachteten Veränderungen stellten Ausgangsmaterial für mögliche anschließende Selektionsprozesse dar – seien also eine Grundlage, aus der dann funktionale komplexe Strukturen entstehen könnten, die dem Überleben dienten.“ Doch das ist bestenfalls Hoffnung, kein Ergebnis von Experimenten. Und ob sich diese Hoffnung erfüllt, gewisses „Ausgangsmaterial“ – und zwar ausgerechnet mehr oder weniger stark ausgeprägte Missbildungen – könne Grundlage für später entstehende neue funktionale Strukturen sein, muss erst noch geprüft werden. Aber die Qualität des Ausgangsmaterials nach dem „zero-force evolutionary law“ gibt nicht zu Hoffnung Anlass, dass es sich dabei um Startrampen für echte evolutionäre Neuheiten handeln könnte (wobei mit „echt“ neue funktionale Strukturen gemeint sind, die auch nicht latent angelegt waren).

Dennoch wird dieser Ansatz auch im molekularen Bereich verfolgt. ZIMMER berichtet vom Beispiel der V-ATPase (Abb. 1), einer speziellen, aus mehreren Molekülen zusam-

Abb. 1 V-ATPasen sind aus mehreren Untereinheiten aufgebaut. Sie kommen zum Beispiel in Vakuolen von Pflanzen- und Hefepilz-Zellen vor und bauen einen Protonengradienten unter Spaltung von ATP auf, wodurch sie dessen pH-Wert steuern. Der entstandene Protonengradient wird zum Im- und Export anderer Moleküle genutzt. Der V_o -Komplex bildet den Kanal, der V_1 -Komplex ragt ins Zellplasma. (Wikipedia, CC BY-SA 3.0)



mengesetzten Protonenpumpe, die Ionen durch Zellmembranen schleust. Zur V-ATPase gehört ein Ring aus sechs Proteinen, der bei Hefen aus drei verschiedenen Proteinen besteht (vier Vma3- und je ein Vma11- und Vma16-Protein). Bei Tieren enthält der Sechsering dagegen nur *zwei* verschiedene Proteine (fünf Vma3- und ein Vma16-Protein). Diese Unterschiede werden evolutionstheoretisch darauf zurückgeführt, dass sich früh in der Evolution der Pilze eine Genverdoppelung ereignete. Eines der beiden Gene wurde später zum Gen für das Vma11-Protein. Man könnte die V-ATPase der Pilze als komplexer betrachten, weil sie aus *drei* verschiedenen Vma-Proteinvarianten besteht. Der Weg dahin – ausgehend von zwei Varianten – kann modellhaft als selektionsfrei dargestellt werden, was das Modell einer selektionsfreien Zunahme von Komplexität stützen würde. Aber abgesehen davon, dass die Komplexitätszunahme sehr geringfügig ist, wird sie damit erkaufte, dass zwei der drei V-ATPase-Proteine der Pilze nicht so vielseitig verknüpfbar sind wie die entsprechenden Proteine der Pumpe bei den Tieren. Insgesamt kann daher kaum von einer Komplexitätszunahme die Rede sein.

Fazit

Gemessen am Erklärungsziel einer Komplexitätszunahme *mit neuer Struktur und Funktion* von Organen, Stoffwechselkaskaden oder molekularen Maschinen sind die im Artikel von ZIMMER erwähnten Beispiele in keiner Weise beweiskräftig. Geringfügige, z. T. nur hypothetische Änderungen oder regelrechte Missbildungen können nicht als Rohmaterial für evolutionäre Neuheiten interpretiert werden. Eine nicht mehr ganz so neue Idee, die anhand der gewählten Beispiele nicht überzeugend präsentiert wird, wird hier mit umfangreichen Hoffnungen verknüpft. Ob diese sich zukünftig erfüllen werden, wird sich zeigen müssen.

Literatur

- CABEJ N (2013) Building the most complex structures on earth. An epigenetic narrative of development and evolution of animals. Amsterdam: Elsevier.
- ULLRICH H, WINKLER N & JUNKER R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. Stud. Integr. J. 13, 3–14.
- ZIMMER C (2014) Evolution ohne Selektion. Spektr. Wiss., Mai 2014, 26–31.

„Brauchen wir eine neue Evolutionstheorie?“

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

Reinhard Junker

Als im Jahr 1959 das hundertjährige Jubiläum von Charles DARWINS Evolutionstheorie gefeiert wurde, galten die wesentlichen Fragen der Evolutionsforschung als geklärt. Dazu gehörte auch der auf DARWIN zurückgehende Mechanismus von Variation und Selektion (natürliche Auslese), der als rein natürlicher Prozess verstanden wird und gleichsam naturgesetzmäßig verlaufen soll. Die Variationen innerhalb von Arten entstehen demnach durch Mutationen, das sind Änderungen des Erbguts, die richtungslos in Bezug auf

potentielle Ziele verlaufen (und in diesem Sinne zufällig sind). Die durch Mutationen entstandenen Varianten bilden das Rohmaterial, das der Selektion zur Verfügung steht. Bei Überproduktion der Nachkommen gelangt tendenziell nur der bestangepasste Teil selbst zur Fortpflanzung und kann seine Merkmalsausprägungen an die nächste Generation weitergeben. Dieses Wechselspiel von Zufallsvariation (Mutation) und Auslese (Selektion) soll im Laufe großer Zeiträume dafür sorgen, dass Arten sich nicht nur

an wechselnde Umweltbedingungen anpassen, sondern letztlich auch neue Baupläne mit völlig neuen Bauelementen entstehen.² Seit den 1930er und 1940er Jahren hatte sich die Synthetische Evolutionstheorie etabliert und war viele Jahrzehnte ziemlich unangefochten. Deren Szenario war weitgehend Konsens im Jahr 1959 und im Großen und Ganzen bestimmt diese Sicht die öffentliche Darstellung des evolutionären Prozesses bis in unsere Zeit.

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

„Wie die Körperform in der Natur evolviert, bleibt weitgehend unbekannt“ (Cleves et al. 2014).

Eine Gruppe von Evolutionsbiologen sieht nach wie vor keinen Grund zu einem grundsätzlichen Umdenken in der Frage nach den Triebfedern und Mechanismen der Evolution. Andere dagegen fordern eine deutliche Erweiterung bisheriger Theorien. Mittlerweile haben sich in dieser Frage verschiedene Lager gebildet. Dieser Eindruck wird bestätigt, wenn man ein Pro und Contra verfolgt, das die Wissenschaftszeitschrift *Nature* Anfang Oktober veröffentlicht hat (LALAND et al. 2014, WRAY et al. 2014). Eine Gruppe, vertreten durch acht Wissenschaftler, meint, die Evolutionstheorie brauche dringend ein Umdenken, es sei eine Erweiterte Evolutionäre Synthese (EES) unter Einbeziehung bisher vernachlässigter Disziplinen erforderlich (Pro-Gruppe). Das sei kein Sturm im Wasserglas, sondern ein Kampf um die Seele der Evolution. Sieben Wissenschaftler, die die traditionelle Sicht vertreten (Contra-Gruppe), halten dagegen: Mit der (kausalen) Evolutionstheorie sei alles in Ordnung. Das verfügbare Wissen, das die Pro-

Gruppe einfordere, sei schon berücksichtigt oder ließe sich auch in Zukunft in den bekannten Rahmen einfügen. Es gebe keinen Anlass für eine Neukonzeption.

Vier Bausteine für eine Erweiterte Evolutionäre Synthese

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

- Der genzentrierte Ansatz (Genänderungen als Initialzündungen) müsse ergänzt werden durch die Berücksichtigung zahlreicher Wechselwirkungen mit äußeren und inneren Einflüssen während der ontogenetischen Entwicklung. Diese führen u.a. zu Einschränkungen der Entwicklungsrichtungen („developmental bias“, **Entwicklungszwänge**) und begrenzen damit mögliche Variationen von Merkmalsausprägungen ein Stück weit (es erfolgt quasi eine Kanalisierung), bevor die Umweltsélection wirkt.

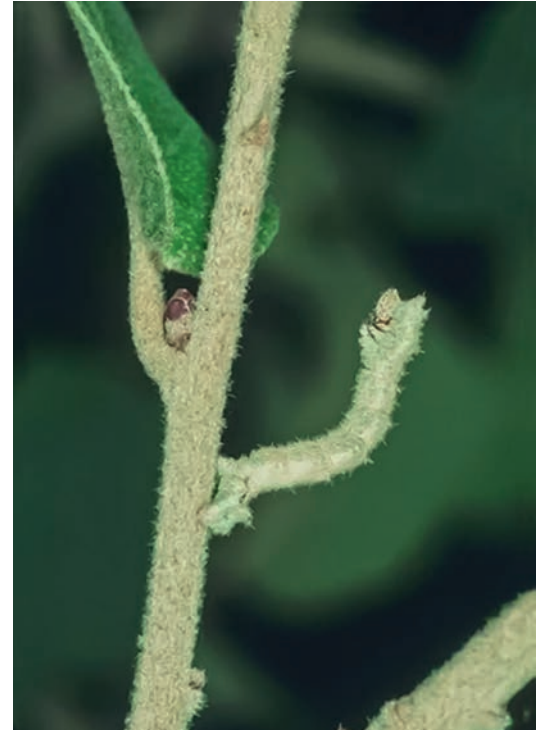
- Die Umweltbedingungen haben nicht nur eine passive Rolle als Selektionsfaktoren, vielmehr werde die Umwelt durch die Lebewesen aktiv mitgestaltet (**Nischenkonstruktion**); dadurch beeinflussen die Lebewesen selbst auch ihre eigene Evolution.

- Durch die **Plastizität** der Lebewesen (Änderungen infolge von Umweltreizen – ohne Genänderungen; Beispiel: Abb. 1) sei eine schnelle Anpassung und sogar die Offenlegung bisher verborgener Merkmale möglich, die nachfolgend durch Genvariationen (Mutationen) dauerhaft sichtbar fixiert werden können.

- Extragenetische Veränderungen (**Epigenetik**) in der Gen-Regulation könnten wie die Gene selber ebenfalls vererbt werden und Einfluss auf Evolution nehmen.

Die Contra-Fraktion hält dagegen, dass die genannten vier Phänomene zwar tatsächlich bedeutende evolutionäre Prozesse und Gegenstand ihrer eigenen Forschungen seien, dass sie aber nicht dermaßen in den Fokus gerückt werden müssten, dass die Einführung einer neuen Bezeichnung wie „Erweiterte Synthese in der Evolutionstheorie“ gerechtfertigt sei. Es treffe nicht zu, dass diese Faktoren in der Standard-Evolutionstheorie vernachlässigt würden. Vielmehr gebe es nur neue Namen für alte Konzepte. Von der Standard-Evolution werde durch die Vertreter der EES eine Karikatur gezeichnet. Weiter sei es verfehlt, eine Gen-Zentriertheit zu kritisieren, denn Veränderungen im Erbgut hätten einen wesentlichen Anteil an Anpassung und Artbildung, was in vielen Fällen auch genau belegt sei (z.B. Antibiotikaresistenzen oder Laktosetoleranz beim Menschen). Es sei außerdem

Abb. 1 Plastizität bei Raupen des Schmetterlings *Nemoria arizonaria*. Raupen, die Blütenkätzchen fressen, bilden eine Körperform aus, die eben diese nachahmt, während jene, die an Zweigen aufwachsen, das Aussehen von Zweigen annehmen. (Fotos: Erick GREENE, University of Montana)



nicht geklärt, ob die Plastizität genetische Variationen im Rahmen des Adaptationsprozesses tatsächlich steuern bzw. fixieren kann. Ebenso sei die Rolle der Entwicklungszwänge (developmental bias) auf die Evolution adaptiver Merkmale schwer zu bestimmen. Schließlich gebe es keine stichhaltigen Beweise für eine tragende Rolle vererbter, epigenetischer Modifikationen auf evolutionäre Anpassung. In den vier o.g. Phänomenen sieht die Contra-Gruppe daher lediglich Erweiterungen der bislang favorisierten zentralen Prozesse des evolutionären Wandels (natürliche Selektion, Drift, Mutation, Rekombination und Genfluss). Die neu eingeforderten Mechanismen seien allesamt nicht essentiell für die Evolution, sondern modifizierten lediglich die bekannten Erklärungen für evolutionäre Prozesse unter gewissen Umständen.

Kommentar

Diese Auseinandersetzung zeigt, dass es entgegen vieler öffentlicher Verlautbarungen nicht die eine, alles erklärende Evolutionstheorie gibt, sondern eine Vielzahl von theoretischen Ansätzen, die zum Teil miteinander konkurrieren oder sich gar einander ausschließen (vgl. dazu ULLRICH 2010). Diese Situation resultiert aus dem wissenschaftlichen Erkenntnisprozess und dokumentiert an sich einen normalen innerwissenschaftlichen Prozess. Die Brisanz ergibt sich in diesem Fall aus dem Forschungsgegenstand Evolution. Evolution wird einerseits als historisches Faktum vorausgesetzt, konnte andererseits aber auch über 150 Jahre nach DARWIN bisher kausal nicht erschlossen werden. Eine Reihe

von Wissenschaftlern hält beim gegenwärtigen Wissensstand die Standard-Evolutionstheorie für so ungenügend, dass sie eine substantielle Erweiterung für erforderlich halten. Die Frage nach den Mechanismen erscheint weniger klar denn je. Die Vielfalt neuer Ansätze ist genau dafür ein gewichtiges Symptom. Es wäre wichtig, wenn dieser Aspekt stärker auch ins öffentliche Bewusstsein treten und bei der Debatte um Schöpfung und Evolution Berücksichtigung finden würde.

Ob die Lösungsansätze der Pro-Gruppe erfolgversprechend sind, ist bislang zweifelhaft, und zwar aus folgenden Gründen: Zwei der vorgeschlagenen Ansätze – die Berücksichtigung der Plastizität und der epigenetischen Vererbung für Erklärungen evolutionärer Innovationen – ermöglichen für sich alleine gar keine Evolution, da nach bisheriger Kenntnis die betreffenden Änderungen jederzeit rückgängig gemacht werden können und in der Regel nicht stabil (oder gar nicht) an die nächsten Generationen weitergegeben werden. In beiden Fällen handelt es sich um Ausprägungen, die zunächst in irgendeiner Form – ausgelöst durch Umweltreize – abgerufen werden und keine Änderungen im Erbgut beinhalten. Bei erneuten Änderungen dieser Umweltreize ändern sich aber auch die betreffenden Merkmalsausprägungen und fallen z.B. in den vorherigen Zustand zurück. Was ist dann für die Evolution gewonnen? Aufgrund von Umweltreizen oder epigenetisch gesteuerte Veränderungen müssen also nachfolgende Merkmalsvarianten durch passende Mutationen gleichsam festgehalten (fixiert) werden, und diese müssen dann sich in „klassischer Weise“ in den Populationen durchsetzen. Die Kritik der

Contra-Gruppe ist an dieser Stelle daher verständlich. Die Mutmaßung, dass durch plastische Reaktionen konstruktive Neuheiten entstehen können, ist experimentell nicht nachvollzogen und auch theoretisch sehr unwahrscheinlich. Eine Zusammenfassung der Ansätze findet sich bei JUNKER (2014). Beide Faktoren – Plastizität und Epigenetik – sind aber aus einer *Schöpfungsperspektive* sehr interessant, ermöglichen sie doch den Lebewesen eine weitreichende Anpassungsfähigkeit und enorme Flexibilität bei wechselnden Umweltbedingungen (Näheres bei JUNKER 2014).

Dass ontogenetische Entwicklungszwänge evolutionär weiterhelfen sollen, ist ebenfalls fragwürdig. Denn Entwicklungszwänge und kanalisierende Randbedingungen während der Ontogenese „filtern“ zwar einerseits unpassende bzw. inkompatible Veränderungen aus, so dass nur ein Teil der potentiell möglichen Veränderungen eine Ausprägung im Erwachsenenalter erfährt – damit erfolgt eine interne Vorselektion der neuen Varianten. Aber weshalb soll andererseits dies dazu beitragen, dass *neue Formen* entstehen? Durch den Verweis auf ontogenetische Entwicklungszwänge wird nur ein problematischer Aspekt der Standard-Evolutionstheorie entschärft, nämlich die Zufälligkeit der Veränderungen des der Evolution zur Verfügung stehenden „Rohmaterials“. In dieser Zufälligkeit wird offenbar ein Problem gesehen, aber die vorgeschlagenen Lösungen helfen nicht in Bezug auf die Entstehung von Neuheiten. Ähnliche Kritik kann man beim Faktor „Nischenkonstruktion“ formulieren.

Design in der Natur

Bemerkenswert ist im Beitrag der Pro-Gruppe ein Satz über den Design-Ansatz („Intelligent Design“). Die Autoren mutmaßen, dass „die Evolutionsbiologen auch – gejagt vom Schreckgespenst des Intelligent Design – eine geschlossene Front gegenüber wissenschaftsfeindlichen Ansätzen bilden“ möchten. Diese Befürchtung ist berechtigt (nicht aber die Unterstellung der Wissenschaftsfeindlichkeit). Denn die Mängel der Standard-Evolutionstheorie begünstigen eben auch ganz alternative Ansätze wie den Design-Ansatz und zwar genau aus dem Grund, weshalb die Pro-Gruppe nach neuen naturalistischen Ansätzen sucht: Es braucht eine wie auch immer geartete Steuerung: Plastizität, Epigenetik, Entwicklungszwänge und Nischenkonstruktion haben nämlich in den Augen der Pro-Gruppe eines gemeinsam: Man sieht Bedarf an der Eindämmung des Zufalls und an gezielter Anpassung; die Umweltselektion wird dafür als nicht ausrei-

chend erachtet. Im Grunde genommen werden mit diesen Ansätzen Zielorientierungen eingeführt, die sich aus dem Organismus selbst heraus ergeben sollen. Das aber stützt eine Art Design-Ansatz, mit der paradoxen Besonderheit, auf eine intentionale (willensbegabte) geistige Quelle zu verzichten. Die Integration einer intentionalen geistigen Quelle als Erklärungsoption für das Sosein des Lebens ist im wissenschaftlichen Mainstream nämlich tabu. Man wird also weiterhin natürliche Mechanismen suchen und auf

Es braucht eine wie auch immer geartete Steuerung und eine Eindämmung des Zufalls.

den Prüfstand stellen, um rein natürliche, blinde, nichtgeistige Naturprozesse aufzuspüren, die kreativ sein sollen. Der Naturwissenschaft wird diese Vorgehensweise sicherlich weitere und unerwartete Erkenntnisse liefern. Ob diese uns jedoch der Antwort nach den Ursachen und Mechanismen der hypothetischen Evolution näher bringen, darf mit Blick auf die Geschichte bezweifelt werden. Die Frage nach einem Schöpfer stellt sich also auch weiterhin, nicht weil die Naturwissenschaft versagt, sondern weil zu erwarten ist, dass der durch sie generierte Wissenszuwachs weiterhin Hinweise auf die Existenz einer geistigen Verursachung des Lebens liefern wird.

Anmerkungen

- ¹ In deutscher Übersetzung Ende November bei spektrum.de veröffentlicht: www.spektrum.de/news/brauchen-wir-eine-neue-evolutionstheorie/1320620
- ² „Das Endresultat der natürlichen Selektion ist es, dass jede Kreatur dahin strebt, im Verhältnis zu den Bedingungen, in denen sie lebt, immer vollkommener zu werden. Diese Verbesserung führt unvermeidlich zu einem Fortschritt in der Organisation der meisten Lebewesen“ (Charles DARWIN: Über den Ursprung der Arten. London, 1859).

Literatur

- CLEVES PA, ELLIS NA, JIMENEZ MT, NUNEZ SM, SCHLUTER D, KINGSLEY DM & MILLER CT (2014) Evolved tooth gain in sticklebacks is associated with a cis-regulatory allele of Bmp6. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 111, 13912-13917.
- JUNKER R (2014) Plastizität der Lebewesen: Baustein der Makroevolution? <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-14-2-plastizitaet.pdf>
- LALLAND K et al. (2014) Does evolutionary theory need a rethink? Yes, urgently. *Nature* 514, 161-164.
- MOCZEK AP (2008) On the origins of novelty in development and evolution. *BioEssays* 30, 432-447.
- ULLRICH H (2010) Evolution und Evolutionstheorien. Irrtümliche Selbstverständnisse und Fehldarstellungen naturalistischer Ursprungsmodelle. *Stud. Integr. J.* 17, 76-87.
- WRAY G et al. (2014) Does evolutionary theory need a rethink? No, all is well. *Nature* 514, 161-164.

Landgänger unter den Fischen

Zu: R. Junker: Evolution vom Wasser ans Land: gar nicht so schwer? Stud. Integr. J. 21, 107-109.

Der nächste Verwandte der Flösselhechte ist der ihnen ähnliche Flösselaal (*Erpetoichthys calabaricus*). Er besitzt aber einen schlangenförmigen Körper, der es ihm weit besser als dem Flösselhecht ermöglicht, sich über Land zu bewegen. Jeder Aquarianer weiß, dass man diesen Fisch nur dann halten kann, wenn man das Aquarium fluchtsicher abdeckt, sonst wird er über Nacht das Aquarium verlassen und im Raum herumkriechen. Er trocknet dann im Raum aus, wenn man ihn nicht rechtzeitig findet. Dieser Fisch kann wegen seiner Schlangenform über Land gehen, nicht wegen seiner Extremitäten! Allgemein ermöglicht eine schlängelnde Bewegungsweise den Fischen am ehesten eine Fortbewegung an Land. Entsprechend sind Fische, die an Landgänge angepasst sind wie Aale (besonders als Larven) oder Kiemensackwelse (Clariidae) mit einem eher schlangenförmigen Körper ausgestattet.

Die Schlangenform des Körpers scheint eine Art Universalform für Bewegung über Land, im Wasser, für das Klettern und sogar das Wühlen im Boden zu sein. Sogar ein Gleiten durch die Luft ist bei Schlangen der Gattung *Chrysopelea* so möglich.

Manche kürzere kompakte Fische springen über sehr kurze Strecken über Land, indem sie sich auf Land katapultieren und dann mit dem Schwanz schlagend sich weiter voranspringend bewegen.

Auch der im Verhältnis zum recht kompakten Vorderteil seines Körpers kurze Schlammpringer (*Periophthalmus*) springt mit Hilfe seiner Vorderflossen (als Stütze) und dem Schwanz auf dem Bauch über Land.

Die Kletterfische der Gattung *Anabas*, die gut Luftsauerstoff atmend von Tümpel zu Tümpel über Land wandern können, bewegen sich an Land mit gespreizten Kiemendeckeln (zum Abstützen) und durch kräftige Schläge der

Schwanzflosse fort, nicht mit Hilfe ihrer Flossen.

Bei Strahlenflosser-Fischen (Actinopterygii) sind der Bereich des Beckengürtels und die daran ansetzenden Hinterflossen zurückgebildet und können somit nicht zu Stützelementen ausgebildet werden. Interessant sind die Verhältnisse bei den Fleischflossern (Sarcopterygii), aus denen die Vierbeiner evolutionär hervorgegangen sein sollen. So fällt auf, dass die Afrikanischen und Südamerikanischen Lungenfische (*Protopterus* und *Lepidosiren*) keineswegs zu amphibisch lebenden Fischen wurden, sondern rückgebildete Flossen haben! Auch der australische Lungenfisch kann sich nicht auf seinen gut ausgebildeten Flossen bewegen und das obwohl er die häufigen Trockenzeiten seines Lebensraumes, in dem auch Gewässer, in denen er lebt, austrocknen können, nicht durch Eingraben überleben kann, wie es die afrikanischen und südamerikanischen Lungenfische können.

Unter den Strahlenflossern können mehrere Formen über den Gewässerboden „gehen“. Beispielsweise laufen Knurrhähne (Triglidae) und der große Flughahn (*Dactylopterus volitans*) auf speziellen Strahlen ihrer Vorderflossen. Froschfische (Antennaroidae) haben Vorder- und Bauchflossen, die kurzen Beinen von Amphibien oder Reptilien verblüffend ähneln und es ihnen exzellent ermöglichen, auf den Korallenbänken oder Meeresboden, auf denen sie leben, langsam zu schreiten. Sie schwimmen nur kurze Strecken mit Hilfe ihrer Schwanzflosse, wenn sie dazu gezwungen werden, z.B. um zu fliehen.

Man müsste dementsprechend erwarten, dass die ersten Fische, die das Land eroberten, aalförmige Körper hatten, da unter der Annahme, dass die Mechanismen der Evolution die bekannten Formen hervorbrachten, der Trend zur Körperverlängerung mit Reduktion der Extremitäten bei Fischen, Amphibien und Reptilien sich häufig erfolgreich durchsetzte (Knochenfische, Wühlen, Schlangen, Schleichen) und biologisch offenbar relativ leicht zu bewerkstelligen ist. (Eine Anpassung zu einem schlangenförmigen Körper ist möglicherweise im Rahmen der Mikroevolution denkbar.)

Gerade bei den Fischen, die an der Luft atmen können, wie Kletterfische, Lungenfische und Kiemensackwelse sollte man erwarten, dass sie Formen hervorgebracht haben, die mit Stützflossen über Land kriechen können, angesichts der sehr vielfältigen Anpassungen bei Fischen und entsprechenden Formentwicklung, aber das scheint für die Evolution nicht machbar zu sein.

Peter Klöckner

Abb. 1 Der Flösselhecht *Polypterus senegalus*, einer der Landgänger unter den Fischen. (CC BY 2.0)



Streiflichter

■ Abdominalknochen der Wale: Das Ende eines rudimentären Organs

Im Hinterleib der Wale und Delfine stecken paarige Knochen, die gewöhnlich als evolutionär bedingte Reste eines früheren Beckens von Landsäugetieren interpretiert werden. Dass diese Abdominalknochen nicht funktionslos sind, weil sie die Muskulatur der Geschlechtsorgane unterstützen, ist schon lange bekannt. Eine neue Studie offenbart darüber hinaus artspezifische Anpassungen, aus denen geschlossen werden kann, dass diese Knochen nicht als bloße Rückbildungen interpretiert werden können – erneut das Ende eines rudimentären Organs.

„Rudimentäre Organe“ spielen traditionell eine wichtige Rolle als Indizien für Evolution. Solche Organe gelten als rückentwickelt und funktionsschwach (oder sogar funktionslos) und werden einerseits als Belege für eine degenerative Evolution gewertet, andererseits vor allem als Argumente gegen eine planvolle Schöpfung ins Feld geführt: Ein Schöpfer würde keine unnützen Organe erschaffen; gibt es sie doch, spreche das gegen einen Schöpfer und damit für Evolution. Bereits DARWIN hat auf diese Weise argumentiert. Dieses Argument ist aus mehreren Gründen fragwürdig (JUNKER 2002, Kapitel 6); es verliert aber besonders dann an Kraft, wenn eine für die vorhandene Struktur angemessene Funktion nachgewiesen werden kann. Denn spätestens dann ist die Behauptung hinfällig, es gebe „Pfusch am Bau“.

Ein Klassiker unter den rudimentären Organen sind die Abdominalknochen der Walartigen. Dabei handelt es sich um paarige Knochen, die sich ohne Verbindung zur Wirbelsäule im Hinterleib der Wale und Delfine befinden. Es wird gemeinhin argumentiert, dass auf dem evolutiven Weg vom Land ins Wasser die Knochen des ehemaligen Beckens und der Hinterbeine ihre Funktion

verloren und sich zum heute noch vorhandenen Rest in Form der Abdominalknochen zurückgebildet hätten.

Dass die Abdominalknochen nicht funktionslos sind, ist schon länger bekannt (YABLOKOV 1974; ARVY 1976, BEHRMANN 1994). Sie unterstützen unter anderem die Muskeln, die den sehr beweglichen Walpenis kontrollieren, und sind daher überlebenswichtig. Entsprechend zeigen sie einen Sexualdimorphismus, d.h. sie sind bei Männchen und Weibchen unterschiedlich ausgebildet.

Eine neuere Untersuchung (DINES et al. 2014) unterstützt bisherige Befunde. Die Forscher untersuchten bei 130 Wal-Individuen aus 29 Arten Größe und Form der Abdominalknochen im Zusammenhang mit dem Paarungsverhalten. Dabei fanden sie heraus: 1. Männchen von Arten, bei denen es eine starke sexuelle Selektion gibt (die aus der relativen Größe der Hoden abgeleitet wird), besitzen einen relativ großen Penis und entsprechend einen relativ großen Abdominalknochen im Vergleich zur Körpergröße. 2. Die Form der Abdominalknochen zweier Arten ist umso verschiedener, je unterschiedlicher ihr Paarungsverhalten ist. Bei Rippenknochen, die als Referenz ebenfalls untersucht wurden,

fanden sich diese Zusammenhänge nicht. Die Abdominalknochen können somit nicht als Reste bzw. Rudimente interpretiert werden, denn sie zeigen artspezifische Unterschiede und teilweise sogar eine relative Vergrößerung, was die Forscher evolutionär auf eine unterschiedlich stark ausgeprägte sexuelle Selektion zurückführen. Sie weisen am Ende ihres Artikels die Einstufung der Abdominalknochen der Wale als funktionslose Reste zurück; vielmehr seien sie eine kritische Komponente für die Fitness der Männchen und evtl. auch der Weibchen (DINES et al. 2014).

Angesichts dieser Befunde macht es keinen Sinn mehr, die Abdominalknochen der Wale als Rudimente zu klassifizieren – es sei denn, man ändert die Definition für „rudimentäres Organ“: So schlägt Stephanie KEEP vor, dann von Rudimentation zu sprechen, wenn die ursprüngliche Funktion verloren gegangen ist (<http://ncse.com/blog/2014/09/well-said-carl-zimmer-persistence-whale-hip-bones-0015864>). Das aber führt zu einem inflationären Gebrauch des Begriffs „Rudiment“; selbst die Arme und Beine von Vierbeinern wären dann „rudimentär“. Vor allem aber ist die geänderte Definition nur anwendbar, wenn

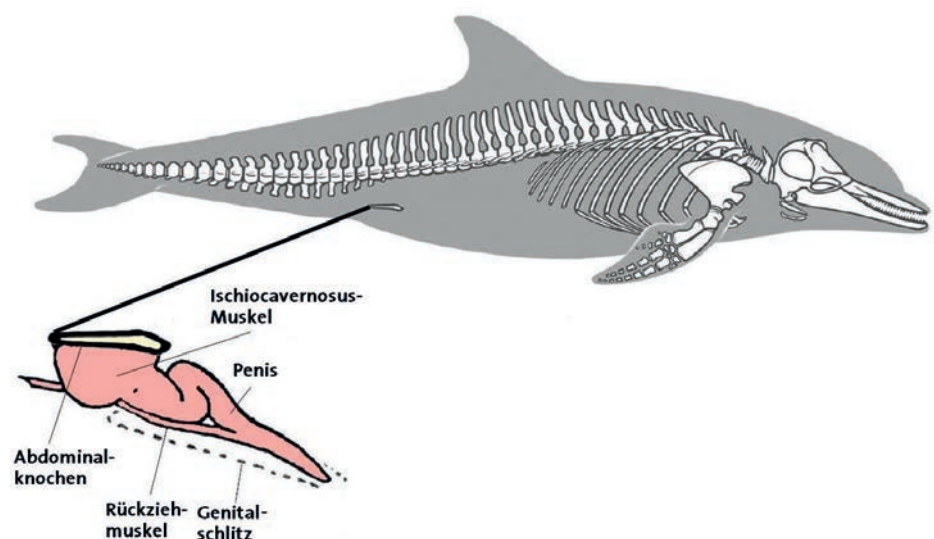


Abb. 1 Skelettanatomie des Großen Tümmlers (*Tursiops truncatus*) und Muskulatur im Bereich des Abdominalknochens und des Penis. Nach DINES et al. (2014); Zeichnung: Carl BUELL.

man Evolution und einen bestimmten Evolutionsverlauf voraussetzt; das Organ selber liefert keinen objektiven Anhaltspunkt für eine Rückbildung.

Das Beispiel der Abdominalknochen der Walartigen zeigt einmal mehr, dass zunehmende Kenntnisse über Form-/Funktions-Zusammenhänge die Liste mutmaßlicher rudimentärer Organe verkleinern. Aus dieser Liste musste kürzlich auch der Wurmfortsatz des Blinddarms endgültig gestrichen werden (vgl. ULLRICH 2013).

[ARVY L (1976) Some critical remarks on the subject of the cetacean „girdles“. In: PILLERI G (ed) Investigations on Cetacea. Vol. VII. Bern • BEHRMANN G (1994) Die Bewegungskoordination des Penis während der Kopulation beim Schweinswal *Phocoena phocoena* (Linné 1758). Säugetierkd. Inf. 3, 611-616 • DINES JP, OTÁROLA-CASTILLO E, RALPH P, ALAS J, DALEY T, SMITH AD & DEAN MD (2014) Sexual selection targets cetacean pelvic bones. Evolution, doi: 10.1111/evo.12516 • JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Design-Fehler oder Design-Signale? Studium Integrale. Holzgerlingen • ULLRICH H (2013) Der Wurmfortsatz: Vom Nichtsnutz zum Mysterium. Stud. Integr. J. 20, 111-115 • YABLOKOV AV (1974) Variability of mammals. Amerind Publishing Co. Pvt. Ltd., New Delhi.] R. Junker

■ Fliegen – mit Kupplung und Getriebe

Unter den Insekten finden sich viele Arten, die in der Lage sind, aktiv zu fliegen. Die dabei zum Einsatz kommenden Flügel weisen erstaunliche Größenunterschiede auf; so gibt es Wespen mit Flügeln mit einer Spannweite vom Bruchteil eines Millimeters und andererseits Falter, deren Flügelspitzen bis zu 30 cm voneinander entfernt sind. Je kleiner die Flügel sind, desto häufiger muss das Insekt mit den Flügeln schlagen, um sich mit der entsprechend geringeren Tragfläche in den Luftraum aufschwingen zu können. Bei kleinen Insekten wurden Frequenzen von über 100 Hz gemessen.

Obwohl der Insektenflug schon lange Gegenstand wissenschaftlicher Untersuchungen ist, sind viele Aspekte zu dessen Biomechanik bisher nicht genau verstanden. Moderne Untersuchungsmethoden wie z.B. der Einsatz von Hochge-

schwindigkeitskameras machen neue Fragestellungen für die Forschung zugänglich.

Die Zweiflügler (Diptera) – dazu gehören die Insekten, die wir in der Alltagssprache als Fliegen und Mücken bezeichnen – besitzen neben ihrem namensgebendem *einen* Flügelpaar als notwendige und typische Struktur noch ein Paar Schwingkölbchen. Dabei handelt es sich um keulenförmige bewegliche Anhänge, die auch als Halteren bezeichnet werden und den Insekten zur Bestimmung und Kontrolle der Lage des Körpers im Raum dienen. Dipteren bewegen die Halteren synchron zu den Flügeln.

Eine indische Arbeitsgruppe hat nun die biomechanischen Grundlagen der Koordination von Halteren und Flügeln an Soldatenfliegen (*Hermetia illucens*) untersucht (DEORA et al. 2015). Dabei stellten die Wissenschaftler fest, dass die Synchronisierung des Flügelschlags durch eine mechanische Kopplung über das sogenannte Scutellum, einer verhärteten (sklerotisierten) Struktur am Rücken des Brustbereichs (Thorax) erfolgt. Bei manchen Käfern ist das Scutellum als kleiner Keil zwischen den Flügeldecken erkennbar. Durchtrennt man das Scutellum bei Soldatenfliegen, so schlagen der rechte und der linke Flügel nicht mehr gleichzeitig auf und ab; klebt man die beiden Scutellumhälften wieder zusammen, ist der synchrone Flügelschlag wieder möglich. Mit Hochgeschwindigkeitsaufnahmen konnte demonstriert werden, dass die Halteren antizyklisch mit den Flügeln schlagen und zwar exakt synchron. Auch diese Kopplung hat eine mechanische Grundlage, die mikroskopisch lokalisiert werden konnte, deren genaue Funktion derzeit aber noch nicht verstanden ist.

Der Flügelschlag selbst erfolgt indirekt über muskuläre Aktivität im Thorax. Dabei fanden die Autoren heraus, dass die Flügel an ihrer Aufhängung über eine Kupplung und ein 4-Stufen-Getriebe mit dem muskulären Antrieb verbunden werden können. Diese Zusammenhänge sind bereits zuvor von anderen Autoren beschrieben worden (MIYAN & EWING 1985), aber DEORA et al.

konnten diese bestätigen, detaillierter darstellen und so zu einem vertieften Verständnis der biomechanischen Grundlagen beitragen.

Die Autoren der Studie stellen abschließend fest, dass die von ihnen beschriebenen biomechanischen Strukturen für die schnelle Koordination von Flügelschlag und Halteren von grundlegender Bedeutung ist und vermutlich auch bei anderen Insekten vorkommt. Die beschriebenen biomechanischen Strukturen stellten auch wichtige Design-Prinzipien für die Entwicklung von Mikrorobotern nach dem Vorbild von Insekten dar.

[DEORA T, SINGH AK & SANE SP (2015) Biomechanical basis of wing and haltere coordination in flies. Proc. Nat. Acad. Sci. USA, doi/10.1073/pnas.1412279112 • MIYAN JA & EWING AW (1985) How Diptera move their wings: A re-examination of the wing base articulation and muscle systems concerned with flight. Phil. Trans. R. Soc. London B 311, 271-302.] H. Binder

■ Kurzflügler – hocheffiziente Flügel-Falttechnik

Viele geflügelte Insekten können ihre Flügel falten und damit in Ruhestellung deren Platzbedarf reduzieren. Ameisen und Bienen als Vertreter der Hautflügler (Hymenoptera) falten ihre Vorderflügel in Längsrichtung, während die Faltung bei Heuschrecken (Orthoptera) fächerförmig erfolgt. In beiden Fällen ist die erzielte Platzersparnis gering. Ohrwürmer (Dermaptera) falten ihre Flügel in erweiterter, komplexer fächerförmiger Faltung, wobei die geschlossenen Fächer weiter gefaltet werden, so dass sie unter den kleinen Deckflügeln (Elytren) verstaut werden können. Die komplex gefalteten Flügel müssen zuverlässig gefaltet und für den Einsatz auch schnell entfaltet werden können. Trotz der im Flügel vorhandenen Falten müssen die beim Flug entfalteten Flügel die beim Flügelschlag auftretenden Kräfte aufnehmen können, d.h. eine entsprechende Stabilität aufweisen. Aufgrund dieser Eigenschaften sind Insekten mit faltbaren Flügeln sowohl für Entomologen (Insektenkundler) als auch für Ingenieure von außerordentlichem Interesse.

Die komplexesten bekannten Faltmuster und -mechanismen finden sich bei einer Gruppe von Käfern, die als Kurzflügler (Staphylinidae) bezeichnet werden. Die Elytren dieser Käfer sind auffällig kurz und lassen einen großen Teil des Hinterleibs (Abdomen) unbedeckt (Abb.1). Dadurch sind diese Käfer extrem beweglich, was ihnen die Besiedlung anspruchsvoller Lebensräume ermöglicht. Kurzflügler weisen in ihren Flügeln zwei verschiedene, asymmetrische Faltungen auf. Wie die Flügel unter Zuhilfenahme des Abdomens gefaltet werden, war bisher nur sehr oberflächlich bekannt. Nun haben SAITO et al. (2014) die Faltung und Entfaltung der Flügel beim Kurzflügler *Cafius vestitus* mit Hochgeschwindigkeitskameras dokumentiert und analysiert. Das symmetrische Flügelpaar wird teilweise übereinandergelegt, wobei jeder der beiden Flügel wahlweise über dem andern liegen kann, um beide gemeinsam dann asymmetrisch zu falten. Bei anderen Insekten werden typischerweise die gefalteten Flügel übereinandergelegt. In beiden Flügeln sind also zwei Faltmuster angelegt und die Flügel werden dann durch das Abdomen zunächst wahlweise entweder von links nach rechts oder umgekehrt gefaltet und anschließend durch Anheben des Hinterleibs weiter kompakt zusammengelegt. Die Faltungen erfolgen entlang definierter Faltlinien, wobei auch Flügeladern mit einbezogen sind. Diese werden aber den bisherigen Kenntnissen zufolge nicht gefaltet, sondern unter Spannung gebogen und speichern so Energie, die für eine schnelle Entfaltung genutzt werden kann.

Die Autoren deuten in ihrer Veröffentlichung an, dass die asymmetrische komplexe Faltung von symmetrischen Flügeln sowie die energiespeichernde Krümmung von Flügeladern nach weiteren Studien und einem besseren Verständnis für technische Entwicklungen von großem Nutzen sein könnten. Sie nennen die Optimierung von Solarzellenpanels und Antennensystemen für Satelliten oder auch Alltagsgegenstände wie Schirme und Fächer.

Es ist wieder einmal erstaunlich,

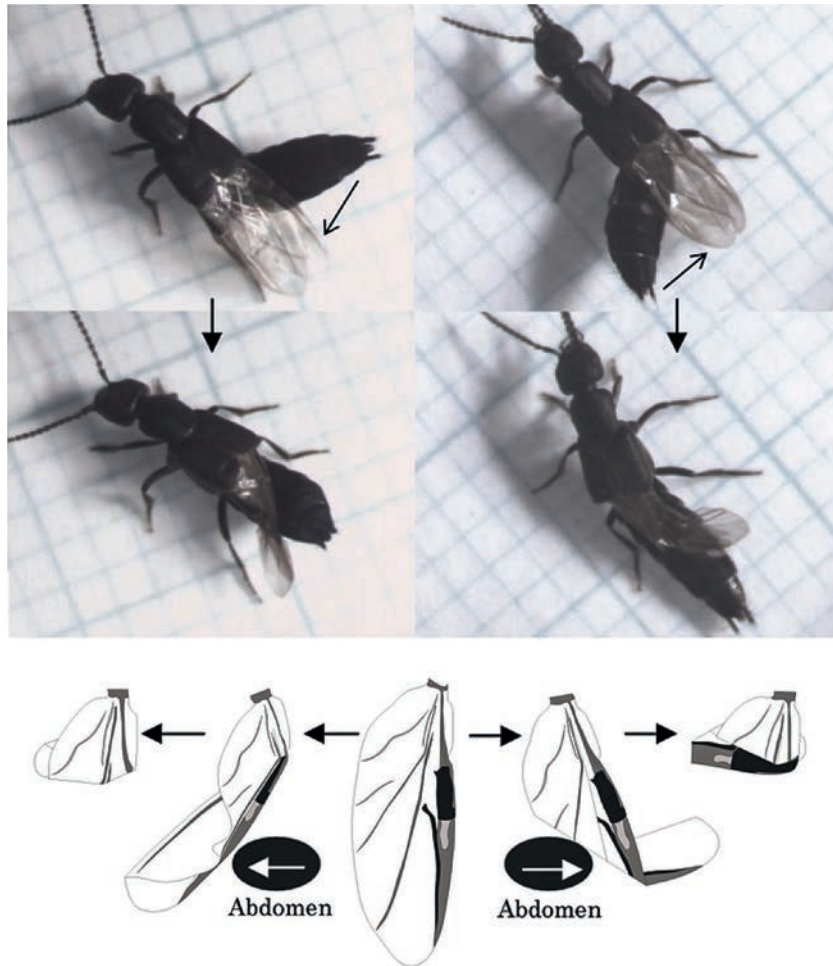


Abb. 1 Von zwei Seiten kann der Kurzflügler *Cafius vestitus* durch seinen sehr beweglichen Hinterleib seine übereinandergelegten Flügel in unterschiedlicher Weise entlang entsprechender Faltlinien zusammenfalten. (Aus SAITO et al. 2014; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

wie durch genaue Beobachtung von Lebewesen, hier kleine unscheinbare Käfer, Impulse für die Konstruktion und Entwicklung von hochtechnisierten Systemen gewonnen werden können.

[SAITO K, YAMAMOTO S, MARUYAMA M & OKABE Y (2014) Asymmetric hindwing foldings in rove beetles. PNAS, www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1409468111] H. Binder

■ Afrikanische Pflanze geht in Sachen Bestäubung auf Nummer sicher

Auch in der Pflanzenwelt werden manchmal „Versicherungen“ abgeschlossen, d.h. es werden Vorkehrungen gegen bestimmte Risiken getroffen. Zu solchen Risiken gehört beispielsweise das Ausbleiben der Bestäubung, wodurch die Pflanze keine Samen bilden kann. Um dies zu verhindern, ist bei einer Pflanze in Afrika ein ausgeklügeltes System verwirklicht, das im Notfall trotz

ausbleibender Fremdbestäubung den Bestand der Art sichert.

Zum Erhalt der Vitalität einer Pflanzenart ist Fremdbestäubung, also die Übertragung von Pollen von einem Individuum zum anderen wichtig. Für die Fremdbestäubung sind Pflanzen auf Transporteure angewiesen, die den Pollen einer Pflanze auf die Narbe einer anderen Pflanze derselben Art übertragen: Meist sind das Tiere (in der Regel Insekten), oft der Wind oder manchmal auch Wasser. Bei Tierbestäubung ergeben sich oft Engpässe, z.B. wenn die Bestäuber selten sind oder etwa bei anhaltend schlechtem Wetter nicht zur Verfügung stehen. Manche Arten sind in der Lage, gegen Ende der Blühzeit auf Selbstbestäubung umzuschalten, was eine Art Versicherung im Notfall ist. Selbstbestäubung ist zwar nur zweite Wahl, aber immer noch besser als gar keine Bestäubung.

Jonathan KISSLING von den Universitäten Neuenburg und Lausanne und Spencer BARRETT von der



Abb. 1 Blüte von *Sebaea aurea*; links Detailaufnahme von Griffeln und Staubgefäßen. Die Pfeile zeigen auf die obere und untere Narbengruppe. Fotos: Jonathan KISSLING, Universität Neuenburg, http://www2.unine.ch/unine/14_aout

University of Toronto untersuchten den ungewöhnlichen Bestäubungsmechanismus der Art *Sebaea aurea* aus der Familie der Enziangewächse (Gentianaceae), die im Südwesten Afrikas vorkommt (KISSLING & BARRETT 2013). Dabei konnten sie feststellen, dass die kleine krautige Pflanze ein erstaunliches Notfallsystem eingebaut hat. Sie untersuchten fünf dichte Bestände von je 1000 Individuen. Dabei entdeckten sie eine anatomische Besonderheit: Die Pflanze verfügt über zwei Typen von Narben, die prinzipiell beide bestäubt werden können. Eine Gruppe von Narben befindet sich wie üblich am Ende des Griffels (siehe Abb. 1 links), die zweite – ganz ungewöhn-

lich – in dessen Mitte (Abb. 1 unterer Pfeil). Zu Beginn der Blütezeit sind nur die oberen Narben empfängnisbereit, d.h. in der Lage, Pollen aufzunehmen und auskeimen zu lassen. Die Reifung der unteren Narben erfolgt einige Tage später.

Die Forscher untersuchten den Samenansatz bei naturbelassenen Blüten und verglichen ihn mit dem Samenansatz bei Pflanzen, bei denen die oberen Narben und/oder die Staubgefäße entfernt wurden. Es zeigte sich, dass die Entfernung der Staubgefäße keinen bedeutsamen Einfluss auf die Samenbildung hatte. Der Samenbestand entsprach dem von intakten Blüten, deren obere Narben nicht entfernt wurden. Diese Pflanzen konnten nur fremdbestäubt sein. Wurden jedoch die oberen Narben entfernt, reduzierte sich die Anzahl der Samen um mehr als die Hälfte und 60 % der entstandenen Samen waren selbstbefruchtet. Wurden außerdem auch noch die Staubgefäße entfernt, ging die Samenbildung noch weiter auf nur 30 % zurück. Außerdem beobachteten die Forscher, dass die unteren Narben deutlich größer wurden, wenn die oberen entfernt wurden, wodurch die Aufnahmefähigkeit für den Pollen verbessert wird. Solange die oberen Narben intakt waren, blieben die unteren Narben deutlich kleiner.

Die Ergebnisse zeigen, dass *Sebaea aurea* über ein ausgeklügeltes Backup-System verfügt. Der Ausfall des normalen Bestäubungssystems (über

die oberen Narbenlappen) wird durch ein zweites (untere Narbenlappen) abgesichert: Wenn die oberen Narbenlappen fehlen bzw. wenn sie nicht bestäubt werden, kann die Bestäubung durch Selbstbestäubung der unteren Narben erfolgen, und es kann dadurch zur Samenbildung kommen. Dies wird durch die Position der zweiten Narben unterstützt. Sie liegen – anders als die normalen Narben – deutlich unterhalb der Staubbeutel und können daher gut vom eigenen Pollen erreicht werden.

Im natürlichen Lebensraum ist das Backup sinnvoll, wenn es aufgrund von regnerischem Wetter nicht zu einer Fremdbestäubung kommen kann, weil die Blüten dann geschlossen bleiben. Regenzeiten können in den Gebieten, in denen *Sebaea aurea* vorkommt, bis zu 14 Tage lang andauern. Das Backup-System greift auch dann, wenn es von der betreffenden Art nur noch wenige Exemplare z. B. aufgrund eines Flächenbrandes gibt, weil dann die Zufuhr von Fremdpollen stark verringert ist. Durch das Backup-System mit den unteren Narben ist die Vermehrung auch unter solchen Bedingungen gewährleistet.

Eine Befruchtung ist also fast immer garantiert, denn wenn es aufgrund von äußeren Umständen nicht zu einer Fremdbestäubung kommen kann, ist immer noch die interne gewährleistet. Dieses System ist im Lebensraum von *Sebaea aurea* besonders zweckmäßig. Sie ist ein



Abb. 2 Elektronenmikroskopische Aufnahme des Stempels von *Sebaea aurea*. Foto: Jonathan KISSLING.

Pionier, der sich beispielsweise nach Waldbränden unwahrscheinlich schnell ausbreiten kann, was die Effizienz dieses Systems belegt. Erst nach einiger Zeit wird sie von anderen nachwachsenden Pflanzen verdrängt, so dass sie zahlenmäßig wieder etwas zurückgeht. Diese Form eines flexiblen Bestäubungssystems ist also für *Sebaea* ökologisch besonders sinnvoll und bisher einzigartig in der Pflanzenwelt.

[KISSLING J & BARRETT SCH (2013) Diplostigmaty in plants: a novel mechanism that provides reproductive assurance. Biol. Lett. 9: 20130495.] M. Noe

■ Fleischfressende Pflanzen mit vegetarischer Beikost

Fleischfressende Pflanzen (Karnivoren) haben seit jeher das Interesse aufmerksamer Beobachter auf sich gezogen (vgl. BARTHLOTT et al. 2004). Die Pflanzen sind im Einzelnen sehr verschieden, haben aber gemeinsam, dass sie mit Hilfe von raffiniert gestalteten Einrichtungen Tiere fangen, festhalten, enzymatisch abbauen (oder abbauen lassen, z.B. durch Bakterien) und die Verdauungsprodukte in den Pflanzenkörper aufnehmen.

Je nach Fangmethode unterscheidet man Klebfallen (z.B. Sonnentau, Fettkraut), Klappfallen (z.B. Venusfliegenfalle), Saugfallen (Wasserschlauch), Fallgruben (z.B. Kannenpflanze) und Reusenfallen (z.B. *Genlisea*).

Tierfangende Pflanzen verteilen sich auf 17 Gattungen in 9 Familien mit insgesamt etwa 600 Arten. Dabei ist bemerkenswert, dass einerseits ähnliche Prinzipien in ganz unterschiedlichen Familien zur Anwendung kommen können, andererseits innerhalb einer Familie auch zwei oder gar drei verschiedene Fallentypen nebeneinander vorkommen können.

Karnivoren sind zwar nicht unbedingt auf den Tierfang angewiesen, die gefangenen und schließlich verdauten Tiere dienen aber als willkommene Ergänzung der Nahrung, wobei Stickstoff- und Phosphorverbindungen, seltener auch Mineralien von besonderer Bedeutung sind.

Bei den bisherigen Untersuchungen stand die Art und Weise des Tierfangs im Vordergrund. Es ist aber schon länger bekannt, dass bei z.B. Sonnentau- und Fettkraut-Arten auch angewelter Pollen festgehalten und verdaut wird und bis zu 50 % der Proteinnahrung auf den aufgenommenen Pollen zurückgehen kann (HARDER & ZEMLIN 1967).

Auch beim Wasserschlauch (*Utricularia*) wurde immer wieder auch pflanzliche Kost, vor allem Algen, in den Fangblasen gefunden. *Utricularia* ist mit etwa 200 Arten die größte Gattung karnivorer Pflanzen, einige davon kommen auch in Mitteleuropa vor. Die meisten Arten sind untergetaucht lebende Wasserpflanzen, die in ihren Saugfallen kleine Tiere, überwiegend Kleinkrebse

wie Wasserflöhe und Hüpferlinge fangen. Die Bedeutung der in den Fallen nachgewiesenen Algen war lange Zeit unklar. Oft wurden sie als nutzloser Beifang gedeutet, aber es mehrten sich die Stimmen, dass ihnen doch eine größere Bedeutung zukommen dürfte.

Nun haben KOLLER-PEROUTKA et al. (2014) in überwiegend in österreichischen Kleingewässern durchgeführten Untersuchungen gezeigt, dass die Algen tatsächlich einen deutlichen Anteil an der Ernährung ausmachen können. Und auch beim Wasserschlauch gehört Blütenpollen, der oft in großen Mengen von benachbarten Nadelbäumen verweht wird, zum Nahrungsspektrum. Vermutlich sind hier besonders Phosphor-Verbindungen von Be-



Abb. 1 Blütenstand des Gewöhnlichen Wasserschlauchs (*Utricularia vulgaris*). Foto: Christian FISCHER, CC BY-SA 3.0

deutung, evtl. auch Spurenelemente oder Wachstumsstoffe. Die untersuchten Wasserschlauch-Arten hatten dann den besten Allgemeinzustand, wenn sie sowohl Algen und Pollen als auch Tiere gefangen hatten.

Die Autoren stellten außerdem fest, dass etwa ein Drittel, u. U. auch noch mehr Saugfallen keine Tiere enthielten. Das war insofern überraschend, als bisher die Meinung vorherrschte, die Öffnung der Fallen würde ausschließlich durch die Berührung durch Tiere ausgelöst werden. Offensichtlich können sich die Fallen aber auch spontan öffnen, wenn sie längere Zeit nicht gereizt wurden, und saugen dann das Umgebungswasser mitsamt Algen usw. auf. Dies hatte man bisher nur in Kultur beobachtet und Bedeutung und Umfang des Phänomens waren unklar.

Auf jeden Fall gehören die Fang-einrichtungen des Wasserschlauchs unbestritten zu den raffiniertesten Konstruktionen des Pflanzenreichs. Das hat immer wieder neu die Frage aufgeworfen, ob solche fein aufeinander abgestimmten Abläufe das Ergebnis schrittweiser Zufallsprozesse sein können oder ob dahinter eher ein Plan (Design) steht. Wie wir kürzlich in dieser Zeitschrift im Rahmen einer Buchrezension berichteten (KUTZELNIGG 2013), hat sich der Genetiker W. E. LÖNNIG ausführlich mit dieser Thematik beschäftigt und die Diskussion über das Für und Wider im Internet und neuerdings auch in Buchform veröffentlicht. Es sei an dieser Stelle noch einmal betont, dass die von Verfechtern der Zufallsentstehung gerne angeführten denkbaren, aber nicht beobachteten Zwischenstufen als solche noch keine Beweiskraft haben, solange nicht gezeigt wurde, dass diese Zwischenstufen in einer konkreten Entwicklungslinie auch tatsächlich existiert haben und durch bekannte Prozesse überbrückbar sind. [BARTHOLOTT W, POREMBSKI S, SEINE R & THEISEN I (2004) Karnivoren. Biologie und Kultur fleischfressender Pflanzen. Stuttgart: Ulmer • HARDER R & ZEMLIN I (1967) Blütenbildung von *Pinguicula lusitanica* in vitro durch Fütterung mit Pollen. *Planta* 78, 72-78 • KOLLERPEROUTKA M, LENDL T, WATZKA M & ADLASSING W (2014) Capture of algae promotes growth and propagation in aquatic *Utricularia*. *Ann. Bot.* doi: 10.1093/aob/mcu236 • KUTZELNIGG H (2013) Rezension: Wolf-Ekkehard Lönnig

(2012) Die Evolution der karnivoren Pflanzen: Was die Selektion nicht leisten kann: Das Beispiel *Utricularia* (Wasserschlauch). 3. Aufl. Stud. Integr. J. 20, 127-129.] H. Kutzelnigg

■ Viren können für ihre Wirte nützliche Wirkung haben

Viren haben einen schlechten Ruf, wir kennen sie als Krankheitserreger unterschiedlichster Organismen. Sie infizieren den Wirt, integrieren ihr Erbgut in dessen DNA und vermehren sich auf dessen Kosten. Virale Infektionen verursachen verschiedene, jeweils charakteristische Krankheitsbilder. In einer Untersuchung zeigten Viren im Darm von keimfreien Mäusestämmen positive Auswirkungen. Der Darm dieser Mäuse weist keine Darmflora auf, d.h. der Darm enthält nicht wie üblich eine komplexe Vielfalt von Bakterien. Eine Behandlung mit Antibiotika bewirkt eine ähnliche Verarmung und Reduktion der Darmflora. Fehlen die Mikroben im Darm von Mäusen, hat das nachteilige Folgen. So ändert sich die Struktur des Darmgewebes, die Darmzotten sind dünner ausgebildet, die Blutzellen der Immunabwehr, Lymphocyten (B- und T-Zellen) werden in viel geringerer Konzentration ausgebildet, dadurch sind die Mäuse anfälliger für Verletzungen und bakterielle Krankheitserreger (WANG & PFEIFFER 2014). KERNBAUER et al. (2014) infizierten solche keimfreien Mäuse und solche, die mit Antibiotika behandelt worden waren, mit Noroviren (RNA-Viren ohne Hülle). Sie konnten zeigen, dass in den infizierten Mäusen aufgrund der Vireninfektion sowohl die korrekte Gewebestruktur der Darmschleimhaut als auch die Immunabwehr wiederhergestellt werden. Die Autoren diskutieren, dass unter normalen Umständen die positiven Effekte von Viren durch die im Organismus vorhandenen Bakterien überdeckt werden und bisher aus diesem Grund nur selten aufgefallen sind. Möglicherweise könnte man durch gezielte Verabreichung von Viren Patienten Linderung verschaffen, deren Darmflora durch Antibiotikatherapien in Mitleidenschaft gezogen worden sind.

ROOSINCK hatte bereits 2011 in einem Überblicksbeitrag Viren beschrieben, die unterschiedlichste Lebewesen wie Bakterien, Insekten, Pilze, Pflanzen und Tieren infizieren und für die jeweiligen Wirtsorganismen nützliche Funktionen erfüllen. Die Autorin schreibt auch, dass die Entwicklung dieser positiven Wirkung von Viren in den meisten Fällen ein Rätsel ist.

Überhaupt ist die mögliche Entstehung von Viren Gegenstand von Diskussionen. Einerseits erinnern mobile Elemente im Genom, sogenannte springende Gene, an den Replikationszyklus von Viren; andererseits sind Megaviren beschrieben, Riesenviren, die hinsichtlich ihrer Größe und ihres Genoms an Bakterien heranreichen.

Die jüngsten Untersuchungen an Viren bestätigen jedenfalls, dass sie lohnende Studienobjekte sind und auch zukünftig noch überraschende Erkenntnisse liefern können.

[KERNBAUER E, DING Y & CADWELL K (2014) An enteric virus can replace the beneficial function of commensal bacteria. *Nature* 516, 94-98 • WANG Y & PFEIFFER JK (2014) A backup for bacteria. *Nature* 516, 42-43 • ROOSINCK MJ (2011) The good viruses: viral mutualistic symbioses. *Nature Rev. Microbiol.* 9, 99-108.] H. Binder

■ Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? Das Beispiel Fußbeweglichkeit und zweibeinige Fortbewegung

In der Diskussion um die vermutete Evolution des zweibeinigen menschlichen Ganges spielt die Beweglichkeit des Midfoot* (vorderer Fußwurzelbereich) eine große Rolle (Abb. 1).

Seit Jahrzehnten wird der sogenannte „midtarsale break“ – das ist eine Beugung des Midfoot nach plantar (zur Fußsohle hin) – als wesentliches Merkmal nichtmenschlicher Primaten bei zweibeiniger Fortbewegung angesehen. Dieser „Bruch“ wird typischerweise während der Standphase des Gehens beschrieben, wenn der Midfoot nach dorsal (fußrückenwärts) beugt, der Hacken vom Erdboden abgehoben ist und der Vorfuß noch Kontakt mit dem Erdboden hat (Abb. 2).

Glossar

frühe Homininen: Übergangsformen zwischen großaffenähnlichen und menschlichen Wesen („Vormenschen“ oder „Affenmenschen“)

Midfoot oder midtarsaler Fuß (vorderer Fußwurzelbereich): Os cuboideum, Os naviculare, Ossa cuneiformia

talonaviculares Gelenk: Gelenk zwischen dem Talus und dem Os naviculare

calcaneocuboidales Gelenk: Gelenk zwischen dem Calcaneus und dem Os cuboideum

laterales cubometatarsales Gelenk: Gelenk zwischen dem Os cuboideum und dem Os metatarsale 5

Im Gegensatz zum Schimpanse besitzt der Mensch nach klassischer Vorstellung keinen mobilen Midfoot, sondern einen starren Midfoot mit Längsfußgewölbe. Dieses wird als wichtige Struktur für ein effizientes Gehen auf zwei Beinen angesehen. Das Auftreten des Längsfußgewölbes mit Verlust der midtarsalen Beweglichkeit wird deshalb als ein Schlüsselereignis im Rahmen der Entstehung des zweibeinigen menschlichen Ganges interpretiert.

Folgerichtig versuchen Paläanthropologen, knöcherne Merkmale bei frühen fossilen Homininen* zu identifizieren, die auf die Entstehung des Längsfußgewölbes und den Verlust der Midfoot-Beweglichkeit hinweisen. Es wurden jedoch schon einige Studien publiziert, die diese Vorstellungen stark in Frage stellen (Übersicht bei BRANDT 2014). GREINER & BALL haben nun im *American Journal of Physical Anthropology* 2014 eine weitere interessante Untersuchung zu diesem Thema vorgelegt.

In der Studie von GREINER & BALL (2014) wurden an Fußknochen von menschlichen Leichen und Kadavern von Schimpansen, Pavianen und Makaken Anheftungen („pins“) vorgenommen und die Lage dieser Anheftungen während Beuge-Streck-Bewegungen überwacht. Das Schienbein wurde dabei von den Forschern über den Fuß bewegt. Es wurden die Flexion-Extensions-Muster und die damit verbundene Ausrichtung der Drehachsen des talonavicularen, calcaneocuboidalen und lateralen cubometatarsalen Gelenkes* (Abb. 1) untersucht.

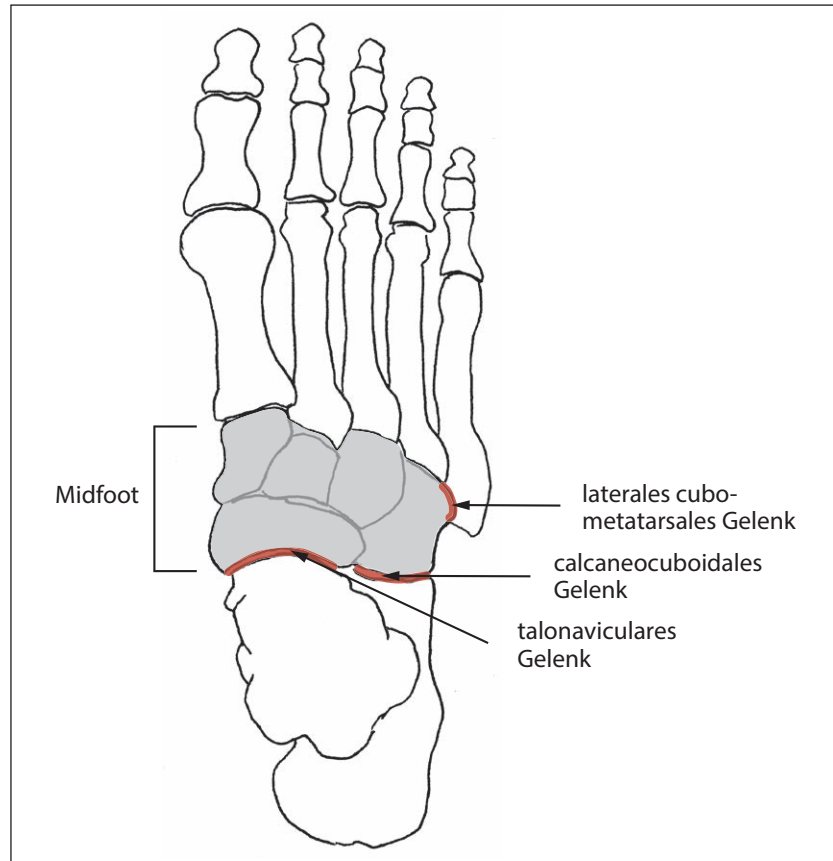


Abb. 1 Das rechte Fußskelett des Menschen.

Die Ergebnisse von GREINER & BALL (2014) zeigen, dass die Midfoot-Beweglichkeit primär im talonavicularen und lateralen cubometatarsalen Gelenk und nicht im calcaneocuboidalen Gelenk stattfindet. Noch überraschender ist jedoch, dass sowohl das Ausmaß der Bewegung als auch die Ausrichtung der Gelenkachsen bei Schimpanse und Mensch ähnlich sind. Welche funktionellen Konsequenzen ergeben sich daraus für Mensch und Schimpanse und welche Bedeutung haben diese Ergebnisse für die Interpretation fossiler homininer Fußknochen?

Entgegen klassischer Vorstellungen ist sowohl beim Menschen als auch beim Schimpansen das Potential für einen midtarsalen „Bruch“ und für einen „Sperrmechanismus“ zur Erhöhung der Fußsteife im Midfoot vorhanden. Die Fähigkeit zum midtarsalen „Bruch“ nicht nur beim Schimpansen, sondern auch beim Menschen ergibt sich aus der ähnlichen Beuge- und Streckfähigkeit im talonavicularen und lateralen cubometatarsalen Gelenk.

Beide Gelenke zeigen bei Mensch und Schimpanse auch eine ähnlich

divergierende Ausrichtung, die einen „Sperrmechanismus“ im Midfoot bewirkt. Dieser „Sperrmechanismus“ verwandelt den menschlichen Fuß in einen steifen Hebel, der beim zweibeinigen Gehen ein effektives Abstoßen des Fußes vom Erdboden bewirkt. Dieser Mechanismus wird seit Jahrzehnten als wichtige Entwicklung im Rahmen der Entstehung des menschlichen zweibeinigen

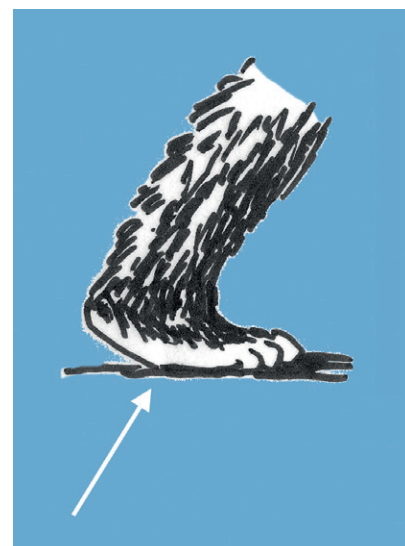


Abb. 2 Rechter Fuß des Schimpansen in der Ansicht von außen mit midtarsalem „Bruch“ (Pfeil). (Nach SUSMAN 1983)

Ganges angesehen. Der „Sperrmechanismus“ wird mit Zunahme der Divergenz der Ausrichtung der Gelenkachsen effektiver, da mit größerer Divergenz die Wahrscheinlichkeit einer simultanen Beugung-Streckung des medialen und lateralen Fußes geringer wird. Die unterschiedliche Achsenausrichtung des Innen- und Außenfußes wird als verantwortlich für die Verhinderung einer größeren Beweglichkeit im talonavicularen und lateralen cubometatarsalen Gelenk während der Fußabdruckphase angesehen, auch wenn jedes Gelenk für sich allein stärker mobil ist.

Überraschend ist, dass Schimpansen nicht nur eine ähnlich divergierende Ausrichtung der inneren talonavicularen zur äußeren cubometatarsalen Gelenkachse zeigen, sondern dass die Variabilität der Ausrichtung sogar geringer als beim Menschen ist. GREINER & BALL (2014) wollen daraus allerdings nicht schließen, dass der „Sperrmechanismus“ des Midfoot beim Schimpansen noch effektiver als beim Menschen ist.

GREINER & BALL (2014) haben mit ihrer Untersuchung nachgewiesen, dass der Midfoot von Mensch und Schimpanse trotz unterschiedlicher Morphologie eine ähnliche Flexibilität mit der Fähigkeit zum midtarsalen „Bruch“ und zur Fußversteifung besitzt. Diese Fähigkeiten werden bei Mensch und Schimpanse im Leben aber in verschiedener Weise in Anspruch genommen, denn sie praktizieren eine sehr unterschiedliche Fortbewegung.

Die Studienergebnisse von GREINER & BALL (2014) haben große Konsequenzen für die Interpretation der Fußknochen fossiler Homininen. Entgegen z.B. LOVEJOY et al. (2009), WARD et al. (2011), ZIPFEL et al. (2011) und PROCTOR (2013) können auf der Basis der Knochenmerkmale des Fußes früher fossiler Homininen keine Schlüsse auf die Fußbeweglichkeit und auf ein äußeres Längsfußgewölbe und damit auf bipede Fähigkeiten gezogen werden (siehe auch BRANDT 2014). [BRANDT M (2014) Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? *Australopithecus sediba* und sein merkwürdiges Merkmalsmosaik. W+W Special Paper B-14-3 ; <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-14-3-sediba.pdf> (Zugriff am 20.4.2015) • GREINER

TM & BALL KA (2014) Kinematics of primate midfoot flexibility. *Am. J. Phys. Anthropol.* 155, 610-620 • LOVEJOY CO, LATIMER B, SUWA G, ASFAW B & WHITE TD (2009) Combining prehension and propulsion: the foot of *Ardipithecus ramidus*. *Science* 326, 72e1-72e8 • PROCTOR DJ (2013) Proximal metatarsal articular surface shape and the evolution of a rigid lateral foot in hominins. *Journal of Human Evolution* 65, 761-769 • SUSMAN RL (1983) Evolution of the human foot: evidence from Plio-Pleistocene hominids. *Foot & Ankle* 3, 365-376 • WARD CV, KIMBEL WH & JOHANSON DC (2011) Complete fourth metatarsal and arches in the foot of *Australopithecus afarensis*. *Science* 331, 750-753 • ZIPFEL B, DESILVA JM, KIDD RS, CARLSON KJ, CHURCHILL SE & BERGER LR (2011) The foot and ankle of *Australopithecus sediba*. *Science* 333, 1417-1420.] M. Brandt

■ Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? Das Beispiel der Muskelstärke

In der Paläanthropologie schließen Forscher bei fossilen Homininen von der Größe und Struktur der Knochenansatzstellen für die Muskulatur (Enthesis) auf den Ausbildungsgrad der Muskeln und interpretieren diesen dann im Rahmen der Manipulationsfähigkeiten und des Fortbewegungsverhaltens. Ein neueres Beispiel für solch einen Schluss findet sich bei DESILVA et al. (2013).

Bei *Australopithecus sediba* ist der Ansatz für den M. biceps femoris am oberen Teil des Wadenbeins stark ausgebildet (deutlicher Knochenanbau), was nach DESILVA et al. (2013) auf eine hohe Belastung dieses Muskels hinweist. Die Autoren deuten dieses Merkmal bei diesem frühen Homininen im Rahmen eines hypothetischen hyperpronatorischen zweibeinigen Ganges. Bei der Hyperpronation dreht sich das ganze Bein während der Standphase nach innen und belastet besonders Muskeln, die seitlich am Bein ansetzen wie den langen Kopf des M. biceps femoris. Diese Haltung findet sich heute nur als krankhafter Gang beim Menschen. Ist es aber möglich, vom Ausprägungsgrad der Knochenansatzstelle auf die Stärke des ansetzenden Muskels zu schließen wie dies DESILVA et al. (2013) praktizieren? ANN ZUMWALT (2006) hat zu diesem Thema eine interessante Untersuchung vorgelegt.

Sie quantifizierte und verglich die Morphologie des Knochenansatzes und die ansetzende Muskelmasse von zwei Gruppen erwachsener weiblicher Schafe. Die eine Gruppe lief auf einem Laufband eine Stunde pro Tag, fünf Tage in der Woche, 90 Tage lang, während die andere Gruppe sesshaft lebte.

Nach Trainingsabschluss wiesen ungeachtet deutlicher Unterschiede der Muskelmasse beide Schafrgruppen keine Unterschiede in der Enthesismorphologie an den sechs untersuchten Ansatzstellen (M. spinodeltoideus, M. acromiodeltoideus und M. pectoralis superficialis) auf. Das Training hatte also einen deutlichen Einfluss auf das Muskelwachstum, jedoch keine sichtbare Wirkung auf den Knochenansatz der Muskeln. ZUMWALT (2006) schlussfolgerte daraus, dass es keine direkte Beziehung zwischen der Muskelgröße oder Muskelaktivität und der Knochenansatzmorphologie gibt. Die Forscherin meinte aber, dass das Fehlen von knöchernen Reaktionen darin begründet sein könnte, dass die Untersuchung an erwachsenen Tieren durchgeführt wurde. Sie empfahl deshalb Untersuchungen an noch wachsenden Tieren mit noch sehr plastischen Knochen. Diese Empfehlung haben RABEY et al. (2014) mit einer Studie an subadulten Mäusen umgesetzt. Für diese Art von Studien sind Mäuse sehr geeignete Untersuchungsobjekte, denn die Ergebnisse können auf den Menschen übertragen werden. Das ist möglich, weil die innere Architektur der untersuchten oberen Extremitätenmuskeln der Mäuse der des Menschen ähnlich ist. Das subadulte Alter ist auch von Vorteil, weil Mäuse die höchste Knochen-dichte ungefähr im Alter von vier Monaten vor dem Epiphysenschluss (Abschluss des Wachstums) erreichen. Der Experimentalzeitraum der Studie umfasste die rascheste Phase des Skelettwachstums und die Reife der Mäuse. Bei Mäusen und anderen kleinen Säugetieren sind Reaktionen des Knochengewebes auf erhöhte Belastungen gut belegt. Untersuchungen an diesen Tieren haben deshalb viel zum Verständnis der Knochenbiologie des Menschen beigetragen.

Die Studie von RABEY et al. (2014) hat zwei Ergebnisse erbracht. Sie zeigte einerseits, dass unterschiedliche Muskelaktivitäten im normalen physiologischen Rahmen die Muskelfaserarchitektur (Muskel-faserlänge, Muskelquerschnitt) und das periostale Knochenwachstum beeinflussen. Dieses Ergebnis steht in voller Übereinstimmung mit Ergebnissen früherer Studien, nach denen unterschiedliche Muskelaktivitäten signifikante Unterschiede am Knochen (Querschnitt, Architektur) und an der Muskelfaserarchitektur hervorrufen. Andererseits ergab die Studie von RABEY et al. (2014), dass die Größe und Struktur des Knochenansatzes der Muskeln nicht durch unterschiedliche Muskelaktivitäten beeinflusst wird. Es konnte damit gezeigt werden, dass keine Rückschlüsse von der knöchernen Muskelansatzmorphologie auf die Muskelstärke gezogen werden können. Viele Schlüsse in der Paläanthropologie bei fossilen Homininen sind damit unbegründet und reine Spekulation.

[DESILVA JM, HOLT KG, CHURCHILL SE, CARLSON KJ, WALKER CS, ZIPFEL B & BERGER LR (2013) The lower limb and mechanics of walking in *Australopithecus sediba*. *Science* 340, doi:10.1126/science.1232999 (Zugriff am 15. 4. 2013) • RABEY KN, GREEN DJ, TAYLOR AB, BEGUN DR, RICHMOND BG & MCFARLIN SC (2015) Locomotor activity influences muscle architecture and bone growth but not muscle attachment site morphology. *J. Hum. Evol.* 78, 91-102 • ZUMWALT A (2006) The effect of endurance exercise on the morphology of muscle attachment sites. *J. Exp. Biol.* 209, 444-454.] M. Brandt

■ Chemie im Kosmos – Moleküle für das Leben?

Populäre Medien verbreiten nicht selten irreführende Meldungen über aktuelle Forschungsergebnisse. Ein jüngeres Beispiel ist die Behauptung, man habe Leben in den Tiefen des Weltalls gefunden. Tatsächlich wurden nur relativ kleine organische Moleküle nachgewiesen, die allenfalls indirekt in einem Zusammenhang mit Leben stehen könnten. Auch aus dem interstellaren Raum sind derzeit keine chemischen Prozesse bekannt, die die nötigen Bausteine für lebende Zellen bereitstellen.



Abb. 1 In der B2-Wolke im Sternbild Schütze wurde iso-Propylcyanid nachgewiesen. (Bild: ESO/APEX & MSX/IPAC/NASA; Molekülbild: Physikalisches Institut der Universität Köln)

Über chemische Vorgänge im Kosmos haben wir vergleichsweise wenig empirische Erkenntnisse. Auf der Erde gefundene Überreste von Meteoriten können untersucht werden, außerdem sind durch menschliche Aktivitäten im Weltraum von dort Proben verfügbar und wir können elektromagnetische Strahlung, die die Erde aus dem Kosmos erreicht, spektroskopisch analysieren und die Spektren interpretieren.

Aus dem Interstellaren Raum sind derzeit etwa 180 organische Moleküle aufgrund ihrer Spektren dokumentiert. Das Physikalische Institut der Universität Köln präsentiert auf einer Internetseite eine Zusammenstellung der Moleküle (<http://www.astro.uni-koeln.de/cdms/molecules>) sowie der Literaturzitate, in denen ihr Nachweis beschrieben wird. Mit dem derzeit weltgrößten Radioteleskop (Atacama Large Millimeter/submillimeter Array, ALMA) haben BELLOCHE et al. (2014) in einer Region mit der Bezeichnung Sagittarius B2(N) erfolgreich nach weiteren Molekülen gesucht. Diese Region befindet sich nahe des Zentrums unserer Galaxie und fällt durch massive Sternenproduktion auf.

Bereits zuvor hatten BELLOCHE et al. (2009) in dieser Region den Nachweis für Propylcyanid erbracht. Dieses und weitere vergleichsweise kleine Moleküle werden häufig hinsichtlich ihres Potentials zur Synthese komplexerer Moleküle diskutiert, die dann in einen Zusammenhang mit biologischen Systemen (Astrobiologie) gestellt werden. Bisher sind

das rein hypothetische Konzepte, es wurden im interstellaren Raum noch keine biologischen Systeme gefunden.

In ihrer jüngsten Arbeit dokumentieren BELLOCHE et al. (2014) den spektralen Nachweis von iso-Propylcyanid. Dies gelang durch Vergleich von Spektren aus dem oben genannten interstellaren Bereich und modellierten (berechneten) Spektren. Die Autoren diskutieren, dass i-Propylcyanid ein geeigneter Baustein zur Synthese von Aminosäuren mit verzweigter C-Kette wie z.B. Valin und Leucin sein könnte und damit eventuell einen bedeutsamen Beitrag zur Astrobiologie leisten könnte.

Mit großem Erstaunen kann man dann allerdings in populären Medien von „Biomoleküle in der Milchstraße“ (Der Tagesspiegel, 26. 9. 2014) lesen oder gar „Deutsche Forscher entdecken Leben in den Tiefen des Alls“ (BILD 26. 9. 2014). Titel dieser Art mögen zwar Leser animieren, haben aber mit wissenschaftlichen Befunden nichts zu tun.

Das im interstellaren Raum spektroskopisch identifizierte i-Propylcyanid ist kein biologisch relevantes Molekül. Der astrobiologische Aspekt kommt erst durch die entsprechende Diskussion ins Blickfeld und damit wird ein eigentlich wenig spektakulärer Befund popularisiert. Wenn das aber von der Tagespresse noch ins Extreme getrieben wird, ist das irreführend.

[BELLOCHE A, GARROD RT, MÜLLER HSP & MENTEN KM (2014) Detection of a branched alkyl molecule in the interstellar medium: iso-propyl cyanide. *Science* 345, 1584-1587 • BELLOCHE A, GARROD RT, MÜLLER HSP, MENTEN

KM, COMITO C & SCHILKE P (2009) Increased complexity in interstellar chemistry: detection and chemical modeling of ethyl formate and n-Propyl cyanide in Sagittarius B2(N). *Astron. Astrophys.* 499, 215-232.] H. Binder

■ Bindeglied zwischen „Affenmensch“ und Mensch?

Ein fossiles Unterkieferbruchstück wird als Beleg für die Existenz eines Zwischenwesens zwischen Menschenaffen und Menschen interpretiert und öffentlichkeitswirksam mit dieser Deutung präsentiert. Doch es gibt gute Gründe dafür, dass der neue Fund nicht zwischen Affen und Menschen anzusiedeln ist, sondern zu einer Variante der ausgestorbenen Großaffengattung *Australopithecus* gehört.

Ein internationales Forscherteam hat im Wissenschaftsmagazin *Science* ein neues fossiles Unterkieferbruchstück aus Äthiopien vorgestellt, das ein radiometrisches Alter von ca. 2,8 Millionen Jahren hat. Die Forscher stellten das Fundstück zur Gattung *Homo*, zu der auch der moderne Mensch gehört. Die menschliche Linie sei mit diesem neuen Fossil 400 000 Jahre älter als bisher gedacht (VILLMOARE et al. 2015).

Laut den Forschern besitzt der Unterkiefer eine Reihe von Eigenschaften, die ihn zwischen *Australopi-*

thecus und den jüngeren *Homo habilis* stellt (VILLMOARE et al. 2015). Die Australopithecinen werden im Evolutionsmodell als „Vormenschen“ oder „Affenmenschen“, im Grundtypmodell der Schöpfungslehre dagegen als ausgestorbene Großaffen gedeutet. Im Evolutionsmodell stellt der neue Unterkiefer somit ein Bindeglied zwischen „Affenmenschen“ und echten Menschen dar. Der Fund hat zwar große publizistische Resonanz gefunden, der wichtigste Punkt im Zusammenhang mit der Einordnung des neuen Fossils wurde aber weder im Originalartikel noch in der populären Verbreitung gestellt: War *Homo habilis* wirklich ein Mensch?

Seit Aufstellung der Art *Homo habilis* im Jahre 1964 gibt es daran berechnete Zweifel. Erst in neuerer Zeit haben Paläanthropologen wieder für eine Ausgliederung der Art *habilis* und auch der Art *rudolfensis* aus der Gattung *Homo* mit sehr guten Argumenten plädiert (Übersicht bei BRANDT 2012). Trotz der guten Argumente halten jedoch fast alle Urgeschichtsforscher an der alten Zuordnung zur Gattung *Homo* fest. Was könnten Gründe dafür sein?

„*Homo*“ *habilis/rudolfensis* wird seit Jahrzehnten als eine evolutionär vermittelnde Fossilgruppe zwischen den Australopithecinen und dem frühesten unbestritten echten Menschen (*Homo erectus*) verstanden. Mit

ihrer Rückstufung erscheint die Lücke zwischen den recht großaffenähnlichen Australopithecinen und dem echten Menschen (*Homo erectus* und spätere *Homo*-Formen) größer. Auch für den Laien erkennbar ergibt sich damit eine Unterteilung der fossilen Formen in zwei Gruppen: echte Menschen, zu denen *Homo erectus*, Neandertaler u. a. gehören, die in der Schöpfungslehre dem Grundtyp Mensch zugeordnet werden, und großaffenähnliche Tiere wie die Australopithecinen (BRANDT 2012).

Das neu entdeckte Unterkieferbruchstück aus Äthiopien gehört somit zu keinem neuen Bindeglied zwischen „Vormenschen“ und echten Frühmenschen, sondern wahrscheinlich zu einem weiteren Vertreter der Gattung *Australopithecus*. Der Paläanthropologe Christoph ZOLLIKOFER aus Zürich meint sogar, dass der Unterkiefer gar nicht zu einer neuen unbekannten Art, sondern zu den bekannten Australopithecinen gehört (<http://www.nzz.ch/wissenschaft/medizin/bindeglied-zwischen-homo-und-australopithecus-1.18495357>; Zugriff am 5.3.2015).

[BRANDT M (2012) „*Homo*“ *habilis* war kein Mensch. *Stud. Integr. J.* 19, 4-11 • VILLMOARE B, KIMBEL WH, SEYOUN C, CAMPISANO CJ, DIMAGGIO E, ROWAN J, BRAUN DR, ARROWSMITH JR & REED KE (2015) Early *Homo* at 2.8 Ma from Ledi-Geraru, Afar, Ethiopia. *Science* 347, 1352-1355] M. Brandt



Wolf-Ekkehard Lönning (2014) *Unser Haushund: Eine Spitzmaus im Wolfspelz? – Oder beweisen die Hunderassen, dass der Mensch vom Bakterium abstammt?*

1. Aufl. 407 Seiten.
Münster: Monsenstein und Vannerdat.

In seinem neuesten Buch „Unser Haushund – Eine Spitzmaus im Wolfspelz?“ geht der Genetiker W.E. Lönning der Frage nach, ob die enorme Variabilität, welche bei den Hunden in wenigen Jahrtausenden entstanden ist, ein Indiz für Makroevolution ist. Die Variation, welche bei Richard DAWKINS als „rosiger Weg zur Makroevolution“ (DAWKINS 2012, S. 56) beschrieben wird, wird von Lönning als „rostiger Weg zur Makroevolution“ angesehen, indem gezeigt wird, dass die immense Variabilität unter anderem das Resultat von Genmutationen und Genduplikationen ist, welche oft negative Folgen nach sich ziehen.

Die Grundlage des Buches bilden viele von DAWKINS' Behauptungen zum Beweis der Makroevolution durch die Vielfalt der Hunde. Eine Vielzahl solcher Zitate wird am Anfang des Buches wiedergegeben. Anschließend zeigt Lönning, in welchen Punkten sich DAWKINS und seine Kollegen seiner Meinung nach irren. Repräsentativ sollen an dieser Stelle einige Beispiele genannt werden: Riesenwuchs ist auf das Nicht-Abschalten eines Regulatorgens zurückzuführen. Zwergwuchs wird bei mindestens 19 gezüchteten Hunderassen durch ein 5 000 Basenpaare großes Retrogen (Gene, die auf der Grundlage einer RNA in DNA zurück übersetzt werden) ausgelöst. Die Haarlosigkeit bei Nackthunden ist Folge einer Defektmutante, welche mit dem Verlust von Zähnen einhergeht. Weißes Fell ist die Folge des Verlustes oder der Verminderung der Fähigkeit, Melanin (Farbpigmente) zu produzieren. Die blauen Augen mancher Hunde (z.B. des Huskys) sind auf eine Reduktion in der Melaninproduktion oder auf das Fehlen von Pigmentation in der Iris zurückzuführen. Die knöcherne Gehörkapsel sowie das Trommelfeld sind beim Hund kleiner als beim Wolf. Hunde können hohe Frequenzen nicht so gut wahrnehmen. Viele weitere Beispiele von Funktionsverlusten bei spezifischen Hundearten werden angeführt.

Weite Teile des Buches sind sehr ausführlich geschrieben: Im Kapitel 12 zum Beispiel befasst sich der Autor Punkt für Punkt kritisch mit DAWKINS' Darstellung zur Parallelevolution zum Hund bei der Domestikation des Fuchses, indem er DAWKINS' Aussagen relativiert oder

belegt, dass Funktionsverluste stattgefunden haben. Mit der gleichen Genauigkeit werden 16 Aspekte der Neotenie (Stehenbleiben auf dem Jugendstadium) bei Hunden untersucht und es wird konträr zur gängigen, populären Meinung gezeigt, dass die Interpretation von Merkmalen als Folge von Neotenie kaum eine empirische Basis hat.

Ein längeres Kapitel konzentriert sich auf die CNV's (Kopienzahlvariation) sowie die SNPs (Einzelnukleotid-Polymorphismus). CNV geben an, wie viele Varianten eines homologen DNS-Abschnittes in einem Genom vorkommen, und der SNP gibt die Abweichung eines einzelnen Basenpaares in einem DNS-Strang vom ursprünglichen Strang an. Der Autor diskutiert die Auswirkungen von Genduplikationen (Verdopplung von Genen) sowie Deletionen (Verlust von genetischem Material) im Allgemeinen und stellt fest, dass diese meistens neutral oder schwach nachteilig sind. Dafür werden zahlreiche Beispiele angeführt und unter anderem Fälle diskutiert, welche in der gängigen Literatur als selektionspositive CNV dargestellt werden. Die Brücke zu den Hunden wird dadurch geschlagen, dass der Autor einen Artikel im Detail analysiert, der auf die Unterschiede der SNP und CNV von Hund und Wolf eingeht. Eine detaillierte Untersuchung eines zweiten Artikels, dessen Autoren behaupten, dass bei Hunden eine Verbesserung der Stärkeverdauung stattgefunden hat, folgt im Anschluss. Lönning kommt unter anderem zum Schluss, dass dieses Beispiel nicht als „generelle(r) Makroevolutionsbeweis hinzu addiert werden kann(...).“ Er nimmt Bezug auf den Ansatz des Intelligent Designs mit der Hypothese, dass Organismen zu Beginn verschiedene CNV zur Bewältigung verschiedener Umweltsituationen besaßen.

In weiteren kürzeren Kapiteln behandelt der Autor negative Auswirkungen von Hyperplasien (Größenzunahme eines Organs durch Zellvergrößerung) und Hypertrophien (Größenzunahme eines Organs durch vermehrte Zellteilung) beim Haushund, außerdem befasst er sich mit Konvergenzerscheinungen von Merkmalen beim Beutewolf und geht auf das Gesetz der Rekurrenten Variation ein (= Mutationsspektrum erweitert sich nach wiederholter Mutationsauslösung nicht mehr).

Oft zieht der Autor weitere Ergebnisse, z.B. aus der Genetik, hinzu. Lönning gibt z.B. Einblick in seine eigene Arbeit als *Pflanzen-genetiker*, wenn er anhand von *Physalis pubescens* (Blaskirschen) aufzeigt, welche beeindruckende Vielfalt von Formen in kurzer Zeit durch Struktur- und Funktionsabbau erreicht werden kann. Einige Kapitel wie das zur Feinabstimmung von Genwirkketten gehen über das Thema des Buches hinaus und passen nach meiner Einschätzung nicht in diese Arbeit.

Im hinteren Teil des Buches wird auf die Stammesgeschichte der Hundartigen eingegangen. Zuerst geht Lönning auf postulierte Vorfahren der Raubtiere (Carnivora) ein, zu welchen die Katzen- sowie Hundartigen gehören:

1. Den Miaciden, welche gewöhnlich als Vorfahren der Katzen- und Hundartigen (Carnivora) angesehen werden, wird neuerdings dieser Status abgesprochen.

2. Die Credonta, auch Urraubtiere genannt, können nicht als die direkten Vorfahren der Katzen- und Hundartigen (Carnivora) betrachtet werden und werden in der Abstammungslinie weiter in die Vergangenheit verschoben. Ihre Ähnlichkeit mit den Carnivora wird durch konvergente (unabhängige) Evolution erklärt.

3. Die Säugergruppe der Cimolesta, welche als Vorfahren der modernen Raubtiere vorgeschlagen wird, wird neuerdings nicht einmal mehr zu den Plazentatieren gerechnet (Tiere mit einer Plazenta – Mutterkuchen), und scheidet deshalb als Vorfahre aus.

Im Weiteren zeigt Lönning auf, dass „nach evolutions-theoretischen Prämissen (...) einiges auf dem Kopf“ steht, da z.B. die früher auftretenden Viverravidae zwei als fortschrittlich geltende Merkmale besaßen, nämlich ein paar echte Reißzähne und eine insgesamt reduzierte Bezahnung, wobei die Miaciden in letzterem Merkmal noch „primitiv“ waren. Trotzdem werden die Miaciden traditionell als die Vorfahren der Carnivora angesehen. Lönning stellt unter anderem auch als Widerspruch fest, dass trotz des exzellenten Fossilberichts der Carnivora deren genaue Entstehung schlecht verstanden ist.

Nach dem postulierten Übergang zu den ersten Raubtieren wird evolutionstheoretisch folgende Abstammungslinie zu den Hunden vorgeschlagen: 1. Hesperocyoninae, 2. Borophaginae, 3. Caninae. Die Caninae sind die einzige überlebende Unterfamilie der Canidae – alle Hunde, Wölfe, Füchse, Schakale und Kojoten werden zu ihr gezählt.

Eine Untersuchung der postulierten Übergangsformen folgt: Innerhalb der Unterfamilie der **Hesperocyoninae** wird evolutionstheoretisch angenommen, dass *Prohesperocyon* die Übergangsform zu *Hesperocyon* ist. *Prohesperocyon* taucht jedoch 4 Millionen Jahre später als *Hesperocyon* im Fossilbericht auf („Kinder sind Vorfahren der Eltern“). Eine detaillierte Analyse der Unterschiede zwischen *Prohesperocyon* und *Hesperocyon* unter anderem in der Bezahnung, dem länglichen Schädel und der Bulla (knöcherne Umhüllung des Mittelohrs) lässt Lönning daran zweifeln, dass *Prohesperocyon* als gute Übergangsform zwischen den Miacidae und *Hesperocyon* gelten kann, unter anderem aufgrund von Autapomorphien (das sind „fortschrittliche“ Merkmale, die nur eine betreffende Art bzw. Gruppe besitzt).

Es wird angenommen, dass *Archaeocyon* Vorfahre der **Borophaginae** (Unterfamilie der Hunde) ist. Die von *Archaeocyon* abgeleitete Form *Otarocyon* tritt jedoch 2 Millionen Jahre vor *Archaeocyon* auf. *Oxetocyon*, eine weitere „fortschrittliche“ Borophaginae-Gattung, taucht gleichzeitig mit *Archaeocyon* im Fossilbericht auf.

Der Autor stellt außerdem fest, dass die älteste Gattung der **Caninae** älter als alle Gattungen der Borophaginae ist, mit der Ausnahme einer hochspezialisierten Gattung (der Borophaginae). Lönning schließt, dass eine kontinuierliche Evolution zu den Hunden „mehr eine Deduktion aus dem vorausgesetzten Gradualismus [kontinuierliche, gleichförmig verlaufende Evolution; der Verf.] als eine

Tatsachenbeschreibung aufgrund von Fossilfunden“ ist. Ganz wie JUNKER & SCHERER (2013) plädiert Lönning dafür, die Daten im Sinne von polyvalenten Stammformen zu deuten – Stammformen, bei welchen die Charakteristika bereits vorhanden oder mindestens angelegt waren und von welchen weitere Gattungen abzuleiten sind. Als Ausgangspunkt der Familie Canidae (mit ihren 3 Unterfamilien Hesperocyoninae, Borophaginae und Caninae) schlägt der Autor *Hesperocyon* vor, welche bisher die älteste Form der Canidae ist. Anhand von Zahnmodellen zeigt er darüber hinaus die Plausibilität des Szenarios der polyvalenten Stammformen auf.

Zuletzt geht Lönning auf die Eingangsfrage ein: Unser Haushund: Eine Spitzmaus im Wolfspelz? Evolutionstheoretisch wird angenommen, dass die plazentalen Säugetiere von Tieren in der Größe einer Spitzmaus abstammen. Der Autor bespricht die postulierten Übergangsformen zu den plazentalen Säugetieren sowie deren „explosives“ Auftreten im Fossilbericht (vgl. ULLRICH 2015).

Das Buch bietet eine lohnenswerte Auseinandersetzung mit der Thematik der Makroevolution in Bezug auf die Haushunde sowie deren Geschichte. Die Anzahl Autoren, welche Lönning zitiert, und 831 Fußnoten lassen erahnen, welch immense Arbeit in das Erstellen des Manuskripts gesteckt wurde. Unzählige Originalzitate erschweren es jedoch dem Leser, den Überblick über die Thematik zu behalten. Hinzu kommt, dass der Autor manchmal zu Nebenthemen abschweift, was dazu beiträgt, dass der rote Faden schnell verloren gehen kann. Eine Straffung der Thematik sowie eine teilweise bessere Gliederung des Textes durch Untertitel wären wünschenswert.¹ Das Buch ließe sich außerdem noch grafisch aufarbeiten, was sicherlich zu seinem Verkaufserfolg beitragen würde.

Trotz dieser Kritikpunkte ist das Buch eine gelungene, detaillierte Auseinandersetzung mit der Thematik. Die Publikation ist mit zahlreichen Farbbildern ausgestattet. Für Laien wird das Lesen des Manuskripts durch viele Erklärungen von Fachbegriffen erleichtert. Ein Autoren- sowie ein Sachregister erleichtern das Finden von einzelnen Themen oder Zitaten.

Felix Hess

Anmerkung

¹ Das Kapitel zu den CNV und SNP z.B. besteht aus einem 65 Seiten langen Text, welcher keine Unterkapitel hat. Die Gliederung in Unterkapitel würde es dem Leser erleichtern, sich im Text zurechtzufinden.

Literatur

- JUNKER R. & SCHERER S (Hg, 2013) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen, 7. Auflage.
DAWKINS R. (2012). Die Schöpfungslüge – Warum Darwin recht hat. Berlin.
ULLRICH H. (2015) Wann entstanden die modernen Säugetiere? Ein-sichten aus Fossilien, Molekülen und Datierungen. Stud. Integr. J. 22, 23–30.

Überraschende Befunde zum Alter der Menschheit

Bevölkerungswachstum und Steinwerkzeuge des Frühmenschen

Michael Brandt:

Wie alt ist die Menschheit?

Demographie und Steinwerkzeuge
mit überraschenden Befunden

Holzgerlingen: Hänssler, 2015

Hardcover, Format 16,5 x 24

235 Seiten, 45 Abbildungen, 31 Tabellen,

ISBN 978-3-7751-5666-0

14,95 EUR [D]/15,45 EUR [A]/23,20 CHF

5., stark erweiterte Auflage

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



Michael Brandt präsentiert erstmals eine umfassende Gesamtschau der Daten zum Bevölkerungswachstum der Steinzeit und den gefundenen Werkzeugmengen. Die Daten lassen sich nur dann befriedigend erklären, wenn für die gesamte Steinzeit statt 2 Millionen Jahren eine Dauer von nur wenigen tausend Jahren veranschlagt wird. Der Autor plädiert für eine beträchtliche Korrektur der frühen Menschheitsgeschichte. Das Buch bietet sehr starke Argumente für eine kurze Menschheitsgeschichte; es gibt weltweit keine vergleichbare Übersichtsarbeit zu diesem Thema. Die Recherchen sind wissenschaftlich fundiert; das Buch ist aber auch für Laien gut lesbar. Der Leser erhält zudem viele interessante Einblicke in die Lebensumstände der Menschen der Steinzeit. Das Buch richtet sich an alle an der Vorgeschichte der Menschheit Interessierten, Fachleute wie Laien.

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

