

STUDIUM ■ INTEGRALE

Die perfekte Welle



Genesis
und Geologie



Epigenetik und
Vererbung



„Schnabeltier
der Dinosaurier“

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**

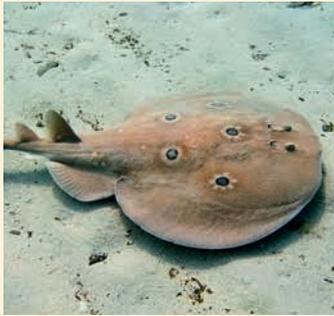
Nach der heute weit verbreiteten naturalistischen Weltsicht ist die Welt von selbst aus einem nicht-geistigen, nichtrationalen Zustand heraus entstanden und damit ohne Gott erklärbar. Diese Sichtweise gilt oft als Ausdruck wissenschaftlichen und aufgeklärten Denkens.

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**



Eines der Grundanliegen der Autoren von **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL** ist es, naturwissenschaftliche Daten auch daraufhin zu befragen, ob sie auch – und das ggf. besser – im Schöpfungsparadigma gedeutet werden können. „Schöpfung“ ist dabei zunächst grundsätzlich im Sinne einer geistigen Verursachung gemeint, ohne sich auf ein bestimmtes Schöpfungsverständnis festzulegen (was in einem weiteren Schritt erfolgen kann). Es gibt fundamentale Unterschiede zwischen geistigen und geistlosen Ursachen und den daraus resultierenden Merkmalen. Ein zentrales Merkmal des Geistigen ist das Phänomen der Intentionalität. Gemeint ist damit, dass ein geistiges Subjekt (ein Konstrukteur, Künstler oder Schöpfer) sich Sachverhalte geistig vergegenwärtigen kann, zum Beispiel sich Ziele setzen und einzelne Schritte

auf ein Ziel hin planen kann. Nicht-geistige Ursachen können das nicht. Entsprechend unterschiedlich sind nach allen unseren Erfahrungen die Produkte geistiger Tätigkeit einerseits und die Ergebnisse rein natürlicher, geistloser Prozesse andererseits. In der Regel haben wir daher keine Mühe, anhand typischer Design-Indizien auf die vergangene Tätigkeit eines Designers zu schließen. Dabei gibt es ein striktes Entweder – Oder: Entweder liegt eine geistige Verursachung eines Sachverhalts vor (ggf. im Zusammenwirken mit nicht-geistigen Ursachen) oder dieser ist alleine aufgrund nichtgeistiger Prozesse entstanden.

Der heutige wissenschaftliche Mainstream fragt allerdings nur nach nicht-geistiger oder „natürlicher“ Verursachung, auch in Fragen der ursprünglichen Entstehung von Naturgegenständen und -phänomenen, etwa in der Frage der Entstehung des Lebens oder des Menschen und seiner spezifischen Fähigkeiten. „Ergebnisoffenheit“ gibt es hier meist nur im Rahmen des naturalistischen Paradigmas. Der Preis dafür ist unter anderem, dass die Suche nach der *zutreffenden* Erklärung aufgegeben wird zugunsten der besten Erklärung *im Rahmen des Naturalismus*. Grundsätzliche Probleme oder grundsätzliche Grenzen naturwissenschaftlicher Erkenntnis gibt es dann nicht, nur – per definitionem – vorläufig noch offene Fragen, und zwar unabhängig von der Befundlage. Eine Konsequenz dieser Konvention, sich auf den Naturalismus festzulegen, ist eine einseitige Verschiebung der Beweislast. Wer es anders sieht, soll nicht nur zeigen, dass bestimmte Erklärungen im Rahmen des Naturalismus falsch sind, sondern sogar, dass es keine naturalistische Erklärung geben *kann* – ein Unmöglichkeitsbeweis. Dieser hohe Anspruch ist kaum erfüllbar; in Wirklichkeit handelt es sich dabei jedoch um eine Immunisierungsstrategie, indem man auf hypothetische, *de facto* nicht existierende Erklärungen verweist. Schon DARWIN hat sich dieser Beweislastverschiebung bedient: „Wenn gezeigt werden könnte, dass irgendein komplexes Organ existiert, das *nicht* durch zahlreiche, aufeinanderfolgende, geringfügige Veränderungen gebildet worden sein kann, würde meine Theorie absolut zusammenbrechen“ (On the Origin of Species, 6. Aufl., Kap. 6, S. 146; Hervorhebung hinzugefügt). Lesen Sie dazu mehr im kurzen Kommentar von Reinhard JUNKER auf Seite 117. Er nimmt Bezug auf einen Artikel von Michelle NOË über elektrische Organe (S. 97f.) und deren mutmaßlich mehrfache unabhängige Entstehung (Konvergenz). Um das Phänomen der Konvergenz geht es auch im Beitrag von Hans-Bertram BRAUN über die „perfekte Welle“ und in einigen Streiflichtern.

Das konvergente Auftreten komplexer Bauelemente ist ein typisches Design-Kennzeichen aus dem eingangs genannten Grund: Ein Designer kann gedanklich Dinge vorwegnehmen – die Mehrfachumsetzung von Ideen oder Plänen und damit die Wiederverwendung von Bauteilen ist dafür ein Paradebeispiel, das wir auch aus unserer eigenen schöpferischen Tätigkeit kennen. Daher gibt es beim Auftreten von Konvergenzen Grund genug, die Option „Schöpfung“ in Betracht zu ziehen, zumal sich mehr und mehr zeigt, dass Konvergenzen selbst von sehr komplexen Merkmalen sehr häufig sind – gegen frühere evolutionstheoretische Prognosen. Sachgemäß für wissenschaftliches Arbeiten ist ein *Vergleich* von Erklärungen, bei dem jede vorgeschlagene Option ihre stützenden und widersprechenden Argumente präsentieren muss.

Da es sich bei geistigen oder nicht-geistigen Ursachen um sich ausschließende Alternativen handelt (s. o.), ist es gerechtfertigt, Hinweise auf einen Schöpfer auch da zu sehen, wo Erklärungen durch natürliche (nicht-geistige) Ursachen *systematisch* versagen. Johannes HERKERT zeigt dieses Versagen an einem Beispiel aus dem Bereich der Lebensentstehung auf. Juri VAN DAM erläutert ein interessantes Design-Indiz anhand des genetischen Codes. Dass dieser in funktionaler Hinsicht optimiert erscheint (auch ein klarer Hinweis auf einen Schöpfer), ist schon länger bekannt, aber es gibt auch darüber hinaus gehende und von der Funktionalität unabhängige Hinweise auf Planung. Auch beim Studium der epigenetischen Regulationsprozesse in Organismen drängt sich angesichts der hierarchischen und vernetzten Informationssysteme der Gedanke an Planung auf und zwar umso mehr, je mehr man weiß. Harald BINDER erläutert dazu neue Befunde aus dem Bereich der Epigenetik beim Menschen. Interessante Neuigkeiten gibt es auch aus der Paläontologie. In mehreren Beiträgen dieser Ausgabe werden neue Fossilfunde vorgestellt. Als roter Faden zieht sich durch: Immer wieder zeigen sich überraschende Merkmalskombinationen. Lassen Sie sich durch die Lektüre ebenso überraschen!

■ IMPRESSUM

Herausgeber

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

Redaktion

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

Korrespondenzadresse

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

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

Produktion

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

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen

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

Alle Rechte vorbehalten.

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

■ TITELBILD

Ein Südlicher Stechrochen (*Dasyatis ameri-
cana*) schwimmt über eine flache Sandbank
(North Sound, Grand Cayman, Karibik). Er
gehört neben vielen anderen schwimmen-
den Tieren zu den gemächlicheren Schwim-
mern, die sich elegant durch wellenförmige
Bewegungen eines durchgehenden Flossen-
saumes fortbewegen; eine Fähigkeit, die
mehrfach konvergent auftritt (s. S. 104ff.;
Foto: Alex MUSTARD, © naturepl.com)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt

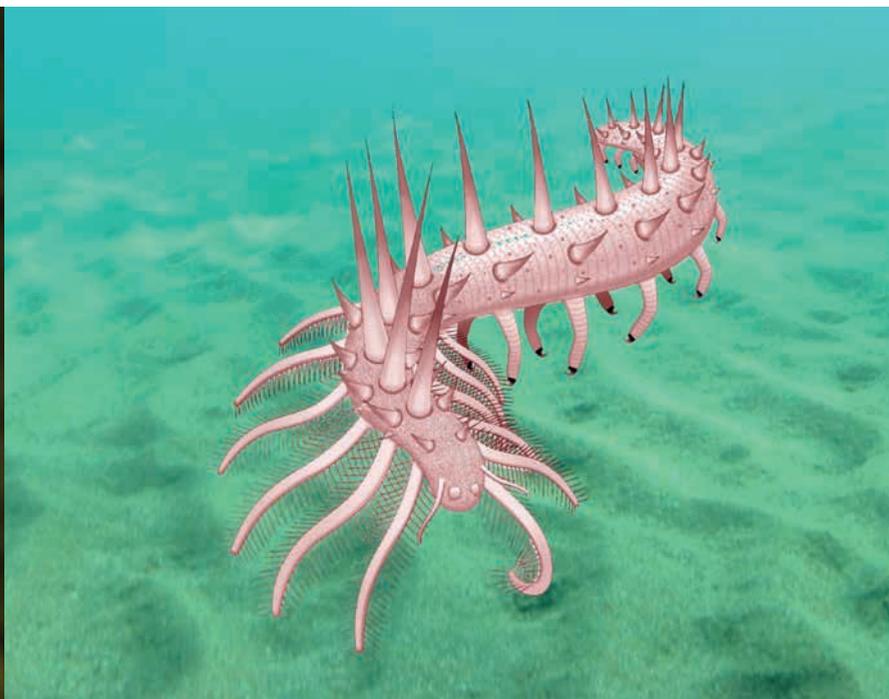


■ THEMEN

M. Kotulla	Geologie und Genesis. Ursprung und Popularisierung früher Harmonisierungsversuche	68
J. van Dam	Enthält der genetische Code Hinweise auf Design?	79
H. Binder	Der Mensch und sein Genom. IV. Epigenetik	84

■ KOMMENTAR

R. Junker	Unmöglichkeitsbeweise?	117
-----------	------------------------	-----



■ KURZBEITRÄGE

M. Brandt	Nutzten „Vormenschen“ ihre Hand wie moderne Menschen?	92
M. Noe	Schockierende Organe	97
R. Junker	<i>Yi qi</i> – „merkwürdiger Flügel“ eines (Dino-?)sauriers	99
H.-B. Braun	Die perfekte Welle	102
D. Vedder	Komplexität durch Ko-evolution – im Computer	105
M. Kotulla	War der Messelsee ein Kurzzeitsee?	109
J. Herkert	Herkunft von RNA, Proteinen und Fettsäuren aufgeklärt?	114

■ STREIFLICHTER

Ist das Alphabet der Aminosäuren perfekt?	118
Der älteste „echte“ Vogel: überraschend modern	119
Buntes Merkmalsmosaik: Ein „Schnabeltier“ unter den Raubdinosauriern	120
Neue erstaunliche Entdeckungen bei Ameisen	121
Spinnen mobil in ungewohntem Terrain	121
Nützliche Viren	122
<i>Hallucigenia</i> steht Kopf – im doppelten Sinne	123
<i>Collinsium</i> – weiterer Zuwachs für die „kambrische Explosion“	124
Neue Einschätzung der Einwohnerzahl Europas während der letzten Eiszeit zu hoch?	125
Überraschend dynamisches Leben in eisiger Kälte	126
Fossile karibische <i>Anolis</i> -Eidechsen – stabile ökologische Formen über lange Zeit	127

Geologie und Genesis

Ursprung und Popularisierung früher Harmonisierungsversuche

Wie sind die von zahlreichen Geologen geforderten langen Zeiträume mit der kurzen biblischen Chronologie und dem biblischen Schöpfungsbericht vereinbar? Diese Frage beschäftigte mit Beginn der aufstrebenden Disziplin der Erdwissenschaft, die die Erd- und Lebensgeschichte in den Gesteinen der Erdkruste zu entziffern suchte, Geologen und Theologen gleichermaßen.

Michael Kotulla

Hinweis zu den Anmerkungen: Die Anmerkungen enthalten umfangreiche Zitate und weitere Information; sie sind deshalb als Zusatzmaterial zum Artikel ausgelagert und unter www.si-journal.de/jg22/heft2/geologie-und-genesis.pdf abruf- bzw. herunterladbar.

Es ist nicht nur von wissenschaftshistorischem Wert, den frühen Harmonisierungsversuchen von Geologie und Genesis nachzuspüren. Die Frage nach einem *Ob* und *Wie* ist auch heute aktuell. Startpunkt der Untersuchung ist Großbritannien (Abb. 1 und 3) in den Dekaden vor Charles DARWIN (1859).

Die Idee eines unbestimmt langen Zeitraums am Anfang

Nach Einschätzung von Charles C. GILLISPIE¹ (1959, 98) war Rev. William BUCKLAND (1774–1856, Abb. 2) in den Jahren von 1820–1830 der führende englische Geologe und sehr wahrscheinlich auch der Wissenschaftler in Großbritannien, über welchen am meisten gesprochen wurde. BUCKLAND gilt als der „Chefarchitekt der katastrophischen Synthese“; sein Katastrophismus* war bereits eingebettet in einem in Fachkreisen zugestandenem Rahmen sehr langer (geologischer) Zeitperioden². BUCKLAND war auch Theologe und Geistlicher³; er hatte ein dringendes und *natürliches* Interesse an einer Harmonie von Geologie und Genesis.

Unter den seinerzeit diskutierten Ideen – von BUCKLAND als Hypothesen bezeichnet –, „die Phänomene der Geologie mit der kurzen mosaischen Schöpfungsgeschichte auszusöhnen“ vertrat BUCKLAND bereits in seiner *Vindiciae Geologicae*⁴ (1820, 31–32) die Ansicht, dass das Wort *Anfang* in Genesis 1,1 einen unbestimmten langen Zeitraum bezeichne (hier u. a. als Lücken-Idee* bezeichnet). Doch erst mit der populären Bridgewater-Abhandlung⁵ *Geology and Mineralogy Considered with Reference to Natural Theology* (1836, dt. 1838–1839) erlangte diese Vorstellung eine weite Verbreitung⁶. Die anderen „Hypothesen“ verwarf er – aus seiner Sicht gut begründet (hier verkürzt)⁷:

1. Eine durch die Genesis-Flut verursachte Bildung der fossilführenden Schichtgesteine („stratified rocks“; tertiäre und ältere Formationen, s. Abb. 4 und 5) – nicht möglich, da diese *nicht* Teil der jetzigen, letzten Schöpfung seien (s. u.).

2. Eine Bildung der fossilführenden Schichtgesteine während des Zeitraums zwischen der Erschaffung des Menschen und der Genesis-Flut – Begründung wie oben.

3. Die Schöpfungstage sind keine Tage, sondern lange auf einander folgende Perioden;

die „Ordnungsfolge der organischen Überreste einer früheren Welt“ stimmt „mit der Ordnungsfolge der Schöpfung“ überein. – Diese Vorstellung allerdings sei nicht auf „geologische Tatsachen“ gegründet. Denn die ältesten Seetiere und frühesten Pflanzen kämen in den gleichen stratigraphischen Einheiten vor; deshalb müsse der Ursprung der Pflanzen und Tiere ein gleichzeitiger gewesen sein.

In seinem Harmonisierungsversuch nun weist BUCKLAND (1839, 21-22) „alle von der Geologie beleuchteten physischen Ereignisse“ einem *gedachten* Zeitraum „zwischen dem Anfang, in welchem Gott Himmel und Erde schuf [Gen 1,1; MK], und dem Abend oder Anfang des ersten Tages [Gen 1,2-5; MK]“,⁸ zu. All diese Ereignisse seien vom „heiligen Schriftsteller mit Stillschweigen übergangen worden“. So habe Moses das Wort *Anfang*⁹ „(...) zur Bezeichnung eines unbestimmten Zeitraums gebraucht, dem die letzte große Umwälzung, welche die Oberfläche der Erde erlitten hat, und die Schöpfung der gegenwärtig auf ihr vorhandenen Tier- und Pflanzenwelt vorausgegangen war.“¹⁰ Dieser unbestimmte Zeitraum könne „Millionen von Millionen Jahre“¹¹ ausgefüllt haben.¹²

BUCKLAND (1839, 20-32) muss allerdings zahlreiche Zusätze und Anpassungen zum Schöpfungsbericht (Genesis 1) vornehmen, u.a.:

- Vers 1 meint eine Ur- bzw. Erstschöpfung des Universums (vom Geologen als Schöpfung der „materiellen Elemente“ angesehen) samt allen Himmelskörpern, die Sonne und den Mond eingeschlossen; „(...) zu einer Zeit, die unstreitig den Werken des ersten Tages voranging.“

- Die Zustandsbeschreibung der Erde und Gewässer in Vers 2, *wüst und leer*, wird als „Verwirrung und Leere (*tohu bohu*)“ aufgefasst, Worte,

Kompakt

Seit dem frühen 19. Jahrhundert gewann es zunehmend an Bedeutung und Verbreitung, die Geschichtsschreibung der Geologie mit der der Genesis zu harmonisieren – denn es konnte ja nur *eine* Geschichte geben. Zum Einpassen der langen (geologischen) Zeiträume konkurrierten zwei Vorstellungen: a) Die Idee eines unbestimmt langen Zeitraums am Anfang (Lücken-Idee) und b) die Idee von den Schöpfungstagen als langen unbestimmten Perioden (Tag-Perioden-Idee), wobei letztere ab der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts dominierte.

Beide Versuche allerdings werden vom Fossilbefund nicht gestützt und sind auch nach Auffassung zahlreicher Alttestamentler exegetisch nicht möglich bzw. nicht rechtfertigbar. Diese damals von einigen Geologen durchgeführten Harmonisierungsversuche zwischen Geologie und Genesis sind im Ergebnis *nicht* verträglich, sie sind konstruiert und fiktiv.

Dieser vor etwa 200 Jahren eingeschlagene Irrweg ist nicht ohne Folgen. In Theologie, Kirche und Gemeinde sind diese Harmonisierungen – trotz ihrer Unstimmigkeiten – weit verbreitet.

die „geologisch den Schutt und die Trümmer einer früheren Welt bezeichnen können“. Und weiter: „Mit diesem dazwischenliegenden Zeitpunkt endigen die früheren unbestimmten geologischen Perioden; (...)“

- Die neue (letzte, jetzige) Schöpfung, das Werk des ersten Morgens (Vers 3) beginnt mit dem „(...) Hervorrufen des Lichts aus der temporären Finsternis, welche die Trümmer der alten Erde umhüllte.“

- Die „temporäre Finsternis“ (Vers 2) war durch Anhäufung dichter Dünste erzeugt. In Folge einer beginnenden Zerstreung dieser Dünste war bereits am ersten Tag Licht auf der Erde vorhanden; die weitere Reinigung der Atmosphäre am vierten Tag „(...) mag die Wiedererscheinung der Sonne, des Mondes und der Gestirne am Himmelsfirmament bewirkt haben (...)“

- Die Wahl des Wortes *gemacht (asah)* mit Bezug auf Ex 20,11 mag in Gen 1,7 und 1,16

Abb. 1 Nirgendwo ist über den Versuch der Harmonisierung von Geologie und Genesis so viel erdacht und geschrieben worden wie auf der britischen Insel. Seven Sisters Kliffküste in Sussex, UK. (Foto: © milangonda – fotolia.com)





Abb. 2 Portraits von William BUCKLAND (links) und Hugh MILLER (rechts), jeweils ohne Datum. (Credit: Wellcome Library, London; freundliche Zurverfügungstellung)

gebraucht worden zu sein, „um eine neue Anordnung der zuvor existierenden Materie anzuzeigen“.

BUCKLAND (1839, 13) war sich seiner Eingriffe durchaus bewusst; einerseits abmildernd, andererseits einen Gewinn für beide Seiten aufzeigend, schreibt er¹³: Die Geologie fordere „einige unbedeutende Abweichungen von der buchstäblichen Auslegung der Schrift“, aber gewähre auch eine „hinlängliche Entschädigung“, nämlich zusätzliche „Beweise der natürlichen Religion“*. Abschließend betont er: „Die Idee von einem solchen *ersten Schöpfungsakt*“ sei – wie PUSEY¹⁴ aufzeigte – von vielen Kirchenvätern und auch Martin LUTHER geteilt worden (BUCKLAND 1839, 37¹⁵).

Der unbestimmte Zeitraum am Anfang könnte Millionen von Millionen Jahre ausgefüllt haben (BUCKLAND).

BUCKLAND hatte die von ihm vertretene „Hypothese“ nicht selbst erdacht, sondern von dem naturwissenschaftlich gebildeten Theologen Thomas CHALMERS (1780-1847) übernommen. CHALMERS (1814; 1836-42, 369-370¹⁶) hatte seinen „Lösungsansatz“ erstmals 1804 in einer Chemievorlesung vorgestellt (MILLER 1857), als einzigen Weg, das Vertrauen in eine historische (wortgetreue) Genesis zu sichern. Damit meinte er inhaltlich aber die Beschreibung der sukzessiven Schritte (Tag 1 bis Tag 6), wie die Schäden der letzten Katastrophe [von Gott, MK] repariert worden seien.¹⁷ BUCKLAND (1839, 19) zitiert CHALMERS (vgl. 1830, 47) wie folgt: „Sagt Moses irgendwo, dass, als Gott Himmel und Erde schuf, er mehr tat, als sie aus früher vorhandenen Stoffen umzubilden? Oder sagt er etwa, dass kein Zwischenraum von vielen Zeitaltern zwischen der ersten Schöpfung, die im ersten Verse erwähnt wird, und von der es heißt, dass sie *im Anfang* geschah, und jenen spezielleren Werken liegt, deren Schilderung mit dem Anfang des zweiten Verses beginnt (...)? Oder endlich, gibt er uns irgendwo zu verstehen, dass die Genealogien der Menschen einen anderen Zweck hätten, als das Alter ihres Geschlechts zu bestimmen, so dass die Chronologie der Erde den Naturphilosophen nicht als ein freier Gegenstand der Spekulation überlassen bliebe?“¹⁸

Glossar

Exegese: Erklärung und Auslegung eines Textes, insbesondere der Bibel.

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

Lücken-Idee (engl. u. a.: gap theory): Ursprünglich: ein unbestimmt langer Zeitraum am Anfang (zwischen Gen 1,1 und Gen 1,2-5), der Millionen von Millionen Jahre gedauert haben könne und insbesondere die gesamte fossile Überlieferung vom Altpaläozoikum bis zum Tertiär umfasse (BUCKLAND 1836); auch als Lücken-Sichtweise, -Interpretation, -Theorie etc. bezeichnet. Es handelt sich um einen *willkürlichen* Einschub. Auch die Restitutionstheorie (Satans Fall und anschließende Wiederherstellung) bedient sich dieser Idee einer Lücke.

Natürliche Religion: Neben dem geoffenbarten Wort (Bibel) Gotteserkenntnis über die Vernunft und/oder die Natur (Schöpfung). Bei BUCKLAND (1820, 1836) Bestätigung der mosaïschen Schriften durch die Geologie (indirekter „Gottesbeweis“); hier synonym mit *natürlicher Theologie*.

Rahmenwerk-Idee (engl. u. a.: framework hypothesis): Die Idee, die Schöpfungstage (Gen 1) nicht chronologisch, sondern symbolisch (metaphorisch) aufzufassen, als jeweils zwei sich ergänzende, parallele Dreiergruppen („Tag“ 1-3 und „Tag“ 4-6); auch als Rahmenwerk-Theorie u. ä. bezeichnet.

Tag-Perioden-Idee (engl. u. a.: day-age theory): Ursprünglich: Schöpfungs-„tage“ (Gen 1) als lange unbestimmte Perioden, die mit geologischen Perioden gleichgesetzt werden; auch als Tag-Alter-, Zeitalter-Tag- oder Konkordanz-Theorie u. ä. bezeichnet. Es handelt sich um eine *willkürliche* Interpretation.

Theistische Evolution: Vorstellung, dass Gott das Universum, die Welt und das Leben durch Evolution(sprozesse) erschuf; es gibt zahlreiche unterschiedliche Ausprägungen im Detail. Eine ihrer Grundlagen ist die Annahme einer *tatsächlich langen und wahren* Zeitskala.

Tiefenzeit (engl.: deep time): Synonym für geologische Zeit; eine von dem Geologen MCPHEE (1983) geprägte Metapher, die zunehmend Verbreitung findet.

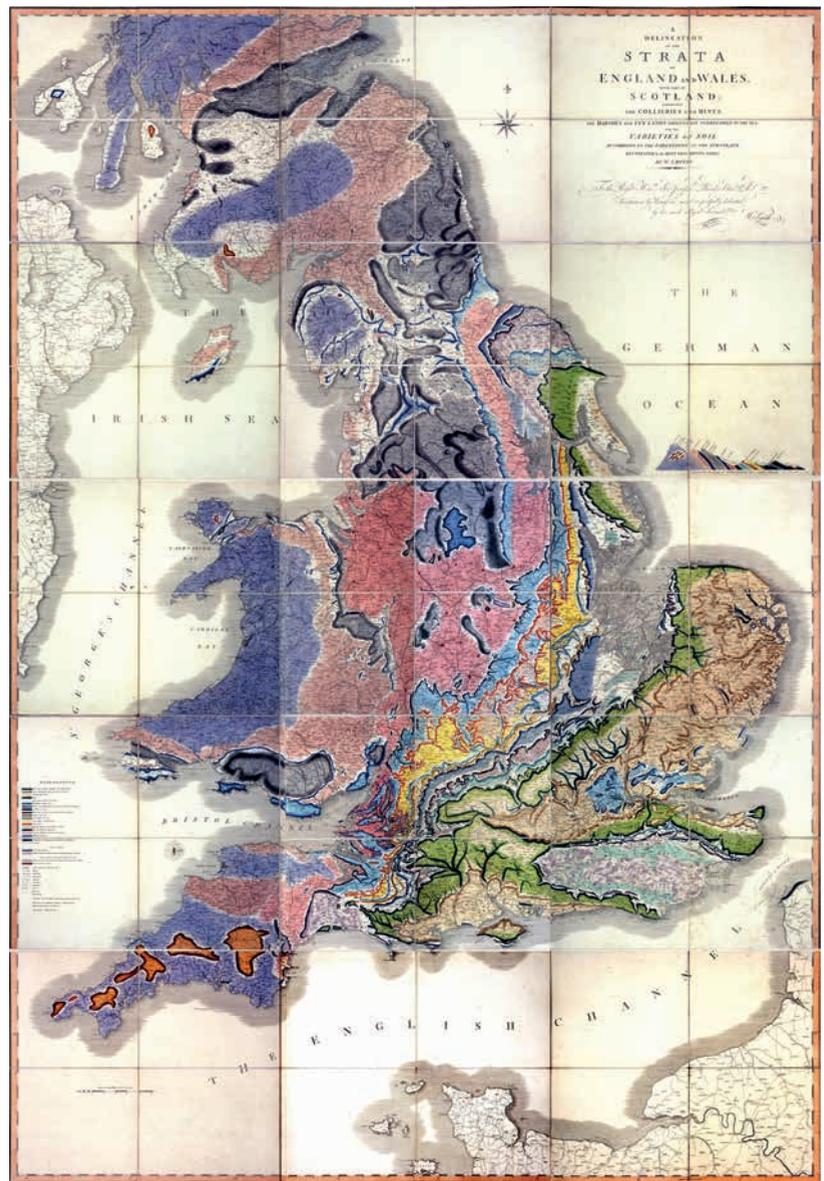
Und die Genesis-Flut?

BUCKLAND schreibt in seiner Bridgewater-Abhandlung (1836) die Phänomene des Diluviums (ältere Bezeichnung für das heutige Pleistozän, s. Abb. 5) – wie zuvor in seiner Diluvialtheorie (BUCKLAND 1820, 36-38¹⁹; 1824²⁰) – nicht mehr der Genesis-Flut zu; sie erfährt in diesem Zusammenhang keine einzige Erwähnung. Seine Harmonisierung aber, seine Art und Weise der Versöhnung von Geologie und Genesis (s.o.), ließ er sich zuvor von den Oxford-Professoren für Theologie und Hebräisch genehmigen (K. M. LYELL 1881²¹, vgl. GILLISPIE 1959).

LYELL (1833, 270-274²²) selbst hatte (zuvor) die Genesis-Flut – so denn gefordert wäre, ihre Universalität im strengsten Sinne dieses Begriffes einzugestehen – als ein übernatürliches Ereignis betrachtet, „(...) weit außerhalb der Reichweite einer philosophischen Befragung, sowohl hinsichtlich der auslösenden [tätigen, MK] sekundären Ursachen, sie zu erzeugen, als auch den Wirkungen, die sich höchst wahrscheinlich aus ihr ergeben.“ Er arrangierte sich auch mit der

Auffassung, dass zur Zeit der mosaischen Flut keine großen Veränderungen der Erdoberfläche stattgefunden hätten, also nicht zu erwarten wäre, dass überhaupt „irgendwelche geologischen Monumente dieser Katastrophe zu finden“ seien. Damit eliminierte er die Genesis-Flut (bzw. ihre möglichen Auswirkungen), den „Hauptfeind“ (GILLISPIE 1959, 128)²³ seiner uniformitaristischen Lehre, geschickt – als übernatürlich oder *unbedeutend* abgetan – aus seinem Programm²⁴: Den *Versuch, die früheren Veränderungen der Oberfläche der Erde unter Bezug auf Ursachen, die gegenwärtig im Gange sind, zu erklären* (Untertitel zu *Principles of Geology*). GILLISPIE (1959, 140) zufolge erreichte LYELL mit seinen *Principles* unzweifelhaft eine Sache: „Das Buch verabreichte der Genesis-Flut den *coup de grâce* [Gnadenstoß, MK]. Wenige lehnten ab, dass Moses in der Tat eine eindrucksvolle Flut beschrieben hatte, aber als eine hauptsächliche, universale geologische Kraft wurde sie fallen gelassen.“²⁵

Davor aber hatte bereits die *Geologische Gesellschaft von London* eine Vorstellung begraben, wonach einige Phänomene des Diluviums zumindest von einigen Mitgliedern als Spuren der Genesis-Flut interpretiert wurden. Rev. Adam SEDGWICK²⁶ (1785-1873), ebenfalls wie BUCKLAND Geistlicher, gab 1831 als Vorsitzender der Gesellschaft (zu diesem Zeitpunkt auch Professor für Geologie in Cambridge) folgende Erklärung ab: „Es war in der Tat eine höchst unberechtigte Schlussfolgerung, wenn wir eine Gleichzeitigkeit von all den oberflächlichen Schotterablagerungen auf der Erde annahmen. Wir sahen die klarsten Spuren von Flutaktivität, und wir hatten, in unseren heiligen Geschichten, den Bericht einer globalen Flutkatastrophe. Es war dieses doppelte Zeugnis, dass wir einer Einheit unter dem Namen Diluvium alle Phänomene (...) unterordneten. (...) Unsere Fehler waren, wie auch immer, natürlich und von der gleichen Art, die viele exzellente Beobachter eines früheren Jahrhunderts dazu führten, alle sekundäre Formationen [i. w. S. Mesozoikum, MK; s. Abb. 4] der Geologie der Flut Noahs zuzuschreiben. Nachdem ich selbst ein Glaubender und, nach besten Kräften, ein Verbreiter gewesen bin, von dem, was ich jetzt als philosophische Irrlehre ansehe, und [nachdem, MK] ich mehr als einmal zu Auffassungen zitiert wurde, die ich nun nicht mehr vertrete, halte ich es für richtig, als eine meiner letzten Handlungen, bevor ich diesen Vorsitz niederlege, öffentlich meine Widerrufung vorzulesen. Wir hätten in der Tat warten müssen, bevor wir als erste die Diluvialtheorie übernahmen und alle unsere alten oberflächlichen Schotterablagerungen der Einwirkung der mosaischen Flut zuschrieben. In Bezug auf den Menschen und die Werke seiner Hände haben wir bis heute nicht eine einzige Spur in Überresten einer vergangenen



Welt gefunden, die in diesen Ablagerungen verschüttet ist“ (SEDGWICK 1831, 313–314).²⁷ – Die beschriebenen Phänomene wurden später als Überlieferung einer Eiszeit interpretiert.

Die vermeintlich konfliktrichtige Genesis-Flut wurde so von führenden britischen Geologen in einem Zeitraum von nur etwa fünf Jahren (1831-1836) als erdgeschichtlicher Wirkfaktor (Agens) *gänzlich aufgelöst*.

Die Idee von Tagen als lange unbestimmte Perioden

Eine Popularisierung dieser bereits von BUCKLAND diskutierten Idee geschah maßgeblich durch das posthum erschienene Werk *The Testimony of the Rocks* (1857) des autodidaktisch gebildeten Geologen Hugh MILLER (1802-1856, Abb. 2).

MILLER (1857) stützt seine Ablehnung der Lücken-Idee auf eigene Beobachtungen der tertiären und pleistozänen Formationen; er könne

Abb. 3 Bereits 1815 legte der Ingenieur William SMITH (1769-1839) eine erste flächendeckende geologische Karte von England, Wales und Teilen Schottlands vor. Die geschätzte Auflage von etwa 400 Exemplaren wurde über einen Zeitraum von zwei Jahren handkoloriert. Die Karte besteht aus 15 Blättern und hat eine zusammengesetzte Größe von ca. 1,8 x 2,5 m. (Freundliche Zurverfügungstellung: cartographia.wordpress.com)

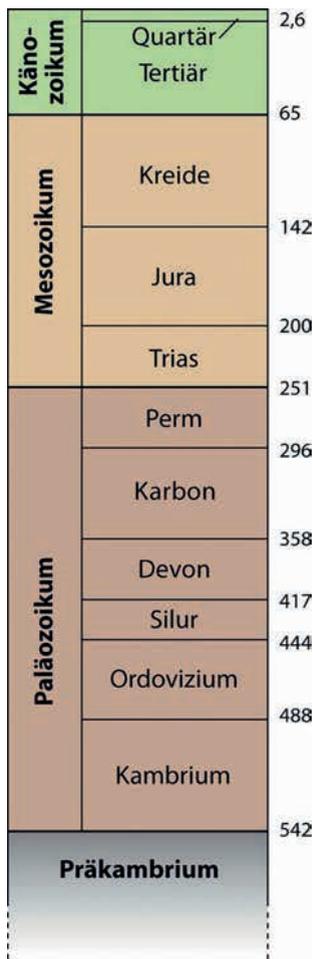


Abb. 4 Geologische Zeitskala, schematisch nach GTS2004 (GRADSTEIN et al. 2004). Zahlenwerte: Millionen [radiometrische] Jahre; Grafik aus JUNKER & SCHERER (2013).

– geologisch betrachtet – „keine unausgefüllte chaotische Lücke des Todes und der Dunkelheit“ erkennen. Die ausgestorbenen Elefanten, Flusspferde und Hyänen der tertiären Periode, aber auch die vertrauten Tiere wie Rotwild, Reh, Fuchs, Wildkatze und Dachs, die während der gesamten Periode lebten und die ältere Zeit mit der heutigen verbinde²⁸, all diese Tiere schreibt er als „die [wilden] Tiere der Erde nach ihrer Art und alles Vieh nach seiner Art“ (Gen 1,25) dem 6. Schöpfungstag zu. Ebenso gehöre zu diesem „Tag“ – lange Zeiträume voraussetzend – die weitaus spätere Erschaffung des Menschen. Der 6. Schöpfungstag hätte demnach nicht einige Stunden, sondern eine Periode von vielleicht „Tausenden von Jahrhunderten“ gedauert (hier als Tag-Perioden-Idee* bezeichnet).²⁹ Sein Hauptargument also ist der fließende Übergang bis in die Gegenwart, welchen er der Fossilüberlieferung entnimmt. Seinen Schluss gilt es vor dem Hintergrund zu verstehen, dass – unter Berücksichtigung der biblischen Genealogien – das Ende der mutmaßlichen Lücke zwischen Gen 1,1 und 1,2 unmittelbar zu einem Zeitpunkt vor etwa 4000 v. Chr. angesetzt wurde.

Die Schöpfungstage entsprechen geologischen Perioden (MILLER).

Drei der Schöpfungstage bezeichnet MILLER als „geologische Tage“; diesen weist er die markanten fossilführenden Formationen bzw. Perioden zu³⁰ (vgl. Abb. 4 und 5):

Tag 3: Die karbonische Periode [i. w. S. „oberes Paläozoikum“, MK], während derer die großen Pflanzen erschaffen wurden.

Tag 5: Die oolithische [später i. w. S. Jura, MK] und Kreide-Periode, während deren die großen Meeresungetüme und Vögel [Flugungetüme, MK] erschaffen wurden.

Tag 6: Die tertiären Perioden, während deren die großen terrestrischen Säugetiere erschaffen wurden.

Die verbleibenden geologischen Perioden verteilt er auf die restlichen Schöpfungstage:

Tag 1: Die azoische Periode³¹ [i. w. S. Präkambrium, MK], während derer Gneise und Glimmerschiefer gebildet und die (Ur-) Ton-schiefer abgelagert wurden.

Tag 2: Die silurisch-devonische Periode [i. w. S. „unteres Paläozoikum“, MK].

Tag 4: Der „weite Raum“ zwischen Tag 3 und Tag 5, der durch die Perm- und Trias-Periode ausgefüllt wird.

Alle Perioden zusammen bilden die gesamte „geologische Skala“ (stratigraphische Tabelle); der Tag-Perioden-Idee folgend benennt er die Abschnitte neu: 1., „Azoischer Tag oder Periode“ usf. bis 6., „Tertiärer Tag oder Periode.“

Aber auch MILLER muss bedeutende Eingriffe am Schöpfungsbericht vornehmen: Die Fossilüberlieferung zeigt (auch seinerzeit) ab dem Silur keine Abfolge von zuerst Pflanzen, dann zusätzlich Wassertieren und Vögeln und dann zusätzlich Landtieren. Insofern konstruiert MILLER eine „mosaische Vision der Schöpfung“, *prophetische Tage*, dergestalt, dass Moses, gleichsam als ein Einblick in Szenen der Vorzeit³², jeweils (nur) die bestimmenden Charakteristika gezeigt worden wären: Für das Paläozoikum die „prächtige Flora“, nicht aber die „Korallen, Krustazeen, Mollusken, Fische und (...) einige Reptilien“; für das Mesozoikum die „Wal-artigen Reptilien des Meeres, die enormen, kriechenden Reptilien des Landes und die zahlreichen Vögel, einige von gigantischem Ausmaß“, nicht aber die kleinen Säugetiere; und für das Tertiär die „Tiere des Feldes“.

Zuvor hatten u. a. bereits PARKINSON (1811)³³ und SILLIMAN (in BAKEWELL 1833)³⁴ die Tage als Perioden diskutiert; der deutsche Geologe PFAFF (1855, 617)³⁵ sah mit dieser Idee die offensichtliche „Schwierigkeit dadurch leicht beseitigt“. In der Zeit nach MILLER erfolgte eine Weiterentwicklung dieses Harmonisierungsstranges mit zahlreichen unterschiedlichen Ausprägungen im Detail und teilweise einer zusätzlichen Aufladung mit Ideen zu einer organischen Entwicklung der Lebewesen (Abstammungs- bzw. Entwicklungslehre).

Bedeutende nordamerikanische Anhänger waren James D. DANA (1813–1895, USA)³⁶ und Sir John W. DAWSON (1820–1899, Kanada). DANA (1863)³⁷ widmete in seinem Lehrbuch *Manual of Geology* „der Wissenschaft der Kosmogonie, die die Geschichte der Schöpfung behandelt“, ein eigenes Kapitel. DAWSON (1877, 351–352)³⁸ zufolge beziehe sich die Geologie nur auf den fünften Tag (Paläozoikum, Mesozoikum) und sechsten Tag (Tertiär) der Schöpfung oder allenfalls auf diese mit Teilen des vierten Tages (Präkambrium) und siebten Tages (Periode der menschlichen Geschichte). Eine „deutliche Korrespondenz“ ergebe sich dann, wenn die zwei Abfolgen richtig verstanden würden.

Der Paläontologe Friedrich Frhr. von HUENE (1875–1969) vertrat in seinen umfangreichen Publikationen zum Thema Christentum und Naturwissenschaft³⁹ eine theistische Evolution*. Zur Zeitfrage schreibt er beispielsweise in *Weg und Werk Gottes in Natur und Bibel* (1947, 20 u. 32): Bei den Schöpfungstagen habe es sich also nicht um Tage von 24 Stunden, sondern um lange Zeiträume gehandelt, mit einem direkt folgenden Verweis auf Ps 90,4 und 2. Petr 3,8. Von den Schöpfungstagen seien aber nur der letzte Teil des fünften Tages und der sechste Tag geologisch dokumentiert (die ganze Geschichte der Wirbeltiere), nicht dagegen die früheren

Schöpfungstage, z.B. der Anfang des fünften Tages (Wirbellose) und der dritte Tag (Pflanzen).

Theologische Auswirkungen

Diese *geologische Exegese*⁴⁰ des Schöpfungsberichtes blieb nicht ohne Einfluss auf Theologie, Kirche und Gemeinde. Während einige Theologen die geologischen „Tatsachen“ als aktuellen Stand der Wissenschaft einfach assimilierten und kopierten, setzen sich andere kritisch und teilweise distanzierend, abwartend oder ablehnend mit diesen auseinander; in der Folge einige wenige Beispiele⁴¹ insbesondere aus der evangelischen Welt.

Franz J. DELITZSCH (1813-1890), einer der bekanntesten Exegeten des 19. Jahrhunderts, vollzog⁴² einen Wandel von einer geologisch motivierten restitutionistischen Auffassung (1860er Jahre) zu einer konkordistischen⁴³ (1872, 85)⁴⁴: „(...) die Schöpfungstage sind Schöpfungsperioden.“ Aber mit den Millionen von Jahren, die die Naturwissenschaft fordere, so DELITZSCH (1872, 87), dürfe man – mit Bezug auf Ps 90,4 und 2. Petr 3,8 – nicht allzu freigebig sein. Diese Einschränkung allerdings fehlt in der (letzten) 5. Auflage von 1887; dort heißt es mit Bezug auf führende Geologen (1999, 55): „Mac Donald, Dawson [s.o., MK] u.a., welche sich überzeugt halten, dass die Schöpfungstage im Sinne der hl. Schrift selbst Äonen und nicht vierundzwanzigstündige Tage seien, sind im vollen Rechte.“ Der Alttestamentler Carl Fr. KEIL⁴⁵ (1807-1888) dagegen widerspricht beiden Ansichten (1887, 11-13): Die „theosophische Spekulation“ einer Kluft zwischen den beiden ersten Versen von Genesis 1 sei ein „willkürliches Einschiebsel“ und eine „Umdeutung der Schöpfungstage in Perioden lässt sich exegetisch nicht rechtfertigen.“⁴⁶

Cyrus I. SCOFIELD (1843-1921) verbreitete ab 1909 über seinen Bibel-Kommentar die Restitutionshypothese; zu Gen 1,11 heißt es⁴⁷: „Verweise die Fossilien zur primitiven [ersten, MK] Schöpfung, so wird kein Konflikt der Wissenschaft mit der Genesis-Kosmogonie verbleiben.“ Die weit verbreitete *Scofield-Studienbibel* war zeitweise ein US-Bestseller. Die revidierte *Neue Scofield Bibel* (ab 1967) hat diese Kommentarteile nicht mehr; sie ist zurückhaltend und verzichtet bewusst auf chronologische Daten für den Zeitraum vor 2000 v. Chr.⁴⁸

BRÄUMER (1983, 44) zufolge tut es „(...) dem Schöpfungsbericht keinen Abbruch, die Schöpfung in Rhythmen von Jahrtausenden zu sehen.“⁴⁹ Ähnlich wie die *Wuppertaler Studienbibel*, jedoch noch karger, das *Lexikon zur Bibel* (RIENECKER et al. 2013, 1038): „Dies ermöglicht grundsätzlich, etwa das Siebentagewerk von Ps 90,4 her als Folge von Epochen (...) zu



deuten.“⁵⁰ Oder zuvor Dietrich BONHOEFFER (1933, 21): „Es tut dem biblischen Denken keinen Eintrag, ob die Schöpfung in Rhythmen von Jahrtausenden oder in einzelnen Tagen geschehen ist, wir haben keinen Anlass, das Letztere zu beteuern noch das Erstere zu bezweifeln.“ Karl HEIM (1874-1958), der um eine neue Verhältnisbestimmung von Glaube und Naturwissenschaft bemüht war, schreibt (1958, 103): „Aber das Wunderbare an diesem Bericht [des priesterlichen Erzählers, MK] (...) ist die Tatsache, dass in der biblischen Beschreibung des Sechstageswerks die großen Etappen der Entwicklung der Schöpfung in derselben Reihenfolge dargestellt sind, in der sie nach dem paläontologischen Befund im Laufe des ungeheuren Zeitraums von fünfzehnhundert Jahrtausenden sich vollzogen haben.“⁵¹ Hierbei beruft er sich maßgeblich auf einer von HUENE⁵² (s.o.) dargelegten Tatsachensituation in Geologie (und Paläontologie).

Abb. 5 William BUCKLANDS schematisches geologisches Profil von den Britischen Inseln bis zum Mittelmeer. Ausschnitt aus der etwa 1m langen, gefalteten Tafel 1 (BUCKLAND 1838) mit stratigraphischen Einheiten vom Devon (Old Red Sandstone) bis zum Quartär (Diluvium, Alluvium).

Zur Grundfrage der Vereinbarkeit

In der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts dominierte unter den zeitgenössischen Geologen, die zu einer Harmonisierung eine Meinung vertraten, die Tag-Perioden-Sichtweise; die Lücken-Sichtweise kam – gleichsam einer zeitgeistlichen Strömung – außer Mode.

Es war aber MILLERS Beobachtung eines fließenden Übergangs der Fossilüberlieferung in die Lebewelt der Gegenwart hinein, die der Lücken-Idee jedwede geologische Grundlage entzog. Gleichlaufend mit dem geologischen Nein war auch zunehmend ein theologisches Nein zu verzeichnen. Otto ZÖCKLER (1879, 536-537) beispielsweise erachtete die Restitutionshypothese mit Bezug auf ihre wissenschaftliche Begründung für exegetisch unmöglich.⁵³ Aus moderner exegetischer Sicht gesteht HILBRANDS (2004) Gen 1,1-3 allein aufgrund der unklaren



Abb. 6 „Himmel und Erde“, eine ungewöhnliche Perspektive. (Foto: ESA/Luca Parmitano)

Syntax einen Deutungsspielraum zu, inhaltlich-theologisch aber sei eine Vorschöpfung problematisch; schon das feste Sieben-Tage-Schema schließe die Möglichkeit einer Vorwelt aus.⁵⁴ Der Reformator Martin LUTHER schreibt in seiner Auslegung von einer Einheit – weder von einer Lücke noch von einem ersten Schöpfungsakt, wie BUCKLAND (s. o.) es behauptet. Himmel und Erde seien „(...) nicht außerhalb der sechs Tage geschaffen, sondern im Anfang des ersten Tages“ (WALCH 1986, 8).

Hinsichtlich der Tag-Perioden-Idee liegt die Frage nahe, ob überhaupt eine Grundlage für ein Vergleichen vorliegt. Vergleichen wird, um BUCKLANDS Worte zu gebrauchen, „die Ordnungsfolge der organischen Überreste einer früheren Welt“ mit „der Ordnungsfolge der Schöpfung“ (s. o.). BUCKLANDS Beobachtung eines gemeinsamen Vorkommens von Pflanzen und Tieren, die von MILLER bestätigt wird, zeigt offensichtlich, dass eine Übereinstimmung in der Ordnungsfolge durch die Fossilüberlieferung keine Bestätigung findet. Inhaltlich werden „organische Überreste“ mit „Schöpfung“ zueinander in Beziehung ge-

Schöpfung einerseits (Genesis 1) und gewaltsamer Tod (Fossilüberlieferung) passen nicht zueinander, weder inhaltlich noch zeitlich.

setzt. Der Bericht in Genesis 1 gibt Zeugnis von der Schöpfung, der Erschaffung der Lebewesen (den Organismen und des Menschen; Tag 3, 5 und 6); die einzelnen Schöpfungstage werden als eine geschlossene Tage-Folge einer Woche geschildert, mit einem summarischen „sehr gut“ am sechsten Tag. Die organischen Überreste dagegen sind Zeugnisse gewaltsamen Todes von Myriaden von Lebewesen. Die fossilführenden Sedimentgesteine, die die Erdkruste mit aufbauen, bilden in Summe eine gigantische Begräbnisstätte. Diese zwei „Welten“ – Schöpfung einer-

seits und gewaltsamer Tod andererseits – passen nicht zueinander, weder inhaltlich noch zeitlich. Es liegt also weder eine Übereinstimmung in der Ordnungsfolge (Fossilüberlieferung gegenüber Schöpfung) noch im Gegenstand (gewaltsamer Tod/Vernichtung gegenüber Schöpfung) vor.

Dennoch versuchte MILLER (1857, 170-175) durch willkürliche Zusätze und Anpassungen von Genesis 1 die geologische Unmöglichkeit der Tag-Perioden-Harmonisierung abzumildern. Schließlich lasse die geologische Wissenschaft aufgrund der langen Zeiträume keine andere Wahl zu als die einer Tag-Perioden-Sichtweise.⁵⁵ Dieser scheinbaren Optionslosigkeit erlagen wohl auch Theologen.

Folglich konzentriert sich eine exegetische Untersuchung auf die Bedeutung des Wortes „Tag“ in Genesis 1. Die Tag-Perioden-Vertreter untermauern ihre Sichtweise mit der Bedeutungsvielfalt von „Tag“ im Alten Testament und den Aussagen in Ps 90,4 („1000 Jahre wie ein Tag“) und 2. Petr 3,8 („ein Tag wie 1000 Jahre und 1000 Jahre wie ein Tag“). Dabei sind sich die Vertreter selbst nicht treu (s. o. DELITZSCH); eine Formel 1 Tag = 1000 Jahre würde allenfalls eine Zeitspanne von 7000 Jahren und nicht mehr ergeben. Die Wortbedeutung von „Tag“ gilt es aber aus dem jeweiligen Zusammenhang zu ermitteln. HILBRANDS (2006) zufolge spricht der exegetische (Gesamt-) Befund⁵⁶ von Genesis 1 dafür, „auch hier von normalen, kalendarischen Tagen auszugehen.“ Auch in der kritischen Forschung herrsche weitgehender Konsens, dass in Genesis 1 gewöhnliche Tage gemeint seien. Auch hierzu noch LUTHER (WALCH 1986, 7): Was „(...) Augustinus Meinung betrifft, halten wir dafür, Moses habe eigentlich geredet, nicht allegorisch oder figürlich; nämlich, dass die Welt mit allen Kreaturen innerhalb der sechs Tage, wie die Worte lauten, geschaffen sei.“

Zur Zeitfrage

Evidenz für lange Zeitperioden? – Stand damals

Die langen Zeitperioden begründet BUCKLAND (1836, 16-17) wie folgt:

- Mit „(...) der enormen Mächtigkeit und den nahezu unendlichen Unterabteilungen dieser [fossilführenden, MK] Schichten“.
- Mit „(...) den zahlreichen und regelmäßigen, in ihnen enthaltenen Folgen mit Überresten von Tieren und Pflanzen, die mehr oder weniger von heutigen Arten differieren, umso [stratigraphisch, MK] tiefer die Schichten liegen“.
- Mit dem „Umstand, dass eine große Anzahl dieser Überreste ausgestorbenen Gattungen und fast alle ausgestorbenen Arten angehören, die an oder neben der Stelle lebten, sich vermehrten

und starben, wo sie gegenwärtig gefunden werden“; dieser „zeige, dass die Schichten, in denen sie vorkommen, langsam und graduell, während langer Zeitperioden und in weit entfernten Zwischenräumen abgelagert wurden.“

Mit keiner einzigen Darlegung ist eine konkrete Zeitmessung verbunden. Vielmehr sind die Aussagen stark theoriegeladen mit Elementen des HUTTON'schen Gradualismus (1788, 1795), des LYELL'schen Uniformitarismus (1830–33) und des BUCKLAND'schen Katastrophismus (vgl. auch Kasten und Abb. 7). Die Gliederung der Schichtenfolge ist bereits ein erster Schritt der stratigraphischen Interpretation; die Gliederungstiefe („Unterabteilungen“) ist kein Maß für eine Zeitdauer. Dass die Fossilüberlieferung Lebensräume über Generationen abbildete und dass große zeitliche Zwischenräume existieren sollen, sind fiktive Vorstellungen. Weder die Häufigkeit ausgestorbener Arten (Gattungen) noch eine Andersartigkeit mit zunehmender Tiefe erlauben Aussagen zu einer verflochtenen Zeit. Desgleichen die Mächtigkeit von Sedimentgesteinen; sie ist kein Zeitmaß per se und abhängig von der herrschenden Geodynamik. Schließlich und endlich folgert nach über 150 Jahren der britische Geologe AGER (1993, 70), dass die „Sedimentation in der Vergangenheit in der Tat oft sehr rasch und sehr unregelmäßig gewesen war“ – also nicht „langsam und graduell“. Eine Evidenz für lange Zeitperioden, „Millionen von Millionen Jahren“, war (und ist) aus der Datenlage nicht notwendigerweise abzuleiten.

Evidenz für lange Zeitperioden? – Stand heute

Der einflussreiche Historiker (und Paläontologe) Martin J. S. RUDWICK fasst seine lebenslange Erforschung der Geschichte der Geowissenschaften in seinem Spätwerk *Earth's Deep History* (2014) zusammen. Zwei Beweise für eine lange Zeitskala stellt er abschließend heraus (S. 295–296)⁵⁷: Mit Beginn des 20. Jahrhunderts sei die [zuvor dargelegte, MK] „qualitative Tiefengeschichte“ der Erde durch eine „quantitative Tiefenzeit*-Skala“ kalibriert worden. Nach über einhundert Jahren technischer Verbesserung, stets zunehmender Präzision, Verlässlichkeit und Beständigkeit sei die radiometrische Datierung von Mineralen und Gesteinen zu einer Routine geworden. Diese Geochronologie sei nicht ausschließlich abhängig von der Annahme der Physiker gewesen, dass die Zerfallsrate radioaktiver Isotope durch die Zeit konstant geblieben sei. Denn andere und unabhängige Datierungsmethoden wie die Analyse von Jahreslagen in Sedimenten (Warven) und Eiskernen hätten – zumindest für die jüngere Erdgeschichte – bestätigt, dass die geschätzten

Die Idee der geologischen Zeit

„Die Idee der geologischen Zeit“, so SEIBOLD & BERGER (1996, 92), „die für die Geologie so fundamental ist, ist noch recht jung. Im Wesentlichen beginnt sie mit James HUTTON (1726–1797) und ihre Hauptprotagonisten waren Charles LYELL (1797–1875) und Charles DARWIN (1809–1882).“⁶⁷ Wissenschaftstheoretisch betrachtet unterliegt die Erdgeschichtsschreibung spätestens seit HUTTON spezifischen regulativen Prinzipien. Nach ENGELHARDT & ZIMMERMANN (1982) wird „das regulative Prinzip der Uniformität (...) auch heute noch als die wichtigste Grundlage der geowissenschaftlichen Forschung angesehen.“⁶⁸ Erdvergangenheit wird als „immerwährende Gegenwart“ betrachtet.⁶⁹ (s. auch KOTULLA 2014a, 2–21; 2014b). Aus dieser gradualistischen bzw. uniformitaristischen Betrachtungsweise wurden auch (geologisch)

lange Bildungszeiten, insbesondere für Sedimentgesteine, abgeleitet.

In der Folge entwickelte sich, zunächst nicht augenscheinlich, ein weiteres regulatives Haupt-Prinzip: das der geologischen Zeit selbst. Denn: „Die Geologische Zeitskala ist das Rahmenwerk für die Entschlüsselung und das Verständnis der Geschichte unseres Planeten“ (GRADSTEIN 2012, 1)⁷⁰. Dieser erste, einleitende Satz in *The Geologic Time Scale 2012* ist unmissverständlich: Die Geologische Zeitskala *einzig* ist das Rahmenwerk; dies, obwohl die Geologie von einer langen Zeitskala nur *ausgeht* (z.B. LOTZE 1968, 7). Diesen Prinzipien aber muss nicht gefolgt werden. Die Jahrmillionen und -milliarden sind weder als *Tatsache* noch als *Wahrheit* aufzufassen; sie sind eine Konstruktion im Sinne des erstgenannten regulativen Prinzips.



Abb. 7 Winkeldiskordanz am Siccar Point östlich Edinburgh (Schottland); auch als Hutton-Diskordanz bekannt (dicke gelbe Linie, teilweise gestrichelt). Foto: Dave Souza (Wikimedia Commons); Eintragungen durch den Verfasser.

Siccar Point gilt als das wichtigste geologische Naturmonument der Welt. Es soll James HUTTON im Jahre 1788 die abschließende Bestätigung für seine Behauptung gegeben haben, dass die Erde Äonen alt sei.⁷¹ Damit steht Siccar Point wie kein anderes Naturmonument für das unvorstellbare Ausmaß von Zeit, das geologische Prozesse ausmachen soll. Die anstehenden Ablagerungen allerdings lassen eine derartige Interpretation nicht zu. Vielmehr bezeugen die Sedimentgesteine eine sehr rasche Erosion und Sedimentation (s. KOTULLA 2014a, 2–20; Abb. 7 oben): Die steilstehenden, schlecht sortierten (silurischen) Grauwacken (Sandsteine), die mit Tonschiefern alternieren, werden heute als Ablagerungen von Trübeströmen an untermeerischen Hängen gedeutet; eine Grauwacken-Sequenz repräsentiert ein kurzzeitiges Ereignis und entstand

möglicherweise innerhalb von Minuten. Der überlagernde, flach geneigte rötliche Gesteinskomplex, devonische Old-Red-Sandsteine, besteht aus einer basalen Breccie und sich anschließenden Sandsteinen mit Kreuzschichtung sowie eingelagerter Brecciehorizonte. Sie werden als rasche Ablagerung schnell fließender Oberflächenströme interpretiert.

Die Diskordanz schließlich ist die Kontaktfläche zwischen den beiden Gesteinskomplexen; sie ist nahezu eben. Im Vergleich zur gegenwärtigen Exposition, wo die Grauwacken nicht überdeckt sind, kann ein bankweise stark zergliedertes Relief (Verwitterung) beobachtet werden. Dies lässt darauf schließen, dass zwischen Erosion des Grauwackenkomplexes und Ablagerung des oberen Gesteinskomplexes keine große Zeitspanne liegen kann.

Abb. 8 Der Neandertaler – nicht der erste Mensch. Er bildet einen Baustein in der Rekonstruktion der Menschheitsgeschichte. Unser Erkenntnisgewinn über den Neandertaler in einem Zeitraum von etwa 150 Jahren ist elementar: vom „affigen, primitiven Menschen“ (frühe Nachbildungen) zum „strategischen Manager“ (moderne Nachbildung). (Foto: Neanderthal Museum Mettmann, freundliche Zurverfügungstellung)



Größenordnungen korrekt gewesen seien. Diese Methoden hätten ohne jeden Zweifel bewiesen, dass Tausende von Jahren seit dem Ende der offensichtlich sehr langen pleistozänen Eiszeiten verstrichen seien, die wiederum unzweifelhaft gerade mal das Schwanzende der gesamten Erdgeschichte bildeten. So schiene eine radiometrische Zahl von einigen Milliarden von Jahren seit der Entstehung des Planeten verhältnismäßig und konsistent. Ohne jeden Zweifel wäre die Erde in einem Ausmaß alt, das im wahrsten Sinne des Wortes schier unvorstellbar wäre.

Diese Beweislage allerdings ist – trotz eines dreimaligen „ohne Zweifel“ – Schein. Beide genannten Methoden, Warvenchronologie und Eiskernchronologie, verifizieren (bestätigen) die radiometrische(n) Methode(n) nicht; vielmehr werden „Jahreslagen“ vom radiometrischen Altersrahmen abgeleitet (KOTULLA 2013; 2014, 3–01 ff.). Eine (uniformitaristische) Extrapolation der jüngeren Erdgeschichte auf die gesamte Erdgeschichte, quasi als Verifikation der langen Zeitskala, ist einerseits von der wirklichen Kenntnis der Dauer der jüngeren Erdgeschichte abhängig, andererseits als Vorgehensweise rein spekulativ und unzulässig. Es bleibt die radiometrische Methode, die, wie RUDWICK zugesteht, von der Basisannahme einer Unveränderlichkeit der Zerfallskonstante während der gesamten Erdgeschichte ausgeht. Wie die radiometrischen Alter zum realen Alter in Beziehung stehen, ist daher nicht bekannt (KOTULLA 2014, 4–01 ff.).

Ein zweiter fundamentaler Aspekt der geologischen „Tiefenhistorie“ betrifft die Geschichte der Menschheit (RUDWICK 2014, 296–297⁵⁸): „Das scheinbare Fehlen irgendwelcher echter menschlicher Fossilien und dann die Entdeckung in der Mitte des 19. Jahrhunderts, dass sie in der

fossilen Überlieferung vorhanden waren, aber begrenzt auf ihren am meisten rezenten Teil (Quartär), bestätigte eben, dass die menschliche Spezies ihr Erscheinen im – vergleichbar – letzten Moment gemacht hatte.“

Hier liegt eine Fehleinschätzung der Aussagekraft der Fossilüberlieferung vor. Das erstmalige fossile Auftreten eines Organismus besagt nicht, dass dieser Organismus erst seit diesem „Zeitpunkt“ (stratigraphisches Datum) existiert hat. Gleichermäßen besagt das letztmalige fossile Auftreten eines Organismus nicht, dass dieser unmittelbar nach diesem „Zeitpunkt“ (stratigraphisches Datum) nicht mehr existiert hat. Dies gilt auch für menschliche Überreste. Der Mensch kann auch zuvor gelebt haben, also vor seinem erstmaligen fossilen Auftreten, ohne geologisch überliefert worden zu sein. Deshalb kann mit der Fossilüberlieferung (Stand heute) zu den Anfängen der Menschheitsgeschichte keine abschließende Aussage getroffen werden (vgl. STEPHAN 2002); eine Bestätigung wie sie RUDWICK formuliert kann es gar nicht geben – im Gegenteil, es handelt sich schlichtweg um Nichtwissen.

Zwei „moderne“ Harmonisierungsversuche

Die modernen Versuche einer Harmonisierung sind grundsätzlich den frühen nachempfunden. Die zwei hier kurz diskutierten Bestrebungen berücksichtigen nicht die Unvereinbarkeit der Ordnungsfolge und des Gegenstandes selbst (Fossilüberlieferung). Ihre Hauptmotivation, die langen Zeiträume „einzupassen“, basiert auf der falschen Einschätzung, dass die Erdgeschichtsforschung quasi eine *tatsächlich lange und wahre* Zeitskala liefert.

So will Nathan AVIEZER (2000, 140–144), amerikanisch-israelischer Physiker, in *Am Anfang – Schöpfungsgeschichte und Wissenschaft* „(...) aufzeigen, dass es durchaus möglich ist, die zeitgenössischen wissenschaftlichen Erkenntnisse mit einer wortwörtlichen Auslegung des ersten Kapitels der Genesis zu verbinden“. Er gründet seinen Harmonisierungsversuch (*Tora und Wissenschaft*) auf wissenschaftliche Theorien, „(...) die fest etabliert sind und durch weitreichende Belege gestützt werden“. Sein *wortwörtlich* aber ist äußerst flexibel⁵⁹: Im Rahmen einer theistischen Evolution präsentiert er eine eigene Variante der Tag-Perioden-Idee („sechs Stadien in der Entwicklung des Universums“) und beruft sich dabei auf Auslegungen einiger traditioneller Rabbiner.⁶⁰ Seine Harmonisierung besteht hinsichtlich einer Ordnungsfolge aus zahlreichen Überlappungen der fossilen Überlieferung. Für drei der Schöpfungsakte allerdings gibt es, AVIEZER zufolge (zum Zeitpunkt der Nieder-

schrift), keine wissenschaftliche Erklärung: Die Schöpfung des Universums, die Schöpfung des tierischen Lebens und die Schöpfung des (zeitgenössischen modernen) Menschen.⁶¹

Der Harmonisierungsversuch des britischen Mathematikers John LENNOX (2014) besteht aus einer Selektion und Synthese von Elementen der Lücken-, Perioden- und Rahmenwerk-Idee*; die Zeit- bzw. Millionenfrage *löst* er primär durch Anwendung der zwei erstgenannten Sichtweisen.⁶² Dabei lässt er den „Tag“ als gewöhnlichen Tag gelten, mutmaßt aber lange Perioden *zwischen* den Tagen.⁶³ Methodisch reduziert er das geoffenbarte Wort Gottes auf biblische (Einzel-) Daten, die es – analog wissenschaftlicher Daten – richtig zu interpretieren gelte. So bezeichnet er die offensichtliche Tag-Lesart des Schöpfungsberichtes bereits als eine Interpretation; sie wird als Theorie („24-Stunden-Tag-Theorie“) isoliert und quasi gleichwertig der „Zeitalter-Tag-Theorie“ (Tag-Perioden-Idee) und der „Framework-Hypothese“ (Rahmenwerk-Idee) gegenübergestellt, insgesamt die „drei großen Schöpfungstheorien“, – und sodann zu Gunsten der Variante der *langen Perioden zwischen den Tagen* elegant verworfen.⁶⁴

Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

Das Ziel der Harmonisierung von Geologie und Genesis war, die Zeitdiskrepanz evident aufzulösen. Wie können Millionen von Jahren geologischer Zeit in der kurzen biblischen Schöpfungsgeschichte untergebracht werden? Auch galt es – quasi harmonisierungsfördernd – einen erneuten Galilei-Fall von Anbeginn abzuwenden, also die Kirche hinsichtlich ihres Verständnisses über wissenschaftliche (neue) Erkenntnisse vor einem zweiten größtmöglichen Unfall zu bewahren (vgl. BUCKLAND 1839, 9–10⁶⁵).

Beide Harmonisierungsversuche allerdings – a) die Idee eines unbestimmt langen Zeitraums am Anfang und b) die Idee von Schöpfungstagen als unbestimmt lange Zeitperioden – werden vom Fossilbefund nicht gestützt. Desgleichen verhält es sich mit der „geologischen Exegese“: Die massiven Eingriffe in den Schöpfungsbericht durch willkürliche Zusätze, Anpassungen und Deutungen haben keine Substanz. Sie sind nach Auffassung zahlreicher Alttestamentler exegetisch nicht möglich bzw. nicht zurechtfertigen.

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass diese bereits in der Zeit vor DARWIN (1859) von Geologen durchgeführten Harmonisierungsversuche zwischen Geologie und Genesis im Ergebnis *nicht* verträglich, konstruiert und



Abb. 9 Eine Gruppe von Menschen studiert die Bibel. (Foto: M. KOTULLA)

fiktiv waren. Es ist ein Irrweg eingeschlagen worden, dessen folgenschwere Auswirkungen – ein Daran-Festhalten – in Theologie, Kirche und Gemeinde unvermindert zu beobachten ist.

Die Zeitdiskrepanz besteht also (weiterhin) oder sie ist eine fiktive. Sie erscheint in einem anderen Licht, wenn die Ergebnisse der Erdgeschichtsforschung nicht als Tatsachen aufgefasst werden. Denn die Erdgeschichtsforschung liefert eine *tatsächlich lange* und *wahre* Zeitskala nicht. Sie beruht auf regulativen Prinzipien und hinsichtlich der Eichung der Zeitskala maßgeblich auf der radiometrischen Altersbestimmungsmethode, die wiederum auf fundamentalen, nicht verifizierbaren Annahmen gründet.

Gewaltsamer, massenhafter Tod und Vernichtung sind nicht Teil der Schöpfung (Gen 1); folglich muss die fossile Überlieferung – aus biblischer Sicht – der Zeit nach der Schöpfung zugerechnet werden.⁶⁶ Zu solch einer biblisch motivierten Geschichte der Erde siehe beispielsweise STEPHAN (2015).

Der Theologe Helmut THIELICKE fragt (1980, 81): „Wie könnte denn die *eine* Wahrheit – nämlich die der Wissenschaft – einer *anderen* Wahrheit – nämlich der des Glaubens – widersprechen?“ Die „*eine* Wahrheit – nämlich die der Wissenschaft“ ist, bezogen auf die Idee der geologischen Zeit, *keine* Wahrheit. Hier liegt eine Fehleinschätzung über die Wissenschaft im Allgemeinen und über die Erdgeschichtsforschung im Speziellen vor.

Dank

Dr. Reinhard JUNKER, Dr. Martin ERNST und Prof. Bernhard KAISER danke ich für die Durchsicht des Manuskripts und wertvolle Hinweise.

Literatur

- AGER DV (1993) The nature of the stratigraphical record. 3rd ed., Chichester.
- AVIEZER N (2000) Am Anfang. Schöpfungsgeschichte und Wissenschaft. Frankfurt.
- BAKEWELL (1833) An Introduction to Geology. 2nd American from the 4th London Edition, edited by Prof. B. SILIMAN, New Haven. [Mit einem Anhang des Editors: Consistency of Geology with Sacred History, 389–466].
- BUCKLAND W (1820) Vindiciae Geologicae; or the Connection of Geology with Religion Explained. Oxford.
- BUCKLAND W (1824) Reliquiae Diluvianae; or, Observations on the Organic Remains Contained in Caves, Fissures, and Diluvial Gravel and on Other Geological Phenomena, Attesting the Action of an Universal Deluge. Second Edition, London [Erstaussgabe 1823].
- BUCKLAND W (1836) Geology and Mineralogy Considered with Reference to Natural Theology. Vol. 1, London.
- BUCKLAND W (1838–39) Geologie und Mineralogie in Beziehung zur natürlichen Theologie. Aus dem Englischen, nach der zweiten Ausgabe des Originals [1837], übersetzt und mit Anmerkungen und Zusätzen versehen von L. AGASSIZ. 1. Band [1839], 2. Band (Tafeln) [1838]; Neufchatel.
- BONHOEFFER D (1933) Schöpfung und Fall. Theologische Auslegung von Genesis 1–3. München.
- BRÄUMER H (1883) Das erste Buch Mose. 1. Teil, Kapitel 1 bis 11. Wuppertaler Studienbibel, Reihe: Altes Testament, Wuppertal.
- CHALMERS T (1814) Remarks on Cuvier's Essay on the Theory of the Earth. Edinburgh Christian Instructor 8, 261–274.
- CHALMERS T (1830) The Works of Thomas Chalmers. Philadelphia.
- CHALMERS T (1836–42?) Remarks on Cuvier's Theory of the Earth; in Extracts from a Review of that Theory which was contributed „The Christian Instructor“ in 1814. In: Tracts and Essays on Religious & Economical Subjects. The Works of Thomas Chalmers, Vol. 12, Glasgow, S. 347–372.
- DANA JD (1863) Manual of Geology. Philadelphia.
- DARWIN C (1859) On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life. 2nd ed., London.
- DAWSON JW (1877) The Origin of the World, According to Revelation and Science. New York.
- DELITZSCH F (1872) Die Genesis. Vierte gänzlich umgearbeitete Ausgabe, Leipzig.
- DELITZSCH F (1999) Neuer Kommentar über die Genesis. Nachdruck der 5. Auflage von 1887, Gießen.
- ENGELHARDT W & ZIMMERMANN J (1982) Theorie der Geowissenschaft. Paderborn, München, Wien, Zürich.
- GILLISPIE CC (1959) Genesis and Geology. The Impact of Scientific Discoveries upon Religious Beliefs in the Decades before Darwin. New York [Erstaussgabe 1951].
- GRADSTEIN FM, OGG JG & SCHMITZ MD (Eds.) (2004) A Geologic Time Scale 2004. Cambridge.
- GRADSTEIN FM, OGG JG, SCHMITZ MD & OGG GM (Eds.) (2012) The Geologic Time Scale 2012. Volume 1/2, Oxford Amsterdam.
- HEIM K (1958) Weltschöpfung und Weltende. 2. durchgesehene Auflage, Hamburg.
- HILBRANDS W (2004) Zehn Thesen zum biblischen Schöpfungsbericht (Gen 1,1–2,3) aus exegetischer Sicht. Jahrbuch für evangelikale Theologie 18, 7–25.
- HILBRANDS W (2006) Wie lang waren die Schöpfungstage? W+W-Disk.-Beitr. 3/06, <http://www.wort-und-wissen.de/disk/d06/3/d06-3.pdf>.
- HUENE F FRHR VON (1947) Weg und Werk Gottes in Natur und Bibel. Biblische Erörterungen eines Paläontologen. 3. Aufl., Leipzig [1. Aufl. 1937].
- HUTTON J (1788) Theory of the Earth; or an Investigation of the Laws Observable in the Composition, Dissolution, and Restoration of Land upon the Globe. Transactions of the Royal Society of Edinburgh 1(2), 209–304.
- HUTTON J (1795) Theory of the Earth, with Proofs and Illustrations. In four parts. Vol. 1 (of 4). Edinburgh.
- JUNKER R & SCHERER S (Hg, 2013) Evolution. Ein kritisches Lehrbuch. 7. Aufl., Gießen.
- KEIL CF (1878) Biblischer Commentar über die Bücher Mose's. Erster Band: Genesis und Exodus. Erster Teil von: KEIL CF & DELITZSCH F (Hg.) Biblischer Commentar über das Alte Testament. Dritte, verbesserte Auflage; Leipzig.
- KOTULLA M (2013) Grönländische Eiskerndaten und ihre Interpretation: Absolute Datierung durch Zählung von Jahresschichten? W+W Special Paper G-13-1, Baiersbronn, <http://www.wort-und-wissen.de/publikationen.html>.
- 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) Megafloten. Studium Integrale Journal 21, 4–11.
- LENNOX J (2014) Sieben Tage, das Universum und Gott. Was Wissenschaft und Bibel über den Ursprung der Welt sagen. Witten. [Original (2011): Seven days that divide the world. The beginning according to Genesis and Science. Grand Rapids, USA]
- LYELL C (1830–33) Principles of Geology, being an attempt to explain the former changes of the Earth's surface, by reference to causes now in operation. Vol. 1–3, London [Vol. 3: 1833].
- LYELL KM (1881) (ed) Life, letters and journals of Sir Charles Lyell. Vol. 1, London.
- MCPHEE J (1983) Annals of the Former World. Book 1: Basin and Range. New York.
- MILLER H (1857) The Testimony of the Rocks; or, Geology in its Bearings on the Two Theologies, Natural and Revealed. Boston.
- PARKINSON J (1811) Organic Remains of a Former World. An Examination of the Mineralized Remains of the Vegetables and Animals of the Antediluvian World. Vol. 3, London.
- PFIAFF F (1855) Schöpfungsgeschichte. Mit besonderer Berücksichtigung des biblischen Schöpfungsberichtes. Frankfurt/M, Erlangen.
- RIENECKER F, MEIER G, SCHICK A & WENDEL U (Hrsg.) (2013) Lexikon zur Bibel. 1. Auflage, Witten.
- RUDWICK MJS (2014) Earth's deep history. How it was discovered and why it matters. Chicago.
- SCOFIELD CI (1967) (Hg.) Die neue Scofield Bibel mit Erklärungen. Präffikon, Schweiz.
- SEDGWICK A (1831) "Presidential Address". Anniversary Procedures of the Geological Society. Philosophical Magazine IX, 271–317.
- SEIBOLD E & BERGER WH (1996) The Sea Floor. An Introduction to Marine Geology. 3rd edition, Berlin Heidelberg.
- STEPHAN M (2002) Der Mensch und die geologische Zeit-tafel. Holzgerlingen.
- STEPHAN M (Hg.) unter Mitarbeit von BINDER H, EGLI-ARM F, ERNST M, HERZOG T & JUNKER R (2015) Sintflut und Geologie. Schritte zu einer biblisch-urgeschichtlichen Geologie. 4. Aufl., Holzgerlingen.
- THIELICKE H (1980) Wie die Welt begann. Der Mensch in der Urgeschichte der Bibel. 1. Aufl. der Taschenbuch-Ausgabe [Original 1960], Stuttgart.
- WALCH JG (1986) (Hg.) Dr. Martin Luthers sämtliche Schriften. Erster Band: Auslegung des ersten Buches Mose; erster Teil [Original: 1544]. Nachdruck der zweiten, überarbeiteten Auflage, Groß Oesingen.
- ZÖCKLER DO (1879) Geschichte der Beziehungen zwischen Theologie und Naturwissenschaft, mit besonderer Rücksicht auf Schöpfungsgeschichte. Zweite Abtheilung, Gütersloh.

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

Enthält der genetische Code Hinweise auf Design?

Die beiden kasachischen Wissenschaftler V. SHCHERBAK und M. A. MKUKOV veröffentlichten 2013 in der referierten Zeitschrift *Icarus* einen Artikel unter dem Titel *The „Wow! Signal“ of the terrestrial genetic code*. Darin stellen sie neue Argumente vor, die die Hypothese stützen, dass der genetische Code intelligent programmiert und nicht rein zufällig entstanden sei. Obwohl die beiden Autoren anzunehmen scheinen, dass außerirdische intelligente Wesen für die Erschaffung von Leben auf der Erde verantwortlich sind, betrifft ihr Argument nicht die Frage des Urhebers des genetischen Codes, sondern beinhaltet Hinweise für intelligentes Design im genetischen Code. Hier sollen die hauptsächlichen Befunde dargestellt und erläutert werden.

Juri van Dam

Von der DNA zu Proteinen

Es ist schon lange bekannt, wie genetische Information in DNA auf bemerkenswerte Weise gespeichert und verschlüsselt wird. Vier N-Basen werden benutzt um genetische Erbinformation zu speichern: Adenin (A), Cytosin (C), Guanin (G) und Thymin (T). Das genetische Programm des Lebens ist nur mit diesen vier „Buchstaben“ geschrieben. Die Bereiche des Erbguts, die für Proteine codieren, werden als Gene bezeichnet. Drei aufeinander folgende N-Basen nennt man Codon, sie codieren für eine Aminosäure. Eine bestimmte Abfolge von Aminosäuren bildet ein Protein, dessen Sequenz in einem entsprechenden Gen festgelegt ist. Das Argument von SHCHERBAK & MAKUKOV für intelligentes Design des genetischen Codes gründet auf dem Übersetzungsschlüssel des Codes, d.h. in der Art und Weise, wie die Codons den Aminosäuren zugeordnet sind. Um das Argument für Design zu verstehen betrachten wir zunächst Abb. 1a, in der der genetische Code dargestellt ist.

Oben links sehen wir, dass das Triplet TTT für die Aminosäure Phenylalanin (Phe) codiert. Das ist jedoch nicht das einzige Codon für Phe: TTC codiert ebenfalls für Phe. Würde jedes mögliche Triplet aus den vier N-Basen spezifisch für jeweils eine andere Aminosäure codieren, so würde die Tabelle ($4^3 =$) 64 unterschiedliche Aminosäuren aufweisen. Weil jedoch verschie-

dene Codons teilweise dieselben Aminosäuren codieren, sind in den 64 Triplets nur 20 Aminosäuren codiert. Darüber hinaus stehen drei Codons für das Stopp-Signal; sie stellen sicher, dass die Übersetzung in Aminosäuren an der entsprechenden Stelle abgebrochen wird (TAA, TAG und TGA).

Codon-Familien

Aus Abb. 1a geht hervor, dass die dritte N-Base für die Zuordnung zur codierten Aminosäure ohne Bedeutung sein kann. Betrachten wir z. B. die Triplets, die mit CT- beginnen so zeigt sich, dass sie unabhängig von der dritten N-Base immer in Leucin (Leu) übersetzt werden. Wird dagegen die N-Base an der zweiten Stelle dieses Codons ausgetauscht, so hat das in jedem Fall eine Änderung der Aminosäure zur Folge. Codons, bei denen die ersten beiden N-Basen gleich sind, kann man als „Codon-Familie“ bezeichnen, sie bestimmen die Zuordnung zur Aminosäure.

Acht Codon-Familien codieren für jeweils nur eine Aminosäure: CT- für Leucin, GT- für Valin (Val), TC- für Serin (Ser), CC- für Prolin (Pro), AC- für Threonin (Thr), GC- für Alanin, CG- für Arginin (Arg) und GG- für Glycin (Gly). Diese Codon-Familien könnte man als „ungeteilte Codon-Familien“ bezeichnen.

Kompakt

Es ist schon länger bekannt, dass der genetische Code im Hinblick auf seine biologische Funktion optimiert ist, und zwar bezüglich Codierungsaufwand, Speicheraufwand und Fehlertoleranz. Das betrifft sowohl das Codesystem (Triplets und vier Buchstaben) als auch die Art der Codierung (Zuordnung von Triplets zu Aminosäuren mit optimal genutzten Redundanzen). Man kann argumentieren, dass ein Designer den Code wohl kaum hätte besser entwerfen können.

In einem Artikel mit dem ungewöhnlichen Titel „The ‚Wow! Signal‘ of the terrestrial genetic code“, veröffentlicht in der referierten Zeitschrift Icarus, stellen zwei kasachische Wissenschaftler (SHCHERBAK & MKUKOV 2013) weitere Argumente vor, die die Hypothese stützen, dass der genetische Code intelligent programmiert und nicht rein zufällig (p -Werte $< 10^{-13}$) entstanden sei. Dabei handelt es sich um Merkmale des Codes, die in keinem nachweisbaren Zusammenhang mit dessen Funktionalität stehen, also biologisch gesehen nicht notwendig sind, so dass man für deren Entstehung auch keine Selektionsvorteile anführen könnte. Die hauptsächlichen Befunde, die diese Einschätzung begründen, werden dargestellt und erläutert.

Es gibt weitere acht Codon-Familien, die für mehr als eine Aminosäure (bzw. mehr als eine Funktion – Start, Stopp) codieren. Die Codon-Familie mit TT- codiert für Phe, wenn die dritte N-Base T oder C ist und für Leu, falls A oder G an der dritten Stelle des Triplets stehen. Solche Codon-Familien könnte man „geteilte Codon-Familien“ nennen (Abb. 1b). Diese geteilten Codon-Familien codieren für 15 Aminosäuren und zwei Funktionen (Start und Stopp).

Rumers Transformation

Bereits vor Jahrzehnten wurde die bemerkenswerte Tatsache festgestellt, dass die Tabelle des genetischen Codes eine perfekte Symmetrie zeigt. Jede Codon-Familie aus den geteilten Codon-Familien kann in eine ungeteilte umgewandelt werden, indem man T gegen G und C gegen A austauscht. Diese Umwandlung bezeichnet man als Rumers Transformation. Die Symmetrie ist in Abb. 1a leicht zu erkennen. Die Codon Familie TT- gehört zur Gruppe der geteilten Codon-Familien, weil sie für Phe *und* Leu codiert.

Wenn man TTT entsprechend der oben genannten Regel transformiert, erhält man GGG. Beginnt man mit TTT oben links in der Tabelle, erhält man nach der Transformation GGG, welches unten rechts zu finden ist. Bemerkenswert ist, dass GG- nur für eine Aminosäure codiert, also eine der acht ungeteilten Codon-Familien darstellt. Eine einfache Transformation verbindet also die geteilte TT-Familie mit der ungeteilten. Dies gilt für alle Codon-Familien: Jede ungeteilte Codon-Familie kann durch die Rumer Transformation in eine geteilte umgewandelt werden.

Diese Symmetrie ist bemerkenswert und scheint als solche keine biologische Funktion zu erfüllen. Darüber hinaus scheint die Anordnung des tabellarischen genetischen Codes die chemische Zusammensetzung der N-Basen widerzuspiegeln: A und G sind Purine, C und T dagegen Pyrimidine. Es fällt auf, dass in den geteilten Codon-Familien die codierten Aminosäuren oft mit Purinen bzw. Pyrimidinen korrelieren. Wenn z. B. die dritte N-Base der Codon Familie TT- ein Pyrimidin (C oder T) ist, dann codieren diese Triplets für Phe, wenn es ein Purin (A oder G) ist für Leu. Rumers Transformation kann hier durch Austausch von Purinen durch Pyrimidine durchgeführt werden. (Der alternative Austausch Purin/Pyrimidin funktioniert ebenfalls, ist aber etwas komplizierter.)

Bis zu diesem Punkt wiederholen SHCHERBAK & MAKUKOV nur, was bereits bekannt war. Die Sache wird aber noch auffälliger, wenn man das Augenmerk auf die 20 Aminosäuren lenkt, die zum Aufbau von Proteinen, also der grundlegenden Biopolymere verwendet werden.

Das Molekulargewicht von Aminosäuren

In der Bezeichnung „Aminosäure“ kommen die charakteristischen chemischen Eigenschaften

Abb. 1 a Der genetische Code in seiner Standardform auf der DNA-Ebene. In der rechten Spalte ist die dritte Base im Triplet angeben. **b** Auflistung der Aminosäuren in den ungeteilten und geteilten Codonfamilien. Aminosäuren, die in beiden Familien vorkommen, sind fett hervorgehoben.

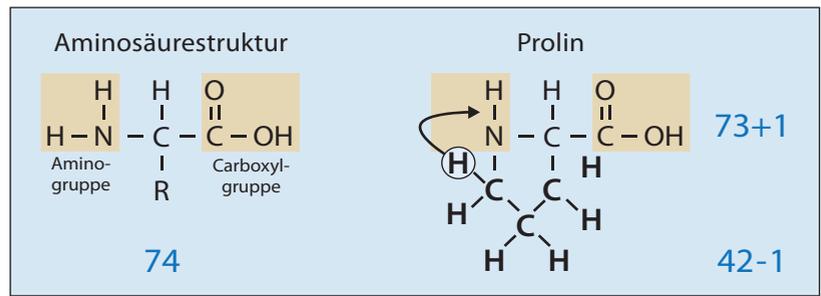
		Zweite Base					
		T	C	A	G		
Erste Base	T	TTT Phenylalanin TTC TTA Leucin TTG	TCT Serin TCC TCA TCG	TAT Tyrosin TAC TAA Stoppcodon TAG	TGT Cystein TGC TGA Stoppcodon TGG Tryptophan	T C A G	
	C	CTT Leucin CTC CTA CTG	CCT Prolin CCC CCA CCG	CAT Histidin CAC CAA Glutamin CAG	CGT Arginin CGC CGA CGG	T C A G	
	A	ATT Isoleucin ATC ATA ATG Methionin Startcodon	ACT Threonin ACC ACA ACG	AAT Asparagin AAC AAA Lysin AAG	AGT Serin AGC AGA Arginin AGG	T C A G	
	G	GTT Valin GTC GTA GTG	GCT Alanin GCC GCA GCG	GAT Asparaginsäure GAC GAA Glutaminsäure GAG	GGT Glycin GGC GGA GGG	T C A G	
		ungeteilt	geteilt				
	Leucin	Phenylalanin	Leucin				
	Valin	Isoleucin	Leucin				
	Serin	Methionin	Issoleucin				
	Prolin	Methionin					
	Threonin	Tyrosin					
	Alanin	Histidin					
	Arginin	Glut.säure					
	Glycin	Aspar.säure					
		Lysin					
		Asparagin					
		Glutamin					
		Cystein					
		Tryptophan					
		Serin					
		Arginin					

dieser Moleküle zum Ausdruck. Jedes Molekül weist (mindestens) eine Amino- ($-\text{NH}_2$) und (mindestens) eine Carboxylgruppe ($-\text{COOH}$) auf, die beide mit dem sogenannten α -C-Atom verknüpft sind (Abb. 2a). Die verschiedenen Aminosäuren unterscheiden sich durch den Rest R, die Seitenkette, die neben einem H-Atom ebenfalls mit dem α -C-Atom verbunden sind (Abb. 3 zeigt einen Überblick über R der zwanzig proteinogenen Aminosäuren). Prolin ist insofern eine Ausnahme, als die Seitenkette sich an der NH_2 -Gruppe zu einem Ring schließt, sie wird dadurch zu Iminogruppe $-\text{NH}-$ und enthält ein H-Atom weniger. Dieser wichtige Unterschied wird unten weiter diskutiert.

SHCHERBAK & MAKUKOV hatten die brillante Idee, die Aminosäuren nach dem Molekulargewicht anzuordnen. Sie berechneten das Molekulargewicht der jeweiligen Seitenketten der Aminosäuren. Die Grundstruktur aus α - CH_2 , $-\text{NH}_2$ und $-\text{COOH}$ weist ein Molekulargewicht von ca. 74 auf ($\text{H}=1$, $\text{C}=12$, $\text{N}=14$ und $\text{O}=16$). Für Prolin ist dieser Wert um 1 kleiner, da ein H-Atom aufgrund des im Ring integrierten $-\text{NH}-$ (Imin) weniger vorhanden ist: 73. Die berechneten Molekulargewichte der Seitenketten sind in Abb. 3 dargestellt.

Nach Berechnung der Molekulargewichte wird ein erstaunliches Muster im tabellarischen genetischen Code erkennbar. Betrachten wir zuerst die 15 Aminosäuren der geteilten Codon-Familien (Abb. 1b). Die Summe aller Grundstrukturen ergibt 1110 ($15 \cdot 74$). Addiert man die Molekulargewichte der Seitenketten, so ergibt sich ebenfalls 1110! Ist diese Gleichheit zufällig oder eine Besonderheit des genetischen Codes?

Bei den acht Aminosäuren der ungeteilten Codon-Familien addieren sich deren Molekulargewichte auf 925; für die Grundstrukturen 591 ($7 \cdot 74 + 73$) und für die Seitenketten 334.



Die Zahlen 2220, 1110 und 925 sind Vielfache von 37.

Nimmt man für Prolin eine Manipulation vor, indem man für die Grundstruktur formal ein H-Atom addiert ($73 + 1 = 74$) und dieses bei der „Seitenkette“ abzieht ($42 - 1 = 41$), dann erhält man als Summe für die Grundstruktur 591 und für die Seitenketten 333. Beide Summen sind ebenfalls Vielfache von 37.

In der Gruppe der ungeteilten Codon-Familien ergeben sich folgende auffällige Zahlenverhältnisse: Summe der Seitenketten: $333 = 37 \cdot 3^2$, Summe der Grundstrukturen: $592 = 37 \cdot 4^2$ und Summe insgesamt: $925 = 37 \cdot 5^2$. Damit liegt hier ein Beispiel für ein pythagoreisches Tripel vor: $3^2 + 4^2 = 5^2$.

Die mathematischen Besonderheiten in der Codon-Tabelle, in der die Ziffer 37 regelmäßig wiederkehrt, mögen als belanglose Tatsache erscheinen. Dennoch kann man festhalten, dass darin für uns ein auffälliges Muster erkennbar ist. Ist das mehr als Zufall?

Zusammenfassung der bemerkenswerten Besonderheiten

Wir sind also mit folgenden bemerkenswerten Besonderheiten der tabellarisch dargestellten Codons konfrontiert:

Gly	Ala	Ser	Pro	Val	Thr	Cys	Leu	Ile	Asn
1	15	31	42-1	43	45	47	57	57	58
Asp	Gln	Lys	Glu	Met	His	Phe	Arg	Tyr	Trp
59	72	72	73	75	81	91	100	107	130

Abb. 2 a Genereller Aufbau einer Aminosäure. b Aminosäure Prolin.

Abb. 3 Die Reste R (Seitenketten) der 20 Aminosäuren und ihre Molekulargewichte.

Optimalität des genetischen Codes

Das in diesem Artikel beschriebene „Wow-Signal“ des genetischen Codes betrifft Aspekte, die allem Augenschein nach keine biologisch-funktionale Bedeutung haben. Der genetische Code scheint aber auch bezüglich funktionaler Aspekte ausgesprochen optimiert zu sein. Man kann argumentieren, dass ein Designer den Code wohl kaum hätte besser entwerfen können – ein klares Design-Indiz! Hier soll in Kurzform erklärt werden, woran sich die Optimalität des genetischen Codes zeigt (nach JUNKER & SCHERER 2013, Abschnitt IV.8.2).

Ein Code ist eine Vereinbarung zur Codierung bzw. Decodierung von Information. Es gibt verschiedene Möglichkeiten, um einen Code zu definieren. Ein wichtiges Kriterium ist die Eindeutigkeit der Codierung sowie Optimierungsziele zum Beispiel bezüglich Speicherbedarf oder Fehlertoleranz. Auch den genetischen Code kann man auf seine Qualität hin untersuchen – und zwar zum einen bezüglich der Optimalität des gewählten *Code-Systems* (Codierung durch Triplets aus vier Basen) und zum anderen bezüglich der Optimalität der *tatsächlichen Codierung* der 20 Aminosäuren (vgl. Abb. 1).

Optimalität des Codesystems

Die denkbaren Code-Systeme unterscheiden sich in erster Linie im erforderlichen Materialeinsatz und der Fehlertoleranz. In Abb. 4 sind die relevanten, prinzipiell möglichen Codesysteme aufgeführt. In den Feldern ist jeweils die Anzahl der codierbaren Symbole angegeben; sie ergibt sich aus der Wortlänge multipliziert mit der Anzahl der unterschiedlichen Buchstaben (bei der DNA sind das die N-Basen. Im Falle der genetischen Information müssen mindestens 20 Aminosäuren codiert werden. Alle Felder mit weniger als 20 codierbaren Symbolen können folglich nicht verwendet werden. Als potentiell optimale Kandidaten kommen alle Codierungssysteme entlang der eingezeichneten Grenzlinie in Frage.

Betrachten wir als nächstes die Kopiervorgänge in genetischen Systemen, so stellen wir fest, dass wegen der Komplementarität der Basen nur Codesysteme mit einer *geraden* Anzahl von Basen in Frage kommen. Wir können von daher den Ternärcode (Feld 3) und den Quinärcode (Feld 5) ausschließen. Von den verbleibenden Kandidaten scheidet der Binärcode mit seiner Codierung durch 5 Bit (Feld 2) aus, da seine Speicherung gegenüber dem Quaternärcode mit Triplets um 67% materialaufwändiger wäre als Alternative 4. Es verbleiben die Möglichkeiten 4 und 6. Zwar ist die Codierung durch Triplets mit 4 Basen um 50% materialaufwändiger als

Abb. 4 Die prinzipiellen Möglichkeiten, einen Code mit gleich langen Wörtern zu konstruieren. Jedes Feld repräsentiert durch die Zahl der verwendeten unterschiedlichen Buchstaben *n* und die Wortlänge *L* ein bestimmtes Codesystem. *m* = Anzahl der möglichen Kombinationen des Codesystems. (Nach GITT 2002)

die Codierung mit 6 Basen durch Dubletten, jedoch wird dieser scheinbare Nachteil durch die deutlich einfachere Übersetzungsmaschinerie sowie die höhere Fehlertoleranz durch die mögliche Redundanz – insgesamt sind 64 statt 36 Symbole codierbar – übertroffen. Man kann also festhalten, dass das beim genetischen Code verwendete Codesystem zu einem hohen Grad optimal ist, wenn man Codierungsaufwand, Speicheraufwand und Fehlertoleranz gleichzeitig berücksichtigt.

Optimalität der Codierung

Der zweite Optimalitätsgesichtspunkt ist die tatsächliche Codierung der 20 Aminosäuren, d. h. die Codierungstabelle (vgl. Abb. 1). Dabei ist insbesondere wichtig, dass bei den zahlreichen Kopiervorgängen in der Zelle möglichst wenige schwerwiegende Fehler (Mutationen) auftreten. Beispiele für Fehler bei Kopiervorgängen in der Natur sind die Verwechslung einer Base bei der Replikation, beim Kopieren auf messenger-RNA (mRNA) oder die Anlagerung der falschen tRNA an die mRNA-Kopie des Gens, wodurch die falsche Aminosäure eingebaut wird. Letzterer Fehler betrifft meist die dritte Base des Triplets (vgl. Abb. 1).

Interessanterweise nutzt der genetische Code alle verfügbaren tatsächlichen Kombinationen für die größtmögliche Redundanz bei der Codierung aus. Von den 64 möglichen Kombinationen codieren 61 für 20 Aminosäuren und die verbleibenden 3 für das Stopp-Codon. Die redundante Codierung der 20 Aminosäuren ist so angelegt, dass gerade die häufig auftretenden Fehler in der letzten Position am besten

abgefangen werden. Das wird dadurch erreicht, dass die Triplets, die sich nur in der letzten Position voneinander unterscheiden, in vielen Fällen dieselbe Aminosäure codieren (vgl. Abb. 1). Dadurch führt eine andere Nukleobase in der fehleranfälligen dritten Position nicht einmal zu einer anderen Aminosäure (zwei Triplets, welche die gleiche Aminosäure codieren, nennt man synonym). Die vorgefundene Zuordnung scheint in dieser Hinsicht tatsächlich optimal zu sein (FREELAND et al. 2003).

Entsteht durch die Veränderung einer einzelnen Position doch eine andere Aminosäure, so kann dies schwerwiegende Folgen haben, z. B. wenn dadurch eine hydrophobe (wasserabweisende) Aminosäure durch eine hydrophile (wasserlösliche) ersetzt wird. Doch auch in dieser Hinsicht scheint der Code optimiert zu sein. Untersuchungen haben gezeigt, dass nicht nur möglichst ähnliche Triplets einer Aminosäure zugeordnet sind, sondern dass Triplets, die sich in nur einer Position unterscheiden, häufig Aminosäuren mit zumindest ähnlichen Hydrophobie-Eigenschaften codieren.

Von HAIG & HURST (1991) durchgeführte systematische Experimente haben gezeigt, dass die Codierung beim genetischen Code gerade so beschaffen ist, dass nur zwei von 10 000 zufällig generierten Codes eine bessere Fehlertoleranz aufweisen. Neueste Studien, die weitere Eigenschaften berücksichtigen, zeigen, dass diese Zahl sogar bei einem in 1 000 000 liegt. Es scheint, dass sich die Qualität des genetischen Codes als umso besser erweist, je mehr Zusammenhänge verstanden und bei der Analyse berücksichtigt werden.

n Anzahl unterschiedlicher Buchstaben	Wortlänge = Anzahl der Buchstaben pro Wort				
	L = 2	L = 3	L = 4	L = 5	L = 6
	Dublett	Triplett	Quartett	Quintett	Sextett
	Wortlänge L →				
Binärcode n = 2	$m = n^L = 4$ 2 bit/Wort	$2^3 = 8$ 3 bit/Wort	$2^4 = 16$ 4 bit/Wort	$2^5 = 32$ 2 5 bit/Wort	$2^6 = 64$ 1 6 bit/Wort
Ternärcode n = 3	$3^2 = 9$	$3^3 = 27$ 3	$3^4 = 81$	$3^5 = 243$	$3^6 = 729$
Quaternärcode n = 4	$4^2 = 16$	$4^3 = 64$ 4	$4^4 = 256$	$4^5 = 1024$	$4^6 = 4096$
Quinärcode n = 5	$5^2 = 25$ 5	$5^3 = 125$	$5^4 = 625$	$5^5 = 3125$	$5^6 = 15625$
Senärcode n = 6	$6^2 = 36$ 6	$6^3 = 216$	$6^4 = 1296$	$6^5 = 7776$	$6^6 = 46656$

- Geteilte und ungeteilte Codon-Familien sind ausgeglichen und durch die Rumer-Transformation miteinander verknüpft.

- Die den Codons zugeordneten Aminosäuren bzw. Funktionen unter den geteilten Codon-Familien hängen grundsätzlich vom chemischen Aufbau der dritten N-Base (Purin/Pyrimidin) ab.

- Die Summe der Molekulargewichte der Aminosäuren, die in den ungeteilten und geteilten Codon-Familien codiert sind, stellen Vielfache von 37 dar. Dies gilt für die Summe der Grundstrukturen und der Seitenketten.

- In der ungeteilten Codon-Familie ergibt sich das pythagoreische Tripel aus der Summe für Grundstruktur, Seitenketten (R) und dem Gesamtgewicht der Aminosäuren.

SHCHERBAK & MAKUKOV zeigen in ihrer Publikation noch weitere Besonderheiten in der Codon-Tabelle auf. Diese kurze Auswahl soll Interesse wecken, den frei verfügbaren Artikel selbst zu lesen und darüber nachzudenken.

Die Autoren jedenfalls erkennen in den genannten Beobachtungen am tabellarisch dargestellten genetischen Code, also der Zuordnung von N-Basen-Tripletts und den damit codierten Aminosäuren überzeugende Hinweise auf intelligentes Design. Die unverkennbaren Muster können nach ihrer Ansicht nur von intelligenten Wesen erkannt werden und haben keinen funktionalen oder biologischen Sinn. Weiter sehen sie im Zusammenhang mit der tabellarischen Form der 37-er Folge einen Hinweis darauf, dass der „Designer“ das Dezimalsystem benutzt hat.

Diskussion

Es ist schon lange bemerkt worden, dass die Zuordnung der N-Basen-Tripletts und der entsprechenden Aminosäuren im genetischen Code nicht zufällig ist, sondern optimal für das Leben. Der genetische Code ist sehr effizient für die Minimierung der Auswirkungen von Mutationen und Kopierfehlern. Selbst für den Fall, dass eine Mutation den Einbau einer anderen Aminosäure verursacht, weist diese mit hoher Wahrscheinlichkeit ähnliche physikalisch-chemische Eigenschaften wie die ursprüngliche auf (FREEMAN 1998; 2003).

Der genetische Code: bemerkenswert effizient und einzigartig.

Es sind weitere biologische bedeutsame Eigenschaften des genetischen Codes gefunden worden. So gibt es z.B. Zusammenhänge zwischen der Zuordnung der Aminosäuren und deren Biosynthesen (TAYLOR & COATES 1989). In der wissenschaftlichen Literatur besteht

weitgehend Übereinstimmung darin, dass der genetische Code bemerkenswert effizient und einzigartig ist (vgl. Kastentext).

In ihrer Veröffentlichung liefern SHCHERBAK & MAKUKOV weitere Hinweise für die nicht-zufällige Zuordnung im genetischen Code. Darüber hinaus zeigen sie, dass dieser aus ihrer Sicht unmissverständliche Indizien für intelligentes Design aufweist.

Üblicherweise erfolgen Rückschlüsse auf Design aufgrund dessen, dass ein System hochentwickelt ist oder dass die Wahrscheinlichkeit einer natürlichen Entstehung sehr gering ist. Im Blick auf den genetischen Code könnte man hier seine Effizienz und die damit verbundene minimale Fehleranfälligkeit (hoher Grad an Vollkommenheit) anführen und die extrem geringe Wahrscheinlichkeit, dass ein solches System zufällig entsteht.

SHCHERBAK & MAKUKOV sprechen von durch Intelligenz leicht erkennbaren Signalen.

SHCHERBAK & MAKUKOV (2013) gehen jedoch einen bedeutenden Schritt weiter, sie stützen ihre Folgerungen nicht auf Wahrscheinlichkeitsabschätzungen, die in diesem Fall sehr schwierig und wenig aussagekräftig wären. Sie sprechen von erkennbaren intelligenten Signalen. Ein intelligentes Signal weist Kennzeichen auf, die nur durch Intelligenz erkannt werden können – und das sehr leicht. Diese Kennzeichen haben keine physikalische Bedeutung und existieren nur im Geist.

Das wiederholte Vorkommen von Zahlen aus der 37-er Reihe bei den kumulierten Molekulargewichten von logisch angeordneten Aminosäuren, die durch den genetischen Code festgelegt sind, hat keine biologische Funktion oder Bedeutung. Menschen haben das periodische System der Elemente entworfen und die entsprechenden Atomgewichte bestimmt. Das Periodensystem der Elemente stellt eine intelligente Anordnung dar, in der Eigenschaften der jeweiligen Elemente erkennbar werden, ohne dass alle Eigenschaften detailliert aufgeführt werden müssten. Eine solche Anordnung in einem periodischen System ist nur bedeutsam für intelligente Wesen und macht sonst keinen Sinn. In ähnlicher Weise existieren die Symmetrien und mathematischen Muster in der tabellarischen Anordnung des genetischen Codes, die nur abstrakte Ableitungen darstellen, nur im Geist. Diese Merkmale kennzeichnen Signale von intelligentem Design.

Wenn man das Muster erkannt hat, kann eine intelligente Person einfach erkennen, dass Prolin trotz seiner etwas abweichenden Struktur als eine

typische Aminosäure betrachtet werden sollte. Mit einer minimalen Veränderung (Harmonisierung) ist das glänzende mathematische System gerettet. Auf eine solche Harmonisierung kommt ein intelligenter Geist intuitiv, da er immer nach Verallgemeinerungen und einheitlichen Mustern sucht. Wir sprechen ja auch von 20 Aminosäuren, die am Aufbau von Proteinen beteiligt sind, obwohl Prolin eigentlich eine Iminosäure ist; wir harmonisieren häufig.

Die schönen mathematischen und nicht-mathematischen Muster in der tabellarischen Darstellung des genetischen Codes existieren ausschließlich im Geist; sie sind vorhanden, obwohl sie keine biologische Relevanz haben. Dies zeigt ein intelligentes Signal an und unterscheidet sich von einem typischen biologischen Merkmal. Die Notwendigkeit zur Harmonisierung sollte daher nicht als Schwäche des Arguments für intelligentes Design gelten, sondern als eine Stärke!

Literatur

- FREEMAN JS (1998) The genetic code is one in a million. *J. Mol. Evol.* 47, 238-248.
- FREEMAN SJ (2003) The case for an error minimizing standard genetic code. *Origins Life Evol. Biosph.* 33, 457-477.
- FREELAND SJ, WU T & KEULMANN N (2003) The case for an error minimizing standard genetic code. *Origins Life Evol. Biosph.* 33, 457-477.
- HAIG D & HURST LD (1991) A quantitative measure of error minimization in the genetic code. *J. Mol. Evol.* 33, 412-417.
- GITT W (2002) Am Anfang war die Information. Holzgerlingen.
- JUNKER R & SCHERER S (Hg, 2013) Evolution. Ein kritisches Lehrbuch. Gießen, 7. Auflage.
- SHCHERBAK V & MAKUKOV MA (2013) The "Wow! signal" of the terrestrial genetic code. *Icarus* 224, 228-242.
- TAYLOR FJR & COATES D (1989) The code within the codons. *BioSystems* 22, 177-187.

Anschrift des Verfassers:

*Juri van Dam, Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn;
email: juri.vandam@gmail.com*

■ BIOLOGIE

Der Mensch und sein Genom. IV. Epigenetik

Die umfangreichen Kenntnisse über das Erbgut vieler Organismen und die Mechanismen, wie die darin abgelegte Erbinformation genutzt wird haben viel zum Verständnis über den Bau von Lebewesen beigetragen. Das System wird aber zunehmend komplizierter: Die DNA ist ein Teil eines komplexen Netzwerks. Ihre Bausteine können – auch durch Umwelteinflüsse – chemisch so verändert werden, dass sie Spuren im Erbgut hinterlassen und sich so auf nachkommende Generationen auswirken können.

Harald Binder

Einleitung

J.-B. DE LAMARCK hat bereits lange vor DARWIN zu Beginn des 19. Jahrhunderts die Veränderlichkeit von Organismen zu erklären versucht. Auf ihn geht die Idee zurück, dass Merkmale, die im Laufe des Lebens erworben wurden, an die nächste Generation vererbt werden könnten. Im Biologieunterricht gehören die Giraffen, die ihren Kopf nach immer höheren Nahrungsquellen strecken und dadurch einen immer längeren Hals bekommen, zu den Standardbeispielen. DARWINS

Erklärung zur Entstehung der Arten durch zufällige Variation und Selektion hat sich jedoch durchgesetzt, und Generationen von Schülern haben die Argumente gelernt, warum DARWIN Recht hat und LAMARCKS Erklärung falsch sei.

Nun gibt es inzwischen aber eine Reihe von Studien, die belegen, dass Umwelteinflüsse bei Tieren und Menschen – wie z.B. der Kontakt mit DDT oder Dioxinen – dazu führen können, dass in den nächsten Generationen bestimmte Krankheitsbilder wie Fettleibigkeit oder Diabetes gehäuft auftreten. Vererbung erworbener

Eigenschaften konnte z.B. in Pflanzen, Würmern, Fliegen und Fischen beobachtet werden. Bei diesen Vererbungen wird aber die Abfolge der DNA-Bausteine A, C, G und T nicht verändert, sondern Merkmale auf andere Weise an die nächste Generation weitergegeben.

In der „Epigenetik“ werden solche Faktoren und Mechanismen untersucht, die der DNA „aufgesetzt“ sind und deren Funktion beeinflussen können. Die Epigenetik führt uns eine weitere staunenswerte Dimension der Vererbung vor Augen. Die Erklärungsversuche von LAMARCK müssen daher heute differenzierter betrachtet werden.

Epigenetik

Die Genetik im Sinne von „Vererbungslehre“ untersucht die Prozesse und Gesetzmäßigkeiten, die bei Weitergabe von Merkmalen an die nächste Generation (z.B. bei der Zellteilung oder der Zeugung von Nachkommen) beteiligt sind. Gregor MENDEL hatte Mitte des 19. Jahrhunderts Zusammenhänge und Regelmäßigkeiten bei umfangreichen Kreuzungsversuchen mit verschiedenen Pflanzen beobachtet und mittels seiner bekannten Vererbungsgesetze beschrieben. Im Jahr 1953 beschrieben WATSON & CRICK das Modell der DNA-Doppelhelix und merkten am Ende ihrer bahnbrechenden Veröffentlichung an: „Es ist unserer Aufmerksamkeit nicht entgangen, dass die spezifische Paarbildung, die wir postuliert haben, unmittelbar einen möglichen Kopiermechanismus für das genetische Material nahe legt.“¹ Diese Feststellung hat wesentlich dazu beigetragen, dass seither die DNA im Fokus der Molekulargenetik steht.

Die Epigenetik führt uns eine weitere staunenswerte Dimension der Vererbung vor Augen.

Die umfangreichen Forschungen an den molekularen Grundlagen der Vererbung haben inzwischen aber auch zu der Erkenntnis geführt, dass ein wichtiger Teil der für die Entwicklung von Zellen und Organismen erforderlichen Informationen gar nicht in der DNA-Sequenz selbst liegt. In der Vorsilbe „epi“ im Begriff „Epigenetik“ kommt zum Ausdruck, dass etwas „dazu“ kommt, das „außerhalb“ der bisher bekannten DNA-zentrierten Mechanismen bei Vererbungs- und Entwicklungsvorgängen liegt und von wesentlicher Bedeutung ist.

Derzeit werden vor allem drei verschiedene biochemische Phänomene untersucht, die epigenetische Prägungen auf der molekularen Ebene begleiten oder verursachen:

Kompakt

Die Forschung der Epigenetik hat ein weiteres Fenster geöffnet, durch das wir erkennen können, dass nicht nur die DNA ein zentrales informationstragendes Biomakromolekül bei Vererbungsvorgängen ist. An der DNA und auch an Proteinen, die mit DNA in Kontakt stehen, sind chemische Markierungen vorhanden, die sehr unterschiedliche Muster aufweisen und damit ebenfalls Information beinhalten bzw. weitergeben. Die Muster sind sehr variabel und stehen im Zusammenhang mit Veränderungen von Merkmalskomplexen bei sich teilenden Zellen (Differenzierung). Die Epigenetik zeigt, dass diese chemischen Modifikationen sowohl die Vererbung erworbener Eigenschaften an die nächsten Generationen ermöglichen, als auch die individuelle Entwicklung (Ontogenese) und die lebenslange neuronale Flexibilität sicherstellen. Die Frage nach der Entstehung solcher komplexen, fein abgestimmten Regelnetzwerke drängt sich auf. Ob epigenetische Mechanismen evolutionäre Erklärungen zur Entstehung der Arten stärken, ist ausgehend vom derzeitigen Kenntnisstand fraglich – das Orchester spielt scheinbar ohne Dirigent und Komponist.

- durch kleine Methylgruppen veränderte DNA-Bausteine (Anfügen von $-CH_3$)
- Änderungen im Chromatin* durch chemische Modifikation der Histone*
- Wechselwirkungen der DNA mit RNA-Molekülen, die nicht für Proteine codieren

Diese Prozesse werden nachfolgend kurz vorgestellt und dann erläutert, wie sie zur Erklärung von beobachteten Vererbungsvorgängen beitragen.

Chemische Modifikationen an DNA-Bausteinen

Die Arbeitsgruppen von Walter GILBERT und Frederick SANGER entwickelten Mitte der 1970-er Jahre Methoden zur Sequenzierung von DNA-Molekülen, d.h. man konnte die Abfolge der „Buchstaben“ (Nukleotide) des Erbguts lesen. Im Zusammenhang mit dem Projekt zur Entschlüsselung des menschlichen Genoms (Human Genome Project, HGP) sind diese Methoden weiterentwickelt und durch leistungsfähigere Methoden ersetzt worden. Die heute verfügbare Technik erlaubt es innerhalb weniger Tage, nahezu² das gesamte Erbgut (Genom*) eines Menschen zu sequenzieren. Durch die Verfügbarkeit solcher leistungsfähiger, weitgehend automatisierter Technologien werden täglich neue DNA-Proben von den verschiedensten Organismen analysiert.

Nachdem man ungewöhnliche Arten der Vererbung entdeckt hatte, ist bei sorgfältigen Untersuchungen des Erbguts aufgefallen, dass manche „Buchstaben“ der DNA (A, C, G und T; für die vier Basen Adenin, Cytosin, Guanin und Thymin) chemisch modifiziert sind: sie enthalten eine Methylgruppe – man kann sich das anschaulich wie einen kleinen „chemischen i-punkt“ auf dem DNA-Buchstaben vorstellen.

In zwei einflussreichen Veröffentlichungen im Jahr 1975 wurde dokumentiert, dass vor allem

Henne und Ei: Ein Blick zurück

Das Henne-Ei-Problem ist ein anschauliches Beispiel, an dem Philosophen bereits in der Antike unterschiedliche Ideen zur Entstehung und Ausbreitung des Lebens diskutiert haben. Auch eine Abwandlung dieses Themas, nämlich die Frage: „Wie wird aus dem Ei eine Henne?“ wurde z. B. von ARISTOTELES (384-322 v. Chr.) bereits empirisch untersucht. Dabei beobachtete er Hühnereier in unterschiedlichen Entwicklungsstadien und die sich darin entwickelnden Küken. Für seine Erklärungsversuche gebrauchte er den Begriff „eidos“. Er umfasst ein weites Bedeutungsspektrum. ARISTOTELES drückt damit aus, dass die Materie in einer typischen, für diese Art spezifischen Weise ausgeprägt wird.

Auch den Begriff „Epigenese“ verwendet er und formuliert damit den Gedanken, dass sich bei der Entwicklung eines Lebewesens Strukturen wie z. B. Organe ganz neu formen und nicht bereits in Ei- oder Samenzellen in Miniatur vorgebildet waren, wie es von anderen, z. B. von ANAXAGORAS (499-428 v. Chr.) vertreten wurde. Dessen als Präformationslehre bezeichnete Position wurde also bereits in der Antike kontrovers diskutiert. Die

Auseinandersetzung zwischen diesen beiden Positionen, Epigenese und Präformation, erlebte im 17. und 18. Jahrhundert durch den überragenden Erfolg der NEWTON'schen Mechanik und DESCARTES' Dualismus noch einmal eine Blüte (LAUBICHLER 2005).

Für die moderne Naturwissenschaft hat der britische Entwicklungsbiologe C. H. WADDINGTON (1905-1975) den Begriff der Epigenetik eingeführt. Er arbeitete u. a. mit H. SPEMANN in Freiburg und T. H. MORGAN in Kalifornien zusammen (der die Taufliege *Drosophila* als Modellorganismus für die Genetik eingeführt hat). In seinem Buch *The Strategy of the Genes* (1957) illustriert WADDINGTON anhand zweier Abbildungen seine Vorstellungen von Epigenetik im Zusammenhang mit der Entwicklung eines Lebewesens: Darin durchläuft eine Kugel, die den Verlauf der Entwicklung eines Lebewesens repräsentiert, eine strukturierte, mit Tälern durchzogene abschüssige Landschaft. In diesen sich verzweigenden Tälern kann die Kugel jetzt – durch verschiedene Faktoren beeinflusst – auf unterschiedlichen Wegen bergab rollen. Die Gestaltung der Landschaft, d. h. die Anlage

und der Verlauf der Täler, wird durch verschiedene Faktoren in komplexer Weise verursacht (Abb. 1a, b). WADDINGTON bezeichnete mit Epigenetik ein Forschungsfeld, in dem Genetik und Embryonalentwicklung gemeinsam im Blickfeld sind und untersucht werden. Daher wird er in der Literatur zur Evolutionären Entwicklungsbiologie (EvoDevo) als einer deren maßgeblichen Pioniere zitiert (siehe JUNKER 2009).

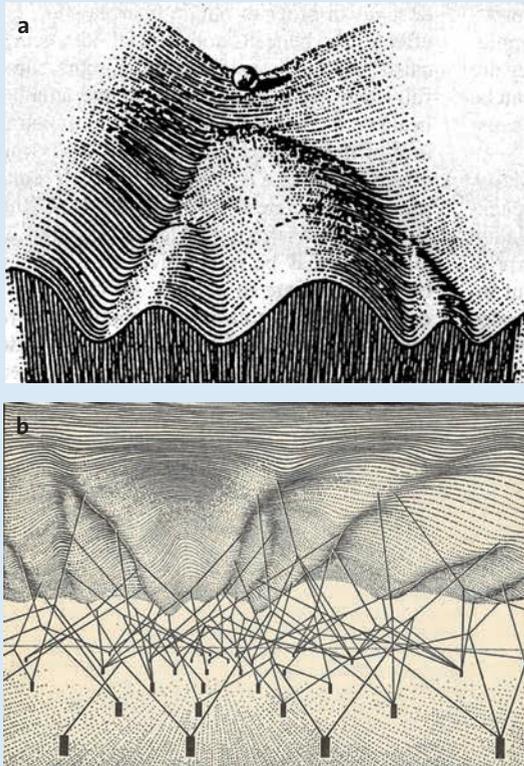


Abb. 1 a Modell einer Entwicklungslandschaft; b Blick hinter die Kulissen: die Landschaft wird durch ein komplexes Netzwerk gestaltet. (Nach WADDINGTON 1957, 29 und 36)

Cytosine (s. Abb. 2) methyliert sind und zwar typischerweise, wenn direkt auf C ein G folgt. Diese Muster werden CpG* genannt. Schon damals wiesen die Autoren darauf hin, dass diese methylierten CpG-Bereiche eine epigenetische Markierung darstellen könnten (JONES 2012).

Das heißt, die DNA wird gezielt methyliert und diese Markierungen können bei der Zellteilung vererbt werden.

JONES (2012) schreibt in einem Übersichtsbeitrag, dass in Wirbeltieren mehr als die Hälfte der Gene methyliert sein kann, weil viele CG-Muster darin vorkommen, während der Rest des Genoms wenig CG aufweist. Findet sich die CpG-Methylierung z. B. in der Nachbarschaft von Startstellen für die Gene, so werden diese blockiert. Befinden sich hingegen Methylierungen innerhalb des Gens selbst, wird die Ausprägung des Gens eher verstärkt.

Methylierte DNA und Vererbungsphänomene

Vor allem die beschriebenen Methylierungen von DNA-Bausteinen werden zur Erklärung verschiedener Beobachtungen bei Vererbungsvorgängen genutzt. Typischerweise gehen auch in diesem Forschungsbereich Entdeckungen auf krankhafte Abweichungen vom Normalfall zurück. Epigenetische Einflüsse scheinen aber an vielen normalen physiologischen Prozessen beteiligt zu sein.

In verschiedenen Studien wurde gezeigt, dass Mütter, deren Schwangerschaft in Hungerzeiten fiel, also durch massive Mangelernährung geprägt war, ihren Kindern und Enkeln Veranlagungen für Herz-Kreislauf-Erkrankungen vererbten. Auch im Zusammenhang mit der Entstehung von Krebs werden epigenetische Ursachen untersucht.

Im Labor von SKINNER (2015) wurden trächtigen Ratten während der zweiten Schwangerschaftswoche hohe Dosen von kommerziellen Pflanzenschutzmitteln injiziert. Fast alle männlichen *Nachkommen* entwickelten daraufhin abnorme Hoden, die nur wenige vitale Spermien produzierten. Selbst männliche Ratten der vierten und fünften Generation waren von denselben Problemen betroffen. Auch bei Verabreichung von Kerosin und Dioxin an trächtige Ratten treten erbliche Störungen noch bis zur vierten Generation auf; in diesen Fällen zeigten sich eine veränderte Geschlechtsreife, Fettleibigkeit, krankhafte Veränderungen an Nieren, Eierstöcken und Prostata. Bei Nagetieren ist also wiederholt gezeigt worden, dass veränderte Methylierungsmuster über mehrere Generationen epigenetisch vererbt werden können (vgl. Abb. 3).

Bei der Explosion in einer Chemiefabrik in Seveso (Italien) wurde 1976 die dortige Bevölkerung hohen Dioxinbelastungen ausgesetzt. Bei ca. 1000 Frauen wurden der Dioxingehalt im Blutkreislauf gemessen und die gesundheitlichen Folgen im Verlauf der Zeit untersucht. Bei vielen Enkeln der von Dioxin geschädigten Frauen wurden auffällig hohe Schilddrüsen-

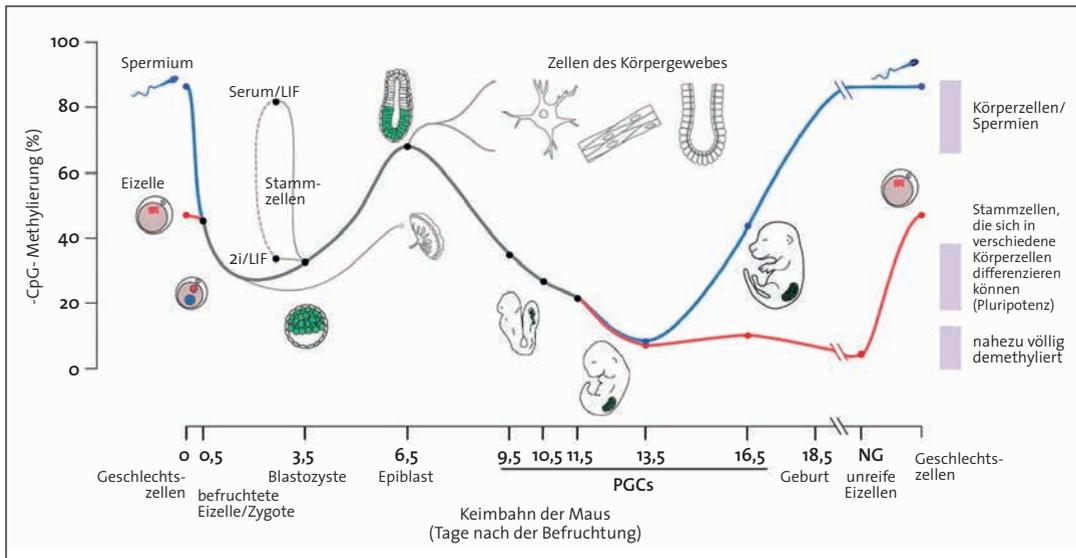


Abb. 2 Veränderungen im Methylierungsgrad von -CpG- bei Geschlechtszellen in verschiedenen Entwicklungsstadien der Maus. Männliche und weibliche Geschlechtszellen unterscheiden sich deutlich im Umfang der Methylierung. In der befruchteten Eizelle (Zygote) werden die Methylgruppen zunächst verringert, steigen dann an für die Bildung der Zellen für unterschiedliche Körpergewebe. Die Vorläuferzellen der Spermien werden nach Durchlaufen eines Minimums noch während der Embryonalentwicklung in großem Umfang methyliert. (Nach LEE et al. 2014; CC BY)

werte gemessen – auch hier liegt eine epigenetische Veränderung durch das Dioxin nahe.

DNA-Methylierung und die Embryonalentwicklung von Lebewesen

Bei Wirbeltieren beeinflussen DNA-Methylierungen allgemein die frühe Embryonalentwicklung, und außerdem embryonale Stammzellen und manche differenzierten Zellen, wie z. B. Blutzellen (Hämatopoese). SMITH & MEISSNER (2013) schreiben in einem Übersichtsartikel, dass trotz der Fülle von inzwischen angesammelten Kenntnissen zu methylierter DNA die exakten Zusammenhänge zwischen diesen und den entsprechenden Ausprägungen (Phänotyp) nach wie vor wegen ihrer außerordentlichen Komplexität (Vernetzung, Nichtlinearität, Anzahl beteiligter Molekültypen, Geschwindigkeit der Vorgänge) unklar bleiben.

Wie wird die DNA in Zellen gezielt und kontrolliert methyliert? Bereits seit vielen Jahren sind verschiedene Enzyme bekannt, die Methylgruppen (-CH₃) auf DNA übertragen, also dorthin „transferieren“ können; daher werden sie als DNA-Methyltransferasen (DNMT) bezeichnet. In jüngerer Zeit sind auch verschiedene Mechanismen zur Entfernung von -CH₃ von DNA beschrieben worden. Dabei zeigt sich, dass die Muster der methylierten DNA-Bereiche insgesamt erstaunlich dynamisch sind. Tatsächlich können verschiedene Gewebe und auch Entwicklungsstadien sehr zuverlässig anhand des Methylierungsgrades und des Verteilungsmusters der Methylierungen beschrieben werden. Dieses epigenetische Muster tritt erstmals in der Embryonalentwicklung in der frühen Phase nach der Einnistung der Eizelle auf und scheint die notwendige Voraussetzung dafür zu sein, dass 10.000–13.000 Gene in den verschiedenen Gewebetypen des sich bilden-

den Körpers in jeweils organspezifischer Weise exprimiert werden.

Im Gegensatz zum Erbgut in normalen Gewebezellen weist die DNA in unreifen Geschlechtszellen, Zellen früher Embryonen, aber auch die DNA embryonaler Stammzellen einen auffallend geringen Grad an Methylierung auf (nur 5–30% im Gegensatz zu 70–85% in normalen Zellen). Somit müssen bei der Entstehung dieser Zellen bis zu 15 Millionen Methylgruppen entfernt worden sein. Diese Zusammenhänge sind in Abb. 2 aus LEE et al. (2014) am Beispiel von Mäuseembryonen dargestellt.

Die Entfernung der Methylgruppen, d.h. die Löschung der epigenetischen Markierungen erfolgt in der Embryonalentwicklung in zwei Phasen. Zuerst werden nach der Befruchtung der Eizelle in der Zygote viele Methylgruppen entfernt. Nach einer Phase der Differenzierung der Zellen werden im Fötus ein weiteres Mal die epigenetischen Markierungen gelöscht. Wenn diese Demethylierungen vollständig ablaufen

Abb. 3 Agouti-Mäuse: Die beiden Mäuse haben gleiches Geschlecht und Alter; sie unterscheiden sich in Fellfarbe und Fettleibigkeit. Die unterschiedliche Erscheinungsform geht auf das Agouti-Allel *A^y* zurück. Dieses weist in beiden Organismen dieselbe DNA-Sequenz auf, ist aber jeweils unterschiedlich epigenetisch markiert. (Wikimedia Commons, CC BY 3.0)





Abb. 4 Normale und epigenetisch veränderte Blüten („Peloria“; rechts oben) des Leinkrauts *Linaria vulgaris*. (Wikimedia Commons, CC BY-SA 3.0; Peloria © Arne ANDERBERG, Naturhistorisches Reichsmuseum Stockholm)

würden, sollten eigentlich die gesamten epigenetischen Markierungen gelöscht sein. Offensichtlich bleiben aber bestimmte Methylgruppen von der Löschung verschont (FICZ 2015; SCHÜBELER 2015).

JURKOWSKA & JELTSCH (2013) stellen die molekularen Prozesse zur Methylierung von DNA und der Entfernung von Methylgruppen unter dem Begriff der genomischen Prägung (*genomic imprinting*) vor und betonen dabei besonders die Unterschiede der Geschlechter. Während ein weibliches Kind im Mutterleib heranwächst, werden die Eizellen für später bereits gebildet. Diese Eizellen werden während dieser Entwicklung bereits demethyliert, d.h. die Blockierung für das Ablesen der Gene für die nächste Generation wird aufgehoben. Im Gegensatz dazu geschieht dies bei Spermien erst nach der Befruchtung einer neuen Eizelle, d.h. in der Zygote (SURANI et al. 2007).

DNA-Methylierung und das Neuronalsystem

Neben der Embryonalentwicklung wird in vielen Studien der Einfluss von methylierter DNA auf die Entwicklung und Funktion von Nervenzellen und Nervensystemen untersucht. Die Nervenzellen der Großhirnrinde zeichnen sich im Gegensatz zu den Keimzellen dadurch aus, dass sie während der gesamten Lebensphase durch Anbringen und Abspalten von Methyl-

gruppen an der DNA neu programmiert werden können. Durch diese epigenetischen Veränderungen gewinnen die Neuronen hohe Plastizität, um neue Informationen integrieren und speichern zu können. Die Enzyme, die in der Embryonalentwicklung die DNA-Methylierungen entfernen (Tet1, -2 und -3), zeigen im Gehirn die höchste Aktivität (KEVERNE et al. 2015).

Die lebenslange Anpassungsfähigkeit des Gehirns und dessen Leistung spiegelt sich in einer anhaltenden Aktivität der Enzyme, die Methylgruppen an der DNA transferieren, wieder.

Modifikationen an Histonen

Neben den Methylierungen an DNA-Bausteinen sind in der Epigenetik noch weitere molekulare Veränderungen bekannt, die sich auf die Vererbung auswirken können und hier kurz beschrieben werden.

Histone sind Proteine, mit deren Hilfe die DNA im Zellkern platzsparend aufgewickelt und verpackt wird (Abb. 5). Bestimmte Aminosäuren der Histone – vor allem am Anfang und am Ende der jeweiligen Eiweißkette – können durch Anfügen von verschiedenen chemischen Gruppen modifiziert werden (z.B. Methyl-, Acetyl-, Phosphat- oder andere Gruppen). Dadurch wird die Verpackungsdichte der DNA in diesem Bereich verändert und damit auch deren Zugänglichkeit für weitere Prozesse. Die DNA muss für die Verarbeitung der darin enthaltenen Information z.B. mit weiteren Proteinen in Kontakt treten können, deren Zugang durch die veränderte Verpackung ggf. erschwert ist. Diese Veränderung in der Zugänglichkeit der DNA wirkt epigenetisch.

Zumindest ein Teil dieser chemisch veränderten Histone kann spezifisch von anderen Proteinen erkannt werden und dadurch als Signal für weitere Prozesse in der Zelle wirken. Manche Autoren diskutieren hier einen „Histon-Code“, der neben dem genetischen Code existiert (KÜHN & KOHLMMEYR 2014).

Nichtcodierende RNA-Moleküle

Im ENCODE-Projekt wurde dokumentiert, dass ein überraschend hoher Anteil der DNA im menschlichen Genom genutzt wird. Nur ein sehr kleiner Teil der DNA codiert tatsächlich Proteine (weniger als 2%), aber ein großer Teil der restlichen DNA wird dennoch in RNA-Moleküle umgeschrieben, die regulatorisch eingreifen. Auch dieser physiologische Einfluss von RNA-Molekülen ist vererbbar und stellt einen weiteren epigenetischen Faktor dar. Wenn beispielsweise Bienen ihre Larven mit einem

besonderen Nährstoff füttern (Gelée Royal) so wachsen neue Königinnen heran. Die so ausgelöste Differenzierung bei Bienenlarven in Königinnen geht auf steuernde RNA im Gelée Royal zurück.

Gemeinsam mit modifizierten Histonen und methylierten DNA-Nukleotiden bilden die nichtcodierenden RNA-Moleküle ein komplexes epigenetisches System, das vererbbar ist, ohne dass die DNA-Sequenz an sich davon betroffen ist. Dieses epigenetische Gesamtsystem beeinflusst die Entwicklung von Organismen in einem Ausmaß, das heute erst ansatzweise erkennbar ist.

Das menschliche Epigenom

Die bis heute bekannten epigenetischen Phänomene haben dazu geführt, dass koordinierte Anstrengungen eingeleitet wurden, um einen Überblick über das Epigenom des Menschen zu erhalten. Unter der Bezeichnung „Roadmap Epigenomics Consortium“ hat ein umfangreiches Autorenkollektiv (2015) Epigenome von 111 Menschen analysiert und die Daten als Referenz für zukünftige Forschung gesammelt und in der Zeitschrift *Nature* publiziert. In derselben Ausgabe ist gleichzeitig eine ganze Reihe von Arbeiten veröffentlicht worden, die sich mit verschiedensten Aspekten und Konsequenzen des Epigenoms befassen. Vor allem der Zusammenhang zwischen Krankheiten und Störungen von Entwicklungsprozessen durch epigenetische Abweichungen werden ins Blickfeld genommen.

Die am Projekt beteiligten Arbeitsgruppen haben die epigenetischen Muster von verschiedenen menschlichen Gewebetypen und Zellen charakterisiert. Die bisher vorliegenden

Glossar

Chromatin: Für Komplexe aus DNA und Proteinen (u. a. Histone) führte Walter FLEMMING 1879 den Begriff Chromatin ein. Chromatin ist ein wichtiger Bestandteil des Zellkerns. Der Name deutet darauf hin, dass Chromatin mit Farbstoffen anfärbbar (gr.: chroma = Farbe) und so mikroskopisch besser zu untersuchen ist. **-CpG-** steht für das Dinukleotid aus Cytidin und Guanosin; die beiden Nucleoside sind über eine Phosphodiesterbrücke mit einander verknüpft, welche mit p symbolisiert ist.

Genom: Das gesamte Erbgut eines Individuums.

Histone: Proteine, die im Zellkern von Eukaryoten gemeinsam mit anderen Proteinen und DNA das Chromatin bilden. Je zwei Kopien von vier verschiedenen Proteinen (H2A, H2B, H3 und H4) lagern sich zu einem Komplex zusammen, der als „Spulkörper“ für die DNA dient. Ein DNA-Abschnitt aus 146 Nucleotiden umschlingt den Histonkomplex in fast zwei Windungen und ist so kompakt und doch leicht zugänglich im Zellkern verfügbar.

Datensätze umfassen mehr als 2800 komplette menschliche Genome, 1821 Datensätze für Histon-Modifikationen sowie 360 Datensätze der dadurch ausgelösten Veränderungen. Für zukünftige Forschung liegen also derzeit Referenzdaten von 127 verschiedenen Menschen vor. Dabei sind jeweils Gewebeproben aus Gehirn, Herz, Muskeln, Magen-Darm-Trakt, Fett, Haut, Fortpflanzungsorganen, aus Immunzelllinien und verschiedenen Stammzelltypen untersucht worden. Auf dieser Grundlage wird weiter daran gearbeitet, um epigenetische Prozesse zu entschlüsseln.

Epigenetik und Evolution

In den Befunden der Erforschung der Epigenetik sehen manche Autoren Argumente, die evolutionäre Erklärungen stärken. So ist mit der Epigenetik ein Weg aufgedeckt worden, der es grundsätzlich ermöglicht, erworbene Eigenschaften an die Nachkommen weiterzugeben – ganz

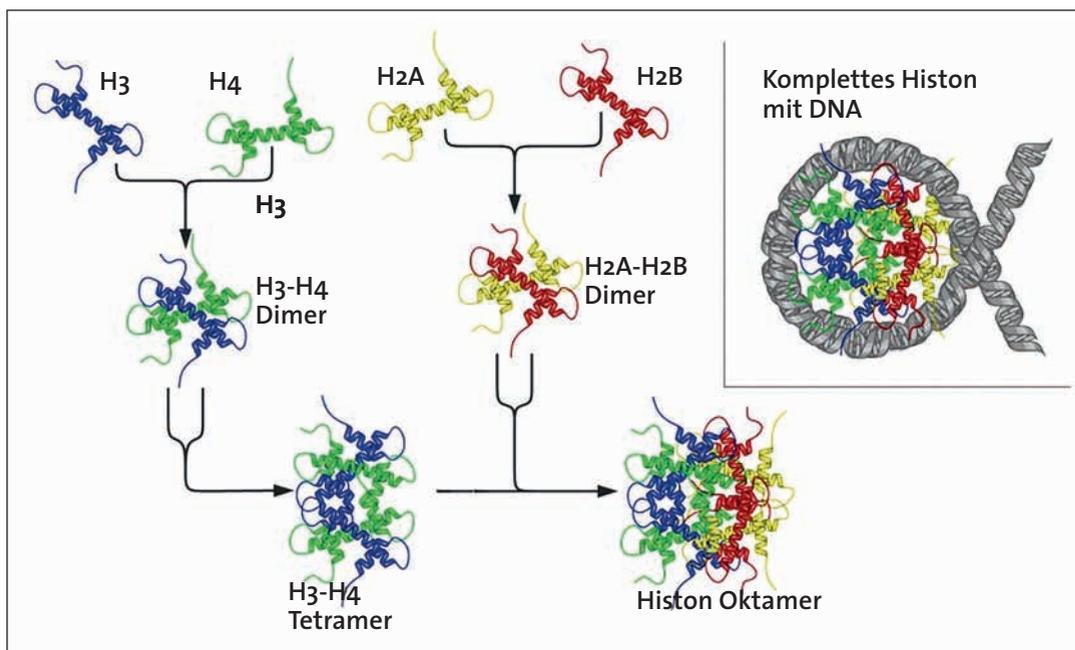


Abb. 5 Histonkomplex mit DNA (rechts oben): Der Histonkomplex setzt sich aus je 2 Kopien von vier verschiedenen Proteinen zusammen. Vor allem die Enden der Proteine, aber auch der innere Bereich kann durch Anfügen verschiedener chemischer Gruppen verändert werden. Dadurch wird auch die Dichte der Verpackung der DNA und damit auch deren Zugänglichkeit für weitere Nutzung verändert. (Wikimedia Commons)

im Sinne von LAMARCK (vgl. Einleitung). Damit ist neben der „normalen“ Genetik und den sog. DARWIN'schen Mechanismen ein weiterer Mechanismus beschrieben worden, der zu neuen Arten führen könnte.

Weiter treten epigenetische Veränderungen sehr viel häufiger als genetische Mutationen auf. Man vermutet, dass damit auch vorteilhafte Veränderungen häufiger auftreten als man das bisher von „vorteilhaften“ Mutationen vermutet hat. Mehr Veränderungen bedeutet aber auch, dass Veränderungen rascher auftreten. Hier könnte ein Faktor liegen, der rasche evolutive Veränderungen erklärt.

Andererseits mahnt die Erkenntnis, dass die epigenetischen Mechanismen der DNA „aufgesetzt“ sind – und damit zusammen mit dem Erbgut ein komplexes System darstellen – zur Vorsicht: So sind die oben angeführten Methylgruppen ja nicht willkürlich in der DNA anzutreffen, sondern finden sich an Schlüsselstellen, um Gene oder Regulationsabschnitte an- oder abzuschalten. Die Veränderungen der Histone machen in fertigen Zellen bestimmte DNA-Bereiche als Informationsspeicher unzugänglich.

Die Erkenntnisse über die Epigenetik machen ein übergeordnetes System und ein umfassenderes, noch komplexeres Konzept der Vererbung erforderlich.

Damit stellt sich die Frage, ob die Erkenntnisse über die Epigenetik im Grunde nicht ein übergeordnetes System oder ein umfassenderes, noch komplexeres Konzept erforderlich machen als es bisher aufgrund der „normalen“ molekularen Genetik zu erwarten war. Deren mutmaßliche Evolution wirft somit ganz neue, anspruchsvolle Fragen auf.

Für evolutive Prozesse ist auch problematisch, dass epigenetische Markierungen wieder rückgängig gemacht werden können und damit „gelöscht“ werden, d.h. sie sind im Verlauf der Generationen nicht stabil. Um für evolutionäre Prozesse bedeutsam zu werden, müssten die entsprechenden Informationen in den Populationen „festgehalten“, d.h. fixiert werden. Zwar ermöglichen die epigenetischen Prozesse mit ihren schnellen und reversiblen Mechanismen die Plastizität von Organismen, doch was das zur Evolution von Organismen beiträgt, muss offen bleiben (vgl. JUNKER 2014). Derzeitige Kenntnisse dieses komplexen codierten epigenetischen Regulationssystems legen einen zielgerichteten (teleologischen) Einfluss bei der Entstehung dieser aufeinander bezogenen und voneinander abhängigen Systeme nahe.

Von molekularer Genetik über Epigenetik zu ...? Schlussbemerkungen

Nach einer Etappe, in der mit ungeheuren Anstrengungen und großen Erwartungen das menschliche Genom erforscht worden ist (Human Genome Project), zeigt sich (auch nach manchen Ernüchterungen und unerfüllten Hoffnungen), dass in der DNA-Sequenz nicht die letzten und alleinigen molekularen Ursachen für die für Lebewesen typischen Erscheinungsformen gefunden werden können. Die Genomforschung erscheint aus heutiger Sicht eher am Beginn einer neuen Etappe zu stehen, auf der die Bearbeitung neuer Forschungsfelder ansteht. Die Epigenetik ist hier eine weitere Ebene des komplexen Geschehens, welches wir als Leben bezeichnen.

Die bisherigen Resultate lassen ein komplexes und vielschichtiges System von vernetzten Informationen und Regulationszusammenhängen erkennen, das uns in Staunen versetzt. Wir gewinnen Einblicke in molekulare Prozesse, die sehr fein aufeinander abgestimmt sind, damit sich aus einer befruchteten Eizelle (Zygote) ein vielzelliger, hochgradig differenzierter Organismus mit seinen verschiedenen aufeinander abgestimmten Organen entwickeln kann. Wir sind dabei zu lernen, wie solche molekularen Prozesse auch unser zentrales Nervensystem dynamisch vernetzen und Präge- und Lernvorgänge ermöglichen.

Wir entdecken molekulare Mechanismen, die sehr komplex verknüpft erscheinen und die Flexibilität und Plastizität von Lebewesen ermöglichen. Individuelle Erfahrungen von Lebewesen können – entgegen der lange Zeit bestrittenen Position des Lamarckismus – an nachkommende Generationen weitergegeben werden. Die bisher beschriebenen epigenetischen Phänomene lassen vorher ungeahnte Möglichkeiten zur Regulation erkennen, die bisher bekannte Prozesse der DNA-Biochemie („Genetik“) auf einer nächsten Organisationsebene vernetzen.

Bei diesen Überlegungen mag man sich an den Neurophysiologen und Nobelpreisträger John C. ECCLES erinnern, der in seinen Vorträgen und Publikationen für das Gehirn und seine Leistungen das Bild des Klaviers gebrauchte, von dem wir viele mechanische Details verstehen, aber auch wissen, dass wir die Tätigkeit eines Pianisten mit den naturwissenschaftlichen Untersuchungsmethoden nicht erfassen und den Pianisten damit schon gar nicht identifizieren können. Vielleicht passt ein ähnliches Bild von Denis NOBLE, dem Pionier der Systembiologie, sogar noch besser. NOBLE, der sich vehement dagegen verwehrt, dass die DNA an sich das „Buch des Lebens“

Mit der Erforschung der Epigenetik beginnen wir ein faszinierendes molekulares System kennenzulernen und zu verstehen, das sich weniger denn je aus sich selbst erklärt.

sei, hat sich erst jüngst zum Thema Epigenetik mit einem konzeptionellen Überblicksbeitrag geäußert (NOBLE 2015). In seinem Buch *The Music of Life* (2008) beschreibt der passionierte Gitarrenspieler biologische Strukturen und Systeme von Lebewesen als Musikinstrumente und den Organismus als ein Orchester. Auch dieser Vergleich ruft geradezu nach Dirigent und Komponist – NOBLE benennt ihn nicht und hofft, dessen Funktion durch Systemeigenschaften erklären zu können.

Mit der Erforschung der Epigenetik beginnen wir ein faszinierendes molekulares System kennenzulernen und zu verstehen, das sich weniger denn je aus sich selbst erklärt. Die jetzt bekannte, größer gewordene Komplexität verweist auf eine übergeordnete Instanz, die vergleichbar dem Komponisten und Dirigenten bei einem Orchester Voraussetzung für ein gelingendes Konzert ist.

Anmerkungen

- ¹ „It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material.“
- ² Es gibt im Genom Abschnitte, z.B. tausende von Wiederholungen in variabler Länge, die sich nach wie vor einer zuverlässigen Sequenzierung entziehen.

Literatur

- BONASIO R, TU S & REINBERG D (2010) Molecular signals of epigenetic states. *Science* 330, 612-616.
- FICZ G (2015) New insights into mechanisms that regulate DNA methylation patterning. *J. Exp. Biol.* 218, 14-20.
- JONES PA (2012) Functions of DNA methylation: islands, start sites, gene bodies and beyond. *Nature Comm.* 13, 484-492.
- JUNKER R (2009) Evo-Devo: Schlüssel für Makroevolution? 3. Genetische Akkommodation: Schritte zum Erwerb evolutiver Neuheiten? *Stud. Integr. J.* 16, 74-80.
- JUNKER R (2014) Plastizität der Lebewesen: Baustein der Makroevolution? <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-14-2-plastizitaet.pdf>
- JURKOWSKA RZ & JELTSCH A (2013) Genomic imprinting – der Kampf der Geschlechter auf molekularer Ebene. *Angew. Chem.* 125, 13766-13779.
- KEVERNE EB, PFAFF DW & TABANSKY I (2015) Epigenetic chances in the developing brain: Effects on behavior. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 112, 6789-6795.
- KÜHN S & KOHLMAYER J-HS (2014) Is the „Histone Code“ an organic code? *Biosemiotics* 7, 203-222.
- LAUBICHLER MD (2005) Systemtheoretische Organismuskonzeptionen. In: KROHS U & TOEPFER G (Hg) *Philosophie der Biologie*. Suhrkamp Verlag, Frankfurt a.M. 2005, 109-124.
- LEE HJ, HORE TA & REIK W (2014) Reprogramming the methylome: erasing memory and creating diversity. *Cell Stem Cell* 14, 710-719.
- LISTER R, MUKAMEL EA, NERY JR, URICH M, PUDDIFOOT CA, JOHNSON ND, LUCERO J, HUANG Y, DWORK AJ, SCHULTZ MD, YU M, TONTI-FILIPPINI J, HEYN H, HU S, WU JC, RAO A, ESTELLER M, HE C, HAGHIGHI FG, SEJNOWSKI TJ, BEHRENS MM & ECKER JR (2013) Global epigenetic reconfiguration during mammalian brain development. *Science* 341, doi: 10.1126/science.1237905.
- MCCARTHY N (2013) Epigenetics: Histone modification *Nature Rev. Cancer* 13, 379.
- NOBLE D (2015) Evolution beyond neo-Darwinism: a new conceptual framework. *J. Exp. Biol.* doi:10.1242/jeb.106310.
- NOBLE D (2008) *The music of life. Biology beyond genes*. Oxford University Press.
- NUGENT BM, WRIGHT CL, SHETTY AC, HODES GE, LENZ KM, MAHURKAR A, RUSSO SJ, DEVINE SE & MCCARTHY MM (2015) Brain feminization requires active repression masculinization via DNA methylation. *Nat. Neurosci.*, doi: 10.1038/nn3988.
- ROADMAP EPIGENETICS CONSORTIUM (2015) Integrative analysis of 111 reference human epigenomes. *Nature* 518, 317-330.
- SCHÜBELER D (2015) Function and information content of DNA methylation. *Nature* 517, 321-326.
- SMITH ZD & MEISSNER A (2013) DNA methylation: roles in mammalian development. *Nat. Comm.* 14, 204-220.
- SCHULTZ MD, HEY, WHITAKER JW, HARIHARAN M, MUKAMEL EA, LEUNG D, RAJAGOPAL N, NERY JR, URICH MA, CHEN H, LIN S, LIN Y, JUNG I, SCHMITT AD, SELVARAJ S, REN B, SEJNOWSKI TJ, WANG W & ECKER JR (2015) Human body epigenome maps reveal noncanonical DNA methylation variation. *Nature* 523, 212-216.
- SKINNER MK (2015) Vererbung der anderen Art. *Spektrum der Wissenschaft* 7/2015, 18-25.
- SURANI MA, HAYASHI K & HAJKOVA P (2007) Genetic and epigenetic regulators of pluripotency. *Cell* 128, 747-762.
- WADDINGTON CH (1942) The Epigenotype. *Endeavour* 1: 18-20; Reprint (2012) in: *Int. J. Epidemiology* 14, 10-13.
- WADDINGTON CH (1957) *The Strategy of the Genes*. George Allen & Unwin, London.
- WANG X, MILLER DC, HARMAN R, ANTICZKA DF & CLARK A (2013) Paternally expressed genes predominate in the placenta. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 110, 10705-10710.
- WATSON JD & CRICK FHC (1953) Molecular structure of nucleic acids. *Nature* 171, 737-738.
- ZHOU VW, GOREN A & BERNSTEIN BE (2011) Charting histone modifications and the functional organization of mammalian genomes. *Nat. Rev. Genet.* 12, 7-18.

Anschrift des Verfassers:

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

Nutzten „Vormenschen“ ihre Hand wie moderne Menschen?

Die frühen Homininen der Gattung *Australopithecus* werden im Evolutionsmodell als „Vormenschen“ oder „Affenmenschen“ gedeutet. Eine Forschergruppe (SKINNER et al. 2015a) schließt aus Details der Knochenstruktur der Mittelhandknochen bei zwei dieser Formen auf eine menschenähnliche Nutzung von Werkzeugen durch diese frühen Homininen, was deren Übergangstatus stützen würde. Gegen diese Studie gibt es jedoch begründete Einwände.

Michael Brandt

Schlüsse von Knochenbälkchen auf Werkzeugverhalten fossiler Homininen

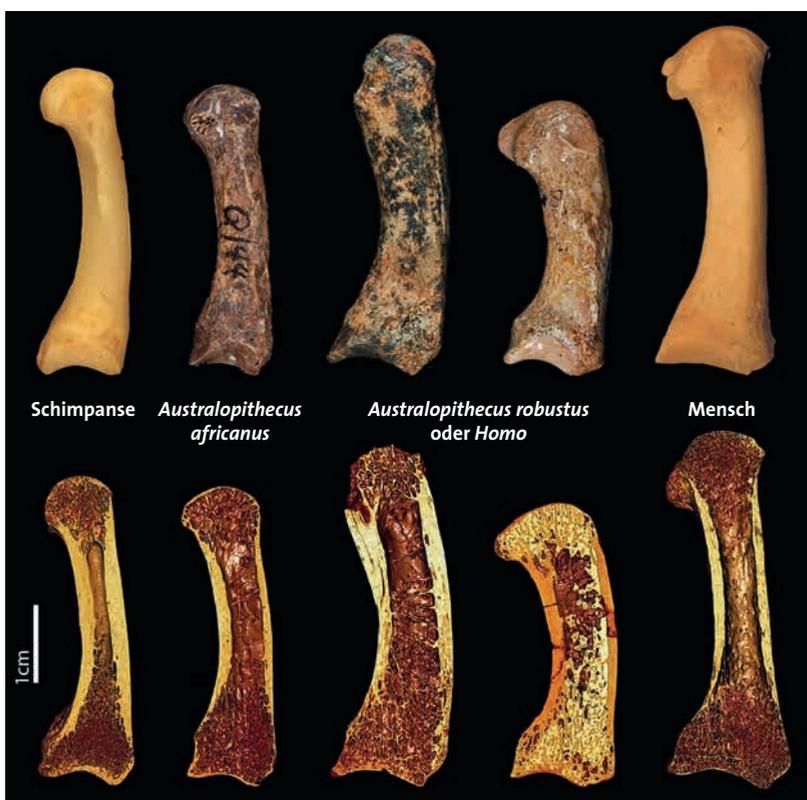
Die Max-Planck-Gesellschaft gab am 22. Januar 2015 in einer Pressemitteilung bekannt, dass Forscher um Matthew SKINNER und Tracy KIVELL vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie und der Universität Kent herausgefunden haben, dass frühe menschliche Vorfahren ihre Hände bereits wie moderne Menschen nutzten.¹ In weiteren populärwissenschaftlichen Veröffentlichungen wurde diese Fähigkeit al-

lerdings nicht wie in der ursprünglichen Pressemitteilung vom Max-Planck-Institut frühen menschlichen Vorfahren aus dem Tierreich, sondern Urmenschen zugeschrieben.² Zu den „frühen menschlichen Vorfahren“ gehören im Evolutionsmodell die Australopithecinen, die auch als „Vormenschen“ bezeichnet werden. Zu den „Urmenschen“ rechnet man dagegen echte Menschen (z.B. *Homo erectus*), zumindest aber nur Formen, die zur Gattung *Homo* gestellt werden. Manchmal ist die Zuordnung zu *Homo* auch unberechtigt wie bei „*Homo*“ *habilis* und „*Homo*“ *rudolfensis*.

Nach SKINNER et al. (2015a) war *Australopithecus africanus* wie der moderne Mensch zu kraftvollen Präzisionsgriffen fähig und konnte deshalb wie dieser Werkzeuge benutzen. Die Australopithecinen werden im Evolutionsmodell als „Vormenschen“ oder „Affenmenschen“ gedeutet. Im Schöpfungsmodell repräsentieren sie dagegen ausgestorbene Großaffen ohne historisch-verwandtschaftliche Beziehungen zum Menschen. Menschliche Fähigkeiten im Umgang mit Werkzeugen hatte man bisher nur der Gattung *Homo*, nicht aber den Australopithecinen zugetraut. Wie kam die Forschergruppe um SKINNER und KIVELL zu ihren aufsehenerregenden Schlussfolgerungen?

Üblicherweise versuchen Paläanthropologen von äußeren Merkmalen der Knochen wie z.B. Robustizität, Gelenkflächenmorphologie oder Struktur von Muskelansätzen auf die Funktion der Hand fossiler Homininen zu schließen. SKINNER, KIVELL und Kollegen wählten jedoch eine neue Untersuchungstechnik. Sie analysierten die innere bälkchenartige Gewebestruktur der Knochen, die sogenannten Trabekel (Abb. 1). Die Knochenbälkchen sind im Verlauf der Belastungslinien (Trajektorien) angeordnet. An Stellen mit erhöhter Belastung finden sich entsprechend

Abb. 1 Daumenmittelhandknochen mit Darstellung der trabekulären Knochenstruktur (sagittaler Mittellinienquerschnitt) von Mensch, Schimpanse und frühen Homininen. (<http://www.mpg.de/8876204/australopithecus-africanus-handB>)



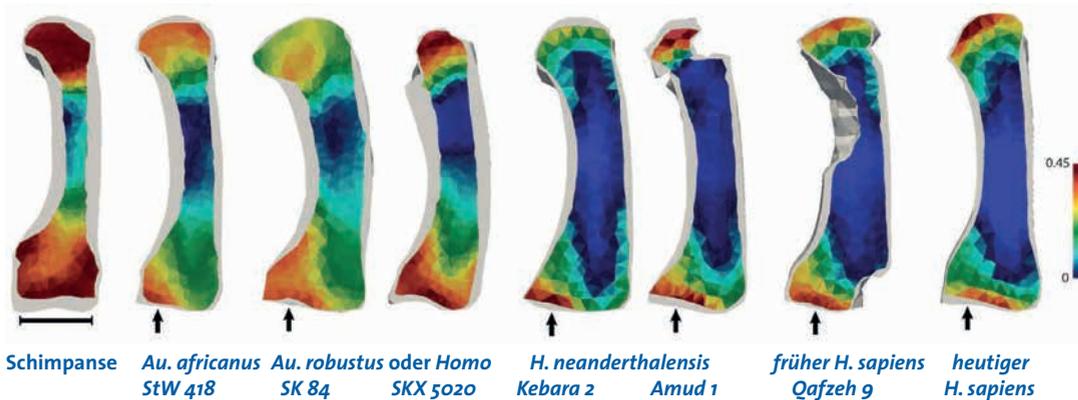


Abb. 2 Die Verteilung der trabekulären Knochendichte im Daumenmittelhandknochen des Schimpansen, früher Homininen, des Neandertalers und des *Homo sapiens*. *Au Australopithecus*, *H Homo*. Aus SKINNER et al. (2015a); Abdruck mit freundlicher Genehmigung.

dicht vernetzte Trabekel. Die Knochen trabekel unterliegen einem ständigen Umbau.

Unter den Handknochen der frühen Homininen interessierten sich die Forscher um SKINNER und KIVELL für die Mittelhandknochen. Dabei untersuchten sie zunächst die Verhältnisse beim Schimpansen und Menschen. Es wurde die Verteilung des trabekulären Knochens im Kopf und in der Basis des Daumenmittelhandknochens sowie im Kopf des Mittel- und Kleinfingermittelhandknochens untersucht. Die Ergebnisse wurden mit vermuteten Spitzenbelastungen dieser Knochen bei der Fortbewegung und dem manipulativen Verhalten des Schimpansen und beim Umgang mit Werkzeugen des Menschen korreliert. SKINNER et al. (2015a) konnten drei Unterschiede zwischen Mensch und Schimpanse aufzeigen:

1. Der Schimpanse weist einen hohen trabekulären Knochenvolumenanteil in den Mittelhandknochen auf. Beim Menschen ist dieser Anteil in den Mittelhandknochen dagegen gering.

2. Der Daumenmittelhandknochen vom Schimpansen verfügt über die höchste trabekuläre Knochendichte im Kopf distodorsal und in der Basis mit homogener Verteilung. Beim Menschen zeigt sich dagegen die höchste trabekuläre Knochendichte im Kopf distopalmar und in der Basis palmar.

3. Im Kopf des dritten und fünften Mittelhandknochens tritt die höchste trabekuläre Dichte beim Schimpansen und Gorilla distodorsal, beim Orang-Utan, den Gibbons und beim modernen *Homo sapiens* dagegen distopalmar auf. Dagegen findet sich nur beim modernen *Homo sapiens* die höchste Trabekelkonzentration asymmetrisch medial im Kopf lokalisiert. Bei allen untersuchten Menschenaffen ist diese Dichteasymmetrie nicht nachweisbar.

SKINNER et al. (2015a) untersuchten die trabekuläre Knochendichte auch bei Australopithecinen und fossilen Menschen.

Die Neandertaler Kebara 2 und Amud 1 und der frühmoderne *Homo sapiens* Qafzeh 9 weisen erwartungsgemäß eine ähnliche Lokalisation der höchsten trabekulären Knochendichte im

Daumen-, Mittelfinger- und Kleinfingermittelhandknochen wie der rezente *Homo sapiens* auf (Abb. 2). Beide fossile Menschentypen verfügen aber eher unerwartet über einen höheren trabekulären Knochenvolumenanteil als der moderne *Homo sapiens*. Dieser ist aber nicht so hoch wie beim Schimpansen.

Die Ergebnisse der frühen Homininen StW 418 (*Au. africanus*, 3–2 Millionen radiometrische Jahre), SK 84 und SKX 5020 (*Au. robustus?* *Homo?* 1,9–1,8 Millionen radiometrische Jahre) sind natürlich noch interessanter als die vom Neandertaler und modernen *Homo sapiens*.

Nach SKINNER et al. (2015a) weist der Daumenmittelhandknochen von *Australopithecus africanus* und SK 84 in der Basis die höchste trabekuläre Knochendichte menschenähnlich palmarseitig auf. SKX 5020 zeigt dagegen eine schimpansenähnlich homogen verteilte hohe trabekuläre Knochendichte in diesem Bereich (Abb. 2). Weiterhin stellten die Autoren bei *Australopithecus africanus* im Kopf des zweiten und dritten Mittelhandknochens sowie in geringerem Maß des vierten Mittelhandknochens ähnlich wie beim Menschen die höchste Konzentration des trabekulären Knochens distopalmar und asymmetrisch medial fest.

Die meisten untersuchten Mittelhandknochen der frühen Homininen weisen nach SKINNER et al. (2015a) zwar eine menschenähnliche trabekuläre Knochendichteverteilung auf, der Anteil des trabekulären Knochens am Gesamtvolumen des Knochens ist jedoch wie beim Schimpansen sehr hoch.

SKINNER et al. (2015a) schließen von der menschenähnlich trabekulären Knochendichteverteilung der Mittelhandknochen auf die Fähigkeit von *Australopithecus africanus* und SK 84 (*Au. robustus?* *Homo?*) Werkzeuge zu nutzen. Allerdings weist nach SKINNER et al. (2015a) der insgesamt hohe trabekuläre Knochenvolumenanteil der Mittelhandknochen auch auf die Nutzung der Hände bei der Fortbewegung der beiden frühen Homininen hin.

Sind die weitreichenden Schlüsse von SKINNER et al. (2015a) auf die Handfunktion der

frühen Homininen auf der Basis der trabekulären Knochendichte der Mittelhandknochen gut begründet?

Kritische Anfragen

Es drängen sich einige kritische Anfragen und Anmerkungen zu der Arbeit von SKINNER et al. (2015a) auf. Sie betreffen zum einen die vorgelegten Daten und die daraus gezogenen Schlüsse und zum anderen die grundsätzliche Möglichkeit, allein von Handknochen auf die Funktion der Hand bei unbekanntem ausgestorbenen Lebewesen zu schließen.

Zu den wichtigen Daten, auf denen die Vermutung der menschenähnlichen Handfunktion bei den frühen Homininen *Australopithecus africanus* und SK 84 (*Au. robustus?* *Homo?*) von SKINNER et al. (2015a) basiert, gehört die Verteilung des trabekulären Knochens in der Basis des Daumenmittelhandknochens und in den Köpfen der Daumen-, Mittel- und Kleinfingermittelhandknochen.

Zu wenig Vergleichsmaterial

SKINNER et al. (2015a) ziehen als rezentes Vergleichsmaterial zum Daumenmittelhandknochen der frühen Homininen nur den Schimpansen, Neandertaler und modernen *Homo sapiens* heran (Abb. 2). Im Rahmen dieses Vergleiches ist die

größere Ähnlichkeit der frühen Homininen mit dem Menschen als mit dem Schimpansen keine Überraschung und wurde schon oft bei anderen Knochenmerkmalen demonstriert. Zieht man jedoch weitere nichtmenschliche Primatentaxa als Vergleichsmaterial heran, kann sich das Bild ändern. Das zeigen beispielhaft Untersuchungen der Mittelfußgelenke (BRANDT 2014).

Gleiche Strukturen bzw. Merkmale können in verschiedenen funktionellen Zusammenhängen wirken.

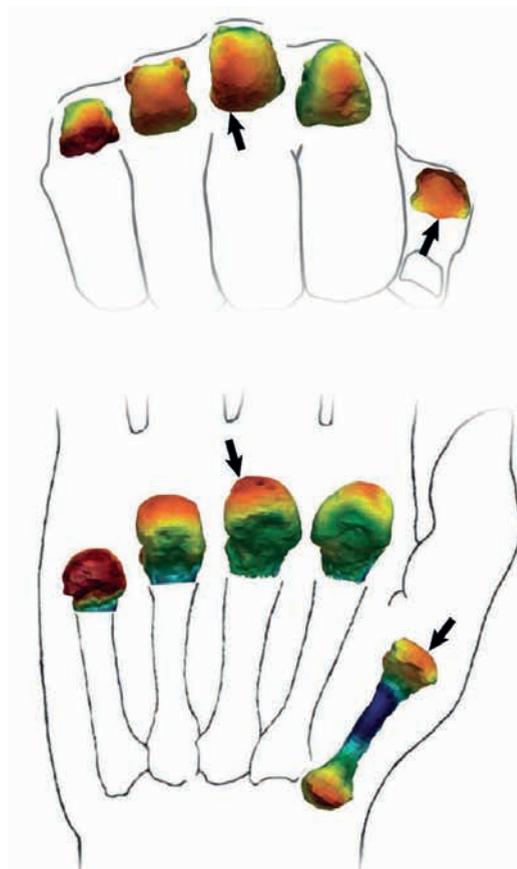
Australopithecus afarensis besitzt menschenähnlichere Mittelfußzengelenke als die afrikanischen Großaffen im Durchschnitt. Diese Verhältnisse wurden als ein Hinweis auf eine gewohnheitsmäßige zweibeinige (bipede) Fortbewegung bei *Australopithecus afarensis* gedeutet. Weitere Untersuchungen zeigten jedoch, dass unter den nichtmenschlichen Primaten semiterrestrische (teilweise am Boden und teilweise in Bäumen lebende) meerkatzenartige Tieraffen (Cercopithecoidea) die menschenähnlichsten Metatarsophalangealgelenke besitzen. Dieses Beispiel zeigt, dass gleiche Strukturen bzw. Merkmale in verschiedenen funktionellen Zusammenhängen wirken können. Der Daumenmittelhandknochen der frühen Homininen darf also nicht nur mit dem des Schimpansen und spätpleistozäner Menschen verglichen werden, sondern es müssen viele weitere rezente und auch fossile nichtmenschliche Primatentaxa in die Untersuchung einbezogen sein. Denn möglicherweise besitzen nicht nur frühe Hominine, sondern auch nichtmenschliche Primaten eine mehr menschenähnliche Trabekelstruktur.

Bild und Text widersprüchlich in SKINNER et al. (2015a)

Eine weitere Kritik betrifft die farbcodierte Darstellung der trabekulären Knochenstrukturdichte der Mittelhandknochen und ihre Interpretation durch SKINNER et al. (2015a).

Die Autoren schreiben, dass die höchste trabekuläre Knochendichte in der Basis der Daumenmittelhandknochen bei *Australopithecus africanus* und SK 84 (*Au. robustus?* *Homo?*) menschenähnlich palmar lokalisiert sei. Die farbcodierte Darstellung in Fig. 3 der Arbeit zeigt jedoch Unterschiede zwischen den frühen Homininen und den fossilen und modernen Menschen. Bei *Australopithecus africanus* und SK 84 stellt sich visuell farbcodiert die höchste trabekuläre Dichte stärker palmar lokalisiert als beim Menschen dar, deren höchste Dichte mehr palmarproximal lokalisiert ist (Abb. 2).

Abb. 3 Die Verteilung der trabekulären Knochendichte im Mittelhandknochen von *Australopithecus africanus* (StW 418). Von den Fingermittelhandknochen ist nur im Kopf des dritten Strahles die höchste Trabekeldichte asymmetrisch medial lokalisiert (mit Pfeil markiert). (Aus SKINNER et al. 2015a, gering geändert; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)



Weiterhin schreiben SKINNER et al. (2015a), dass im Kopf des zweiten und dritten, geringer auch des vierten Mittelhandknochen von *Australopithecus africanus* ähnlich wie beim Menschen die höchste trabekuläre Dichte asymmetrisch medial (ulnar) lokalisiert ist. Bei allen Menschenaffen tritt diese Asymmetrie nicht auf. In Fig. 4 der Arbeit von SKINNER et al. (2015a) weist aber – mit einem Pfeil durch SKINNER et al. (2015a) markiert (Abb. 3) – nur der Kopf des dritten Mittelhandknochens die höchste trabekuläre Knochendichte asymmetrisch medial (ulnar) auf. Im Kopf des zweiten und vierten Mittelhandknochens ist die höchste Dichte visuell farbcodiert und ohne Pfeil versehen nicht asymmetrisch medial gelegen. Bild und Text von SKINNER et al. (2015a) stimmen in der Aussage offensichtlich nicht überein. Allerdings betrachten die Autoren in ihrer Arbeit nur die relative trabekuläre Knochendichte des ersten, dritten und fünften Mittelhandknochens als relevant für ihre funktionellen Interpretationen. Warum haben aber SKINNER et al. (2015a) nicht auch eine Untersuchung der relativen Knochenbälkchendichte des Köpfchens des zweiten und vierten Mittelhandknochens von Menschen und nichtmenschlichen Primaten zur Überprüfung ihrer theoretischen Erwartungen durchgeführt? So können SKINNER et al. (2015a) zwar die geringere absolute Knochenbälkchendichte des Köpfchens des dritten und fünften Mittelhandknochens des Menschen gegenüber den afrikanischen Großaffen funktionell mit der fehlenden Belastung der Hand bei der Fortbewegung erklären, nicht aber die Befunde der asiatischen Menschenaffen. Denn nach SKINNER et al. (2015a) weist der Orang-Utan im Kopf des fünften Mittelhandknochens eine höhere, im Kopf des dritten Mittelhandknochens jedoch eine ähnlich niedrige Knochenbälkchendichte wie der Mensch (und die Gibbons *Hylobates* und *Symphalangus*) auf. Es reicht nicht aus, nur einzelne Ergebnisse schlüssig interpretieren zu können.

Pan-ähnliche Trabekelstruktur bei Schimpansen-unähnlichem Homininen

Am aufschlussreichsten für die Thematik ist die trabekuläre Knochendichteverteilung in der Basis des Daumenmittelhandknochens von SKX 5020, wobei es keine Rolle spielt, ob der Knochen zu *Australopithecus robustus* oder zu *Homo* gehört. SKX 5020 zeigt überraschenderweise in der Basis eine schimpansenähnlich homogene hohe trabekuläre Knochendichte. Nach dem Ansatz von SKINNER et al. (2015a) müsste dieser Befund auf ein schimpansenähnliches Fortbewegungs-/ Manipulationsverhalten hinweisen.

SKINNER et al. (2015a) ziehen berechtigterweise nicht diesen Schluss, denn die verfügbaren Überreste des Körperstamm- und Extremitätenskeletts von *Australopithecus robustus* und frühem *Homo* (einschließlich „*Homo*“ *habilis*) weisen übereinstimmend auf eine Fortbewegung hin, die der des Schimpansen unähnlich war. Das Fortbewegungsrepertoire früher Homininen dürfte sich von dem aller heute lebenden nichtmenschlichen Primaten unterschieden haben. Wie sich diese fossilen Lebewesen genau fortbewegten und über welches Manipulationsrepertoire sie verfügten, wird man möglicherweise niemals exakt bestimmen können, denn für das knöcherne Merkmalsmosaik der frühen Homininen existiert keine rezente Analogie, und Schlüsse allein von Knochen ohne genauere Kenntnisse der Weichteilstrukturen und des Nervensystems sind nur sehr eingeschränkt möglich (siehe BRANDT 2014). Beispielsweise sind nach TOCHERI et al. (2008) anhand der Knochenüberreste fossiler Homininen von wichtigen Muskeln der Hand wie dem *M. dorsalis interosseus 1*, *M. palmaris interosseus 1*, *M. abductor pollicis longus*, *M. abductor pollicis*, *M. flexor pollicis brevis*, *M. flexor pollicis longus*, *M. opponens pollicis* und der Unterarmbeuger- und -strecker-muskelmasse nur der *M. dorsalis interosseus 1*³ beurteilbar.

Gründe dafür sind eine ungenügende Identifizierbarkeit der Muskelansatzgebiete, eine fehlende oder nicht bekannte Korrelation zwischen dem Ausprägungsgrad der Muskeln und ihrer Ansatzgebiete und eine einmalige Handwurzelgeometrie der frühen Homininen.

Der spezifische Anteil der einzelnen Faktoren, die auf die Trabekelstruktur wirken, ist nicht genau bestimmbar.

Neben Belastungen, die durch die Fortbewegung⁴ und das Manipulationsverhalten auftreten, welche bei den frühen Homininen im Detail nicht bekannt sind, beeinflussen wahrscheinlich weitere Faktoren die trabekuläre Knochenstruktur der Hand. Nach SKINNER et al. (2015a) könnte der insgesamt höhere trabekuläre Knochenanteil der Mittelhandknochen der Neandertaler und des frühmodernen *Homo sapiens* gegenüber dem rezenten *Homo sapiens* ein systemisches Muster des gesamten Skeletts widerspiegeln.

Die Trabekeldichteverteilung wird von mehreren Faktoren beeinflusst. Die Pan-ähnliche Verteilung in der Basis des frühhomininen Daumenmittelhandknochens SKX 5020 zeigt, dass der spezifische Anteil der einzelnen Faktoren, die auf die Trabekeldichte wirken, nicht genau bestimmbar ist.

Unbekannter Variationsbereich früher Homininen

Ein weiteres Problem ist die fehlende Kenntnis des Variationsbereiches der frühen Homininen. Falls SK 84 und SKX 5020 zu einem Taxon gehören, was aber sehr unsicher ist, würde allein dieser Umstand wegen der großen Variation der trabekulären Knochendichteverteilung keine detaillierten funktionellen Rückschlüsse ermöglichen.

Fazit

Die *Pan*-ähnliche Trabekeldichte in der Basis des von einem dem Schimpansen unähnlichen Tieres stammenden Daumenmittelhandknochens SKX 5020 zeigt, dass von der Trabekelstruktur nicht auf die einzelnen spezifischen Belastungskomponenten der Hand wie z.B. manipulatives Verhalten geschlossen werden kann.

Der Versuch von nur einem Knochenmerkmal auf die Funktion der ganzen Hand bei Homininen zu schließen, deren Merkmalskomplex bei heute lebenden Primaten nicht mehr zu beobachten ist, grenzt an Hybris.

Über die bisher dargelegten speziellen Anfragen an die Studie von SKINNER et al. (2015a) hinausgehend gibt es noch einen grundsätzlichen Einwand: Der Versuch von SKINNER et al. (2015a), von nur einem Knochenmerkmal ohne Kenntnis der Nerven- und Weichteilstrukturen auf die Griffmöglichkeiten der ganzen Hand bei Tieren zu schließen, deren Merkmalskomplexe bei heute lebenden Primaten nicht mehr zu beobachten ist, grenzt an Hybris.

Werkzeugverhalten früher Homininen von Knochenbälkchen nicht ableitbar

Die frühen Homininen *Australopithecus africanus* und SK 84 (*Au. robustus?* *Homo?*) werden im Evolutionsmodell als „Vormenschen“ oder „Affenmenschen“ gedeutet. Im Schöpfungsmodell repräsentieren dagegen alle nicht zum echten Menschen gehörenden frühen Homininen wie die Australopithecinen ausgestorbene Großaffen.

SKINNER et al. (2015a) schließen von der trabekulären Knochendichteverteilung der Mittelhandknochen bei *Australopithecus africanus* und SK 84 auf eine menschenähnliche Nutzung

von Werkzeugen durch diese frühen Homininen. Gegen diese Studie gibt es begründete Einwände. Deshalb ist die Schlussfolgerung von SKINNER et al. (2015a) nicht gut fundiert.

Anmerkungen

- ¹ *Australopithecus africanus* – kräftige Hände zum präzisen Zupacken. <http://www.mpg.de/8876204/australopithecus-africanus-han> (Zugriff am 27. 1. 2015)
- ² https://science.apa.at/rubrik/natur_und_technik/Mittelhandknochen_verraten_fruehen_Werkzeuggebrauch_von_Urmenschen/SCI_20150122_SCI39391351422065138 (Zugriff am 24. 1. 2015)
- ³ Für den *M. interosseus dorsalis* 1 liegen aber nur biomechanische Überlegungen auf der Basis der Knochenansatzmorphologie und keine empirischen Untersuchungsergebnisse an lebenden Individuen vor.
- ⁴ ALMÉCJA et al. (2015) stellen in einer Entgegnung auf SKINNER et al. (2015a) fest, dass ein Zusammenhang zwischen der Trabekelstruktur und der Belastung der Knochen bei der Fortbewegung bisher nicht nachgewiesen werden konnte. Dies wäre aber zu erwarten, wenn schon ein Zusammenhang zwischen der Trabekelstruktur und den bei Handmanipulationen auftretenden viel schwächeren Kräften besteht. SKINNER et al. (2015b) verweisen in einer Antwort auf eine unterschiedlich angewendete Methodik der Trabekelstrukturbestimmung. Dieser Einwand überzeugt jedoch nicht. Es ist eine Tatsache, dass auf die Vorderextremitäten der nichtmenschlichen Primaten wie *Australopithecus africanus* Kräfte wirken, die zum Teil stärker sind als die, welche bei Handmanipulationen auftreten. SKINNER et al. (2015a) haben nicht gezeigt, wie sie mit ihrer Methode diese auf die Trabekelstruktur wirkenden Kräfte ausgeschlossen haben. Und falls tatsächlich ein direkter Zusammenhang zwischen der Trabekelstruktur und der Handmanipulation besteht, dann sollte es gelingen, einen solchen Zusammenhang auch mit der Fortbewegung nachzuweisen. Dies ist bisher aber nicht geschehen.

Literatur

- ALMÉCJA S, WALLACE IJ, JUDEK S, ALBA DM & MOYÀ-SOLÀ S (2015) Comment on “human like hand use in *Australopithecus africanus*”. *Science* 348, 1101–a.
- 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: 10. 9. 2015)
- SKINNER MM, STEPHENS NB, TSEGAI ZJ, FOOTE AC, NGUYEN HN, GROSS T, PAHR DH, HUBLIN J-J & KIVELL TL (2015a) Human-like hand use in *Australopithecus africanus*. *Science* 347, 395–399.
- SKINNER MW, STEPHENS NB, TSEGAI ZJ, FOOTE AC, NGUYEN NH, GROSS T, PAHR DH, HUBLIN J-J & KIVELL TL (2015b) Response to comment on “human-like hand use in *Australopithecus africanus*”. *Science* 348, 1101–b.
- TOCHERI MW, C. M. ORR CM, JACOFOSKY MC & MARZKE MW (2008) The evolutionary history of the hominin hand since the last common ancestor of *Pan* and *Homo*. *J. Anat.* 212, 544–562.



Schockierende Organe

Die Entstehung von elektrischen Organen in Fischen war schon zu DARWINs Zeiten ein Thema, das Wissenschaftler faszinierte und herausforderte. Die Forscher konnten nicht erklären, warum bei Fischen aus unterschiedlichen, nicht näher verwandten Fischfamilien sehr ähnliche elektrische Organe vorkommen. DARWIN rechnete damit, dass weiterführende Forschungen zu einer Lösung dieses Problems führen würden. Heute können auch genetische Daten zu Rate gezogen werden. Neue Studien darüber zeigen aber, dass das Rätsel der unabhängigen Entstehung elektrischer Organe eher noch größer wird.

Michelle Noe

Eine Reihe von Fischen ist in der Lage, Elektrizität zu erzeugen, die sie für Orientierung, Kommunikation, Jagd und Verteidigung nutzen. Das geschieht mit Hilfe umgewandelter Muskelzellen, so genannten Elektrozyten, die sich unter der Haut befinden. Durch Hintereinschalten der Elektrozyten (vergleichbar mit einer Batterie) summiert sich die elektrische Ladung, und Fische wie der Zitteraal erreichen so Spannungen bis zu 600 Volt. Lindsay TRAEGER von der Michigan State University in East Lansing erklärt: „Die Fähigkeit zur Kontraktion¹ ging bei den Elektrozyten verloren und Proteine in den Zellmembranen änderten sich, so dass Ionen die Seiten wechseln, was zu einer elektrischen Ladung führt“ (nach VIEWEG 2014). Dieser Weg ist ideal, um biogene Elektrizität zu erzeugen. Der Zitterrochen (Torpedinidae), der Zitteraal (Gymnotidae) oder der Nilhecht (Mormyridae) sind Beispiele dafür.

Charles DARWIN, der Begründer der modernen Evolutionsbiologie, befasste sich auch mit unabhängig entstandenen ähnlichen Organen wie beispielweise elektrischen Organen. Er beobachtete, dass nicht verwandte Fische ähnliche Elektro-Organen nutzen. Er konnte keine

angemessene Erklärung dafür finden und vertrat folgende zwei Argumente:

1. Solange wir nur wenig über die Entstehung von elektrischen Organen wissen, kann nicht widerlegt werden, dass sie sich aus einer Vorläuferform entwickelt haben. „Darüber hinaus können wir momentan keine Erklärung geben, aber weil wir so wenig über den Gebrauch dieser Organe wissen, und nichts über ihre Verwendung und Anordnung bei den Stammeltern dieser Fische sagen können, wäre es extrem gewagt zu behaupten, dass keine sinnvolle Veränderung möglich gewesen wäre, durch die sich diese Organe schrittweise entwickelt haben.“²

2. Die elektrischen Organe seien in den verschiedenen Fischen nicht besonders ähnlich und könnten daher nicht als gleichartig betrachtet werden. Sie seien höchstens verhältnismäßig ähnlich in ihrer Funktion und müssten demnach nicht von einem gemeinsamen Vorfahren abstammen.³ DARWIN schreibt: „Wenn wir das Thema noch näher betrachten, fällt auf, dass bei vielen Fischen mit elektrischen Organen diese sich in unterschiedlichen Bereichen des Körpers befinden, sie sich in ihrer Konstrukti-

Abb. 1 Bogenstirn-Zitterrochen (*Torpedo panthera*)
(Foto: lilithlita – Fotolia.com)



Abb. 2 Nilhecht (*Gymnarchus niloticus*). (CC BY-SA 3.0, GNU Freie Dokumentationslizenz)

on unterscheiden sowie in der Anordnung der Anoden, in der Art und Weise, wie Elektrizität erzeugt wird und schlussendlich inwiefern sie mit Nervenzellen aus verschiedenen Quellen bestückt sind, was vielleicht der wichtigste aller Unterschiede ist. Daher können die Fische mit elektrischen Organen nicht als homolog, sondern nur als analog betrachtet werden. Folglich gibt es keinen Grund anzunehmen, sie kämen von einem gemeinsamen Vorfahren.“

DARWIN erwartete, dass weitere und verbesserte Forschung später zu einer Erklärung durch natürliche Prozesse führen würde. Doch durch die mittlerweile möglich gewordenen Erkenntnisse über die genetischen Grundlagen der elektrischen Organe wurde das Rätsel noch komplizierter. Denn DARWINS zweites Argument über die nicht vorhandene Gleichartigkeit (Homologie) wurde dadurch hinfällig. Studien von GALLANT et al. (2014) haben nämlich gezeigt, dass allen elektrischen Organen die gleichen Gene und gleiche zelluläre Entwicklungsabläufe zugrunde liegen. Der Leiter der betreffenden Studie, Jason GALLANT von der Michigan State University, drückte diese Entdeckung mit folgenden Worten aus: „Wir haben herausgefunden, dass alle Elektro-Fische die gleiche genetische Werkzeugkiste nutzen, um ihre elektrischen Organe auszubilden“ (nach VIEWEG 2014).

Der evolutive Weg von Vorläuferstrukturen zu elektrischen Organen muss weit gewesen sein und viele Schritte erfordert haben.

Wie aber kommt es, dass elektrische Organe in Fischen sechsmal unabhängig voneinander evolutiv, auf der Basis zukunftsblinder natürlicher Prozesse durch gleichartige Nutzung des genetischen Baukastens entstehen? Die Fische befinden sich in den unterschiedlichsten Lebensräumen wie dem Amazonas, Meeressgewässern oder Flüssen in Afrika. Man kann also davon ausgehen, dass es unterschiedliche Selektionsbedingungen gab, und trotzdem sind die Resultate auf der genetischen Ebene erstaunlich ähnlich.

Das plötzliche Auftreten der Organe im Fossilbericht und die Tatsache, dass sie nur in sechs nicht verwandten Fischarten vorkommen und gleichzeitig bei deren näheren Verwandten keine Elektro-Organen vorhanden sind, sperren sich ebenfalls gegen eine Erklärung mittels natürlicher, blinder evolutionärer Prozesse. Schließlich sind die Anatomie und Physiologie, die die Nutzung dieser Organe ermöglichen, reichlich ausgeklügelt. Das bedeutet: Der evolutive Weg von Vorläuferstrukturen zu elektrischen Organen muss weit gewesen sein und viele Schritte erfordert haben. Wie aber kann ohne Zielvorgabe, die es in einer natürlichen Evolution nicht geben kann, dennoch ein derart genetisch ähnliches Ergebnis erreicht werden?

Erkenntnisse in diesem Forschungsgebiet könnten zukünftig auch dem Menschen nützlich sein. Die Herstellung von künstlichen Elektrozyten erlaubt vielleicht die Erzeugung von Strom in Körpern, was zu einer Reihe von Innovationen führen könnte. Co-Autor Michael SUSSMAN von der University of Wisconsin-Madison drückte das so aus: „... wir können spannende Anwendungen entwickeln, die noch in den Sternen stehen“ (nach VIEWEG 2014).

Anmerkungen

- ¹ Das ist das Zusammenziehen von Muskeln.
- ² „Beyond this we cannot at present go in the way of explanation; but as we know so little about the uses of these organs, and as we know nothing about the habits and structure of the progenitors of the existing electric fishes, it would be extremely bold to maintain that no serviceable transitions are possible by which these organs might have been gradually developed“ (http://www.birding.in/darwin/species_43.htm),
- ³ „But when we look at the subject more closely, we find in the several fishes provided with electric organs, that these are situated in different parts of the body,—that they differ in construction, as in the arrangement of the plates, and, according to Pacini, in the process or means by which the electricity is excited — and lastly, in being supplied with nerves proceeding from different sources, and this is perhaps the most important of all the differences. Hence in the several fishes furnished with electric organs, these cannot be considered as homologous, but only as analogous in function. Consequently there is no reason to suppose that they have been inherited from a common progenitor“ (http://infidels.org/library/historical/charles_darwin/origin_of_species.html)

Literatur

- GALLANT JR, TRAEGE LL et al. (2014) Genomic basis for the convergent evolution of electric organs. *Science* 344, 1522-1525, doi: 10.1126/science.1254432
- VIEWEG M (2014) Video der Woche: Buchstäblich schockierende Fische. http://www.wissenschaft.de/home/-/journal_content/56/12054/3923535/Video-der-Woche:-Heikles-Reiseziel-Mars/

Yi qi – „merkwürdiger Flügel“ eines (Dino-?)sauriers

Ein seltsam gebauter mutmaßlicher Dinosaurier verwundert die Fachwelt. Die neu entdeckte Art wurde *Yi qi* genannt, das heißt „merkwürdiger Flügel“ in der Mandarin-Sprache. Merkwürdig ist vor allem ein langer stabförmiger Knochen, der vom Handgelenk ausgeht und an dem vermutlich eine Flughaut aufgespannt war (was aber nicht ganz gesichert ist). Der auch mit büscheligen haarartigen Anhängen („Federn“?) ausgestattete *Yi qi* vergrößert die Vielfalt der Formen im Verwandtschaftsumfeld von Dinosauriern und Vögeln, passt aber nicht gut in evolutionäre Szenarien.

Reinhard Junker

Als „obskur und merkwürdig“ bezeichnet Kevin PADIAN (2015) ein neu beschriebenes Dinosaurier-Fossil, das in den weiteren Verwandtschaftskreis von Urvögeln gestellt wird (Abb.1). Es stammt aus Schichten aus dem Grenzbereich Mittel-/Oberjura der Tiaojishan-Formation in der Hebei-Provinz in China (XU et al. 2015). Verwunderung löst vor allem eine lange knöcherne Struktur aus, die vom Handgelenk ausgeht, und fossilisierte Reste membranartiger (häutiger) Strukturen im Bereich der Hand und der Vorderextremitäten. Für das lange, leicht gebogene und sich etwas zuspitzende Skelettelement ist keine Entsprechung bei irgendwelchen anderen Organismen bekannt. Es hat keine Gelenke und kann von seiner Lage her wahrscheinlich nicht als regulärer vierter Finger der Hand interpretiert werden.¹ Wie die Verbindung mit dem Handgelenk erfolgte, ist unklar, daher kann auch nicht ermittelt werden, wie das stabförmige Element bewegt wurde und welche Lage es genau hatte. Die Forscher sind sich auch nicht sicher, ob es sich um einen Knochen oder einen kalzifizierten (verkalkten) Knorpel handelt. Ziemlich klar scheint aber zu sein, dass es sich um ein Stützelement für eine Flughaut gehandelt hat; dafür spricht auch die Kombination mit den erhaltenen Hautresten. Der eigenartige Knochenfortsatz dürfte als Aufspannsporn für eine Gleitflügelmembran fungiert haben; aufgrund der schlechten Erhaltung der mutmaßlichen Flughaut bleibt diese Deutung aber unsicher.

Darüber hinaus wurde an vielen Körperteilen eine haarartige Körperbedeckung nachgewiesen. Diese Körperanhänge werden von den Forschern zwar als „Federn“ bezeichnet, aber es handelt sich nur um extrem dünne, büschelige, pinselartige Fasern, die kaum eine aerodynamische Bedeutung haben konnten. Die Federnatur der Körperanhänge wird auch durch den mutmaßlichen Nachweis von Melanosomen sehr unterschiedlicher Größe begründet (XU et al. 2015). Melanosomen sind Organelle, die

Farbstoffe enthalten, für die Gefiederfärbung sorgen und als typisch für Federn gelten. Der Nachweis, dass es sich bei solchen rundlichen bis länglichen Gebilden bei Fossilien tatsächlich um Melanosomen handelt, ist allerdings schwierig und umstritten (MOYER et al. 2014, worauf XU et al. selber hinweisen).

Die mutmaßliche Flughaut mit dem „Zusatzfinger“ spricht dafür, dass sich das Tier gleitend fortbewegen konnte (vgl. Abb. 2); seltsamerweise passt aber der sonst bekannte Körperbau nicht so recht zu dieser Fortbewegungsweise, wie die Beschreiber XU et al. (2015) bemerken. So sei der Körperschwerpunkt zu weit hinten, was zu einem



Abb. 1 Holotyp von *Yi qi* und Umrisszeichnung; die ungewöhnliche, lange knöcherne Struktur ist als „Stützstab“ gekennzeichnet. (Aus XU et al. 2015, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

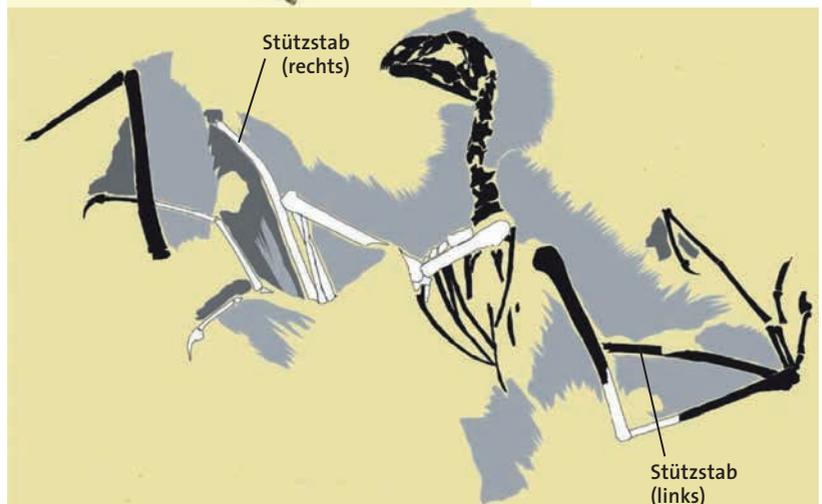




Abb. 2 Rekonstruktion des Scansoriopterygiden *Yi qi* mit Flughäuten. Der Schwanz ist nach der verwandten² Gattung *Epidexipteryx* rekonstruiert. (Emily WILLOUGHBY, CC BY-SA 4.0)

Abkippen führe. Allerdings fehlen Überreste des Beckens und der meisten Teile der unteren Körperhälfte, deren Bau durch Vergleich mit ähnlichen Formen erschlossen wird (s.u.). Eine aktive Flugfähigkeit erscheint dagegen ausgeschlossen (PADIAN 2015). Der Dinosaurier mit der mutmaßlichen Flughaut ist also ein wirklich seltsames und rätselhaftes Tier, was sich auch in seiner Benennung niedergeschlagen hat: *Yi qi* – wohl der kürzeste Artnamen überhaupt – bedeutet in der Mandarin-Sprache „merkwürdiger Flügel“. Das Tier war ziemlich klein, nicht einmal taubengroß und es hatte kleinere und weniger Zähne als mit ihm verwandte² Dinosaurier und als der bezahnte „Urvogel“ *Archaeopteryx*, der aus jüngeren Schichten des Oberjura stammt.

Yi qi wird zur Gruppe der Scansoriopterygiden („kletternde Flügel“) gestellt, von der bisher drei Arten bekannt waren. Diese Gruppe ist auch ohne *Yi qi* schon ungewöhnlich, weil der dritte Finger der zu ihr gehörenden Arten deutlich der längste ist, während bei verwandten Formen (Dinosauriern und Vögeln) sonst immer der zweite Finger der längste ist. Außerdem sind die Arme ungewöhnlich lang und der Kopf ziemlich klein. Dies alles verbindet *Yi qi* mit dieser Gruppe, weshalb die Zuordnung gesichert scheint – der dritte Finger ist bei *Yi qi* besonders lang, womit er als zusätzliche Stütze für die mutmaßliche Flughaut gedient haben könnte. Aufgrund der Zuordnung zu den Scansoriopterygiden kann man vermuten, dass die bei *Yi qi* fossil nicht erhaltenen Körperteile ähnlich waren wie bei den anderen Mitgliedern dieser Gruppe (daraus wird auch der oben erwähnte Körperschwerpunkt ermittelt).

Die Scansoriopterygiden waren sehr wahrscheinlich kletternde Formen (ZHANG et al. 2002) und befiedert; allerdings sind die Federn zu schlecht erhalten, um ihre aerodynamische Bedeutung sicher einschätzen zu können. Ihre

Yi qi fällt unter den Dinosauriern und Vögeln der Kreidezeit völlig aus dem Rahmen.

taxonomische Stellung wird unterschiedlich bestimmt, mehrheitlich werden sie zu Theropoden (zweibeinige Raubdinosaurier) an der Basis der Avialae (Vogel und unmittelbar verwandte Formen) gestellt, alternativ von einer Minderheit aber auch zu den Archosauriern³ ohne phylogenetischen Zusammenhang mit theropoden Dinosauriern (ZHANG et al. 2002; CZERKAS & JUAN 2002; FEDUCCIA 2012, 149ff.; CZERKAS & FEDUCCIA 2014; XU et al. 2015).

Kommentar

PADIAN (2015) bezeichnet *Yi qi* als einen gefiederten Dinosaurier von einem völlig unerwarteten Zweig des Dinosaurier-Stammbaums. Da der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* aus dem Oberjura Federn eines modernen Typs besaß, werden Vorläuferformen in älteren Schichten gesucht. Gefunden wurde eine Reihe gefiederter Dinosaurier jedoch in *jüngeren* Schichten der Kreide-Formation, was stratigraphisch folglich nicht passt. *Yi qi* wäre von der Position in der stratigraphischen Tabelle her zwar als Vorläufer geeignet, aber diese eigenartige Form passt vom Körperbau überhaupt nicht und man hätte eine solche Form evolutionstheoretisch an der mutmaßlichen Basis der Vögel keinesfalls erwartet

(XU et al. 2015, 4). Einmal mehr taucht eine eher spezialisierte Form einer Gruppe relativ früh in der Schichtenabfolge auf. Und mutmaßliche Vorläuferformen müssen daher einmal mehr zurückverlegt werden.

Yi qi fällt unter den Dinosauriern und Vögeln der Kreidezeit völlig aus dem Rahmen. Statt Hinweise auf Vogelvorfahren zu geben erweitert *Yi qi* das Spektrum verschiedenartiger Formen aus Mittel-/Oberjura und Unterkreide, die kaum in evolutionäre Abfolgen zu bringen sind. Cladogramme (Ähnlichkeitsbäume) beinhalten entsprechend in großem Umfang Konvergenzen (unabhängige Entstehung baugleicher Merkmale) und Reversionen (Rückentwicklungen); so müsste bei *Yi qi* aufgrund seiner phylogenetischen Position angenommen werden, dass es sich bei seinen einfachen federartigen Körperanhängen um rückgebildete Strukturen handelt. CZERKAS & FEDUCCIA (2014) halten die Scansoriopterygiden gar nicht für Dinosaurier und sind – als allerdings viel kritisierte Minderheit – der Auffassung, dass die Evolution der Vögel nicht über Dinosaurier, sondern über phylogenetisch ältere Archosaurier verlief. Sie stellen die kletternden Scansoriopterygiden an die Basis der Vögel und sehen sie als Beleg dafür, dass der Vogelflug nicht von laufenden Theropoden-Dinosauriern, sondern von kletternden Formen ausging. Doch der neue Fund *Yi qi* mit seinem eigentümlichen Körperbau steht auch quer zu diesem Szenario.

Die Bearbeiter XU et al. (2015, 1, 4) interpretieren *Yi qi* als Beispiel eines evolutionären

Die vielzitierte Auffassung, nichts ergebe Sinn außer im Licht der Evolution, erweist sich erneut als fragwürdig.

Experiments – ein Deutungsversuch, der in der Wissenschaftspresse aufgegriffen wurde und auch in vielen vergleichbaren Situationen bei anderen Tier- und Pflanzengruppen zur Anwendung kommt. „Experiment“ ist aber eigentlich ein evolutionstheoretisches Unwort, da dieser Begriff eine Zielsetzung impliziert, ein Ausprobieren, um gute Lösungen zu finden. Doch nach dem evolutionären Ansatz gibt es weder einen Experimentator noch irgendeine Zielorientierung. Daher verschleiert der im Originalartikel verwendete Begriff „experimentation“ eher ein evolutionstheoretisches Problem als dass er irgendeine Erklärung beinhaltet.

XU et al. (2015, 4) merken an, dass es sich bei der mutmaßlichen Flughaut, die an dem langen „Zusatzfinger“ aufgespannt ist, um ein ein-drucksvolles Beispiel einer Konvergenz handelt, der Bau sei mit den Flugsauriern vergleichbar,

die einen einzigen stark verlängerten Finger zum Aufspannen der Flughaut besaßen, aber die Ähnlichkeit sei nur oberflächlich. Eine genauere Entsprechung liege auch zu anderen gleitenden Tieren nicht vor. Ohnehin muss angenommen werden, dass die Fähigkeit zum Gleitflug in verschiedenen Wirbeltiergruppen mehrfach unabhängig entstanden ist.

Insgesamt zeigt sich einmal mehr, dass die vielzitierte Auffassung des Evolutionsbiologen Theodosius DOBZHANSKY, *nichts ergebe Sinn außer im Licht der Evolution*, fragwürdig ist. Evolutionäre Zusammenhänge liegen im Falle von *Yi qi* nicht ohne weiteres auf der Hand; das neue Fossil wirft für evolutionäre Rekonstruktionen mehr neue Fragen auf als dass es alte beantworten würde.

Anzumerken ist noch, dass der genaue Fundort nicht bekannt ist; das Fossil wurde nicht durch die Paläontologen *in situ* (an Ort und Stelle, am ursprünglichen Fundort) geborgen, sondern von einem Bauern erworben. Die Autoren haben sich aber große Mühe gegeben, den Fundort zu rekonstruieren und sicherzustellen, dass es sich nicht um eine Fälschung handeln kann.

Anmerkungen

- 1 „... the styliiform element of *Yi qi* has no joints and comes directly off the carpal bones without the intermediary of a metacarpal (palm bone), so it is probably not a finger“ (PADIAN 2015).
- 2 Mit „verwandt“ ist hier nicht im deutenden Sinne „abstammungsverwandt“ gemeint, sondern im beschreibenden Sinne „im Körperbau ähnlich“.
- 3 Ab dem Oberperm fossil überlieferte Gruppe, die u.a. Krokodile, Dinosaurier, Flugsaurier und Vögel umfasst.
- 4 „... *Yi* had membranous aerodynamic surfaces totally different from the archetypal feathered wings of birds and their closest relatives“ (XU et al. 2015).

Literatur

- CZERKAS SA & FEDUCCIA A (2014) Jurassic archosaur is a non-dinosaurian bird. *J. Orn.* 155, 841–851.
- CZERKAS SA & YUAN C (2002) An arboreal maniraptoran from Northeast China. The Dinosaur Museum, Blanding, Utah. http://www.dinosaur-museum.org/feathered-dinosaurs/arboreal_maniraptoran.pdf.
- FEDUCCIA A (2012) The riddle of the feathered dragons. New Haven & London: Yale Univ. Press.
- MOYER AE et al. (2014) Melanosomes or microbes: testing an alternative hypothesis for the origin of microbodies in fossil feathers. *Sci. Rep.* 4, 4233.
- PADIAN K (2015) Dinosaur up in the air. *Nature* 521, 40–41, doi:10.1038/nature14392.
- XU X, ZHENG X, SULLIVAN C, WANG X, XING L, WANG Y, ZHANG X, O'CONNOR JK, ZHANG F & PAN Y (2015) A bizarre Jurassic maniraptoran theropod with preserved evidence of membranous wings. *Nature* 521, 70–73.
- ZHANG F, ZHOU Z, XU X & WANG X (2002) A juvenile coelurosaurian tetrapod from China indicates arboreal habits. *Naturwissenschaften* 89, 394–398.



Die perfekte Welle

Konvergente Evolution, also der unabhängige Erwerb ähnlicher Merkmale bei unterschiedlichen Lebewesen, die nicht auf gemeinsame Abstammung zurückgeführt werden (wie das bekannte Beispiel der Ultraschallortung bei Fledermäusen und Delphinen) ist ein sehr häufiger Befund. Es ist bisher unverstanden wie Merkmale, deren einmalige Entstehung schon kaum durch ungesteuerte Zufallsmechanismen erklärt werden kann, sich sogar mehrfach unabhängig mit ähnlichem Resultat entwickelt haben sollen. So wenden sich manche Evolutionsbiologen inzwischen davon ab, Evolution als rein vom Zufall getrieben zu betrachten und nehmen stattdessen Zielgerichtetheit in Evolutionsprozessen an. Anhand eines weiteren Beispiels konvergenter Evolution glauben einige Wissenschaftler neue Einblicke in die Mechanismen ihrer Entstehung gewonnen zu haben.

Hans-Bertram Braun

Abb. 1 Gewöhnlicher Tintenfisch (*Sepia officinalis*), Beispiel eines eleganten Flossensaumschwimmers unter den Wirbellosen, der sich im Notfall aber auch raketenartig durch Rückstoß bewegen kann. (© Amada 44, CC BY-SA 3.0)

Es gibt solche und solche Fische. Die meisten bewegen sich flink, hauptsächlich mithilfe ihrer Schwanzflosse fort, es gibt aber auch gemächlichere Schwimmer, die sich elegant durch wellenförmige Bewegungen eines durchgehenden Flossensaumes, sei es auf dem Rücken, am Bauch oder beidseitig am Körper, antreiben. Diese Art der Fortbewegung findet sich bei manchen Knorpelfischen wie Stachelrochen, bei verschiedenen Knochenfischen, etwa Kahlhechten und „elektrischen“ Messerfischen, aber auch bei evolutionär noch weniger verwandten Gruppen wie Sepia-Tintenfischen oder einigen wasserlebenden Flachwürmern. Nach gegenwärtigem Kenntnisstand muss diese Art der Fortbewegung durch Ondulierung deshalb mindestens achtmal

in drei unterschiedlichen Tierstämmen unabhängig entstanden sein.

Eine Gruppe von Wissenschaftlern der Northwestern University in Illinois, USA, vor allem aus den Abteilungen Mechanical und Biomechanical Engineering hat die Fortbewegung durch ondulierende Flossensäume mithilfe eines künstlichen Roboter-Messerfisches (Flossensaum am Bauch) analysiert und mit den Befunden an 22 Flossensaum-Schwimmern aus verschiedenen Tierstämmen verglichen (BALE et al. 2015). Sie kamen zum Ergebnis, dass in allen untersuchten Tiergruppen, ob näher verwandt oder nicht, die Technik des Schwimmens sehr ähnlich ist. Es findet sich nämlich ein nahezu konstantes Verhältnis von Wellenlänge der Flossensaum-

Welle zu ihrer mittleren Amplitude, also ihrem Ausschlag, das circa 20 beträgt. Evolutionär betrachtet muss sich deshalb nicht nur der Flossensaum als anatomische Struktur selbst mehrfach entwickelt haben, sondern auch die sehr spezielle Art seiner (optimalen) Verwendung, weshalb die untersuchenden Wissenschaftler von einem der ersten Beispiele für konvergente Evolution eines Bewegungsmusters sprechen. Mit Versuchen an ihrem Roboterfisch konnten sie zeigen, dass das o. g. Verhältnis von circa 20 das Optimum (optimale spezifische Wellenlänge, OSW) in Bezug auf den Vortrieb bei eingesetzter Energie darstellt. Wie die OSW im Einzelnen verwirklicht wird, wurde nicht untersucht, die Autoren vermuten entweder neuronale Steuerung oder materialimmanente Faktoren der Flossensäume, wobei sie auf das phylogenetisch alte Protein Kollagen als Hauptstrukturprotein der Flossen verweisen. Sie stellen die Hypothese auf, dass die genetische Steuerung der OSW in den verschiedenen Tierstämmen ähnlich sein wird, ausgehend von ähnlichen Befunden bei ebenso konvergent auftretenden elektrischen Organen.¹

Das Besondere an der Publikation von BALE et al. (2015) ist, dass die Autoren den eigentlich unerwarteten Befund konvergenter Evolution im Gegensatz zu vielen Evolutionsbiologen nicht einfach unkommentiert stehen lassen, sondern sich Gedanken machen, welche Ursachen diesen Konvergenzen zugrunde liegen.

Die Autoren lassen den unerwarteten Befund konvergenter Evolution im Gegensatz zu vielen Evolutionsbiologen nicht einfach unkommentiert stehen.

Klassisch und schulbuchgemäß wird Evolution dahingehend verstanden, dass, würde die Entwicklung der Lebewesen noch einmal von vorn beginnen, sie durch die Zufälligkeit des Spiels von Mutation und Selektion sicherlich zu anderen Lebensformen führen würde, als wir sie heute kennen (GOULD 1989). Im Gegensatz dazu nehmen Autoren wie CONWAY MORRIS an, dass z. B. physikalische Gesetze die Auswahl aller theoretisch denkbaren Lösungen für ein biologisches Merkmal so limitieren, dass bestimmte Merkmale derart favorisiert sind, dass sie mehr oder weniger zwangsläufig entstehen müssten, einfach weil sie solch einen Vorteil darstellten. In diesem Sinne sei Evolution vorhersagbar, zielgerichtet auf bestimmte Lösungen, und würde immer wieder zu sehr ähnlichen Ergebnissen führen (CONWAY MORRIS 2003; 2009; BRAUN 2012). Für die meisten Evolutionsbiologen stellt diese Vorstellung allerdings geradezu eine Häresie dar, geboren offensichtlich aus der Not,

irgendeinen Erklärungsansatz für die vielfachen Konvergenzen in der postulierten Entwicklung der Lebewesen zu finden.²

Die Wissenschaftler der Northwestern University sehen ihre Ergebnisse als Befund an, der die Ansicht von CONWAY MORRIS stützt, dass also physikalische Gegebenheiten Lebewesen auf den gleichen „Fitness-Gipfel“ treiben. In dem von ihnen untersuchten speziellen Fall von Konvergenz liegt es nahe, das physikalische Optimum, das die OSW für ondulierendes Schwimmen im Wasser darzustellen scheint, als Grund für die mehrfache Entwicklung anzunehmen. Jede andere Kombination von Wellenlänge und Amplitude stelle Energieverschwendung dar, also *müssten* Organismen sich einfach in Richtung auf das Optimum entwickeln. Die Autoren machen quantitative Aussagen, sie spekulieren, dass eine Abweichung vom optimalen Vortrieb von maximal 7,5%, wie sie gemäß ihrer Roboterfisch-Untersuchungen in der natürlich beobachteten Spanne der OSW von 15-25 auftritt, noch keinen kritischen Nachteil darstelle, während außerhalb dieser Spanne der Energieverlust im Rahmen der angenommenen effektiven Selektion auf das Optimum zu deutlichen Nachteilen führe. Ausgehend von ihrer Stichprobe von 22 unter etwa 1000 Arten sagen sie voraus, dass auch in den weiteren Arten die OSW verwirklicht sein wird, bleiben allerdings den wenigstens teilweisen Nachweis schuldig; die Autoren haben keine eigenen Feldversuche zur Bestimmung der OSW durchgeführt.

Ehrlicherweise müssen die Autoren aber zugeben, dass die OSW höchstens eine optimale Lösung für eine suboptimale Form des Schwimmens darstellt. Unter etwa 33000 Fischarten repräsentieren die 1000 Arten Flossensaumschwimmer nur eine Minderheit. Und wenn es hart auf hart kommt, also schnelle Flucht angesagt ist, steigen viele Flossensaumschwimmer kurzzeitig dann doch auf weniger elegante und wenig energiesparende, dafür aber schnellere Arten des Schwimmens um, um sich der drohenden natürlichen Selektion zu entziehen. So müssen die Autoren Hilfhypothesen vorschlagen, warum Flossensaumschwimmen einen Vorteil darstellen könnte, der sich trotz flinkerer Kollegen entwickeln und behaupten konnte. Sie spekulieren, dass etwa in ökologischen Nischen wie sauerstoffarmen Gewässern für Fische, die nachtaktiv sind und sich durch elektrische Felder orientieren, langsames, präzises und bewegungsarmes Schwimmen vorteilhaft sei. Solche Bedingungen treffen für manche Arten von Messerfischen tatsächlich zu, für andere OSW-Schwimmer aber definitiv nicht. So müssen die Autoren ihre Schlussfolgerungen dann doch darauf reduzieren, dass sie nicht zwingend erklären könnten, warum und wie sich

Abb. 2 Der Blaupunktrochen (*Taeniura lymma*). Er teilt seine spezielle Art des Schwimmens mit mindestens acht verschiedenen Tiergruppen aus drei unterschiedlichen Stämmen.
(Foto: joakant – pixabay)



Flossensaum-Schwimmen mindestens acht Mal konvergent entwickeln konnte, sie postulieren nur noch, dass *wenn* diese Fortbewegungsart erst einmal entstanden sei, sie mit hoher Wahrscheinlichkeit immer unter der Regie der optimalen Zielgröße für den OSW auftreten werde. An dieser Stelle muss deutlich gesagt werden, dass ein optimierter Größenwert selbst keine Erklärung liefern kann für die Entstehung des ihn hervorbringenden Flossensaum-Systems.

Diese sehr abgeschwächte Hypothese stellt somit sicher keinen Durchbruch dar im Verständnis konvergenter Evolution. Es ist einsichtig und messbar, dass die OSW von etwa 20 ein

Die physikalischen Gesetzmäßigkeiten bilden Randbedingungen, nicht die Ursachen für optimale technische Lösungen.

Optimum darstellt, ähnlich einsichtig wie, dass schnelle Schwimmer wie Thunfische, Pinguine, Delphine und Haie stromlinienförmige Körper haben müssen. Die Tatsache, dass torpedoschnelle Schwimmer neben gemächlichen Flossensaum-Schwimmern existieren, macht es jedoch unwahrscheinlich, dass es die physikalischen Gesetzmäßigkeiten sind, die eine zwingende und deshalb vorhersagbare Entwicklung hin zu einen oder zur gegenteiligen Konvergenz erklären könnten. Die physikalischen Gesetzmäßigkeiten und die aus ihnen ableitbaren optimierten Größen bilden Randbedingungen, nicht jedoch Ursachen für optimale technische Lösungen.

So fehlt weiterhin eine überzeugende Erklärung angesichts der nicht ganz logischen evolutionären Lehrbuchweisheit: Ähnlichkeiten bei Lebewesen resultieren aus Verwandtschaft, außer die ähnlichen Arten können nicht verwandt sein – dann sind Ähnlichkeiten eben Konvergenzen ... Der Mechanismus der Entstehung dieser häufig sehr komplex gestalteten konvergenten Merkmale bleibt weiter rätselhaft, zumindest wenn man nur im Rahmen des Evolutionsmodells nach Erklärungen sucht.

Anmerkungen

- 1 Bei der Orientierung mit Ultraschall und anderen konvergenten Entwicklungen gibt es ähnliche Befunde zur genetischen Steuerung.
- 2 Auf der Internetseite <http://www.mapoffife.org/index/> der Universität Cambridge wird eine Vielzahl von Beispielen konvergenter Evolution präsentiert.

Literatur

- BALE R, NEVELN ID, BHALLA APS, MACIVER MA & PATANKAR NA (2015) Convergent evolution of mechanically optimal locomotion in aquatic invertebrates and vertebrates. *PLoS Biol* 13(4): e1002123. doi:10.1371/journal.pbio.1002123
- BRAUN H-B (2012) Warten auf einen neuen Einstein. *Stud. Integr. J.* 19, 12-19.
- GOULD SJ (1989) *Wonderful life: the Burgess Shale and the nature of history*. New York.
- CONWAY MORRIS S (2003) *Life's Solution: Inevitable Humans in a Lonely Universe*. Cambridge.
- CONWAY MORRIS S (2009) The predictability of evolution: glimpses into a post-Darwinian world. *Naturwissenschaften* 96, 1313-1337.

Komplexität durch Koevolution – im Computer

Die gemeinsame Evolution zweier rivalisierender Spezies (antagonistische Koevolution), ist schon lange ein Fokus der Evolutionsbiologie. Jedoch sind Experimente aus praktischen Gründen meistens schwierig durchzuführen. Eine Forschergruppe nutzt deshalb eine Computersimulation, um Wirt-Parasit Beziehungen zu untersuchen und kommt zu dem Ergebnis, diese würde die Evolution von Komplexität entscheidend fördern. Allerdings müssen starke Zweifel an ihrer Methodik angemeldet werden.

Daniel Vedder

Die Avida-Plattform

„Bis jetzt waren wir nur in der Lage, ein einziges evolvierendes System zu erforschen [...] Wollen wir allgemeingültige Tatsachen über evolvierende Systeme entdecken, müssen wir uns künstliche anschauen“, schrieb der bekannte Biologe John MAYNARD SMITH (1992, übersetzt vom Autor). Mit modernen Computern sind solche „künstlichen evolvierenden Systeme“ auch keine Fantasie mehr: seit etwa 20 Jahren werden sogenannte „digital life“-Systeme (digitales Leben) in der evolutionsbiologischen Forschung eingesetzt.

Eines dieser Systeme ist die Avida-Plattform, die an der Michigan State University entwickelt wird. Sie beinhaltet eine Vielzahl digitaler „Organismen“ – kleine Programme, die sich selbst replizieren, über ein mutierendes „Erbgut“ (Genom) verfügen und eine Art Stoffwechsel betreiben. Sie selbst und die Welt, in der sie im Computer leben, können jederzeit bis ins kleinste Detail hinein von den Forschern eingesehen und verändert werden. Aufgrund dieser absoluten Kontrolle über das zu erforschende System eignet sich Avida natürlich hervorragend für Versuche, die mit echten Lebewesen nicht praktikabel oder gar unmöglich wären. Hinzu kommt, dass die Generationszeit dieser Organismen fast vernachlässigbar kurz ist. Somit können Evolutionsexperimente von mehreren tausend Generationen, die selbst mit Bakterien ein paar Jahre dauern würden, ohne weiteres in kürzester Zeit durchgeführt werden.

Digitale Welt

Die Avida-Arbeitsgruppe nutzte ihre Plattform bislang beispielsweise, um Hypothesen zur Evolution der Mutationsrate oder des Altruismus zu untersuchen (vgl. CLUNE et al. 2008, GOINGS

et al. 2004). Nun liegt eine neue Studie über antagonistische Koevolution vor. Dabei wird der Frage nachgegangen, ob auf diese Weise die evolutionäre Entstehung von Komplexität gefördert werden kann (ZAMAN et al. 2014). Als Szenario wählten die Wissenschaftler dafür die Wirt-Parasit-Interaktion.

Seit etwa 20 Jahren werden sogenannte „digital life“-Systeme in der evolutionsbiologischen Forschung eingesetzt.

Avida-Organismen kämpfen in ihrer Umwelt um den „Rohstoff“ Computerrechenzeit. Für jede Anweisung in ihrem Genom, die sie ausführen, brauchen sie diese Rechenzeit. Je mehr Rechenzeit ein Organismus zur Verfügung hat oder je effizienter er die verfügbare Rechenzeit nutzt, desto häufiger kann er sich vervielfältigen. Ein Organismus bekommt im Laufe seines Lebens mehr Rechenzeit-Einheiten („CPU cycles“) zur Verfügung gestellt, wenn er eine von neun verschiedenen logischen Funktionen durchführt.

Abb. 1 Benutzeroberfläche von Avida (nach einem Bildschirmfoto im Negativ dargestellt). Jedes Kreuzchen repräsentiert einen Organismus.

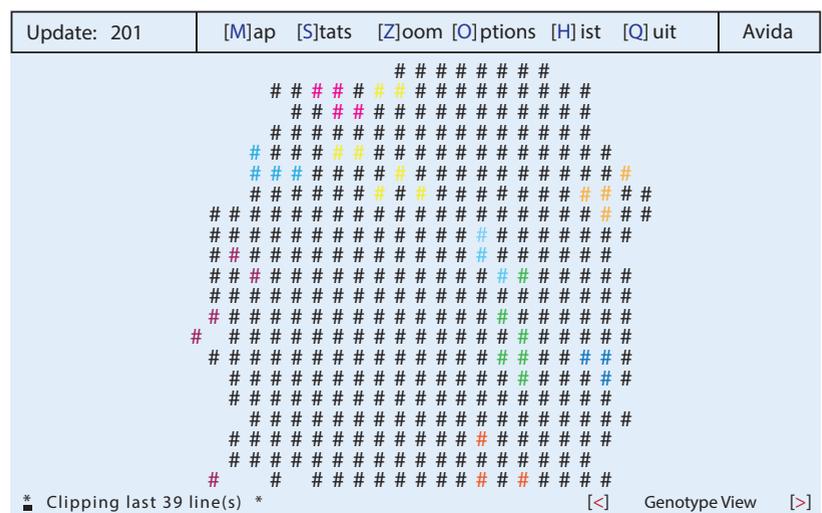
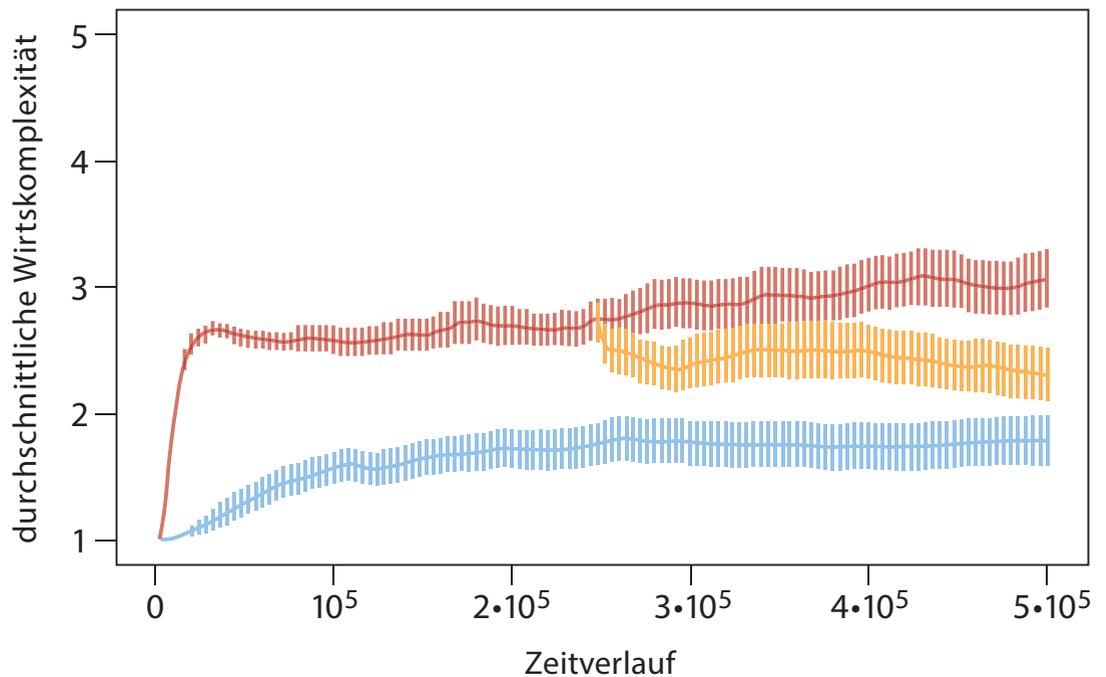


Abb. 2 Zunahme der durchschnittlichen Wirtskomplexität im Zeitverlauf. Die Zahlen geben die Updates an, d. h. die Zeitintervalle in Avida. Rote Kurve: ohne Parasiten; Gelbe Kurve: über den gesamten Verlauf des Experiments waren Parasiten vorhanden; blaue Kurve: die Parasiten wurden nach 25 000 Updates entfernt (je 50 Wiederholungen). (Nach ZAMAN et al. 2014)



Bei diesen Funktionen handelt es sich um sogenannte Boole'sche Funktionen, die jeweils ein oder zwei Binärwerte als Eingabe nehmen und diese miteinander verrechnen (vgl. Kasten). So gibt z.B. die Funktion AND das Ergebnis 1 (wahr) aus, wenn beide Eingaben ebenfalls 1 sind, andernfalls aber das Ergebnis 0 (falsch). NOT hingegen hat nur eine Eingabe, und antwortet darauf mit dem Gegenteil: 1 für 0 und 0 für 1. Alle neun Funktionen lassen sich aus Kombinationen einer zehnten Funktion, NAND, kreieren (s. Kasten). Somit lässt sich der Komplexitätsgrad einer Funktion daran messen, wie viele „NAND-Bausteine“ benötigt werden, um sie zu erstellen. NOT ist eine der einfachsten, sie braucht lediglich einen einzigen NAND-Baustein. Die komplexeste ist EQU (equals), die fünf Bausteine erfordert.

Das Genom eines Organismus besteht aus einer Serie von Anweisungen, die ihrem „genetischen Code“ entnommen sind. Sind die Anweisungen in der richtigen Reihenfolge, können sich die Organismen fortpflanzen und die oben beschriebenen logischen Funktionen durchführen. Mutationen verändern wie in echten Lebewesen das Genom und können so alte Funktionen zerstören oder neue erschaffen.

Koevolution schafft Komplexität?

Wie oben beschrieben holen sich digitale Wirtsorganismen ihre „Rohstoffe“ direkt aus der Umwelt, indem sie eine der verfügbaren Funktionen ausführen. Welche Funktion sie ausführen ist egal, alle liefern gleich viele Rohstoffe. Parasiten hingegen können einen ortsnahen Wirt infizieren, wenn sie mindestens eine Funktion

ausführen können, die der Wirt auch beherrscht. Somit ergeben sich zwei Selektionsdrücke: Wirte sind weniger anfällig, wenn sie sich spezialisieren, das heißt wenn sie nur eine einzige Funktion ausführen können. Parasiten hingegen können umso mehr verschiedene Wirte infizieren, je mehr Funktionen sie in ihrem Repertoire haben.

Die Forscher setzten nun folgendes Experiment auf: In einer Versuchsreihe ließen sie Wirtsorganismen sich über 500.000 Updates hinweg ohne parasitären Druck entwickeln, in einer zweiten Reihe waren Parasiten anwesend. (Updates sind eine Avida-Zeiteinheit, 500.000 Updates entsprechen etwa 8000 Wirtsgenerationen.) Zu Anfang konnten sowohl Wirt als auch Parasit nur die NOT-Funktion ausführen. Am Ende wurde die durchschnittliche Komplexität der Wirtspopulation anhand der komplexesten Funktion, zu der jeder Organismus fähig war, gemessen (Abb. 2).

Wie aus dem Graphen ersichtlich ist, nahm die Komplexität in allen Durchläufen zu. Die Komplexitätszunahme ohne Parasiten ist dabei aber klein genug, dass sie mit stochastischen Prozessen erklärt werden kann. Waren Parasiten anwesend, stieg die Komplexität jedoch signifikant stärker an. Es ist also ersichtlich, dass antagonistische Koevolution, zumindest in diesem System, zu einer verstärkten Evolution führt.

Die Erklärung hierfür ist relativ einfach: Auf die Wirtspopulation wirkt ein konstanter Selektionsdruck, neue Funktionen zu finden, die den Parasiten noch nicht bekannt ist. Sobald Parasiten diese neue Funktion entdeckt haben, sind die Wirte wieder anfällig und benötigen erneut neue Funktionen, um im evolutionären Wettrüsten mitzuhalten. Da die Parasiten, wie oben erwähnt, tendenziell mehrere Funktionen ausführen

können – zumeist diejenigen, die schon in der Wirtspopulation aufgetaucht sind – müssen die Wirte nach noch unbekanntem, komplexeren Funktionen „suchen“. So kann in relativ kurzer Zeit das gesamte Spektrum der in Avida möglichen Komplexität erschöpft werden. (Wobei anzumerken ist, dass die komplexeste Funktion, EQU, trotzdem nur in 17 der 50 Wirtspopulationen entstand, die Parasiten ausgesetzt waren. In den Durchgängen ohne Parasiten erschien sie überhaupt nicht.)

Kritik

Soweit das Avida Experiment. Die Forscher behaupten, sie hätten gezeigt, dass die Mechanismen der Wirt-Parasit-Koevolution ein Schlüsselprozess in der Evolution der Komplexität seien. Aber trifft das tatsächlich zu?

Wie (und ob) Komplexität von selbst entstehen kann, ist schon lange ein Streitpunkt der Evolutionsforschung, v. a. da sie eine Voraussetzung für Makroevolution ist. „Die Evolution komplexer organischer Eigenschaften ist ein offensichtlicher historischer Fakt, aber die zugrundeliegenden Ursachen [...] sind umstritten“, schreiben die Autoren (ZAMAN et al. 2014, übersetzt vom Autor). Nun, ganz so offensichtlich ist die Sachlage nicht.

Da im Rahmen dieser Studie nicht die Natur direkt beobachtet wird, sondern eine künstliche Nachbildung, stellt sich als entscheidende Frage, wie realistisch Avida die echte Welt abbildet. Hier werden schwerwiegende Mängel sichtbar.

Wie (und ob) Komplexität von selbst entstehen kann, ist schon lange ein Streitpunkt der Evolutionsforschung.

Lobenswert ist zunächst, dass die Autoren ein klares Maß für Komplexität angeben können: die Anzahl der NAND-Bausteine, die jede Funktion mindestens benötigt. Komplexität ist notorisch schwer zu quantifizieren; dieser Ansatz ist klar und einleuchtend. Allerdings ist – wie schon früher gezeigt – die maximale Komplexität in Avida kaum mit den einfachsten Bausteinen echter Lebewesen zu vergleichen (BERTSCH & WALDMINGHAUS 2005).

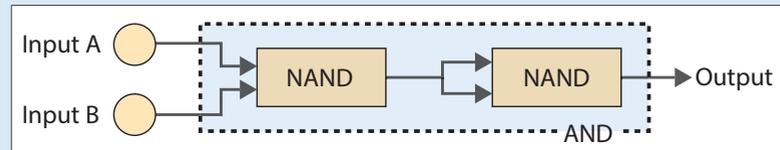
Die EQU-Funktion benötigt lediglich fünf NAND-Bausteine; die kürzeste Avida-Genomsequenz, die diese Funktion ausführen kann, ist gerade einmal 20 Anweisungen lang. Wenn man bedenkt, dass viele Proteine aus hunderten von Aminosäuren bestehen und diese Proteine ihrerseits mit vielen anderen Proteinen in Proteinkomplexen zusammenarbeiten, die wiederum nur einen kleinen Teil des Funktionsumfangs

Boole'sche Funktionen

Boole'sche Funktionen sind nach dem englischen Mathematiker George BOOLE benannt. Es handelt sich bei ihnen um eine Klasse von insgesamt 16 logischen Funktionen, die Binärwerte (wahr/falsch, ja/nein, 1/0) bearbeiten. Eine dieser Funktionen ist die NAND-Funktion. NAND steht für „not AND“ („nicht und“) und erzeugt die folgenden möglichen Ausgaben:

Input A	Input B	Input C
0	0	1
0	1	1
1	0	1
1	1	0

NAND und NOR („not OR“) werden *logisch vollständig* genannt. Das bedeutet, dass sie benutzt werden können, um jede der anderen Funktionen zu formen. Untenstehend eine AND-Funktion, die aus NAND-Bausteinen besteht:



einer einzigen Zelle ausmachen – dann scheinen 20 Zeilen Computercode nicht mehr sonderlich komplex.

Außerdem gibt es unendlich viele verschiedene Genomsequenzen, die EQU ausführen können. BERTSCH & WALDMINGHAUS (2005) illustrieren das mit den mathematischen Ausdrücken $a+b$ und $a+b+a-a$ – beide haben trotz der unterschiedlichen Länge dieselbe Bedeutung. Damit steigt die Wahrscheinlichkeit, dass ein Genom zufälligerweise EQU entwickelt, natürlich drastisch an; und zwar auf eine Weise, die in der Natur so nicht gegeben ist.

Überdies ist es sehr aufschlussreich, sich das Genom des „Urwirts“ anzuschauen: jenem Organismus, mit dem die Simulation begonnen wird. Abgesehen von dem Reproduktionsteil und dem Code für die NOT-Funktion (die alle Lebewesen von Anfang an beherrschen), besteht es zu über 90% aus NOP-Anweisungen (ZAMAN et al. 2014, data). NOP steht für „no operation“ und ist ein Bestandteil des genetischen Codes in Avida, der genau das tut: nichts.

Die Autoren äußern sich hierzu nicht in ihrem Artikel; es ist aber zu vermuten, dass sie so die „Junk-DNA“ (nicht-codierende Gene) abbilden wollen. Hierin liegt jedoch ein weiterer methodischer Problempunkt, denn dieses digitale Brachland macht es sehr viel wahrscheinlicher, dass ein Organismus überhaupt eine neue Funktion entwickeln kann. Da nur 5% aller Mutationen in ihrem Experiment Insertionen sind, 90% jedoch Punktmutationen, wäre bei einem Minimalgenom fast jede Mutation tödlich, da sie in neun von zehn Fällen eine benötigte Anweisung durch eine andere, vermutlich falsche ersetzen würde. Bei Beteiligung von so viel Junk-DNA sinkt jedoch die Wahrscheinlichkeit, dass eine Punktmutation eine überlebenswichtige

Anweisung überschreibt, da sie meistens eine NOP-Anweisung treffen wird. So kann langsam im Hintergrund eine neue Funktion entstehen, ohne eine vorherige zu zerstören. Auch spart man sich so sehr viel Zeit, da es lange dauern würde, mit Insertionen die nötige Genomlänge für komplexere Funktionen aufzubauen.

Das Ziel des Experiments, eine Komplexitätszunahme zu beobachten, ist im wahrsten Sinne des Wortes vorprogrammiert.

Wäre „Junk-DNA“ wirklich „junk“ – Schrott – so wäre ein solches Anfangsgenom vielleicht vertretbar. Da es jedoch immer stärkere Anzeichen gibt, dass diese DNA ganz und gar nicht funktionslos ist (McGAUGHEY et al. 2007; PENNISI 2010; vgl. BINDER 2011), handelt es sich hierbei um einen ernsthaften Schwachpunkt im Versuchsaufbau. Echte Genome bestehen eben nicht zu 90% aus Schrott, den man ohne Gefahr nach Belieben mutieren kann.

Zuletzt sind auch die sehr beschränkten Entwicklungsmöglichkeiten in diesem Experimentalaufbau zu kritisieren. (Nur neun verschiedene Funktionen, die alle der Nahrungsgewinnung dienen.) Der parasitäre Druck zwingt die digitalen Wirte, genau wie ihre biologischen Vorbilder, sich weiter zu entwickeln. Im echten Leben stehen ihnen hierzu viele verschiedenste Ansätze offen, um eine neue Resistenz gegen den Wirt aufzubauen. Beispielsweise könnte ein Wirt, der einem mikrobiellen Toxin ausgesetzt ist, ein Gegengift produzieren, das Angriffsziel des Giftes verändern, so dass letzteres nicht mehr wirksam ist, oder den Parasiten selbst angreifen. Viele dieser Ansätze werden in der Natur nicht mit einem höheren Niveau an Komplexität verbunden sein. In Avida steht den Wirten jedoch nur *ein* Weg frei: der nach „oben“. Der einzige Fluchtweg vor den Parasiten führt hin zu größerer Komplexität, auch wenn sich die Organismen natürlicherweise vielleicht eher „seitwärts“ entwickelt hätten. Somit ist das Ziel des Experiments, eine Komplexitätszunahme zu beobachten, im wahrsten Sinne des Wortes vorprogrammiert.

Mit Hinweis auf den letzten Punkt ist auch eine Metastudie von RABERG, GRAHAM & READ (2009) von Bedeutung: Wirte passen sich grundsätzlich auf zwei Weisen an Parasiten an. Einerseits können sie es den Parasiten erschweren, sie zu infizieren – d.h. sie erhöhen ihre Resistenz. In der Avida-Studie passiert dies dadurch, dass sie auf neue Funktionen ausweichen. Andererseits können sie aber auch ihre eigene Toleranz erhöhen: Je höher die Toleranz eines Wirtes ist,

desto besser kann er eine erfolgte Infektion überstehen. Hierfür gibt es in der vorgelegten Studie keinerlei Entsprechung. Dieser zweite Weg ist jedoch von großer Relevanz: Eine erhöhte Wirtstoleranz bedeutet nicht unbedingt eine niedrigere Parasitenfitness, anders als das bei einer erhöhten Resistenz der Fall ist. Da die Parasiten nicht unter einer solchen Anpassung leiden, besteht ihrerseits kein Selektionsdruck, sich zu ändern: es kommt gar nicht erst zu einem „evolutionären Wettrüsten“, das die Komplexität nach oben treiben könnte.

Fazit

Computersimulationen biologischer Systeme sind ein Forschungsbereich, der immer mehr an Bedeutung gewinnt. Die Avida-Arbeitsgruppe gehört zu den Vorreitern auf diesem Gebiet, und ihre Wissenschaftler haben schon viele interessante Studien veröffentlichen können. In diesem Fall leidet ihr Experiment allerdings an schweren methodischen Mängeln, die die Aussagekraft der Ergebnisse entscheidend schwächen. Dass antagonistische Koevolution eine große Rolle in der (Mikro-)Evolution spielt, ist unzweifelhaft. Ob sie jedoch echte Komplexität hervorrufen kann, erscheint auch angesichts der Avida-Simulationen weiterhin mehr als fraglich.

Literatur

- BERTSCH E & WALDMINGHAUS T (2005) Evolution virtueller Lebewesen. *Stud. Integr. J.* 12, 34–35.
- BINDER H (2011) Dunkle Seiten des Genoms. *Stud. Integr. J.* 18, 48–49.
- CLUNE J, MISEVIC D, OFRIA C, LENSKI RE, ELENA SF & SANJUAN R (2008) Natural selection fails to optimize mutation rates for long-term adaptation on rugged fitness landscapes. *PLoS Comput. Biol.* 4(9): e1000187.
- GOINGS S, CLUNE J, OFRIA C & PENNOCK R (2004) Kinselection: the rise and fall of kin-cheaters. In: *Artificial Life IX: Proceedings of the 9th International Conference on the Simulation and Synthesis of Living Systems.*
- McGAUGHEY DM, VINTON RM, HUYNH J, AL-SAIF A, BEER MA & MCCALLION AS (2007) Metrics of sequence constraint overlook regulatory sequences in an exhaustive analysis at phox2b. *Genome Res.*, <http://www.genome.org/cgi/reprint/gr.6929408v1>.
- PENNISI E (2010) Shining a light on the genome's 'Dark Matter'. *Science* 330, 1614.
- RABERG L, GRAHAM AL & READ AF (2009) Decomposing Health: tolerance and resistance to parasites in animals. *Phil. Trans. R. Soc. B* 364, 37–49.
- SMITH JM (1992) Byte-sized evolution. *Nature* 355, 772–773.
- ZAMAN L, MEYER JR, DEVANGAM S, BRYSON DM, LENSKI RE & OFRIA C (2014) Coevolution drives the emergence of complex traits and promotes evolvability. *PLoS Biol* 12(12): e1002023. doi:10.1371/journal.pbio.1002023.
- ZAMAN L, MEYER JR, DEVANGAM S, BRYSON DM, LENSKI RE & OFRIA C (2014) Data from: „Coevolution drives the emergence of complex traits and promotes evolvability.“ Dryad Digital Repository. <http://dx.doi.org/10.5061/dryad.485qq>.



War der Messelsee ein Kurzzeitsee?

Die Fossilienlagerstätte Grube Messel ist nicht nur in Fachkreisen bekannt. Seit 1995 ist sie auf Antrag des Landes Hessen ein UNESCO-Weltnaturerbe und der Öffentlichkeit zugänglich. Die Seesedimente, die die Fossilien bergen, sollen sich über einen Zeitraum von 1 Million Jahren gebildet haben – als saisonale Ablagerungen im Jahresrhythmus. Diese Dauer aber lässt sich aus der geologischen Überlieferung nicht zwanglos herleiten – im Gegenteil.

Michael Kotulla

Einleitung: Bildung des eozänen Messelsees und Verlandung

Mit der ausreichend tiefen Forschungsbohrung Messel 2001 (Endteufe 433 m) im Zentrum der Grube Messel (Abb. 2) konnte der Nachweis erbracht werden, dass die Messel-Hohlform vulkanischen und nicht – wie lange verbreitet wurde – tektonischen Ursprungs ist. Über die in der Bohrung gewonnenen Gesteine kann die Ereignisfolge nunmehr weitestgehend rekonstruiert werden (z. T. nach FELDER & HARMS 2004; siehe Tab. 1 und Abb. 3):

Aufdringende Gesteinsschmelze trifft nahe der Erdoberfläche auf Grundwasser. Heftige Magma-Wasserdampf-Explosionen lassen eine trichterförmige Hohlform (Diatrem) entstehen. Sie wird während oder unmittelbar nach der Eruption zunächst mit Sturzmaterial (*Diatrembreccie*, 373–433 m) teilverfüllt. Sogleich anschließend führt eruptiertes und rückfallendes oder einstürzendes Material (Aschen, Lapilli, Tuffe), das sich zusätzlich mit Nebengestein vermischt, zu einer weiteren Verfüllung des Explosions-trichters (sog. Pyroklastika, vorwiegend *Lapillituff*; 228–373 m). Die verbleibende Hohlform, ein Becken mit einem Durchmesser von max. 1500 Meter und einer Tiefe von max. 300 Meter wird rasch mit Grundwasser, eventuell auch Oberflächenwasser, aufgefüllt. Die ersten geschichteten Seesedimente entstehen hauptsächlich durch

gravierende Umlagerungen aus dem Material der Kraterwände und des Tuffwalls, sog. *Resedimente** (143–228 m).

Die sich im Beckenzentrum anschließenden Schwarzpelite (andere, ältere Bezeichnung Messeler *Ölschiefer*; 0–143 m), an der Basis noch von mächtigen Resedimenten unterbrochen, zeugen von einer Akkumulation feinkörnigeren und organikreichen Materials. Zur Beckenfüllung ist zusätzlich zur erbohrten Mächtigkeit noch der abgebaute Ölschiefer der Grube mit etwa 55 Meter Mächtigkeit hinzuzurechnen. Aus diesem letzten Abschnitt sind die sehr gut erhaltenen Faunen- und Florenelemente¹ geborgen worden.

So war der maarartige Messelsee zu einer kleinräumigen Sediment- und Organismenfalle geworden bis er verlandete. Die abschließende Phase des Sees ist nicht überliefert; der obere Teil des Kraterandes und der Tuffwall sind abgetragen. Und die ehemals den Ölschiefer überlagernden, wenige Meter mächtigen bunten Tone sind größtenteils bergbaulich ausgeräumt.

Der Ölschiefer – eine jahreszeitlich geprägte Ablagerung!?

Der Messeler Ölschiefer ist ein teilweise laminiertes bzw. feingeschichtetes, organikreiches Tongestein (Schwarzpelit). Es enthält im bergfeuchten Zustand ca. 35 Gew.-% Tonminerale,

Abb. 1 Anstehender Ölschiefer in der Grube Messel, Bildhöhe etwa 50 cm. (Foto: M. KOTULLA)

Tab. 1 Gliederung der Schichtenfolge der Forschungsbohrung Messel 2001. Rechter Teil: Präsentation im Besucherzentrum Grube Messel mit Entstehungszeiten (Stand 2014). Erläuterung siehe Textteil sowie ergänzend Abb. 3 und 4.

Lithologie und Stratigraphie nach FELDER & HARMS 2004			Präsentation Besucherzentrum, Stand 2014		
Teufe [m]	Lithologie (Kurzbeschreibung)	Stratigraphische Einheiten	Teufe [m]	Gliederung (Lithologie)	Entstehungszeit
0-94	Schwarzpelit, laminiert	mittlere Messel-Formation (0-101 m)	0-143	Ölschiefer	1 Million Jahre
94-111	debitrische Resedimente	—			
111-143	Schwarzpelit + Resedimente	untere Messel-Formation (240-101 m)			
143-228	Resedimente, geschichtet	—	143-228	Resedimente	100e Jahre
228-373	Pyroklastika (Lapillituff)		228-373	Lapillituff	Tage
373-433	Diatrembreccie		373-433	Diatrembreccie	Sekunden

ca. 25 Gew.-% organische Substanzen (vorwiegend Algenreste) und ca. 40 Gew.-% Wasser.

Die Feinschichtung bzw. -lamination des Ölschiefers wird hauptsächlich auf einen Wechsel zwischen algenreichen und algenarmen Laminen bzw. Algen- und Tonlagen zurückgeführt; der Wechsel wird einer saisonalen, jährlichen Steuerung zugeschrieben (MATTHES 1966, IRION 1977, GOTH 1990, LENZ et al. 2010).

GOTH (1990, 84) erklärt die Entstehung des laminierten Ölschiefers, den er auch als Algenlaminit bezeichnet, so: „Durch die Anreicherung der Algenreste² infolge der saisonalen Wasserblüten wird die Feinlamination des Ölschiefers hervorgerufen. Die Horizonte zwischen den algenreichen Lagen repräsentieren die Hintergrundsedimentation* fast eines ganzen Jahres zwischen zwei Algenblüten. Dieses Sedimentationsmuster ist über die gesamte Mächtigkeit des Ölschiefers nachweisbar. Die äußeren Bedingungen müssen während der gesamten Bestandsdauer des Messeler Sees konstant geblieben sein.“ Demnach repräsentiert jeweils ein Lagenpaar (Couplet) eine „Jahreslage“ bzw. eine „Ölschieferwarve“.

Durch Auszählung von Couplets („Jahreslagen“) an einigen wenigen Dünnschliffen ermittelt GOTH (1990, 84) eine durchschnittliche Sedimentationsrate von 0,1 bis 0,2 mm pro [Warven-] Jahr, die er auf die gesamte Abfolge überträgt. Unter Abzug der Sedimentanreicherung durch Rutschungen ermittelt er auf Basis einer geschätzten Gesamtmächtigkeit des Ölschiefers von 190 m eine „Bestandsdauer des Messelsees (...) von knapp einer Million Jahre.“ Werden GOTHs Sedimentationsrate von im Mittel 0,15 mm pro [Warven-] Jahr und eine Gesamtmächtigkeit von etwa 155 m angesetzt (FELDER & HARMS 2004, mittlere Messel-Formation), ergeben sich rechnerisch 1033333 [Warven-] Jahre. 1 Million Jahre – das ist die im Besucherzentrum Grube Messel (Eröffnung 2010) ausgewiesene Bildungszeit der Ölschiefer-Ablagerungen (Abb. 4).³

GOTH (1990) aber hat keinen Nachweis einer jahreszeitlichen Prägung erbracht. Vielmehr entstammt sein „Sedimentationsmuster“ einem theoriegeleiteten Sedimentationsmodell. Mit seiner Vorstellung einer saisonalen, jahreszeitlichen Steuerung („Ölschieferwarve“) imprägniert

Abb. 2 Weltnaturerbe Grube Messel; aufgelassener Ölschiefer-Tagebau. Die Forschungsbohrung Messel 2001 (Endteufe 433 m) wurde im Zentrum auf der ehemaligen sechsten Abbausohle niedergebracht; darüber sind etwa 55 m Ölschiefer abgebaut worden. (Foto: M. KOTULLA)



er die gesamte Ölschieferabfolge. Diese Vorgehensweise, wiederkehrenden Wechseln von hellen und dunklen feinlaminierten Lagen Jahre zuzuweisen – ohne einen Nachweis einer jahreszeitlichen Prägung erbracht zu haben –, ist eine häufig durchgeführte, geochronologische Praxis (KOTULLA 2014, 3-01 ff).

Ereignisinduzierte Sedimentation

Ausbildung des Schwarzpelits

Nach IRION (1977) sind die Feinlaminae im Mittel etwa 0,1 mm dick. In der mikroskopischen Dünnschliff-Betrachtung ist häufig eine undeutliche Ausbildung der Lamination zu erkennen (Abbildungen z.B. bei IRION 1977, GOTH 1990 und LENZ et al. 2010); die Übergänge sind unscharf, wellig oder flaserig. Die Partikelanreicherungen scheinen wolkenartig verklumpt und linsig und selbst über die geringe Bildbreite von nur 1 cm dünnen die „Laminae“ häufig aus oder verschwinden gar. WEBER (1988, 59) verwendet deshalb den Begriff „Pseudo-Lamination“.

Die Ausbildung des Messeler Ölschiefers ist im Detail äußerst vielfältig.

Die detaillierte makroskopische Beschreibung des 101 m langen Kernabschnitts der Forschungsbohrung 2001 (Schwarzpelit der mittleren Messel-Formation) weist annähernd 2000 Einzelpositionen aus, häufig im cm-Bereich (FELDER & HARMS 2004, Anhang 2). Neben einer feinlaminierten Ausbildung des Schwarzpelits (über 800 Nennungen) liegt eine flaserige Ausbildung etwa genauso häufig vor; zudem ist der Schwarzpelit abschnittsweise massig (homogen) ausgebildet (etwa 100 Nennungen). Auch tritt

Glossar

Hintergrundsedimentation: Konzept einer quasi kontinuierlichen, aber extrem langsamen (vertikalen) Partikelfür-Partikel-Sedimentation vorwiegend feinkörnigen Materials (Ton).

Resediment: Sediment, das durch Aufarbeitung vorhandener Sedimente (z.B. durch Rutschung) und deren erneute Ablagerung ggf. mit weiteren zusätzlichen (neuen) Bestandteilen gebildet worden ist. FELDER & HARMS (2004) unterscheiden turbiditische und debritische Resedimente (s.u.).

Trübestrom (engl.: turbidity current): Ereignisinduzierter, turbulenter, bodennah fließender Strom mit einer definierten Sedimentkonzentration von 1-23 Volumenprozent. Sediment(gestein): Turbidit.

Trümmerstrom (engl.: debris flow): Ereignisinduzierter, elastischer oder plastischer Massentransport-Strom mit einer definierten Sedimentkonzentration von mehr als 25 Volumenprozent. Sediment(gestein): Debricit.

eine größer klastische, sandige Ausbildung vielfach auf (über 700 Nennungen). Eine makroskopisch auffällige Führung von Klasten (Gesteinsbruchstücke) wird über 500 Mal aufgeführt, die Korngröße „Kies/kiesig“, häufig in Verbindung mit den Klasten, über 400 Mal. Bemerkenswert ist, dass über 1000 Mal der Begriff „gradiert“ (deutliche Zu- oder Abnahme der Korngröße) verwendet wird. Rötlich braune Laminae, vermutlich Alginittlaminae, werden (häufig in Mehrzahl) nur etwa mehr als 80 Mal genannt.

Auch den Einzelbeschreibungen von GOTH (1990), die sich auf kürzere Profile des aufgelassenen ehemaligen Tagebaus beziehen, kann in Summe entnommen werden, dass die schwarzpelitische Sedimentfolge im Detail heterogener Natur ist. Eine deutliche Feinlamination scheint nicht hauptsächlich vorzuliegen; in seiner definierten Normal-Ausbildung (Normal-Fazies) des Ölschiefers erhalte das anorganische Sediment (erst) durch „rhythmische Ablagerung von Algenhüllen“ seine Lamination, wobei die diskrete (abgrenzbare) Ausbildung einer Algenlage selten sei (S. 42).

Abb. 3 Im Besucherzentrum Messel ausgestellte Bohrkern der Forschungsbohrung 2001 (jeweils mittig aufgesägter Bohrkern, Bildbreite ca. 10 cm, Auswahl typischer Gesteine).

a Diatrebreccie: vermutlich Amphibolit- und Granodioritklasten in sandig-kalzitischer Matrix (Grundmasse); Ausschnitt aus Tiefe 384-385 m.

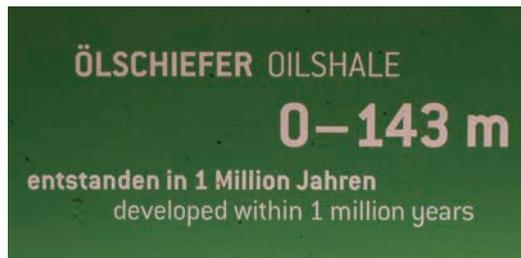
b Lapillituff mit Nebengesteinsfragmenten; Ausschnitt aus Tiefe 305-306 m.

c Resediment: Sandstein (vorwiegend massig) im Wechsel mit Silt- und Tonstein (fein laminiert); Ausschnitt aus Tiefe 164-165 m.

d Ölschiefer: fein laminiertes Schwarzpelit mit gelblichen Siderit- und rotbraunen Laminae. Luftdichte Versiegelung der Oberfläche; Ausschnitt aus Tiefe 32-33 m. (Fotos: M. KOTULLA)



Abb. 4 Objektkurzbeschreibung zum Bohrkern der Forschungsbohrung Messel 2001, Abschnitt Ölschiefer; Besucherzentrum Grube Messel. (Foto: M. KOTULLA)



Interpretation

Bereits GOTH (1990) interpretiert Abschnitte der schwarzpelitischen Folge im Niveau des ehemaligen Tagebaus als *Turbidite*, als (rasche) Ereignis-Ablagerungen von Trübeströmen* (turbidity currents). Eine klare Differenzierung als auch Quantifizierung scheint aber problematisch. Er beschreibt u.a. „gradierte Lagen“, „aufgelöste/zerstörte Feinschichtung“ und „aufgearbeitete Ölschieferfetzen“ und klassifiziert diese Phänomene als „turbiditische Ölschieferlagen“ oder „klastische Turbidite“.

FELDER & HARMS (2004) dagegen verwenden den Begriff *Turbidit* in ihrer Interpretation der schwarzpelitischen Folge nicht. Sie gehen weder auf die 1000-fach beschriebene Gradierung, ein Hinweis auf turbiditische Ablagerungen, noch auf die beobachteten unregelmäßigen Sedimentwechsel in Abständen von weniger als einem bis zu etwa 20 cm ein. Die *flaserigen* Schwarzpelitlaminen allerdings werden als beckeninterne Umlagerungen gedeutet (S. 173), also ebenfalls als (Mikro-) Resedimente.

In Ergänzung ist erwähnenswert, dass PIRRUNG (1998, 15) „undeutlich geschichtete, z.T. flaserige, linsige oder homogene Tone und Silte“ des Döttinger Maars (Eifel) als distale (vom Entstehungsort weiter entfernte) Turbidite interpretiert.

Soweit kann (und muss) für den größeren Anteil der Schwarzpelite aufgrund sedimentologischer Charakteristika von (raschen) Sedimentations- bzw. Resedimentationsereignissen ausgegangen werden; der Transport des Materials in das Beckenzentrum erfolgte hauptsächlich über unterschiedlich dimensionierte Trübe- und untergeordnet Trümmerströme*.

Darüber hinaus können Trübeströme auch eine primäre Laminierung hervorrufen, die alle Ausprägungen von fein und regelmäßig über fein und unregelmäßig bis undeutlich haben kann (SHANMUGAM 2000; klassische Turbidit-Sequenzen nach BOUMA 1962 und feinkörnige Turbidit-Sequenzen nach STOW & SHANMUGAM 1980). Das heißt (übertragen auf das Messeler Becken): Nicht nur die gröberen Lagen und gradierten Sequenzen, nicht nur die homogenen (massigen) und flaserig lamellierten Abschnitte (mikro- als auch makroskopisch) können als Strom-Bildungen angesprochen werden, sondern

auch die unterschiedlich deutlich laminierten Abschnitte des Schwarzpelits, nämlich als distale Turbidite bzw. als beckenwärts auslaufende horizontale oder als vertikale Endglieder einer Turbidit-Sequenz. Insofern vervollständigen die deutlich laminierten Bereiche das Gesamtbild dahingehend, dass die Sedimentation wahrscheinlich durchgehend primär ereignisinduziert gewesen war.

In ähnlicher Weise werden auch die laminierten Sedimente des Eckfelder Maars interpretiert; sowohl BULLWINKEL (2003) als auch NICKEL (1996) schließen – im Gegensatz zu MINGRAM (z.B. 1994), der eine Warvierung postuliert – eine jahresrhythmische Bildung der bearbeiteten Laminite aus. NICKEL (1996, 102) interpretiert die Eckfelder Laminite als höchsten Teil einer BOUMA-Sequenz (s. auch KOTULLA 2014, 3–40).

Die Ereignisse

Es ist anzunehmen, dass die Entwicklung des Messelsees hauptsächlich von den post-eruptiven Gegebenheiten, u.a. der Beckenbeschaffenheit (Instabilität, hohes Relief), der umgebenden Topographie, der Tektonik und dem Klima (subtropisch/tropisch) beeinflusst war.

Ein hoher andauernder klastischer Sedimenteintrag kann von hohen Niederschlägen mit Regen- bzw. Starkregen-Ereignissen (Auswaschung des Kraterandes und Tephrawalls; allseitiger Eintrag), Bergsturz-Ereignissen (weiter auftretende, im Vergleich kleiner dimensionierte Uferabbrüche) infolge von Kraterinstabilität (oder tektonisch induziert) sowie ggf. einer vorübergehenden (?) Anbindung an ein Gewässernetz ausgelöst worden sein. Mit der Beckenbeschaffenheit im mittel- oder unmittelbaren Zusammenhang stehen beckeninterne Ereignisse wie gravitationsbedingte Prozesse (Rutschungen, mehrstufiges Hangversagen), Setzungen und Aufweichungen (Fluidisierung).

Die die Sedimentation auslösenden Ereignisse unterliegen keinem jahreszeitlichen Rhythmus.

Unter den klimatischen, ggf. auch post-eruptiven Bedingungen können Massenvermehrungen von Algen mehrmals im Jahr oder quasi kontinuierlich stattgefunden haben. Die Absterbe-Ereignisse können partiell erfolgt sein, sodass sogar quasi kontinuierliche Niederschläge von Algenresten denkbar sind.

Hinsichtlich der Häufigkeit der unterschiedlichen Ereignisse kann von einem dutzend- bis mehrhundertfachen Auftreten während eines Jahres ausgegangen werden.

Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

Der Ölschiefer des Messeler Sees besteht aus einer Folge von ereignisinduzierten Ablagerungen; die die Sedimentation auslösenden Ereignisse unterliegen keinem jahreszeitlichen Rhythmus. Die unterschiedliche Ausprägung der schwarzpelitischen Sedimente im Beckenzentrum, die als Laminite, Turbidite und Resedimente bezeichnet bzw. gedeutet werden, erklärt sich aus bodenahem Transport (Trübe- und Trümmerströme) mit unterschiedlicher hydrodynamischer Energie und Transport in Suspension (Niederschläge) sowie aus ihren Wechselwirkungen und Überlagerungen. Es ist ein komplexes, irreguläres Sedimentationsgeschehen in einem (limitierten) quasi-kreisrunden (See-) Becken mit hohem Relief.

Bei dem post-eruptiven Messelsee dürfte es sich um einen Kurzzeitsee gehandelt haben, der nach Dutzenden oder wenigen Hunderten von Jahren bereits aufgefüllt war und verlandete. Die Präsentation einer Bildungszeit des Ölschiefers von 1 Million Jahre quasi als Tatsache, wie sie im Besucherzentrum Grube Messel erfolgt, ist irreführend.

Anmerkungen

- ¹ Die Fossilien der Grube Messel sind nicht Gegenstand dieses Artikels. Ihre exzellente Erhaltung allerdings, bei manchen Organismen samt „Haut und Haaren“, lässt auf eine rasche Sedimentüberdeckung und -konservierung schließen. Die gängige Annahme, dass die tieferen Wasserschichten und der Seeboden frei oder arm an Sauerstoff gewesen sein mussten und diesen guten Erhaltungszustand ausschließlich bedingt hätten, scheint nicht ausreichend.
- ² Hauptsächlich die Grünalgen *Tetraedron* und *Botryococcus*.
- ³ Die im Besucherzentrum Grube Messel ausgewiesene Bildungszeit der Ölschiefer-Ablagerungen von 1 Million Jahren bezieht sich einerseits (nur) auf den erbohrten Teil bis zu einer Teufe von 143 m (Abb. 4), andererseits ist in der Objektbeschreibung zum

Ölschiefer-Bohrkern anscheinend die gesamte Ölschiefer-Sedimentation gemeint (inkl. des Tagebaus, weitere 55 m): „Für die folgende 1 Million Jahre, bis zu seiner Verlandung, wird der Maarsee die Lebewelt des Eozäns aufnehmen“ (Stand 2014).

Literatur

- BOUMA AH (1962) Sedimentology of some Flysch deposits: A graphic approach to facies interpretation. Amsterdam.
- BULLWINKEL V (2003) Organische Petrologie und Mikrofazies der mitteleozänen Seesedimente des Eckfelder Maares (Südwesteifel). Diss., Göttingen.
- FELDER M & HARMS F-J (2004) Lithologie und genetische Interpretation der vulkano-sedimentären Ablagerungen aus der Grube Messel anhand der Forschungsbohrung Messel 2001 und weiterer Bohrungen (Eozän, Messel-Formation, Sprendlinger Horst, Südhessen). Courier Forschungsinstitut Senckenberg 252, 151-206.
- GOTH K (1990) Der Messeler Ölschiefer – ein Algenlaminit. Courier Forschungsinstitut Senckenberg 131, 1-143.
- IRION G (1977) Der eozäne See von Messel. Natur und Museum 107, 213-218.
- KOTULLA M (2014) Gültigkeit und Grenzen geologischer Zeitbestimmung. Online-Loseblattsammlung, Stand: 1. Ergänzungslieferung 03/2014, <http://www.wort-und-wissen.de/loseblattsammlung.html>.
- LENZ OK, WILDE V, RIEGEL W & HARMS F-J (2010) A 600 k.y. record of El Nino-Southern Oscillation (ENSO): Evidence for persisting teleconnections during the Middle Eocene greenhouse climate of Central Europe. Geology 38, 627-630.
- MATTHES G (1966) Zur Geologie des Ölschiefervorkommens von Messel bei Darmstadt. Abh. Hess. L.-Amt Bodenforsch. 51, 1-87.
- MINGRAM J (1994) Sedimentologie und Zyklizität laminierter eozäner Ölschiefer von Eckfeld/Eifel. In: NEUFFER FO, GRUBER G & LUTZ H (Hg) Fossilagerstätte Eckfelder Maar. Mainzer naturwiss. Archiv, Beiheft 16, 55-86.
- NICKEL B (1996) Die mitteleozäne Mikroflora von Eckfeld bei Manderscheid/Eifel. Mainzer naturwiss. Archiv, Beiheft 18, 1-146.
- PIRRUNG BM (1998) Zur Entstehung isolierter alttertiärer Seesedimente in Zentraleuropäischen Vulkanfeldern. Mainzer naturwiss. Archiv, Beiheft 20, 1-117.
- SHANMUGAM G (2000) 50 years of the turbidite paradigm (1950s-1990s): deep-water processes and facies models – a critical perspective. Marine and Petroleum Geology 17, 285-342.
- STOW DAV & SHANMUGAM G (1980) Sequence of structures in fine-grained turbidites: comparison of recent deep-sea and ancient flysch sediments. Sedimentary Geology 25, 23-42.
- WEBER J (1988) Sedimentpetrographische Untersuchungen in der eozänen Messel-Formation. Diss., Frankfurt.

Herkunft von RNA, Proteinen und Fettsäuren aufgeklärt?

Der britische Chemiker John SUTHERLAND veröffentlichte vor kurzem einen Artikel, in dem er die präbiotische Entstehung von RNA-, Protein- und Fettsäure-Vorläufern beschreibt (PATEL et al. 2015). Eine Analyse der Versuche zeigt jedoch, dass die Einordnung als Vorläufer an sich bereits problematisch ist und die gewählten Bedingungen für ein präbiotisches Entstehungsmodell unrealistisch und unbegründet sind.

Johannes Herkert

Ribonukleinsäure (RNA), Proteine und Fettsäuren sind grundlegende Makromoleküle aller lebenden Zellen. Die Frage nach ihrem Ursprung ist daher eine der zentralen Fragen der chemischen Evolution, welche der Entstehung des Lebens vorausgegangen und diese ermöglicht haben soll. Ein wesentliches Problem ist dabei, dass nach aller chemischen Erfahrung sehr unterschiedliche chemische Bedingungen für die Entstehung der verschiedenen Biomoleküle benötigt werden. Kürzlich hat die Forschungsgruppe um John SUTHERLAND (PATEL et al. 2015) ein neues Modell als potentielle Lösung für dieses Problem vorgestellt. SUTHERLAND beschreibt darin ein hypothetisches Szenario für die Entstehung von Vorläufern aller drei Molekülklassen – RNA, Proteine und Fettsäuren – in einem einzigen Ansatz. Konnte man dem Rätsel der Lebensentstehung durch diese Arbeit einen entscheidenden Schritt näher kommen?

SUTHERLAND fasst in dieser Arbeit Erkenntnisse aus früheren Untersuchungen zusammen und fügt neuere Erkenntnisse und Überlegungen an. Über eine der Pionierarbeiten (POWNER et al. 2009) berichtete bereits BINDER (2009) in *Studium Integrale Journal*. In der Arbeit von POWNER et al. wurde ein möglicher präbiotischer Entstehungsweg für aktivierte Pyrimidinribonukleotide beschrieben – einem Baustein der Nukleinsäuren. In einer weiteren Arbeit konnte SUTHERLAND zeigen (RITSON & SUTHERLAND 2012), dass durch kupferkatalysierte Photoredoxchemie über Homologisierungsreaktionen aus der Vorläufersubstanz Cyanwasserstoff (HCN) C₂- und C₃-Zucker entstehen können, die als Ausgangsstoffe für die 2009 beschriebene Chemie gebraucht werden. Die von RITSON & SUTHERLAND beschriebenen chemischen Reaktionen werfen im Kontext einer Chemie der Lebensentstehung allerdings viele Fragen auf:

1. Die grundlegendste Anfrage ist, unter welchen Bedingungen der beschriebene Photoredoxzyklus überhaupt ablaufen kann. Die vorgestellte Photoredoxchemie funktioniert

nämlich nur, wenn die beteiligten Komponenten räumlich isoliert und konzentriert sind, dagegen nicht in starker Verdünnung oder in Gegenwart anderer Chemikalien. Die beiden letzteren ungünstigen Randbedingungen müssen aber für eine Ursuppe angenommen werden.

2. Für den Photoredoxzyklus wird UV-Licht (254 nm) benötigt. Das eingesetzte UV-Licht ist allerdings schädlich für das gewünschte Endprodukt. Es führt unter anderem zur Bildung von Pyrimidindimeren und damit zur massiven Schädigung von RNA und DNA. Die Nukleinsäuren können dann keine dynamischen dreidimensionalen Strukturen ausbilden und auch keine katalytischen Funktionen übernehmen oder genetische Informationen speichern.

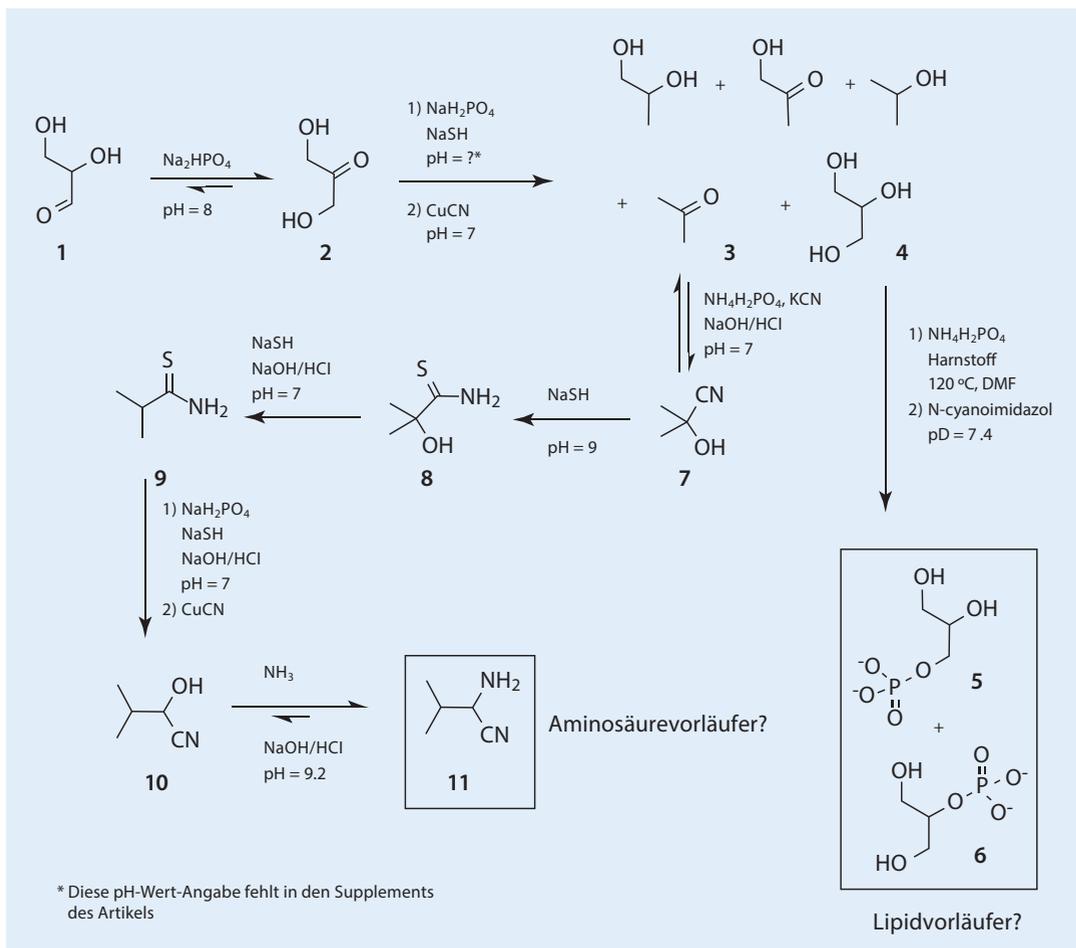
Für den Photoredoxzyklus wird UV-Licht benötigt. Das eingesetzte UV-Licht ist allerdings schädlich für das gewünschte Endprodukt.

Diese Bedingungen wären also in jedem Fall inkompatibel mit einer RNA-Welt. Zudem ist die Fragestellung der Entstehung von RNA in den beschriebenen Arbeiten noch nicht einmal tangiert, da darin nur einige Vorläufer möglicher Ausgangsstoffe betrachtet werden. Die Polymerisation dieser Bausteine ist ein eigenes, zusätzliches und aus rein naturalistischer Perspektive vollkommen ungelöstes Rätsel (SCHMIDTGALL 2013).

3. Die Frage nach der Plausibilität des Vorhandenseins großer Mengen von Cyanwasserstoff und weiterer benötigter Bausteine wie Phosphate muss geprüft werden.

In weiteren Arbeiten hat SUTHERLAND gezeigt, dass zudem Schwefelwasserstoff eingeführt werden muss, um Vorläufer von Aminosäuren herzustellen (RITSON & SUTHERLAND 2013). Durch diese Vorgehensweise konnten Zwischenprodukte für die Synthese von drei proteinogenen Aminosäuren synthetisiert werden. Hier soll

Abb. 1 Ausschnitt aus dem in PATEL et al. (2015) beschriebenen Netzwerk.



nur auf die Synthese eines Zwischenprodukts für die Synthese der Aminosäure Valin eingegangen werden. Wie aus Abb. 1 ersichtlich, muss das Molekül **11** in mehreren, aufeinanderfolgenden Reaktionen unter jeweils unterschiedlichen Bedingungen synthetisiert werden. Für die Synthesen der Zwischenprodukte der beschriebenen Aminosäuren werden typischerweise unterschiedliche Randbedingungen für die chemische Reaktionen benötigt. Die Syntheseschritte und die dazu notwendigen Randbedingungen von **11** werden im Folgenden betrachtet; sie sind ein Kernbestandteil der neuesten Arbeit von SUTHERLAND (PATEL et al. 2015).

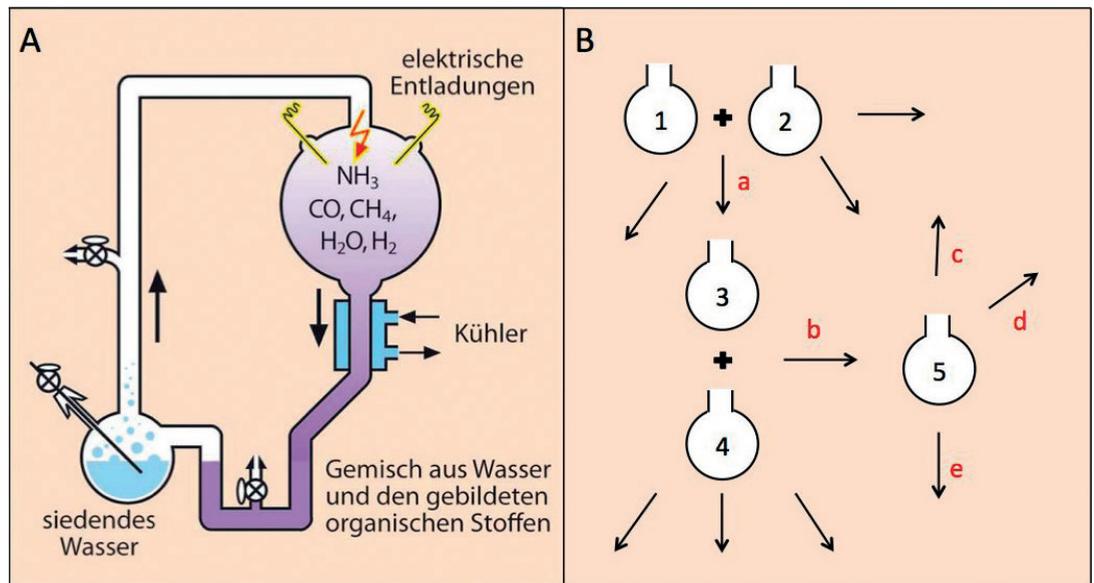
Wenige neue Erkenntnisse

Im Zentrum der aktuellen Arbeit (PATEL et al. 2015) steht die Umsetzung von Glycerinaldehyd (**1** in Abb. 1) zu Dihydroxyaceton (**2**). Diese ist bei leicht basischem pH-Wert thermodynamisch begünstigt. Ausgehend von **2** stellen die Autoren ein Reaktionsnetzwerk vor, bei dem verschiedene Aminosäurevorläufer und Lipidvorläufer synthetisiert werden. Bei den vorgeschlagenen Lipidvorläufern handelt es sich um Glycerolphosphate (**5** und **6**). In Lipiden, die am Aufbau von Zellmembranen beteiligt sind, sind ähnliche Moleküle mit Fettsäuren verestert. Für

die Funktion von Lipiden in Zellmembranen ist ihr amphiphiler Charakter entscheidend, d.h. sie „lieben“ sowohl Wasser als auch wasserabweisende Öl-artige Medien. Fettsäuren könnten diese Funktion prinzipiell erfüllen, aber Glycerolphosphate nicht. Glycerolphosphate erscheinen in diesem Licht eher überflüssig und bringen keinen Fortschritt für die Erklärung der Herkunft einfacher amphiphiler Moleküle wie Alkylphosphate, Alkylsulfate oder Fettsäuren (RUIZ-MIRAZO et al. 2014). Die Einschätzung von Glycerolphosphaten als Lipidvorläufer ist zwar sachlich nicht falsch, ein entscheidender Teil fehlt jedoch (die lipophile Kette) und derzeit gibt es auch keine Ansatzpunkte in SUTHERLANDS Chemie, die eine Entstehung langer Alkylketten plausibel machen könnten. Für Moleküle mit amphiphilen Eigenschaften sind diese Ketten aber unbedingt notwendig.

Im gesamten Reaktionsnetzwerk, das SUTHERLAND et al. konzipiert haben, ist die Gegenwart von löslichem Phosphat unabdingbar. Dieses erfüllt mehrere grundlegende Funktionen: Es verhindert starke Schwankungen des pH-Werts, katalysiert gewünschte Reaktionen und stabilisiert Verbindungen, die sonst zerfallen würden. Eine signifikante Phosphatquelle auf der Erde ist Apatit, ein Calciumphosphat-Mineral, das aber unreaktiv und schlecht wasserlöslich ist. Daher wirft eine mögliche Herkunft von löslichen

Abb. 2 Prinzip eines klassischen Eintopfexperiments (A) (hier: Miller/Urey-Simulationsexperiment) im Vergleich zum Konzept von PATEL et. al (2015) (B). Für den experimentellen Ansatz von PATEL et al. (2015) stellt die Abbildung eine starke schematische Vereinfachung dar: Jeder einzelne Ansatz (1-5) besteht aus einem komplexen experimentellen Aufbau, und zwischen den Versuchen müssen die gewünschten Produkte durch unterschiedliche komplexe technische Verfahren (z. B. Säulenchromatographie) aufgereinigt werden. Die unbeschrifteten Pfeile deuten die Existenz weiterer Nebenprodukte an.



Phosphaten schwerwiegende Fragen auf, und eine plausible Phosphatquelle ist nicht bekannt (RUIZ-MIRAZO et al. 2014).

Neben vielen Fragen bezüglich der Anwesenheit bestimmter chemischer Verbindungen muss aber auch das Gesamtkonzept von SUTHERLAND grundsätzlich hinterfragt werden.

Ein fragwürdiger Grundansatz

Für Szenarien der präbiotischen Chemie, also chemischer Synthesen, die zur Erzeugung von Stoffen zum Aufbau erster lebender Systeme genutzt werden können, ist die Konzeption möglichst einfacher und vor allem einheitlicher Reaktionsbedingungen erforderlich („Eintopfreaktionen“). Komplizierte Mechanismen, räumliche Trennungen und passende Abfolgen sind ohne Planung und Vorüberlegung wenig plausibel. Daher sind für die präbiotische Chemie Eintopfreaktionen viel wahrscheinlicher und einfacher zu begründen als komplexe, räumlich abgetrennte Reaktionen, deren Produkte zunächst in Isolation angereichert werden müssen und dann unter anderen Reaktionsbedingungen mit Stoffen weiter reagieren, die wiederum unter anderen speziellen Bedingungen erzeugt worden sind. Ein klassisches Beispiel für einen präbiotischen Eintopfversuch ist das bekannte Simulationsexperiment von MILLER und UREY (Abb. 2A).

SUTHERLAND ist sich dieses Problems bewusst. Daher beschreibt er die Probleme der bekanntesten Eintopf Szenarien. Als Problem bekannter präbiotischer Eintopf Szenarien beschreibt SUTHERLAND die „geringe Ausbeute biologisch relevanter Produkte aufgrund unbegünstigter Reaktionen und/oder Reaktionssequenzen“ (übersetzt nach PATEL et al. 2015). Dabei stellt sich das Problem, dass SUTHERLAND immer nur die gewünschten

Chemikalien zusammenmischt und daher potentielle begünstigtere Reaktionen nicht entdeckt, die zu anderen, in diesem Zusammenhang ungewünschten Produkten führen. Alle beschriebenen Produkte würden auch Nebenreaktionen zu unerwünschten Produkten eingehen, wenn andere Stoffe vorhanden wären. Häufig können diese im Vergleich zu den beschriebenen Reaktivitäten bevorzugt sein. Außerdem wurden alle Reaktionsparameter bei den einzelnen Reaktionen verändert (unterschiedliche Katalysatoren, Temperaturen, pH-Werte, Lösemittel [z. B. DMF – ein komplexer Stoff, der selbst erst entstehen müsste], Reaktionsdauern). SUTHERLAND gibt an, dass er sich vom Wunsch eines Eintopfsyntheszenarios verabschieden musste. Verabschiedet er sich damit auch von präbiotisch relevanter Forschung? Es ist notwendig, sich dieser Frage zu stellen.

SUTHERLAND gibt an, dass er sich vom Wunsch eines Eintopfsyntheszenarios verabschieden musste. Verabschiedet er sich damit auch von präbiotisch relevanter Forschung?

SUTHERLAND schlägt in seiner Arbeit neue Denkansätze vor. Dabei bedient er sich moderner Methoden aus der organischen Chemie (Flow Chemistry) und schlägt vor, dass unterschiedliche chemische Bedingungen in Flusströmen zur Bildung unterschiedlicher Substanzen führten, die dann an einem Knotenpunkt aufeinandertreffen und miteinander reagieren. Dieses Szenario ist ein interessanter Ansatzpunkt, aber sowohl die geochemischen Voraussetzungen wie zum Beispiel hohe Cyanid-Konzentrationen als auch die Wahrscheinlichkeit jeweils günstigerer Bedingungen in Flusströmen für die Bildung

vorgeschlagener Substanzen ist sehr fragwürdig und wird auch sehr skeptisch aufgenommen. So sagt z. B. Nick LANE (University College London) in einem Kommentar: „*Ich halte den geochemischen Kontext für unwahrscheinlich. Es braucht sehr hohe Cyanid-Konzentrationen und es gibt keine Belege, die dies stützen*“ (übersetzt nach EXTANCE 2015).

Dass SUTHERLANDS jüngste Forschung einen entscheidenden Fortschritt darstellt, muss also in vielerlei Hinsicht sehr kritisch hinterfragt werden. Insbesondere der gewählte Grundansatz erscheint fragwürdig und kann kaum entscheidende Erkenntnisfortschritte im Vergleich zu Eintopfsynthesen à la MILLER mit sich zu bringen. Man könnte diesen Ansatz auch für das Simulationsexperiment von MILLER wählen und gewünschte Bausteine isolieren und dann gezielt unter anderen Bedingungen zur Reaktion bringen. Dies wird vermutlich nicht gemacht, weil man sich der geringen präbiotischen Relevanz eines solchen Experiments bewusst ist.

Literatur

- BINDER H (2009) Neue Synthese für Nukleinsäure-Bausteine – ein plausibler Weg zu ersten Nukleinsäuren? *Stud. Integr. J.* 16, 111–113.
- EXTANCE A (2015) Reaction Map suggests meteorite chemistria route to life. <http://www.rsc.org/chemistry-world/2015/03/reaction-map-suggests-meteorite-chemistry-route-life> (Zugriff: 15. 4. 2015).
- PATEL BH, PERCIVALLE C, RITSON DJ, DUFFY CD & SUTHERLAND JD (2015) Common origins of RNA, protein and lipid precursors in a cyanosulfidic protometabolism. *Nat. Chem.* 7, 301–307.
- POWNER MW, GERLAND B & SUTHERLAND J (2009) Synthesis of activated pyrimidine ribonucleotides in prebiotically plausible conditions. *Nature* 459, 239–242.
- RITSON D & SUTHERLAND JD (2012) Prebiotic synthesis of simple sugars by photoredox systems chemistry. *Nat. Chem.* 4, 895–899.
- RITSON D & SUTHERLAND JD (2013) Synthesis of aldehydic ribonucleotide and amino acid precursors by photoredox chemistry. *Angew. Chem. Int. Ed.* 52, 5845–5847.
- RUIZ-MIRAZO K, BRIONES C & DE LA ESCOSURA (2014) Prebiotic systems chemistry: New perspectives for the origins of life. *Chem. Rev.* 114, 285–366.
- SCHMIDTGALL B (2013) Enzymfreie Replikation im Labor – ein plausibles Modell für erste Replikationssysteme? *Stud. Integr. J.* 20, 44–47.

Kommentar

Unmöglichkeitsbeweis?

Michelle NOE beschäftigt sich in dieser Ausgabe auf S. 97f. mit der Entstehung elektrischer Fische. Dabei analysiert sie zwei Strategien, die bereits Charles DARWIN verfolgte, um Erklärungsprobleme zu lösen, die bei Annahme einer evolutiven Entstehung zwangsläufig auftreten.

Eine Strategie besteht im Verweis auf unzureichende Kenntnisse – will heißen: Je mehr wir wissen, desto eher werden sich die evolutionstheoretischen Probleme lösen lassen. Solange wir wenig wissen, könne eine evolutive Entstehung nicht widerlegt werden. Ein solches Vorgehen ist Ausdruck einer paradigmatischen Festlegung auf Evolution und führt zu einer unzulässigen Verschiebung der Beweislast. Diese wird nämlich einfach denen hingeschoben, die eine evolutionäre Entstehung bezweifeln; es wird von ihnen nichts weniger als ein Unmöglichkeitsbeweis zur Evolution gefordert – der praktisch nicht zu führen ist. In Wirklichkeit liegt jedoch die Beweislast bei denen, die eine natürliche Entstehung als realen historischen Prozess behaupten: *sie* müssen im Falle der elektrischen Organe selber zeigen, wie sie evolutionär entstanden sein könnten. Solange sie das nicht können, bleibt offen, ob es überhaupt einen evolutiven Weg für das betreffende Organ gibt. Zudem könnte es sein, dass weitere Kenntnisse gar nicht zu einer Annäherung an eine natürlich-evolutive Erklärung führen. In welche Richtung sich die Lage verändern wird, muss von Fall zu Fall die weitere Forschung zeigen.

Im Falle der elektrischen Organe ist mindestens für einen Aspekt die Hürde einer evolutionstheoretischen Erklärung deutlich höher geworden. Konnte man ohne genauere Kenntnisse noch argumentieren, dass die elektrischen Organe neben einigen Ähnlichkeiten deutliche Unterschiede aufweisen und daher nur bedingt als morphologisch (im Bauplan) homolog gelten können (das war DARWINS zweite Strategie), zeigt sich nun eine unerwartete Ähnlichkeit in den genetischen Grundlagen dieser Organe. Wie M. NOE in ihrem Artikel zeigt, wirft dies bezüglich einer evolutionstheoretischen Erklärung qualitativ neue Fragen auf.

Die Art und Weise des Umgangs mit diesen Problemen im Rahmen von Evolutionstheorien belegt hier beispielhaft, dass über die Alternative einer Schöpfung gar nicht nachgedacht wird bzw. nachgedacht werden soll. Evolution ist die paradigmatisch unumstößliche konzeptionelle Vorgabe, innerhalb derer alle Deutungen erfolgen müssen – eine Festlegung unter bewusster Ausblendung denkbarer Alternativen. Unter diesen Umständen sind alle auftretenden Erklärungsprobleme, selbst dann, wenn sie größer werden sollten, kein Gegenargument. Was würde aber geschehen, wenn ein *Vergleich* von Erklärungen zugelassen würde, bei dem jede Option ihre stützenden und widersprechenden Argumente präsentieren müsste?

Reinhard Junker

Streiflichter

Ist das Alphabet der Aminosäuren perfekt?

Gewöhnlich dient ein Alphabet dazu, Sprache schriftlich festzuhalten. Ein geeignetes Alphabet ist dann gegeben, wenn durch die Kombination der Einzelbuchstaben jedes Wort der betreffenden Sprache aufgeschrieben werden kann. In Analogie dazu werden die 20 in der Natur vorkommenden Bausteine der Proteine üblicherweise als Aminosäure-Alphabet bezeichnet. Allerdings sind die Eigenschaften eines „molekularen Bausteinsatzes“ für den Aufbau biologischer Funktionseinheiten deutlich komplexer als diejenigen für den Buchstabensatz einer Sprache. Zudem sind die chemischen Eigenschaften der biologischen Funktionseinheiten direkt abhängig von denjenigen der Einzelbausteine. So können die Effizienz eines Enzyms und der Substratraum (Bandbreite der chemisch umgesetzten Molekülararten) durch Variation einer einzi-

gen Aminosäure signifikant verändert werden. Daher ist es sowohl aus Sicht der Evolutionslehre als auch der Schöpfungslehre eine naheliegende Frage, ob das bis auf wenige Ausnahmen universelle Aminosäurealphabet optimal ist.

Mit dieser Fragestellung befasste sich vor kurzem die Forschungsgruppe um ILARDO (2015). Dazu wurde anhand von Computersimulationen eine große Zahl (10^8) zufällig zusammengestellter Sätze von jeweils 20 Aminosäuren (aus einem „Reservoir“ von 1913 alternativen Aminosäuren) mit dem natürlichen Aminosäurealphabet verglichen. Als Kriterium für die Güte dieser molekularen Sätze wurde die Abdeckung einer möglichst großen Bandbreite bezüglich der drei chemischen Eigenschaften Größe (Volumen), Ladung und Hydrophobie (Wasserabweisung) herangezogen. Dabei ergab sich, dass nur sechs der 10^8 (hundert Millionen) Aminosäuresätze hinsichtlich aller drei Eigenschaften

(chemischer Raum) die 20 kanonischen Aminosäuren übertrafen. Weitere Untersuchungen dieser sechs Aminosäuresätze zeigten jedoch, dass sie bezüglich der energetischen Größe ΔH_f (Bildungsenthalpie) kostspieliger sind als der kanonische Satz der Aminosäuren. Das bedeutet, dass für ihre Herstellung aus den chemischen Elementen mehr Energie aufgewendet werden muss als im Fall des natürlichen Satzes an Aminosäuren. Zudem geht aus den Strukturen hervor, dass die Aminosäuren der theoretisch besseren Aminosäure-Sätze generell chemisch labiler sind als die 20 kanonischen Aminosäuren, sodass es mehr als fraglich ist, ob sie unter geologischen Bedingungen eine lange Verweildauer hätten. Die Autoren folgern aus den angeführten Befunden, dass das universelle Alphabet der 20 proteinogenen Aminosäuren aus einer viel größeren Zahl an Aminosäuren durch natürliche Auslese hervorgegangen sei. Darüber hinaus behaupten sie im Einklang mit dem Prinzip minimaler schrittweiser Veränderungen nach DARWIN'scher Lesart, dass die Aminosäuren allmählich das Aminosäure-Alphabet erweitert hätten, bis der aktuelle Satz vorlag.

Allein die Tatsache, dass die Ausführungen im diskutierten Artikel auf Computersimulationen beruhen und keinerlei experimentelle Verifikation vorliegt, lässt die Argumentation bezüglich der Entwicklung des kanonischen Aminosäure-Satzes wenig überzeugend erscheinen. Vor diesem Hintergrund ist es überraschend, mit welcher Sicherheit und Häufigkeit von „Beweisen“ der evolutiven Einflussnahme auf die Herausbildung des Aminosäure-Alphabets gesprochen wird. Sehr gewagt wirkt auch die Behauptung, dass die im Artikel angeführten alternativen Aminosäuren tatsächlich plausible Bausteine von Organismen darstellen könnten. Ein chemisch geschultes Auge erkennt ohne experimentelle Überprüfung, dass viele der gewählten Aminosäuren dafür bei weitem zu labil wären.

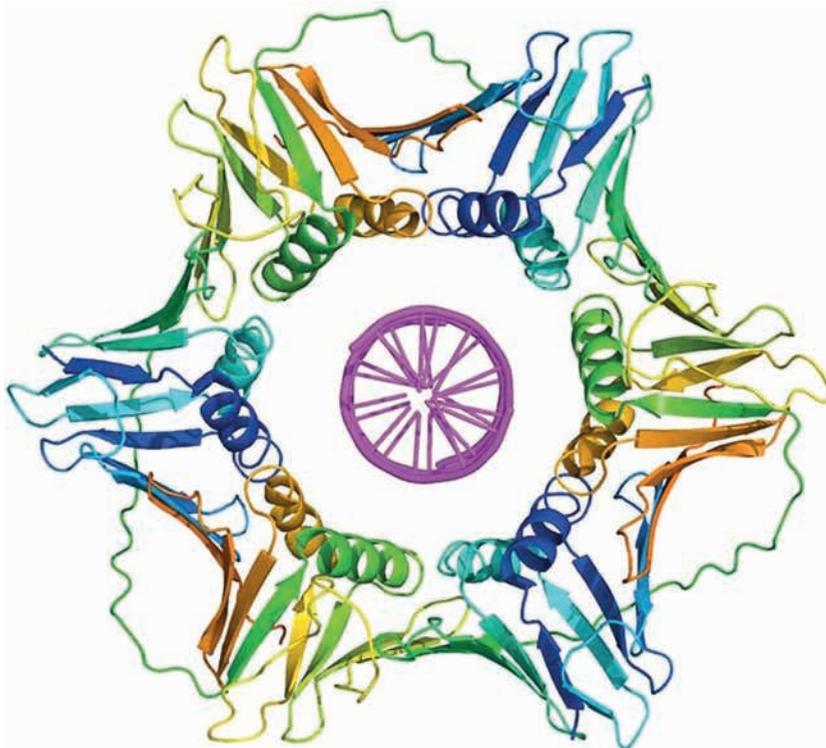


Abb. 1 Die chemischen Eigenschaften der 20 in Proteinen verwendeten Aminosäuren erscheinen optimal gewählt für die Stabilität der Proteine. Das Bild zeigt als Beispiel das DNA-Klemmen-Fold des DNA-Replikationskomplexes der Hefe. (http://en.wikipedia.org/wiki/DNA_clamp)

Insbesondere die Homochiralität – eine in der Natur für viele molekulare Bausteine nahezu ausnahmslos gültige Gesetzmäßigkeit – wäre mit vielen der angeführten alternativen Aminosäuren nicht gewährleistet. Völlig unbeachtet bleibt auch die offensichtliche Inkompatibilität vieler alternativer Aminosäuren mit dem Aufbau von Proteinen. Die geringe Flexibilität der Seitengruppen (Doppelbindungen oder Aromaten direkt an das α -C-Atom gebunden) ist für die Ausbildung flexibler, dreidimensional faltbarer Polymere – wie Proteine es sind – ein starkes Hindernis. Unter Berücksichtigung dieser Aspekte wäre eine erhebliche Reduktion des vorgeschlagenen Pools von 1913 alternativen Aminosäuren geboten. Das würde allerdings auch das hypothetische Szenario einer schrittweisen Entwicklung des Aminosäure-Alphabets und damit auch die Kernaussage der Publikation hinfällig machen. Allenfalls die globale Optimalität des natürlichen Aminosäure-Satzes ist ein interessanter Befund, der aber für sich genommen überhaupt kein Argument für eine schrittweise Auslese der 20 proteinogenen Aminosäuren darstellt.

Optimalität ist vielmehr ein starkes Indiz für das absichtsvolle Handeln eines Schöpfers. Daher wurden vor allem in früheren Diskussionen scheinbar suboptimale biologische Konstruktionen (z.B. das Linsenauge oder „junk“-DNA) als Belege für die evolutive Herkunft der Organismen angeführt. Durch den Druck zahlreicher Indizien sehen sich Autoren aktueller wissenschaftlicher Artikel jedoch zu einem grundlegend anderen Argumentationsmuster veranlasst: Die Optimalität biologischer Funktionseinheiten soll das Resultat eines Milliarden Jahre währenden Optimierungsprozesses sein, obwohl es dafür praktisch keine experimentellen Nachweise gibt. Einmal mehr erweist sich damit die Argumentation von Befürwortern der Makroevolution als erstaunlich anpassungsfähig und somit inkonsequent oder gar widersprüchlich.

[ILARDO M, MERINGER M, FREELAND S, RASULEV B & CLEAVES HJ (2015) Extraordinarily adaptive properties of the genetically encoded amino acids. *Sci. Rep.* 5:9414, doi: 10.1038/srep09414.] B. Schmidt/gall



Abb. 1 Rekonstruktion von *Archaeornithura*. (© Zongda ZHANG)

■ Der älteste „echte“ Vogel: überraschend modern

Ein kreidezeitlicher Fossilfund eines amselgroßen Vogels aus Nordchina erweist sich als überraschend „modern“. Da der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* auf einen evolutionären Seitenast gestellt wird, gilt nun *Archaeornithura* als ältester „echter“ Vogel.

Von einem bemerkenswerten Fund eines Vogelfossils aus der fossilreichen Jehol-Gruppe im Nordosten Chinas berichten chinesische Forscher (WANG et al. 2015). Die etwa amselgroße Gattung *Archaeornithura* wird als ältester echter Vogel eingestuft. Sie wird zur Gruppe der Ornithurae gestellt, zu der auch die heute lebenden Vögel gerechnet werden. Bemerkenswert ist *Archaeornithura* wegen seines „modernen“ Aussehens – der älteste bekannte Vertreter der Ornithurae ist weit davon entfernt, zu den primitivsten seiner Gruppe zu gehören.

Archaeornithura besaß ein ziemlich modernes Federkleid mit asymmetrischen Schwungfedern und gut entwickelter Alula (Daumenfittich) mit mindestens drei Federn und fächerförmigen Schwanzfedern, die heutigen Vögeln erstaunlich ähnlich sind (WANG et al. 2015, 7). Beide Merkmale sind bei heutigen Vögeln für langsamen Flug und Manövrierbarkeit aerodynamisch wichtig. *Archaeornithura* dürfte daher ein guter Flieger gewesen sein. Die Knochen am Ende der Flügel sind stark ver-

schmolzen und es ist eine U-förmige Furkula (verwachenes Schlüsselbein) ausgebildet (BALTER 2015) – beides Kennzeichen auch heutiger Vögel. Seine langen Beine waren nicht befiedert, was darauf hinweist, dass es sich um einen Watvogel gehandelt haben dürfte, der im flachen Wasser herum stakste und dort nach Nahrung suchte.

Das Alter von *Archaeornithura* wurde auf 130,7 Millionen (radiometrische) Jahre bestimmt, womit diese Gattung die älteste bisher bekannte Form der Ornithurae ist. Man sollte erwarten, dass die älteste bekannte Form zu den eher primitiven Gattungen gehört, doch genau das Gegenteil ist der Fall. *Archaeornithura* ist im Cladogramm (Ähnlichkeitsbaum) der Gruppe tief eingeschachtelt (WANG et al. 2015, 6) und somit „hochentwickelt“. Dagegen werden andere Vogelarten aus jüngeren Schichten näher an die Basis des mutmaßlichen Stammbaums gestellt (also entgegen der zu erwartenden Reihenfolge). WANG et al. (2015, 6) sprechen von Inkonsistenzen zwischen Stratigraphie (Position in der Schichtenabfolge) und Phylogenie (Abstammungsabfolge laut Evolutionstheorie). Das mache die Annahme sogenannter Geisterlinien erforderlich. „Geisterlinien“ bedeutet, dass aufgrund der Stammbaumrekonstruktion (phylogenetische Analyse, die auf Merkmalsvergleichen beruht) die Existenz evolutionärer Linien zwar angenommen werden muss,

dass dafür aber in größerem Umfang fossile Nachweise fehlen. (Das gilt natürlich nur, falls Evolution abgelaufen ist.)

Sowohl die Ornithurae als auch eine andere kreidezeitliche Vogelgruppe, die Enantiornithes („Gegenvögel“) erscheinen in der Fossilabfolge nicht in Form einer wachsenden Verschiedenartigkeit, sondern relativ ausdifferenziert. Man sagt in solchen Fällen, die evolutionäre Aufspaltung sei rasch erfolgt (BALTER 2015). Dass es – unter der Annahme von Makroevolution – Lücken in der Fossilüberlieferung gibt, ist nachvollziehbar. Wenn solche Lücken aber systematischer Natur zu sein scheinen und in größerem Umfang Geisterlinien angenommen werden müssen, ist aufgrund der fossilen Daten eine kritische Rückfrage an das zugrundeliegende Evolutionsmodell angebracht.

[BALTER M (2015) When modern birds took flight. *Science* 348, 617 • WANG M et al. (2015) The oldest record of ornithuromorpha from the early cretaceous of China. *Nat. Comm.* 6:6987, doi: 10.1038/ncomms7987] R. Junker

■ Buntes Merkmalsmosaik: Ein „Schnabeltier“ unter den Raubdinosauriern

Als „Schnabeltier der Dinosaurier“ wird eine neu beschriebene Theropoden-Gattung aus Chile beschrieben. *Chilesaurus* besitzt eine „bizarre“ Mischung von Merkmalen, die evolutionstheoretisch unerwartet ist.

Die „eierlegende Wollmilchsau“ gibt es zwar nur sprichwörtlich, aber manche Geschöpfe verbinden durchaus recht unterschiedliche Merkmale zu einem kuriosen Mix. Relativ bekannt ist das heute lebende Schnabeltier, ein Säugetier mit Haarkleid und Milchdrüsen, aber

auch mit einer eierlegenden Fortpflanzungsweise, einem eigenartigen Hornschnabel, einem Ruderschwanz und mit Giftspornen an den Hinterbeinen; Merkmale, die sonst verschiedenen Tiergruppen zugeordnet werden.

Kürzlich ist nun bekannt geworden, dass auch die Dinosaurier eine Art „Schnabeltier“ in ihren Reihen haben: ein pflanzenfressender Theropode – eigentlich ein Widerspruch in sich, da es bislang zum Kennzeichen dieser zweibeinigen Dinosaurier gehört, räuberisch zu leben. Wie bei allen Theropoden handelt es sich bei *Chilesaurus* um einen Zweibeiner; er lief aufrecht auf kräftigen Hinterbeinen. Ungewöhnlich ist zunächst sein Pflanzenfressergebiss; die Zähne waren klein und spatelförmig; aber *Chilesaurus* hatte noch weitere Überraschungen parat. Die einzelnen Merkmale erscheinen gleichsam aus ganz verschiedenen Gruppen zusammengesetzt. Eine Forschergruppe (NOVAS et al. 2015) verglich einzelne Körperregionen von *Chilesaurus* gesondert mit den entsprechenden Ausprägungen verschiedener Dinosauriergruppen. Dabei stellte sich heraus: Die kräftigen Beine samt Fuß und Fußgelenk waren wie bei Sauropoden ausgebildet (Sauropoden sind große vierbeinige Dinosaurier mit langem Hals und langem Schwanz, z.B. *Brontosaurus*), dazu passt auch der relativ kleine Kopf. Das Achsenskelett gleicht dem von Ceratosauriern (zweibeinig laufende Fleischfresser, die häufig Kopfformen besaßen); die Vorderbeine, der Schultergürtel und Hinterbeine passen zu den Tetanuren (Untergruppen der Theropoden; der Name bedeutet „starre Schwänze“); das Becken wiederum ist typisch für Coelurosaurier (Hohlschwanz-Echsen, Untergruppe der Theropoden). Die Vorderextremitäten wurden als Arme benutzt; allerdings hatte *Chilesaurus* statt der für Theropoden üblichen Klauen nur zwei stumpfe Finger. Die Bearbeiter sprechen daher von einem extremen Fall einer „Mosaik-Evolution“; einer von ihnen, Alexander VARGAS, lässt verlauten: „Ich denke, er hat es verdient, als das Schnabeltier der Dinosaurier bezeichnet zu werden“ (<https://www.wired.de/collection/>)



Abb. 1 Künstlerische Darstellung von *Chilesaurus diegosuarezi*. (University of Birmingham; Illustration Gabriel Lío; mit freundlicher Genehmigung)

latest/das-schnabeltier-unter-den-dinosauriern).

Der bunte Merkmalsmix von *Chilesaurus* erfordert im Rahmen des Evolutionsmodells die Annahme mehrerer Konvergenzen oder Rückentwicklungen. Das heißt: Eine Reihe von Merkmalen müsste sich unabhängig in verschiedenen Linien in ähnlicher Weise evolutionär herausgebildet haben, z.B. die pflanzenfressende Ernährungsweise. Es wird zwar gesagt, dass Evolution so funktioniert, doch ein solcher Merkmalsmix ist evolutionstheoretisch unerwartet. Denn häufig wird die Tatsache, dass man Arten und größere Gruppen problemlos in ein hierarchisches, eingeschlachtetes System einordnen kann, als starkes Argument für Evolution genannt. Doch genau das scheint, je mehr man über die Lebewesen weiß, desto weniger möglich zu sein, was folglich das Argument für Evolution schwächt. Der Verweis auf „konvergente Evolution“ ist keine Erklärung, sondern nur eine Benennung des Befundes. *Chilesaurus* ist diesbezüglich ein besonders eindrucksvolles Beispiel.

[NOVAS FE, SALGADO L, SUÁREZ M, AGNOLÍN FL, EZCURRA MND, CHIMENTO NSR, DE LA CRUZ R, ISASI MP, VARGAS AO & RUBILAR-ROGERS D (2015) An enigmatic plant-eating theropod from the Late Jurassic period of Chile. *Nature*, doi:10.1038/nature14307] R. Junker

■ Neue erstaunliche Entdeckungen bei Ameisen

Ameisen sind nicht nur in der Bibel empfohlene Studienobjekte, sie liefern in der aktuellen Forschung immer wieder erstaunliche Entdeckungen. SHI et al. (2015) haben die in der Sahara unter extremen Bedingungen lebenden Silberameisen (*Cataglyphis bombycina*) untersucht. Die namengebende silberne Erscheinung wird bei *C. bombycina* von einer Bedeckung durch dicht stehende Haare hervorgerufen, die einen dreieckigen Querschnitt aufweisen. Diese besondere Behaarung, die sich nur an der der Sonne zugewandten Oberfläche, nicht aber am Bauch befindet, ermöglicht der Ameise bei hoher Lichtintensität und extremen Umgebungstemperaturen eine Körpertemperatur von 48–51 °C zu

etablieren. Bei der Untersuchung konnten drei Mechanismen nachgewiesen werden: 1. eine auffällig hohe Reflexion im sichtbaren und nahen Infrarotbereich; 2. im mittleren Infrarotbereich (Wellenlänge > 2,5 µm) ist die Sonnenstrahlung vernachlässigbar gering. Hier ermöglicht die Oberflächenbeschaffenheit eine Abstrahlung von Wärme (Schwarzkörperstrahlung); 3. die dem Boden zugewandte unbehaarte Körperoberfläche reflektiert vom aufgeheizten Wüstenboden abgegebene Wärmestrahlung besser als die behaarte Oberfläche. So ist die Ameise für ein Leben in diesen extremen Lebensräumen erstaunlich gut ausgerüstet.

Bei bestimmten Ross- oder Holzameisen (Gattung *Camponotus*) fanden SHARMA et al. (2015) eine unerwartet intensive und differenzierte Sensitivität für langkettige Kohlenwasserstoffe an den geruchsempfindlichen (olfaktorischen) Sensoren an den Antennen. Die olfaktorischen Sensoren befinden sich in feinen Härchen an den Antennen der Ameisen. Mit diesen untersuchen diese sozial lebenden Insekten Artgenossen und andere Organismen und können damit unterscheiden, ob es sich um Angehörige des eigenen Staates oder um Fremde handelt; ebenso können sie den Status (z.B. Arbeiterin, Königin, Wächterin) der Kolleginnen feststellen. In den Sensoren (Sensillia basiconica) befinden sich ganze Büschel von olfaktorischen Neuronen. Die langkettigen Kohlenwasserstoffe werden als komplexes Gemisch an der Körperoberfläche (Kutikula) präsentiert. Die Forscher waren erstaunt über die Vielfalt und die Spezifität der sensorischen Leistung der kleinen Insekten. Im Bouquet der Königin können die Arbeiterinnen sogar Enantiomere (Moleküle mit gleichem Aufbau, gleicher Konstitution, deren räumliche Struktur sich aber wie Bild und Spiegelbild verhält) unterscheiden. Eine faszinierende Fähigkeit, die zukünftig auch auf genetischer Ebene untersucht werden soll und von der man sich auch Hinweise für technische Problemlösungen erhofft.

[SHARMA KR, ENZMANN BL, SCHMIDTY, MOORE D, JONES GR, PARKER J, BERGER SL, REINBERG D, ZWIBEL LJ, BREIT B, LIEBIG J & RAY A (2015) Cuticular hydrocarbon pheromones for social

behavior and the coding in the ant antenna. *Cell Reports* 12, 1–11 • SHI NN, TSAI C-C, CAMINO F, BERNARD GD, YU N & WEHNER R (2015) Keeping cool: enhanced optical reflection and heat dissipation in silver ants. *Science* doi:10.1126/science.aab356] H. Binder

■ Spinnen mobil in ungewohntem Terrain

Jungspinnen verschiedener Arten können den Luftweg zur Ausbreitung nutzen. Sie spinnen an einer ausgesetzten Position einen Seidenfaden, mit dessen Hilfe sie bei günstigen Windverhältnissen in die Luft erhoben und über weite Strecken transportiert werden können. Die aerodynamischen Grundlagen dieser Art des Fliegens sind bisher nur wenig verstanden. Das Phänomen ist als „Altweibersommer“ bekannt und wird mit dem Fachbegriff „ballooning“ bezeichnet.

YANOVIK et al. (2015) haben Vertreter der Spinnen-Gruppe *Seleopidea* (kein deutscher Name bekannt) untersucht, die im Kronenbereich tropischer Regenwälder leben. Fallen diese Tiere gelegentlich von ihrer Unterlage aus den Baumwipfeln, dann sind sie in der Lage, mit Beinen und Körper eine bestimmte Position einzunehmen, die es ihnen erlaubt, aus dem Fall in einen stabilen Gleitflug überzugehen. Sie können dabei gezielt Zweige oder Baumstämme anfliegen, bevor sie auf dem für sie gefährlichen Waldboden landen. Das Gleitverhalten einzelner Tiere wurde auch im Windkanal untersucht.

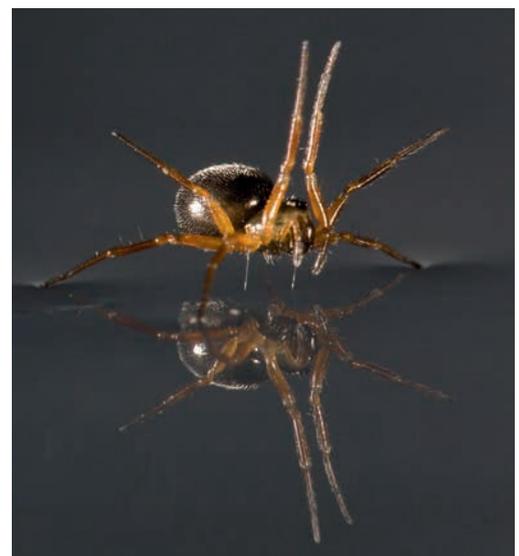


Abb. 1 Radnetzspinne auf einer Wasseroberfläche (Foto: Alexander HYDE; aus HAYASHI et al. 2015, mit freundlicher Genehmigung)



Abb. 2 Manche Spinnen sind in der Lage, Körperteile als „Segelfläche“ oder auch Spinnenseide als Treibanker zu nutzen. Aufnahmen aus Laborversuchen. (Foto: Alexander HYDE; aus HAYASHI et al 2015, mit freundlicher Genehmigung)

Es ist schon lange bekannt, dass viele Spinnen am und auch auf dem Wasser nach Beute jagen können. Wenn aber Jungspinnen in großem Umfang den Luftraum durch ungesteuertes ballooning zur Ausbreitung nutzen, dann ergibt sich eine hohe Wahrscheinlichkeit, dass die Spinnen auf ausgedehnten Wasseroberflächen landen. HAYASHI et al. (2015) haben Verhalten verschiedener Radnetzspinnen (Araneoidea) auf der Oberfläche von Frisch- und Salzwasser unter verschiedenen Windeinflüssen untersucht. Dabei haben sie festgestellt und dokumentiert, dass eine Vielzahl der Spinnen aus den Familien der Baldachin- (Linyphiidae) und Dickkieferspinnen (Tetragnathidae) nach der Landung den Wind geschickt als Fortbewegungsmittel auf der Wasseroberfläche nutzen. Dabei bieten sie entweder ihre erhobenen Vorderbeine oder den hochgestreckten Hinterleib als Angriffsfläche für den Wind und nutzen so ihren Körper als Segel. Dabei können sie zwar die Richtung nicht steuern, aber einige der Spinnen nutzen ihre Spinnenseide als Treibanker um abzubremsen oder sie fixieren sich

an Treibgut mit einem Spinnfaden. Mit diesen erstaunlichen und hier erstmals unter Laborbedingungen untersuchten Fähigkeiten können Spinnen massiv gestörte oder ganz neu entstandene Ökosysteme als Pioniere besiedeln und werden in diesem Sinn von Ökologen als Modellorganismen benutzt.

[HAYASHI M, BAKKALI M, HYDE A & GOODACRE SL (2015) Sail or sink: novel behavioural adaptations on water in aerially dispersing species. *BMC Evol. Biol.* doi: 10.1186/s12862-015-0402-5 • YANOVIK SP, MUNK Y & DUDLEY R (2015) Arachnid aloft: directed aerial descent in neotropical canopy spiders. *J. R. Soc. Interface* 12, doi:10.1098/rsif.2015.0534] *H. Binder*

■ Nützliche Viren

Viren befallen alle Arten von Lebewesen, von Archaeobakterien bis zum Menschen. Sie sind allgemein als Parasiten bekannt. Einige Spezies wie das Ebolavirus gehören zu den gefährlichsten Krankheitserregern. Eine Reihe von Viren sind eher harmlos, vermutlich wurden die allermeisten Viren bisher noch gar nicht entdeckt, geschweige denn beschrieben. In den letzten Jahren hat man erste Hinweise darauf ge-

funden, dass Viren möglicherweise auch positive Auswirkungen auf ihre Wirte haben können. Die jüngste derartige Entdeckung wurde an Viren des Gastrointestinaltraktes von Mäusen gemacht.

Auch der Dickdarm von Säugetieren ist extrem dicht mit einer Vielzahl unterschiedlicher Bakterien besiedelt, die man als Darm-Mikrobiota (früher: „Darmflora“) bezeichnet. Diese hat auf ihren Wirt die unterschiedlichsten, ausgesprochen positiven Auswirkungen, deren Aufklärung noch in den Kinderschuhen steckt. Nach der Geburt wird der Darm der Neugeborenen von Bakterien besiedelt. Um die Auswirkungen von Bakterien im Darm zu studieren, stellt man in einem aufwendigen Verfahren so genannte gnotobiotische Mäuse her; diese werden unter sterilen Bedingungen durch Kaiserschnitt gewonnen, sind demzufolge nicht von Bakterien besiedelt und können nun kontrolliert mit Bakterien besetzt werden. Mäuse ohne Darmmikrobiota sind lebensfähig, zeigen aber u. a. abnorme Entwicklungen des Darms sowie eine erhöhte Anfälligkeit für Infektionen.

KERNBAUER et al. (2014) verwendeten solche gnotobiotischen Mäuse und infizierten sie mit Maus-Noroviren, die für Mäuse mit einem intakten Immunsystem nicht pathogen sind. Beim Menschen führen Noroviren zu sehr unangenehmen Darmerkrankungen. Die Infektion mit Maus-Noroviren führte in gnotobiotischen Mäusen überraschenderweise zu einer Normalisierung der gestörten Darmmorphologie inklusive der Zahl der intestinalen Epithelzellen sowie zu einer Stimulation des Immunsystems. In einem weiteren Experiment behandelten die Autoren normale Mäuse mit Antibiotika und einer Behandlung, welche das Darmepithel zerstört. Sie fanden, dass Mäuse diese negativen Behandlungen besser überstanden, wenn sie mit Viren infiziert waren. Auch überstanden die Virus-haltigen Mäuse Infektionen mit darmpathogenen Bakterien besser als Tiere ohne Viren.

Ohne Frage stehen wir noch ganz am Anfang der Erforschung der Zusammensetzung und der Funktionen des intestinalen Viroms (das ist die Gesamtheit aller Viren im Darm). Könnte es sein, dass viel mehr Viren mit harmlosen und sogar positiven Auswirkungen auf ihre Wirte existieren als bisher gedacht?

Auch über die Entstehung von Viren ist insgesamt sehr wenig bekannt. Vielleicht stammen gefährliche Viren von Verwandten mit positiven Funktionen für den Wirtorganismus ab, die ja sehr gut an den Lebensraum „Wirt“ angepasst sind? Wurden vielleicht mittels Rekonstruktion und Neuerwerb von Genen die gefährlichen Killermaschinen erzeugt, die man auch als geniale Mordprogramme bezeichnen kann? Diese Hypothese könnte man durch den Vergleich der Genome und Vermehrungsmechanismen von gesundheitsfördernden Viren mit genetisch ähnlichen, hochpathogenen Viren testen – doch das ist Zukunftsmusik, denn über positive Viren wissen wir derzeit fast nichts.

[KERNBAUER E, DING Y & CALWELL K (2014) An enteric virus can replace the beneficial function of commensal bacteria. *Nature* 516, 94-98.] S. Scherer

■ *Hallucigenia* steht Kopf – im doppelten Sinne

Eines der von Stephen J. GOULD im Buch „Wonderful Life“ beschriebenen „irren Wundertiere“ trägt den phantasievollen Namen *Hallucigenia*. Die Forscher taten sich schwer, dieses ungewöhnliche Fossil aus der bedeutenden mittelkambrischen Fossilagerstätte des Burgess Shale (Kanada) zu rekonstruieren. Was ist bei diesem maximal ca. 5 cm langen wurmförmigen Tier mit bauch- und rückenseitigen Fortsätzen oben und was ist unten? Eine erste Rekonstruktion, in der die spitz zulaufenden Anhänge als stelenförmige Fortbewegungsorgane interpretiert wurden, gilt schon länger als überholt. Die „Stelzen“ befanden sich in Wirklichkeit auf dem Rücken. Aber was ist vorne und was ist hinten? Das war bis vor kurzem noch unklar und konnte nun durch genauere elektronenmikroskopische Untersuchungen geklärt werden. Erneut stellte sich dabei die bisherige Auffassung als Fehldeutung heraus: Das vermeintliche Hinterende ist der relativ langgestreckte Kopf!

Das Tier besaß zwei wahrscheinlich einfach gebaute Augen und einen Ring aus Zähnen um seine Mundöffnung. In seinem Rachen wurden weitere Reihen von spitzen Zähnchen entdeckt, die möglicherweise als Widerhaken fungierten, damit aufgenommenes Futter nicht wieder herausrutschen konnte. Damit erwies sich *Hallucigenia* nach Meinung seiner Bearbeiter als deutlich komplexer als zuvor vermutet.

Hallucigenia wird zu den Lobopoden (eine Gruppe, die nur fossile, ausgestorbene Vertreter aufweist) gestellt; diese Gruppe wiederum gehört zu den Panarthropoda, die zusammen mit den Cycloneuralia die Ecdysozoa („Häutungstiere“) bilden. Das Taxon Ecdysozoa wurde aufgrund molekularer Befunde im Jahr 1997 aufgestellt, die dazu gehörenden Gruppen sind aber bezüglich der Körperbaupläne sehr verschiedenartig und teilen nur wenige morphologische Merkmale, weshalb ihr Ursprung kaum erhellt werden konnte; daher ist auch unklar, wie der gemeinsame Vorfahre ausgesehen haben könnte (SMITH & CARON 2015, 75). Die Cycloneuralia sind wurmar-

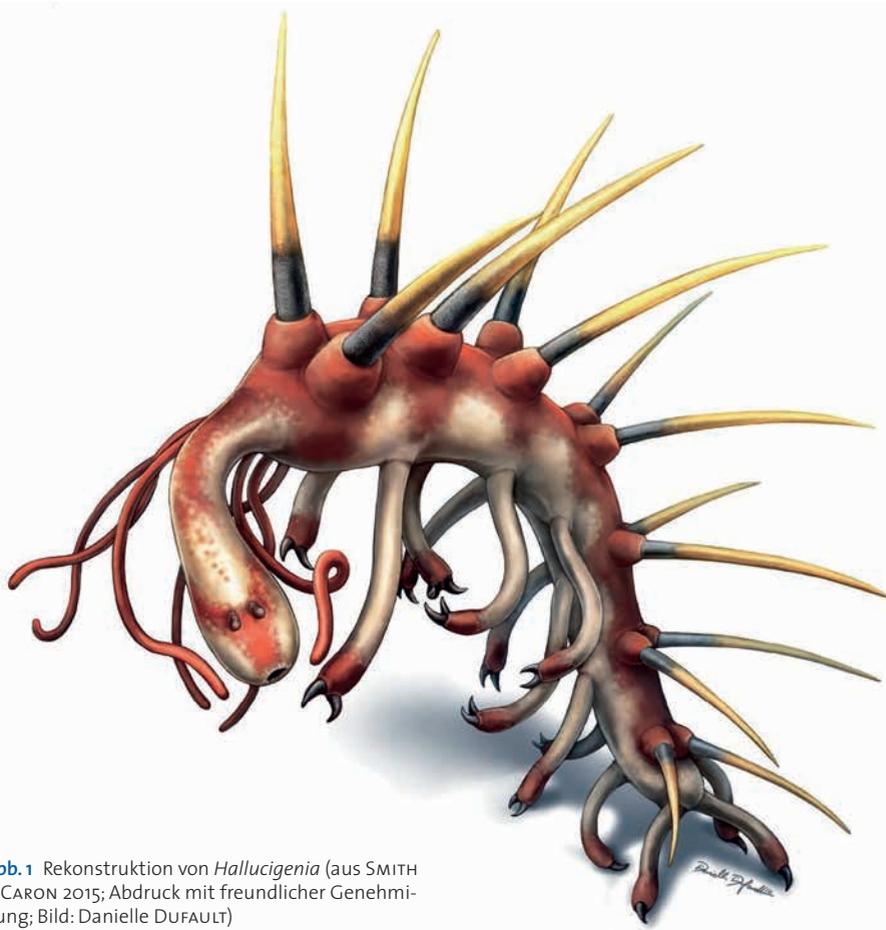


Abb. 1 Rekonstruktion von *Hallucigenia* (aus SMITH & CARON 2015; Abdruck mit freundlicher Genehmigung; Bild: Danielle DUFAULT)

tig und ungegliedert, während die Panarthropoda segmentiert sind; dazu gehören vor allem die Gliederfüßer. Die Ecdysozoa sind im Kambrium in sehr unterschiedlichen Formen vertreten und tragen maßgeblich zur Vielfalt der Tiere der „kambrischen Explosion“ bei.

Der Nachweis des Kopfes und der Bezahnung von *Hallucigenia* spricht nun dafür, dass der mutmaßliche gemeinsame Vorfahr der Ecdysozoa ebenfalls mit Zahnkränzen um den Mund und Zahnreihen im Rachen ausgestattet war, was die beiden sonst so unterschiedlichen Untergruppen (Cycloneuralia, Panarthropoda) miteinander verbindet (SMITH & CARON 2015; MA 2015, 38); aufgrund einiger Unterschiede im Bau ist die Homologie dieser Strukturen bei den Cycloneuralia und den Panarthropoda aber nicht gesichert (MA 2015, 39). Bei davon abstammenden Formen soll die Zahnausstattung teilweise verloren gegangen oder stark reduziert worden sein – womit einmal mehr ein mutmaßlicher Evolutionsweg von komplex nach einfacher verlaufen wäre. Alternativ müsste eine zwei- oder dreifach unabhängige Entstehung der Bezahnung angenommen

werden (SMITH & CARON 2015, 75). Die neuen Befunde sprechen nach Auffassung der Forscher für die erste Deutungsvariante, womit die heutigen Stummelfüßer nach sekundärem Verlust in auffälligem Kontrast zu den komplex bezahnten Vorfahren stünden (SMITH & CARON 2015, 78).

[MA X (2015) *Hallucigenia's* head. *Nature* 523, 38-39 • SMITH MR & CARON JB (2015) *Hallucigenia's* head and the pharyngeal armature of early ecdysozoans. *Nature* 523, 75-78.] R. Junker

■ **Collinsium – weiterer Zuwachs für die „kambrische Explosion“**

Evolution verläuft vom Einfacheren zum Komplexeren; mindestens müssen alle Baupläne des Lebens einmal einfach begonnen haben, auch wenn im weiteren Verlauf wieder Rückbildungen erfolgen können. Es zeigt sich aber immer wieder, dass bereits sehr früh in der Fossilüberlieferung Tiergruppen mit komplexen Formen überliefert sind. Die ältesten Formen einer Gruppe sind oft komplexer als jüngere (vgl. den Beitrag über *Hallucigenia* in dieser Ausgabe). Über ein eindrucksvolles Beispiel dieser Art berichten

YANG et al. (2015). Die Forscher beschreiben *Collinsium ciliosum*, einen ungewöhnlich gepanzerten, ca. 8,5 cm langen Lobopoden aus der unterkambrischen Xiaoshibalagerstätte in Südchina (Abb. 1). Lobopoden sind ausgestorbene wurmartige Organismen mit fußchenartigen Anhängen; sie haben im Meer (marin) gelebt und werden gewöhnlich zu den auch heute lebenden Stummelfüßern (Onychophora, „Würmer mit Füßchen“) gerechnet und als deren mögliche Vorfahren diskutiert. Die etwa 180 heute lebenden Stummelfüßer sind recht einheitlich gebaut und bilden einen eher wenig bedeutenden Anteil am Ökosystem von Regenwäldern (YANG et al. 2015, 1). Eine stammesgeschichtliche Verbindung zu den marinen kambrischen Formen erscheint aufgrund der Ökologie der heute bekannten Formen nicht naheliegend.

Nicht nur in Bezug auf den Lebensraum fallen die Unterschiede auf, auch der Körperbau des kambrischen *Collinsium* ist für einen Lobopoden ungewöhnlich komplex. Am vorderen Teil des wurmartigen Körpers befinden sich ein Paar antennenartiger Anhänge, es folgen sechs Paare verlängerter Anhänge

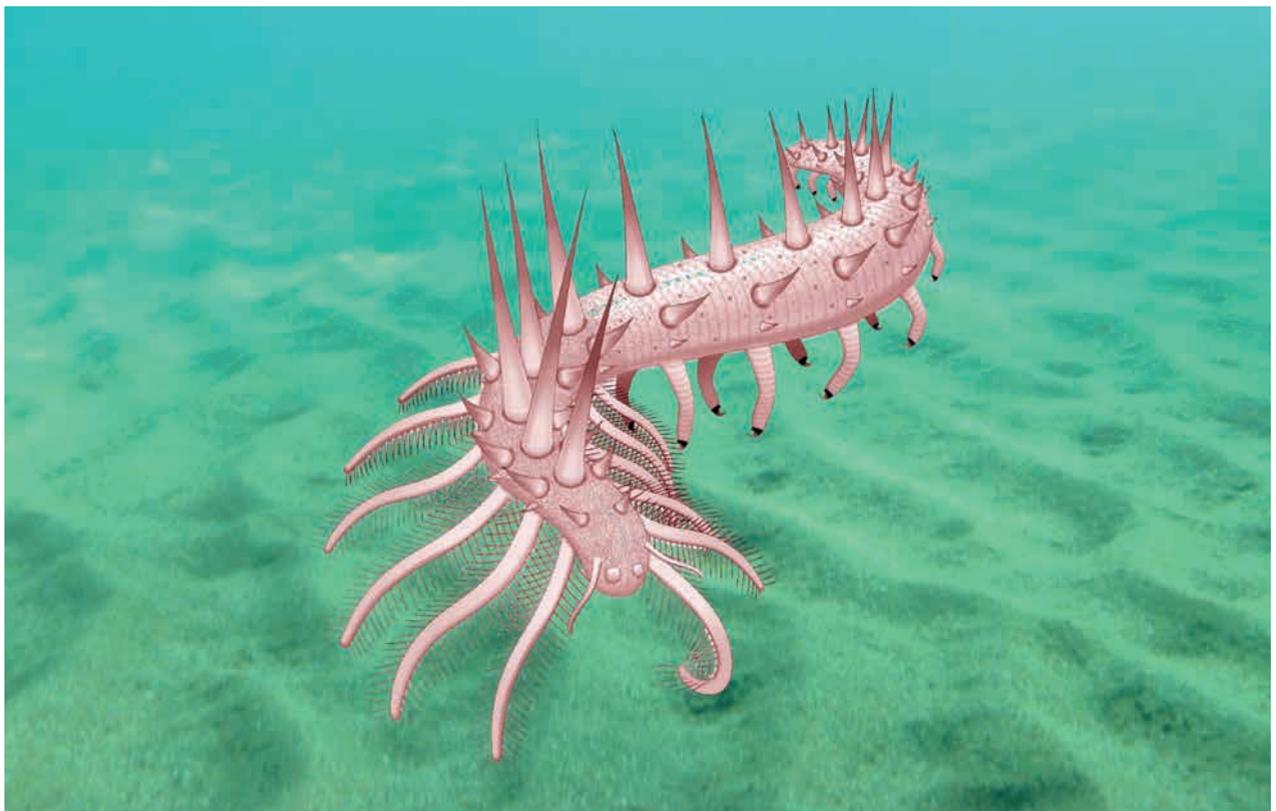


Abb. 1 Rekonstruktion von *Collinsium ciliosum*. (© Javier ORTEGA-HERNANDEZ; nach YANG et al. 2015, mit freundlicher Genehmigung)

mit feiner Fiederung, die als Filtriereinrichtung gedeutet werden, mit der Kleinlebewesen erbeutet werden. Dahinter befinden sich bis zum Körperende neun Beinchen mit Klauen, mit denen sich *Collinsium* vermutlich auf fester Unterlage (Felsen oder auch auf Schwämmen) festhalten konnte. Doch damit nicht genug. Auf dem Rücken und an der Seite war das Tier mit insgesamt 72 harten, spitzen Stacheln unterschiedlicher Größe ausgestattet, die dem Tier Schutz gegen Räuber boten. Im Vergleich zu anderen Gattungen der Lobopoden ist *Collinsium* deutlich die komplexeste und gehört zugleich zu den ältesten und wird in die Familie der Luolishaniidae gestellt. Diese Familie steht im Dendrogramm (Ähnlichkeitsbaum) an abgeleiteter („hochentwickelter“) Position, obwohl sie in der geologischen Schichtenfolge an der Basis der Überlieferung der Lobopoden auftritt. Die Luolishaniidae weisen das größte Ausmaß an Spezialisierung der Körperanhänge von Lobopoden des Paläozoikums („Erdaltertum“ von Kambrium bis Perm) auf und sind sehr viel verschiedenartiger als Vertreter der (später fossil überlieferten) Kronengruppen der Stummelfüßer (YANG et al. 2015). Eine Abfolge von „einfach“ Richtung „komplex“, wie sie evolutionär ursprünglich verlaufen sein müsste, ist damit auf den Kopf gestellt. Warum diese Gruppe trotz üppiger Ausstattung ausgestorben ist, darüber kann nur spekuliert werden. Man spricht in solchen Fällen häufig (und so auch hier) von gescheiterten „evolutionären Experimenten“, womit aber nichts erklärt wird. Eine denkbare – aber spekulative – Erklärung könnte die Zerstörung des Lebensraumes der kambrischen Formen sein.

„Alle modernen Stummelfüßer sind ziemlich ähnlich in ihrem allgemeinen Körperbau und nicht so auffregend in ihrer Lebensweise. Aber im Kambrium waren ihre entfernten Verwandten erstaunlich vielfältig und traten in einer überraschenden Vielfalt bizarrer Formen und Größen auf“, wird einer der Mitautoren, Javier ORTEGA-HERNÁNDEZ von der Universität von Cambridge, UK, zitiert ([leontology/science-collinsium-ciliolum-cambrian-spiky-worm-02962.html\). Die Lobopoden sind nicht die einzige Gruppe, deren Fossilüberlieferung in maximaler Verschiedenartigkeit startet; YANG et al. \(2015, 5\) nennen als weitere Beispiele die Crinoiden \(Seelilien und Haarsterne\) und Brachiopoden \(Armfüßer\), bei denen dies auch der Fall ist. Es könnten noch mehr Gruppen genannt werden.](http://www.sci-news.com/pa-</p></div><div data-bbox=)

[YANG J, ORTEGA-HERNÁNDEZ J, GERBER S, BUTTER_ELD NJ, HOU JB, LAN T & ZHANG XG (2015) A superarmored lobopodian from the Cambrian of China and early disparity in the evolution of Onychophora. Proc. Natl. Acad. Sci. 112, 8678-8683] R. Junker

■ Neue Einschätzung der Einwohnerzahl Europas während der letzten Eiszeit zu hoch?

Die Eiszeiten waren nicht lebensfreundlich und dennoch überlebten unsere Vorfahren diese Kälteperioden. Auf dem Höhepunkt der letzten Eiszeit vor 23 000 radiometrischen Jahren lagen weite Teile Nordeuropas, Nordasiens und Nordamerika unter dicken Eisschichten begraben. Im Gebiet des heutigen Deutschland erstreckte sich eine Gletscherfront von der dänischen Grenze bis nach Brandenburg. Während des Höhepunktes der letzten Eiszeit war die Jahresdurchschnittstemperatur in Deutschland 12–16 °C niedriger und die Niederschläge deutlich geringer als heute. Wegen der großen Abkühlung und der geringen Niederschläge fehlte jeglicher Baumwuchs und auf dem sommerlich nur oberflächlich aufgetauten Dauerfrostboden gedieh in Norddeutschland nur eine lückenhafte tundrenähnliche Vegetation (LIEDTKE 2002).

Finnische Forscher haben mit Hilfe eines Klimamodells abgeschätzt, wo und in welcher Zahl die Menschen in Europa die letzte Eiszeit überlebten. Solche Abschätzungen sind immer auch deshalb interessant, weil die Demografie im Zusammenhang mit der Frage der Zeitdauer des Paläolithikums steht, worauf weiter unten noch näher eingegangen wird. Für ihr Modell nutzen die Forscher Klimadaten

heutiger Jäger und Sammler. Auf dem Höhepunkt der letzten Eiszeit waren nur rund 36 Prozent des europäischen Kontinents von Menschen bewohnt. Sie konzentrierten sich rund um das Mittelmeer und auf der Iberischen Halbinsel (Abb. 1). Nach TALLAVAARA et al. (2015) lebten vor 30 000 radiometrischen Jahren 330 000, während des Höhepunktes der Eiszeit vor 23 000 Jahren 130 000 und vor 13 000 Jahren 410 000 Individuen in Europa.

Die räumliche Verteilung der Bevölkerung in Europa während der letzten Eiszeit stimmt nach den Forschern gut mit den archäologischen Daten überein. Allerdings sind die nach dem Klimamodell ermittelten Bevölkerungszahlen deutlich höher als bisherige Schätzungen von BOCQUET-APPELT et al. (2006) auf der Basis archäologischer Funde, die von nur 5900 Individuen während des letzten Eiszeitmaximums ausgehen. Möglichweise ist die Einschätzung von BOCQUET-APPELT et al. (2006) zu niedrig, aber sind die wesentlich höher ermittelten Bevölkerungszahlen von TALLAVAARA et al. (2015) realistisch?

TALLAVAARA et al. (2015) diskutieren die Gründe für die unterschiedlichen Ergebnisse. BOCQUET-APPELT et al. (2006) haben im Gegensatz zu TALLAVAARA et al. (2015) nicht Bevölkerungsdichten von bekannten Jäger-Sammler-Populationen, sondern viel geringere Bevölkerungsdichte einschätzungen berücksichtigt. Außerdem haben sie für jede Zeitperiode nur einen Wert für die Bevölkerungsdichte Europas und nicht wie TALLAVAARA et al. (2015) entsprechend den geografisch-klimatischen Verhältnissen regional verschiedene Bevölkerungsdichten für den europäischen Kontinent kalkuliert.

Genau an diesem Punkt, nämlich an der Übertragung der Daten heute lebender Jäger-Sammler-Populationen auf die Bevölkerung im Paläolithikum, ist aber Kritik an der Studie von TALLAVAARA et al. (2015) anzubringen. Die Lebensverhältnisse, insbesondere die Ernährung der Jäger und Sammler waren im Paläolithikum auch noch während der letzten Eiszeit deutlich besser als bei den ethnografisch

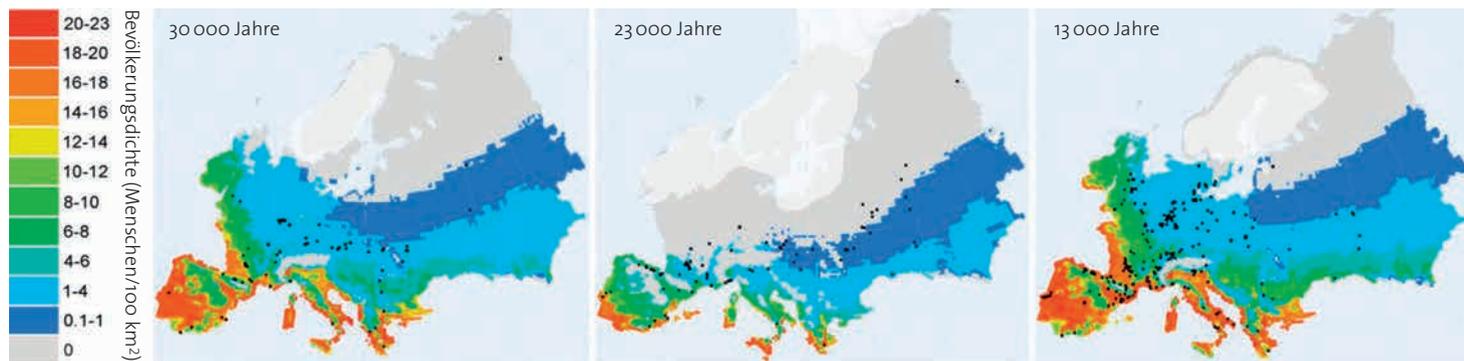


Abb. 1 Bevölkerungsdichte während der letzten Eiszeit nach TALLAVAARA et al. (2015)

bekanntes heutiges Jägern und Sammlern. Die Menschen konnten sich während der Eiszeit in einem nicht unbeträchtlichen Ausmaß von Großwild ernähren. Solch eine luxuriöse Ernährung war aber nur bei einer deutlich niedrigeren Bevölkerungsdichte gegenüber den heute lebenden Jäger und Sammlerpopulationen möglich, denn sonst wäre das Großwild rasch so stark dezimiert worden, dass es nicht mehr als wesentliche Nahrungsgrundlage zur Verfügung gestanden hätte. Die von TALLAVAARA et al. (2015) ermittelten Bevölkerungszahlen Europas während der letzten Eiszeit sind deshalb wahrscheinlich zu hoch. Aber auch wenn die von TALLAVAARA et al. (2015) publizierten Zahlen der Realität entsprechen würden, wäre nach dem Höhepunkt der Eiszeit die Vermehrung der Bevölkerung nur auf das gut Dreifache innerhalb von 10 000 Jahren im konventionellen Zeitrahmen bei einer jährlichen Wachstumsrate von nur 0,012% unplausibel niedrig. Die tatsächliche Dauer dieser Zeitperiode war deshalb wahrscheinlich deutlich kürzer (siehe ausführliche Darstellung und Diskussion BRANDT 2015).

[BOCQUET-APPELT J-P, DEMARS P-Y, NOIRET L & DOBROWSKY D (2006) Estimates of Upper Palaeolithic meta-population size in Europe from archaeological data. *J. Archaeol. Sci.* 32, 1656-1668 • BRANDT M (2015) Wie alt ist die Menschheit? Demographie und Steinwerkzeuge mit überraschenden Befunden. 5., erw. Aufl., Holzgerlingen • LIEDTKE H (2002) Deutschland zur letzten Eiszeit. In: LIEDTKE H, LEIBNIZ-INSTITUT FÜR LÄNDERKUNDE, MÄUSBACHER R & SCHMIDT K-H (Hg) Nationalatlas Bundesrepublik Deutschland – Relief, Boden und Wasser, S. 66-67. http://archiv.nationalatlas.de/wp-content/art_pdf/Band2_66-67_archiv.pdf (Zugriff am 30. 7. 2015) • TALLAVAARA M, LUOTO M, KORHONEN N, JÄRVINEN H & SEPPÄ H (2015) Human population dynamics in Europe over the Last

Glacial Maximum. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 112, 8232-8237] M. Brandt

■ Überraschend dynamisches Leben in eisiger Kälte

Bisher wurde angenommen, dass Glasschwämme (Abb. 1) in antarktischen Gewässern ein sehr beschauliches Leben führen, bei Temperaturen von minus 2 °C nur extrem langsam wachsen und deshalb auch sehr anfällig für Änderungen ihrer Lebensumstände sind. Beobachtungen in antarktischen Regionen, die seit einiger Zeit von Schelfeis befreit worden sind, stellen diese Annahmen infrage.

Glasschwämme tragen ihren Namen der flexiblen Nadeln wegen, die sie aus sehr reinem Siliziumdioxid ausbilden. Um ähnlich hochreines Siliziumdioxid herzustellen wie es die Glasschwämme im Extremfall bei Temperaturen von unter null Grad schaffen, muss die Halbleiterindustrie 2000 °C höhere Temperaturen anwenden. Glasschwämme bestehen teils aus Kolonien, aufgebaut aus dichten Geflechten von flexiblen Glasnadeln, die dann zum Teil bis zu 2 m groß werden können und mit ihren vasenförmigen Kolonien als Lebensraum für viele andere Arten dienen. In manchen Biotopen hatte man über einen Zeitraum von 10 Jahren keinerlei Wachstum oder Reproduktion der Kolonien verzeichnen können, so dass extrem hohe Alter in der Größenordnung von 10 000 Jahren extrapoliert wurden. Auch große Exemplare einer anderen Form von Glasschwämmen, die als Strukturelement nur eine einzige bis zu 3 m lange und knapp 1 cm

dicke Siliziumdioxidnadel ausbilden, werden aufgrund anderer indirekter Altersbestimmungen auf 11 000 bis 13 000 Jahre Lebensalter geschätzt. Glasschwämme findet man geologisch bis hinunter ins Präkambrium, sie gehören deshalb zu den ersten fossil vorgefundenen Mehrzellern und sind damit offensichtlich schon sehr lange erfolgreich.

Meeresforscher des Alfred-Wegener Instituts in Bremerhaven mit Kollegen aus Frankfurt und Göteborg hatten in den Jahren 2007 und 2011 den Meeresboden im ehemaligen Bereich des damals mehrere hundert Meter dicken Larsen A Schelf-Eises untersucht, nachdem dieses dort Anfang 1995 im Verlauf heftiger Stürme auseinandergebrochen war und sich dann über die Jahre immer mehr zurückgezogen hatte. Bei ihrem ersten Besuch hatten sie dort viele Seescheiden, also typische Pionierarten, und nur vereinzelte Glasschwämme gesehen. Vier Jahre später hatte sich die Fauna grundlegend geändert, die Seescheiden waren verschwunden und Glasschwämme hatten sich in der Biomasse verdoppelt und in der Anzahl verdreifacht, viele junge Exemplare waren zu sehen. Die Lebensgemeinschaft am Meeresboden hatte sich viel schneller verändert als man es ihr unter diesen harschen Bedingungen von extrem niedrigen Temperaturen, häufiger Dunkelheit und Bedeckung durch Packeis zugetraut hätte. Offensichtlich hatte sich das Verschwinden des Schelfeises wie eine Öffnung des Himmels über den Schwämmen ausgewirkt: wo bisher nur Dunkelheit und Nährstoffmangel herrschte, begann nun in Oberflächennähe abgestorbenes Plankton herunterzrieseln, was die Glasschwämme als

Mikro-Plankton-Filtrierer sozusagen ins Schlaraffenland versetzte. Diese Beobachtung eines boom-mäßigen Wachstums als schnelle Reaktion auf geänderte Lebensbedingungen zeigt, dass die skurrilen Organismen weit flexibler sind als angenommen.

Die Extrapolation hoher Lebensalter aus Beobachtungen extrem langsamer Wachstumsgeschwindigkeiten wird durch die neuen Ergebnisse in Frage gestellt. Selbst wenn über Jahrzehnte kein Wachstum merkbar sein mag, können Änderungen in den Lebensbedingungen zu rasantem Wachstum führen, so dass selbst die größten Exemplare in relativ kurzer Zeit herangewachsen sein können. Das Modell des Aktualismus (der Schluss von heute beobachteten Geschwindigkeiten in geologischen oder biologischen Prozessen auf Geschwindigkeiten in der Vergangenheit) wird problematisch, wenn es eine große Spannweite von heute beobachteten Geschwindigkeiten gibt, wie im hier beschriebenen Fall. So wie in der Geologie katastrophische Ereignisse Prozesse um ein Vielfaches beschleunigen können, zeigen auch die Glasschwämme, dass sie aus allen Situationen das Beste machen können und offensichtlich Gelegenheiten, ihre Wachstumsgeschwindigkeit zu vervielfachen, beim Schopf ergreifen.

[FILLINGER L, JANUSSEN D, LUNDA T & RICHTER C (2013) Rapid Glass Sponge Expansion after Climate-Induced Antarctic Ice Shelf Collapse. *Curr. Biol.* 23, 1330-1334.] H.-B. Braun

■ Fossile karibische *Anolis*-Eidechsen – stabile ökologische Formen über lange Zeit

Die fossile Erhaltung größerer Tiere als Bernsteineinschlüsse (Inklusen) ist nicht zu erwarten, da diese sich in der Regel aus dem ursprünglichen Harz hätten befreien können. Eidechsen gehören zu den größten als Inklusen gefundenen Fossilien. Bisher waren drei *Anolis*-Eidechsen in Bernstein aus der Karibik (Dominikanische Republik) beschrieben worden.

SHERATT et al. (2015) haben diesen Bestand nun dramatisch erweitert, indem sie 35 weitere fossile (zumindest teilweise) erhaltene

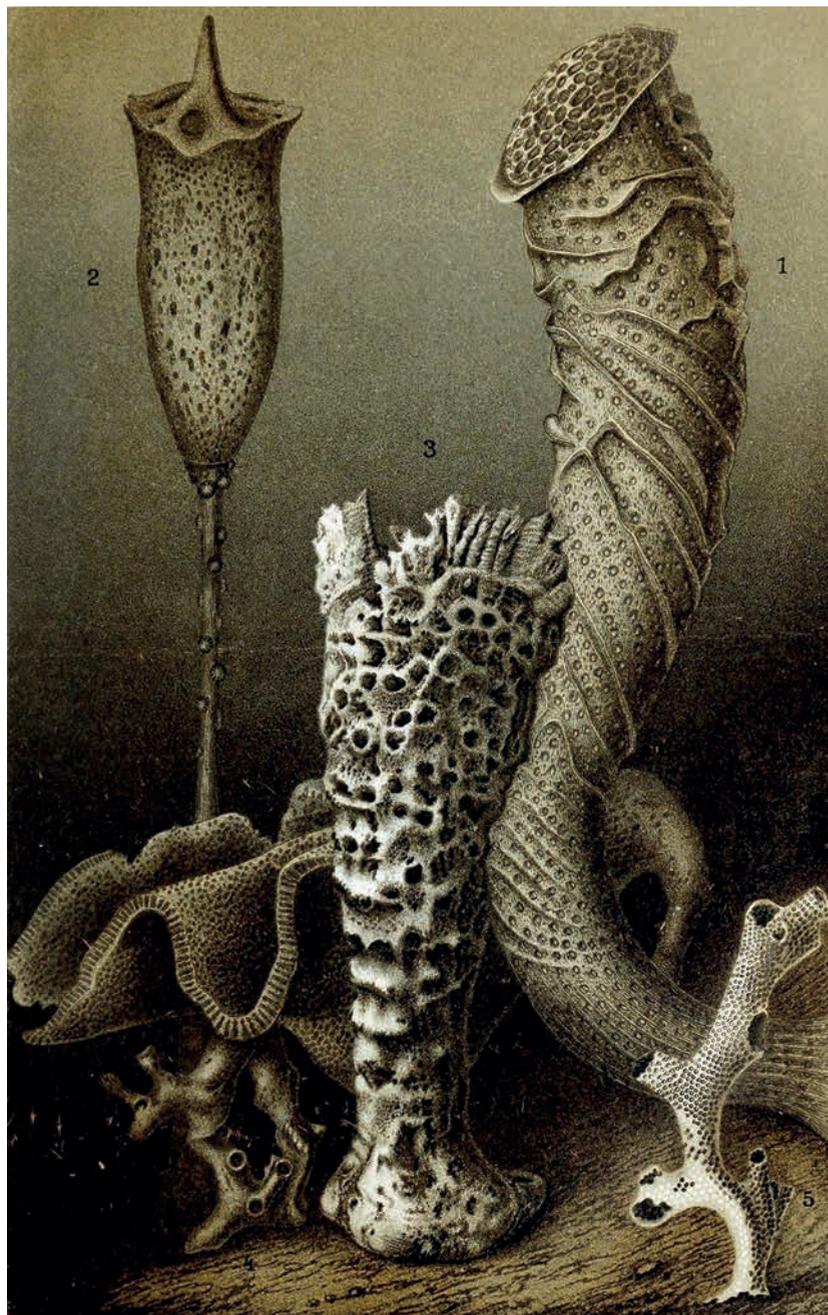


Abb. 1 Glasschwämme (Hexactinellida) in historischer Darstellung: 1 *Euplectella aspergillum*, 2 *Monorhaphis chuni*, 3 *Lefroyella decora*, 4 *Aphrocallistes vastus*, 5 *Aphrocallistes beatrix*. (Aus: Franz Eilhard SCHULZE: Brockhaus' Conversations-Lexikon Band 8)

Eidechsen in dominikanischem Bernstein untersucht haben. Davon haben sie 20 für eine vergleichende Studie herangezogen. Die Autoren setzten Lichtmikroskopie und Röntgen-Mikro-Computertomographie (μ CT) ein, um vor allem Merkmale der Schädelstruktur und der Zehenpolster für vergleichende Studien zu dokumentieren. Mit μ CT können auch optisch nicht erkennbare Bereiche in hoher Auflösung dargestellt werden. Die genannten Körpermerkmale sind bei den verschiedenen *Anolis*-Arten charakteristisch für den von ihnen

besiedelten Lebensraum (VEDDER 2012). Durch ihre Untersuchung wollten SHERATT et al. die Hypothese testen, dass die fossilen Echsen aus dem Miozän (vor ca. 20 Millionen radiometrischer Jahren) dieselben ökologischen Nischen besiedelten wie die gegenwärtig lebenden mit den entsprechend charakteristischen Körpermerkmalen. Die Studie bestätigt, dass in der Karibik heute Spezialisten mit denselben spezifischen Merkmalen die Lebensräume nutzen wie im Miozän; das bedeutet, dass diese körperlichen Besonderheiten über lange Zeiträume stabil sind.

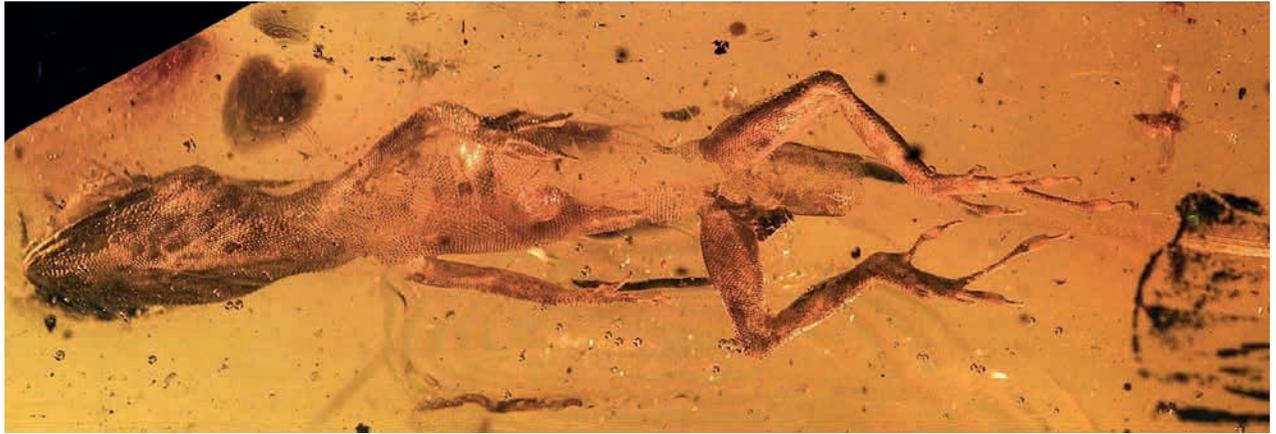


Abb. 1 Sehr gut erhaltene Inkluse einer *Anolis*-Eidechse in Bernstein. Mit Mikro-CT-Scans kann das Skelett in 3D rekonstruiert werden. (Aus SHERRATT et al. 2015, mit freundlicher Genehmigung von PNAS)



Während der Abfassung dieses Beitrags haben POINAR & WAKE (2015) den ersten fossilen Salamander (vermutlich ein Jungtier) in Dominikanischem Bernstein beschrieben. Hier liegt also ebenfalls ein vergleichsweise großes Tier als Inkluse erhalten vor, wobei gegenwärtig keine lebenden Salamander aus der Karibik bekannt sind.

[POINAR G jr & WAKE DB (2015) *Paleoplethodon hispaniolae* gen. n., sp. n. (Amphibia: Caudata), a fossil salamander from the Caribbean. *Paleodivers.* 8, 21-29 • SHERRATT E, CASTANEDA M, GARWOOD RJ, MAHLER DL, SANGER TJ, HERREL A, QUEIROZ K & LOSOS JB (2015) Amber fossils demonstrate deep-time stability of Caribbean lizard communities. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 112, 9961-9966 • VEDDER D (2012) Gründereffekt bei Eidechsen: ein Freilandexperiment auf Inseln. *Stud. Integr. J.* 19, 107-109.] H. Binder

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

