

STUDIUM INTEGRALE

Eine Falle mit Kontaktzähler



Insekten aus
der Kreide



Octopussy –
Krakengenetik



Tonbulle von
König Hiskia

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, 2006

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**

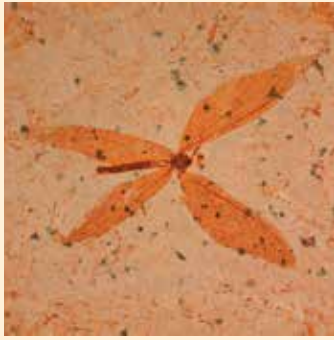


Michael Brandt präsentiert erstmals eine umfassende Gesamtschau der Daten zum Bevölkerungswachstum der Steinzeit und den gefundenen Werkzeugmengen. Die Daten lassen sich nur dann befriedigend erklären, wenn für die gesamte Steinzeit statt 2 Millionen Jahren eine Dauer von nur wenigen tausend Jahren veranschlagt 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



Früher oder später begegnet jedem, der sich mit biologischer Literatur beschäftigt, der Satz des russisch-amerikanischen Evolutionsbiologen Theodosius DOBZHANSKY: „Nichts in der Biologie macht Sinn außer im Licht der Evolution.“ In den Kontroversen um Schöpfung und Evolution wird dieser Satz auch gerne als eine Art „Kampfsatz“ genutzt: Es kann doch nicht an-gehen, dass man auf das Licht verzichtet, das alleine das Verständnis des Lebens ermöglicht – allen Lebens! *Nichts* macht Sinn außer ...!

Aber nicht allen Biologen scheint bei diesem Absolutheitsanspruch ganz wohl zu sein, auch wenn sie eine Evolution der Lebewesen nicht in Frage stellen. So stellt Walter BOCK heraus, dass funktionale Erklärungen unab-hängig von evolutionären Erklärungen seien, das Umgekehrte jedoch nicht

zutreffe. Daher sei DOBZHANSKY'S Aussage nicht schlüssig (BOCK WJ, Explanations in a historical science. In: PETERS DS & WEINGARTEN M (Hg) Organisms, Genes and Evolution. Stuttgart 2000, S. 33-42). Funktionale Erklärungen bildeten sogar die große Mehrheit der Erklärungen in der Biologie, völlig unabhängig von Evolution oder irgendeiner anderen Erklärung. Und Olivier RIEPPEL weist darauf hin, dass wenn die Idee der Evolution oder einer speziellen Evolutionstheorie der Beobachtung vorausgestellt werde, die Welt dann im Licht jener Theorie erscheinen werde. Die Theorie werde sich nie als falsch erweisen können, sondern stets mit der Beobachtung in Einklang stehen (RIEPEL O, Unterwegs zum Anfang. Zürich, München 1989, S. 18). Dass dem so ist, zeigt Rein-hard JUNKER in seinem Beitrag „Evolution ‚erklärt‘ Sachverhalte und ihr Gegenteil“. Er stellt darin eine Reihe von systematischen Befunden zusammen, die früher geäußerten Voraussagen bzw. Erwartungen unter Vorga-be von Evolutionstheorien widersprachen. Trotzdem resultierte daraus nie eine kritische Anfrage an das Rah-menparadigma „Evolution“. Diese paradoxe Situation ist aber nicht überraschend, wenn Evolution das einzige Licht ist, das die biologischen Befunde beleuchten darf. Sie zeigt aber auch, dass Evolution als Rahmenparadig-ma äußerst flexibel und als solches nicht widerlegbar ist. Allerdings kann unter solchen Vorzeichen nicht von „Evolutionbeweisen“ die Rede sein.

In einer 2013 veröffentlichten Analyse zeigt der Philosoph Stephen DILLEY noch einen weiteren überraschenden Aspekt von DOBZHANSKY'S berühmten Satz auf: DOBZHANSKY argumentiert im betreffenden Beitrag gegen einen selbst definierten Gegner. Denn er konstruiert bestimmte Vorstellungen über einen Schöpfer, gegenüber denen evolutionstheoretische Erklärungen durchweg überlegen seien. DILLEY zeigt: Alle Argumente, die DOBZHANSKY als Belege für seine These bringt, sind nur schlüssig, wenn man seine speziellen Annahmen über Gottes Natur, seine Schöpfungsmethode oder seine Absichten und Ziele hinzunimmt. Diese Annahmen sind selbstgemacht mit dem Ziel, für Evolution punkten zu können (siehe dazu den Kommentar von Reinhard JUNKER).

RIEPEL (1989, 13) liest aus DOBZHANSKY'S Satz heraus, „daß die Welt aus verschiedenen Blickwinkeln betrachtet werden kann und daß sie – je nach Sicht der Dinge – dem Betrachter auch unterschiedlich erscheint.“ Vermut-lich denkt er dabei nicht an eine dezidierte Schöpfungsperspektive (jedenfalls soll er dafür nicht vereinnahmt werden) – die Autoren von **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL** tun das aber sehr wohl oder legen dies nahe. So kann man sich fragen, ob die markanten genetischen Unterschiede der Kraken im Vergleich zu anderen Weich-tieren, über die Hans-Bertram BRAUN berichtet, besser in ein Schöpfungsparadigma als zu Evolution passen. Henrik ULLRICH stellt den Fossilfund eines eutriconodonten Säugetiers vor, welcher ein weiteres Mal zeigt, dass Schlüsselmerkmale der Säugetiere mehrfach unabhängig voneinander mit erstaunlicher morphologischer Identität entstanden sein müssen. Eine kausale evolutionstheoretische Erklärung für diese Befunde fehlt, sie sind aber aus einer Schöpfungsperspektive gut verstehbar, da mehrfach unabhängige Verwendung komplexer Module ein typisches Kennzeichen für einen kreativen Ursprung ist. Harald BINDER gibt einen Überblick über neuere Ergebnisse zu den hocheffizienten Reparaturmechanismen für das Erbgut. Sie weisen typische Kenn-zeichen teleologischer Strukturen auf, da sie auf Zukunft angelegt sind, nämlich auf das zu erwartende Auftreten von Fehlern und auf den lebensnotwendigen längerfristigen Erhalt der Erbsubstanz. Gleichzeitig sind sie auf-wändig und vielseitig und somit deutliche Indizien auf einen Schöpfer.

Eine interessante paläontologisch-geologische Spur verfolgt Michael SÜLING. Die zeitliche Verteilung von Insek-tenfossilien im geologischen System der Kreide und die Art ihrer Konservierung (als Kompressionsfossil oder in Bernsteinhaltung) zeigen auffällige unterschiedliche Muster. Diese scheinen im Rahmen kurzer Zeiträume besser verstehen zu sein als in einem Langzeitkonzept. In einem weiteren geologischen Beitrag berichtet Michael KOTULLA über enorme Wasserreservoirs in großen Tiefen im Erdinneren, die in Form von im Kristall-gitter des Minerals Ringwoodit eingebauten (OH)-Gruppen vorliegen. Sie umfassen umgerechnet wahrschein-lich das Mehrfache der Wassermenge der heutigen Ozeane. Das Phänomen in Verbindung mit dieser Dimen-sion erinnert an die in der Bibel erwähnten „Quellen der großen Tiefe“, auch wenn dazu kein direkter Bezug hergestellt werden kann.

Für spannende Lektüre ist also gesorgt.

Ihre Redaktion **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL**

■ IMPRESSUM

Herausgeber

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

Redaktion

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

Korrespondenzadresse

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

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

Produktion

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

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen

Die Zeitschrift erscheint zwei Mal 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.

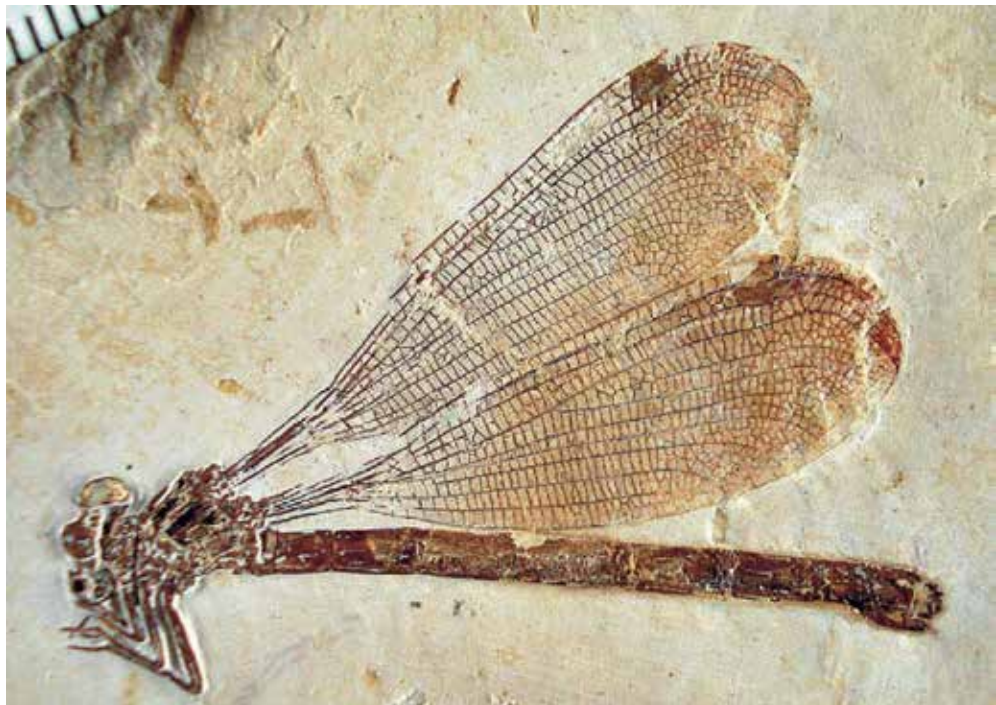
Die Verantwortung für den Inhalt tragen
die jeweiligen Autoren. Der Herausgeber
und die Redaktion identifizieren sich
nicht zwangsläufig mit allen Details der
Darlegungen.

■ TITELBILD

Eine Pflanze, die zählen kann, wenigstens
bis fünf: Die Venusfliegenfalle registriert die
Anzahl der Berührungen der Fühlborsten,
vermeidet auf diese Weise Fehlalarm und
erhält Auskunft über die Größe der Beute
(siehe Beitrag S. 61).
(Foto: © Svenjag8 - Fotolia.com)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt

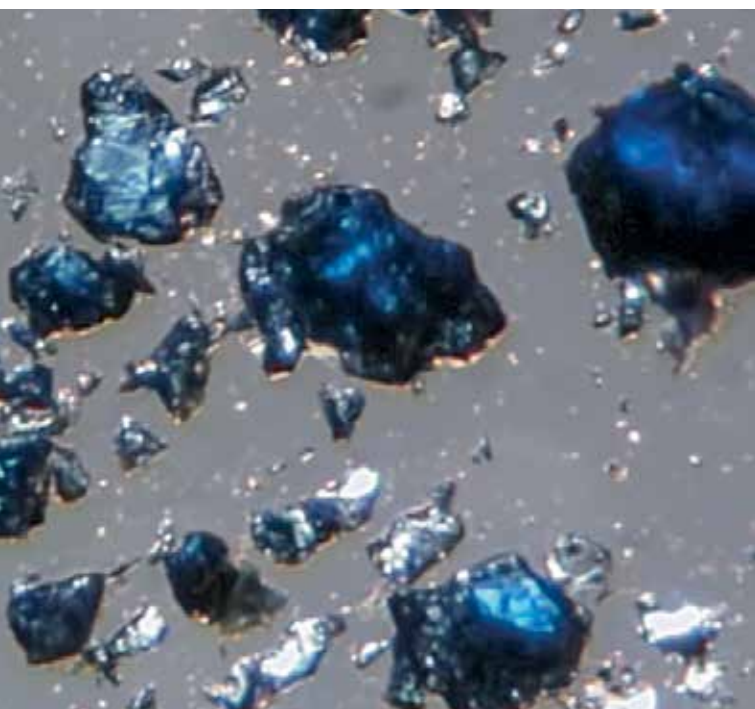


■ THEMEN

R. Junker	Evolution „erklärt“ Sachverhalte und ihr Gegenteil	4
M. Suling	Kretazische Insekten im Gestein und als Einschlüsse. Stratigraphische Besonderheiten weisen auf kurze erdgeschichtliche Zeiträume hin	13
A. Späth & P. van der Veen	Neuer Fund aus König Hiskias Palastarchiv in Jerusalem	23

■ KOMMENTAR

R. Junker	Nichts in der Biologie macht Sinn außer ...	53
-----------	---	----



■ KURZBEITRÄGE

H.-B. Braun	Geheimnisvolle Octopussy – Wie wurden die Kraken, was sie sind?	29
M. Brandt	Rumpfdrehung des Schimpansen beim zweibeinigen Gang	32
H. Ullrich	Fossiler Fund eines Säugetiers mit prächtigem Haarkleid	34
R. Junker	Dino-Doppelgänger des Vogels Strauß	39
H. Binder	Hocheffiziente Reparatur- systeme für das Erbgut	41
S. Scherer	Ist der Erreger der Beulenpest erst vor 3000 Jahren ent- standen?	44
M. Kotulla	Ringwoodit: Gigantische Was- serreservoir in großer Tiefe?	48

■ STREIFLICHTER

Invasion einer verwandten Spezies führt zu schneller Divergenz	55
Alte Vögel mit moderner Flugkunst	56
Erneute Bestätigung: <i>Homo habilis</i> war kein Mensch	57
Plastizität: Funktionelle Interpretation fossiler Gehirne problematisch	58
Schnelle Entstehung der Dinosaurier?	58
Neues zur kambrischen Explosion?	59
Zwei, drei, fünf – ein grüner Mathematiker	61
Ist die Gegenwart der Schlüssel zur Vergangenheit?	62
2 km unter dem Meeresboden	63
Fossile Hinweise auf erste Lebensspuren: echt oder nur scheinbar?	64
Kohlenstoff biologischen Ursprungs in alten Zirkonkristallen?	65

Evolution „erklärt“ Sachverhalte und ihr Gegenteil

Häufig wird behauptet, dass es keine Befunde gebe, die eine Evolution der Lebewesen in Frage stellen. Andererseits werden im Rahmen der Evolutionsforschung immer wieder „überraschende Befunde“ oder ungelöste Fragen konstatiert. Dabei handelt es sich nicht um spezielle Details, sondern um grundlegende Fragen und systematische Befunde. Wie ist dieses Paradox zu erklären?

Reinhard Junker

Einleitung

„Noch nie wurde ein Phänomen in der organischen Natur entdeckt, das nicht im Rahmen der modernen, synthetischen Theorie der Evolution interpretiert werden kann.“ Diesen Satz formulierte der berühmte Ornithologie und Evolutionsbiologie Ernst MAYR (1904–2004), der auch „Darwin des 20. Jahrhunderts“ genannt wurde, anlässlich des 100-jährigen Jubiläums der Veröffentlichung von Charles DARWINs Buch „Über den Ursprung der Arten“ (MAYR 1959). In einem seiner letzten Werke bekräftigte MAYR diese Einschätzung: „Evolution ist der wichtigste Begriff in der gesamten Biologie. Es

gibt in diesem Fachgebiet keine einzige Frage, die sich ohne Berücksichtigung der Evolution angemessen beantworten ließe“ (MAYR 2003, 14). Sinngemäß finden sich solche Sätze häufig in evolutionstheoretischer Literatur, besonders in Lehrbüchern oder zusammenfassenden Darstellungen. Zwei Beispiele sollen dies illustrieren: „Every bit of information we have gathered about nature is consistent with the theory of evolution“ (COYNE 2006, 6). „There hasn't been a single, notable scientific discovery in the last 150 years to challenge the general evolutionary approach“ (JORDAN 2008, 536).

Solche Einschätzungen sind erstaunlich, umfasst der evolutionstheoretische Ansatz doch eine Fülle von Teilaspekten und viele Hypothesen, deren Gegenstand die unübersehbare Zahl von Lebensformen ist. Andererseits konstatieren Evolutionsforscher nicht selten, dass überraschende Befunde gemacht werden, die bisherige Hypothesen in Frage stellen oder gar widerlegen. Oder es wird die Feststellung gemacht, dass wichtige Fragen insbesondere zu den Mechanismen der Makroevolution noch auf eine Antwort warten (siehe Kasten). Überraschende Befunde, ungelöste Fragen – trotzdem kein „Bit von Information“, das im Widerspruch mit der Evolution steht? Wie passt das zusammen?

Der Widerspruch erklärt sich daraus, dass mit „Evolution“ nicht immer dasselbe gemeint ist. Wenn behauptet wird, es sei noch nie ein widersprechender Befund bekannt geworden, ist mit „Evolution“ der weltanschauliche Grundansatz gemeint, Evolution als Rahmenparadigma, das grundsätzlich gar nicht zur Disposition steht. „Evolution“ wird hier – meist ohne das entsprechende zu kennzeichnen – im Sinne einer

Kompakt

Einer der meistzitierten Sätze im Zusammenhang mit der Evolutionslehre ist Th. DOBZHANSKYs „Nichts in der Biologie macht Sinn, es sei denn im Licht der Evolution.“ Es gibt jedoch eine Reihe von *systematischen* Befunden, die bisherige evolutionstheoretische Vorstellungen in Frage gestellt haben und manche Forscher motivieren, neue evolutionstheoretische Ansätze zu entwickeln. Außerdem räumt eine ganze Reihe von Biologen ein, dass wesentliche Fragen der Evolutionsforschung unbeantwortet seien. Wie kommt es zu dieser paradoxen Situation?

In diesem Artikel werden einige Beispiele von *regelmäßig auftretenden* Befunden analysiert, die evolutionstheoretischen Erwartungen nicht entsprochen haben, ohne dass dies zu grundlegenden Anfragen an das Evolutionsparadigma geführt hätte. Vielmehr erweist sich dieses als so flexibel, dass auch gegensätzliche Befunde ins Paradigma integriert werden können. Diese Situation kann nur dadurch erklärt werden, dass „Evolution“ als weltanschaulicher Grundansatz fungiert, als Rahmenparadigma, das grundsätzlich gar nicht zur Disposition steht. „Evolution“ wird – meist ohne entsprechende Kennzeichnung – im Sinne einer Leitidee oder als konzeptionelle Vorgabe *a priori* für die Forschung genutzt. Realhistorische Verwandtschaft aller Lebewesen und die Annahme, dass Evolution ausschließlich durch natürliche Prozesse erfolgt, sind Konstanten, die nicht zur Disposition gestellt werden. Konkurrenz ist in diesen Punkten nicht zugelassen. Wenn aber „natürliche Evolution“ eine Art *Vorschrift* darstellt, welchen Ansatz man in den Ursprungsfragen verfolgen müsse, ist das Ergebnis zwar nicht in den Details, aber im Grundsatz vorprogrammiert.

„Evolution“ kann ganz Verschiedenes bedeuten: von einer quasi-dogmatischen Leitidee bis zu einer falsifizierbaren konkreten Hypothese.

Leitidee oder als konzeptionelle Vorgabe *a priori* für die Forschung genutzt (ULLRICH 2010). Diese beinhaltet: Realhistorische Verwandtschaft aller Lebewesen (Deszendenz, alle Arten stammen letztlich von ersten einzelligen Lebewesen ab) und ausschließlich natürliche Prozesse als Ursachen für den Artenwandel.

Als Leitidee kann „Evolution“ gar nicht widerlegt werden. Prägnant bringen das die Lehrbuchautoren ZRZAVY, STORCH und MIHULKA zum Ausdruck, wenn sie über offene Fragen zur Evolution schreiben: „Wir wissen es nicht, wir haben keine Ahnung. Wir wissen nur, dass der Darwinismus in der Lage ist, alles zu erklären, und letztendlich irgendeine Erklärung bieten wird, wenn wir das Phänomen wirklich unter die Lupe nehmen würden“ (ZRZAVY et al. 2009, 439).

Widerlegt werden können konkrete Hypothesen, nicht aber Leitideen; diese können sich allenfalls ganz oder teilweise als unfruchtbar erweisen. Die Rede, dass nichts gegen Evolution spreche, heißt übersetzt, dass „Evolution“ einer dogmatischen Vorgabe gleicht, bis hin zu einem quasireligiösen Gebrauch dieses Begriffes (vgl. ULLRICH 2010, 81). Im Folgenden soll das anhand einiger Beispiele aus der Forschungsgeschichte illustriert werden. Nicht nur für die Diskussion um Schöpfung und Evolution ist es dabei notwendig, beim Gebrauch des Begriffes „Evolution“ und bei der Interpretation wissenschaftlicher Daten klar zu kennzeichnen, was genau gemeint ist.

In den Fällen dagegen, wo von „überraschenden Befunden“ oder ungelösten Fragen die Rede ist, wird „Evolution“ im Sinne spezieller evolutionärer Hypothesen verwendet, z. B. Hypothesen über Mechanismen oder konkrete Abläufe der postulierten Evolution. Wenn neue Befunde bisherigen Hypothesen widersprechen, werden diese durchaus modifiziert oder gar aufgegeben. Beispielsweise wurde bei einigen Organismengruppen die Idee von einem Stammbaum des Lebens in wesentlichen Teilen verworfen und es werden Quervernetzungen angenommen (DOOLITTLE 1999) – ohne jedoch „Evolution“ als konzeptionelle Vorgabe aufzugeben. Im Bild gesprochen: Das Gerüst steht, aber es kann unter Umständen kräftig umgebaut werden.

Es sei angemerkt, dass zahlreiche Befunde die Annahme einer generellen Evolution stützen. Bei den nachfolgend geschilderten Beispielen, bei denen das nicht der Fall ist, handelt es nicht um spezielle Einzelfälle, sondern um *generelle Sachverhalte*, denen daher ein erhebliches Gewicht in einer Gesamtbewertung zukommt.

Statements zur Entstehung evolutionärer Neuheiten

„Given its importance and pervasiveness, the processes underlying evolutionary innovation are, however, remarkably poorly understood, which leaves us at a surprising conundrum: while biologists have made great progress over the past century and a half in understanding how existing traits diversify, we have made relatively little progress in understanding how novel traits come into being in the first place“ (MOCZEK 2008, 432).

„One of biology’s most significant unresolved issues is to understand how novel, complex phenotypes originate, both developmentally and evolutionarily“ (LEDON-RETTIG et al. 2008, 316),

„The skeletal architecture of vertebrates is widely divergent, yet the basis for change in gross skeletal morphology remains almost entirely unknown“ (RUDEL & SOMMER 2003, 21).

„This work is difficult and time consuming, but the question at its core – the genetic origin of new and complex traits –

is probably still one of the most pertinent and fundamental unanswered questions in evolution today“ (MONTEIRO & PODLAHA 2009, 215).

„Although animals display a rich variety of shapes and patterns, the genetic changes that explain how complex forms arise are still unclear“ (MARTIN et al. 2012, 12632).

„The origin and diversification of novel traits is one of the most exciting unresolved issues in evolutionary developmental biology“ (SAENKO et al. 2011, 1).

„How body pattern evolves in nature remains largely unknown“ (CLEVES et al. 2014, 13912).

„The explanation for adaptation is natural selection. We are not yet sure what the explanation for novelties is. ... I suspect that the origin of novelties also requires natural selection as well as additional mechanisms, but what they are will have to be determined by more empirical research“ (WAGNER 2014, 125).

Der Baum des Lebens

Für DARWIN war das eingeschachtelte System der Lebewesen (Abb. 1) nur durch gemeinsame Abstammung zu erklären. Er stellt fest, wir hätten „viele von einem einzigen Vorfahren abstammende Arten zu Gattungen gruppiert, diese zu Unterfamilien, Familien, Ordnungen – alle zu einer großen Klasse gehörend“ (DARWIN 1859, 458). Durch gemeinsame Abstammung sei „die große naturgeschichtliche Tatsache zu erklären, dass Gruppen wieder anderen Gruppen untergeordnet sind, was uns nur deshalb nicht überrascht, weil wir daran gewöhnt sind“ (S. 458f.).¹

In vielen Lehrbüchern wird darauf hingewiesen, dass die mutmaßliche allgemeine Evolution des Lebens ein „natürliches System“ der Lebewesen in einer Verzweigungs- bzw. Baumdarstellung begründe. Gemeinsame Merkmale seien Erbe eines gemeinsamen Vorfahren und die Abstufung der Ähnlichkeiten der Lebewesen Ausdruck

Abb. 1 Ordnung der Lebewesen in einem hierarchischen, enkapslierten System, am Beispiel von Riesengleithörnchen (*Petaurista petaurista*), Eichhörnchen (*Sciurus vulgaris*) und Wolf (*Canis lupus*). (Nach PETERS & GUTMANN 1971)

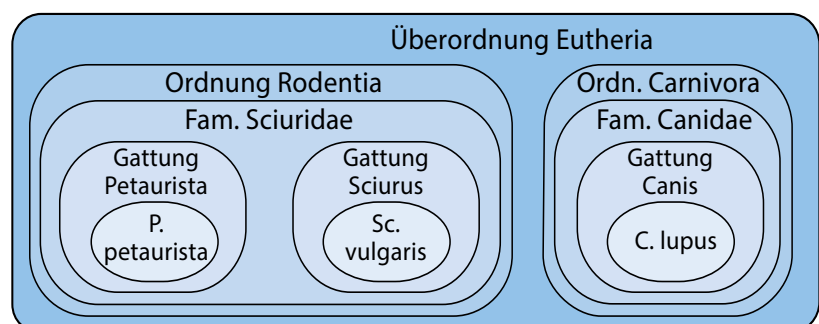
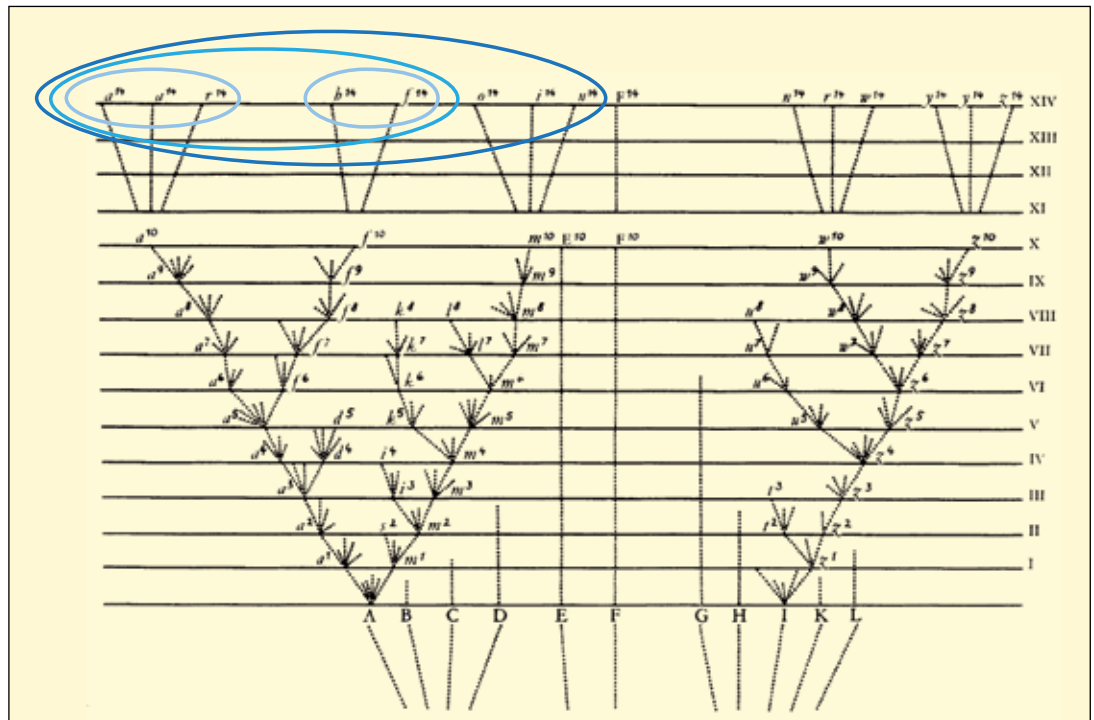


Abb. 2 DARWIN'S Stammbaum, die einzige Illustration in „Origin of Species“. Fortgesetzte Aufzweigungen und zunehmende Verschiedenartigkeit ergeben ein enkaptisches System; vgl. Abb. 1. (Aus DARWIN 1859, mit Ergänzung)



unterschiedlich weit zurückliegender Aufspaltungen. Ein „Baum des Lebens“ mache diese Situation verständlich (vgl. Abb. 2).

Nun ist aber schon lange bekannt, dass sich nicht alle Ähnlichkeiten der Lebewesen widerspruchsfrei in ein Baumschema einfügen lassen. Es zeigt sich vielmehr zunehmend, dass die Merkmale bei verschiedenen Taxa häufig dergestalt widersprüchlich verteilt sind, dass verschiedene Merkmale unterschiedliche Baumschemata begründen würden (Abb. 3). Man kommt in solchen Fällen nicht umhin, eine mindestens zweimalige *unabhängige* Entstehung baugleicher Merkmale annehmen zu müssen, und spricht in solchen Fällen von Konvergenzen.² Die Phylogenetiker* müssen sich daher mit dem sogenannten „Sparsamkeitsprinzip“ behelfen, wonach die Zahl der anzunehmenden Konvergenzen minimiert werden soll. Der Baum mit der geringsten Anzahl an Merkmalsänderungen gilt als wahrscheinlichste phylogenetische* Hypothese. Das macht Sinn, wenn man Konvergenzen als etwas eher Unwahrscheinliches ansieht. Doch wir werden sehen, dass diese Voraussetzung nicht mehr unangefochten ist.

Es wurde zwar eine Reihe von Kriterien vorgeschlagen, wie man homologe* (abstammungsbedingte) von konvergenten Ähnlichkeiten unterscheiden kann, es hat sich aber gezeigt, dass es dafür kein objektives Kriterium gibt. Das äußert sich zum Beispiel darin, dass neue Fossilfunde schon fast regelmäßig zu Änderungen von Cladogrammen* bzw. Abstammungshypothesen führen, was gleichbedeutend damit ist, dass einige zuvor als homolog interpretierte Merkmale zu Konvergenzen werden und umgekehrt, weil das sparsamste Cladogramm entsprechende Um-

bauten und Neuinterpretationen erfordert. Auf diese Weise wurde vor einigen Jahren aufgrund des Fundes der neuen fossilen Gattung *Xiaotingia* der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* gleichsam degradiert und aus der Linie, die zu den Vögeln führt, herausgenommen (XU et al. 2011), später aber wieder in diese Stellung eingesetzt (LEE & WORTHY 2011; GODEFROIT et al. 2013).

Natürlich können Cladogramme (als Phylogramme interpretiert) anhand neuer Daten geprüft und ggf. abgeändert werden. Das gilt aber nicht für die zugrundeliegende Evolutionsanschauung. Es können völlig unerwartete Merkmalskombinationen auftreten – ein Cladogramm kann immer erstellt werden; notfalls mit sehr vielen Konvergenzen. Zwei Beispiele aus der aktuellen Forschung – die Theropodengattungen *Zhenyuanlong* und *Chilesaurus* mit Mosaikmerkmalen – beschreiben LÜ & BRUSATTE (2015) und NOVAS et al. (2015); Beispiele dieser Art sind Legion.

Mit Evolution als Grundansatz sind sehr unterschiedliche, vielleicht sogar beliebige Merkmalsverteilungen vereinbar.

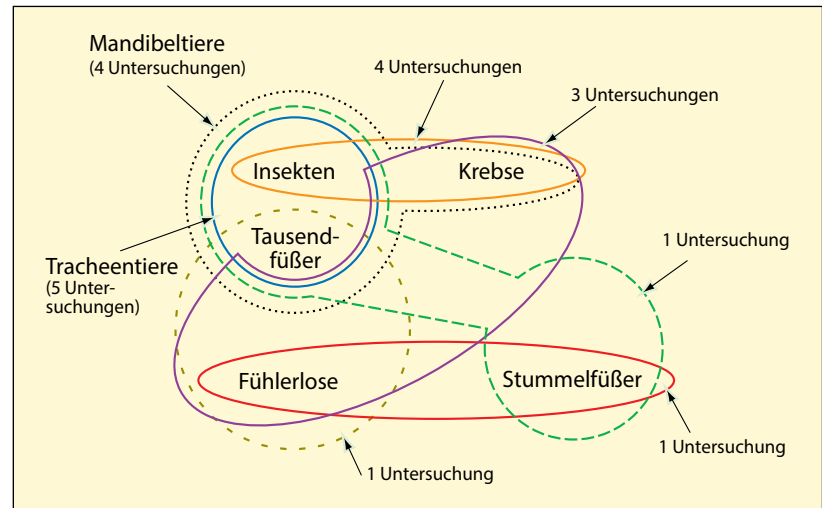
Aus alledem folgt aber umgekehrt: Mit Evolution als Grundansatz, als konzeptioneller Vorgabe sind offensichtlich sehr unterschiedliche, vielleicht sogar beliebige Merkmalsverteilungen vereinbar, nicht nur ein eingeschachteltes System. Es können beliebig viele Durchbrechungen dieses Systems „verkräftet“ werden. Daher gilt: Evolution „erklärt“ bestimmte Sachverhalte genauso wie ihr Gegenteil, sie „erklärt“ Merk-

malsverteilungen, bei denen keine, wenige oder auch sehr viele Konvergenzen vorkommen. Daher ist es auch nicht möglich, auf der Basis eines *allgemeinen* evolutionären Ansatzes bestimmte Merkmalsverteilungen *vorherzusagen*. Dass die Merkmalsverteilungen der Lebewesen unter diesen Umständen keine Indizien, geschweige denn Beweise für Evolution sein können, ergibt sich daraus als logische Schlussfolgerung (JUNKER 2002, 17–30).

Die Häufigkeit des Vorkommens von Konvergenzen hat aufgrund der fortschreitenden Forschung mittlerweile derartige Ausmaße angenommen, dass manche Biologen aus der evolutionären Not eine Tugend machen wollen. Ursprünglich wurden Konvergenzen als selten und unwahrscheinlicher als Homologien angesehen (nur *das* begründet das o. g. Sparsamkeitsprinzip). Mittlerweile sind manche Biologen der Auffassung, dass ein häufiges Auftreten konvergenter Strukturen wahrscheinlich sei – ausgelöst entweder durch gleiche Selektionsdrücke oder aufgrund ähnlicher Konstruktionszwänge bei den Vorkonstruktionen der jeweiligen mutmaßlichen Vorläuferformen. Wie wahrscheinlich diese beiden oder andere Erklärungen sind, soll hier nicht thematisiert werden (siehe dazu JUNKER 2003, 7–9; BRAUN 2012). Wichtig ist im Zusammenhang dieser Untersuchung nur die Tatsache, dass klar gegensätzliche Befunde ihren Platz im Evolutionsgebäude finden.

In Sachen „Konvergenzen“ geht der Paläontologe Simon CONWAY MORRIS sogar so weit, dass er eine schon metaphysisch zu nennende Zielorientierung postuliert, die er aber – dem Mainstream-Denken gemäß – nicht in den evolutionären Mechanismen sieht, sondern auf einer nicht näher beschriebenen tieferen Ebene (vgl. CONWAY MORRIS 2009).³ „Aus dem regelhaften und häufigen Vorhandensein von Konvergenzen schließt er schlicht, dass Merkmale, die konvergent erscheinen, eben einfach unvermeidbar sind, weil sie so erfolgreich sind“ (BRAUN 2012, 17). CONWAY MORRIS widmet der Suche nach Konvergenzen sogar eine Website <http://www.mapoflife.org> mit dem Untertitel „convergent evolution online“.

Das Dach des Evolutionsgebäudes ist so weit, dass auch früher für unmöglich gehaltene Konvergenzen von *Schlüsselmerkmalen* darunter Platz finden. Das sind komplexe Merkmale, die als charakteristisch für eine größere Organismengruppe gelten und bei der Radiation dieser Gruppe eine besondere Rolle gespielt haben sollen. Berühmte Beispiele sind die drei Gehörknöchelchen der Säugetiere oder Schwungfedern von Vögeln. Bei beiden Strukturen wird aufgrund ihrer widersprüchlichen Verteilung eine mehrfach unabhängige Entstehung angenommen oder mindestens diskutiert (ULLRICH 2012, FOTH et al. 2015).⁴



Hilfe durch molekulare Daten?

Die aufkommenden Möglichkeiten der molekularen Forschung gaben zu neuer Hoffnung Anlass. Mit den neuen molekularen Daten über Protein- und Gensequenzen sollten die Probleme der Stammbaumrekonstruktion gelöst werden können, die aufgrund widersprüchlicher morphologischer Daten auftraten. Auch hier gab es klar formulierte evolutionstheoretische Erwartungen: Bisher gut belegte „klassische“ Stammbäume (die auf der Basis der Körperbaupläne erstellt wurden) sollten durch die molekularen Daten bestätigt werden, während man sich bei unklaren Verhältnissen Antworten auf die offenen Fragen zu den Verwandtschaftsverhältnissen erhoffte. Zum Teil wurden die Erwartungen erfüllt, oft aber auch nicht. Vielmehr stellten molekulare Ähnlichkeiten (d. h. die auf Gensequenzen beruhenden Stammbäume) immer wieder auch sicher geglaubte Verwandtschaftsverhältnisse in Frage, anstatt unklare Fälle zu lösen. Im einleitenden Artikel des 2004 veröffentlichten Sammelbandes „Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa“ schreiben RICHTER & SUDHAUS (2004, 5f.): „Molekular-systematische und morphologische Analysen kommen zu unterschiedlichen Ergebnissen oder aber die molekularen Analysen widersprechen einander genauso, wie das auch bei unterschiedlichen morphologischen Analysen der Fall ist. Auch die Kombination morphologischer und molekularer Daten in einen einheitlichen Datensatz hat in den meisten

Abb. 3 Ähnlichkeitsbeziehungen unter Lebewesen können als Netzwerk dargestellt werden, hier am Beispiel der Verwandtschaftsverhältnisse der Arthropoden (Gliederfüßer). Je nach zugrunde gelegten Merkmalen (verschiedene Untersuchungen) ergeben sich unterschiedliche Gruppierungen. Die entsprechenden Untersuchungen stammen alle aus den 1990er Jahren. (Nach WÄGELE 2001)

Glossar

Cladogramm: Baumdiagramm, Ähnlichkeitsbaum mit gabeliger Verzweigung; auch als Dendrogramm bezeichnet.

Homologie: Bauplangleichheit, die als „abstammungsbedingt ähnlich“ interpretiert wird.

Konvergenz: gleichförmige Entwicklung

ähnlicher Strukturen und Funktionen einzelner Organe nicht abstammungsmäßig verwandter Organismen.

Ontogenese: Individuelle Entwicklung von der befruchteten Eizelle an.

Phylogenese: Stammesgeschichte (auf Evolution beruhend)

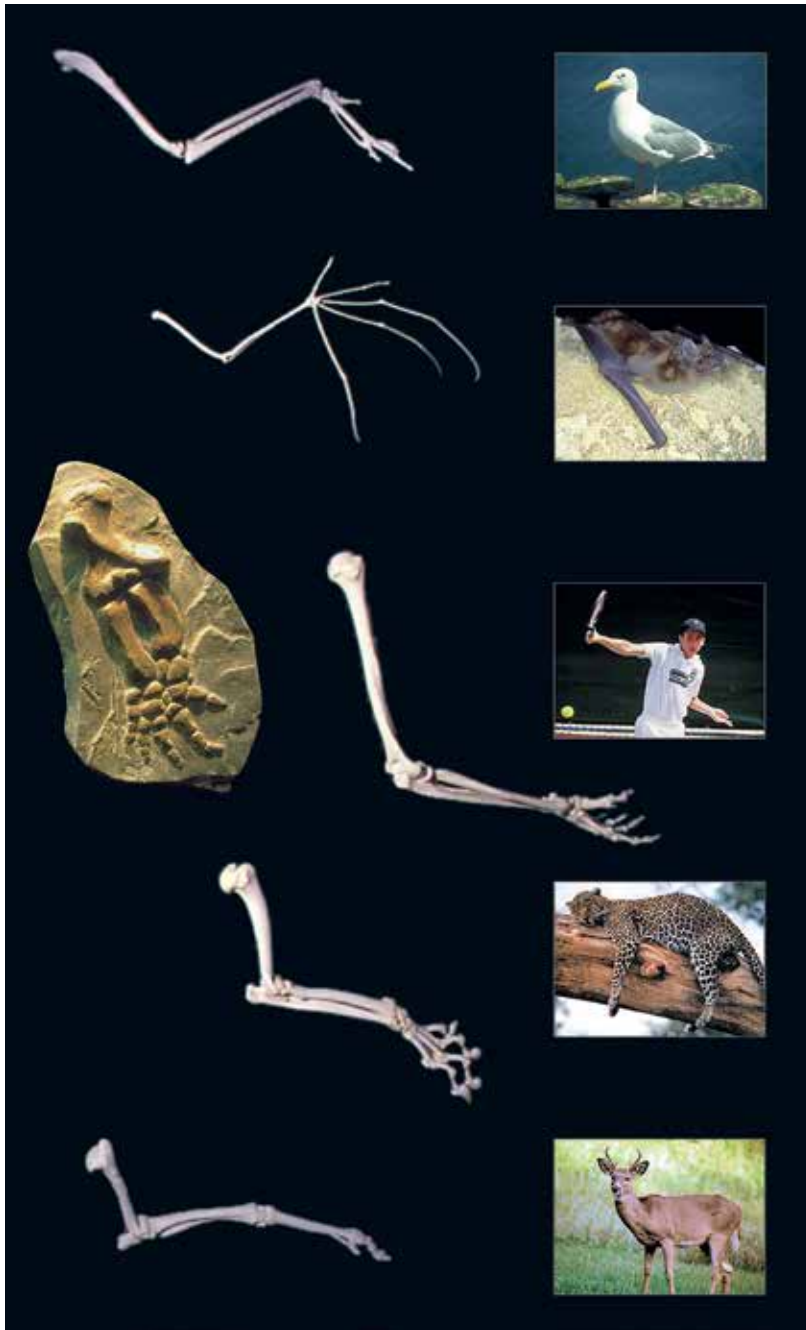


Abb. 4 Das klassische Beispiel der Vergleichenden Biologie, die Bauplanähnlichkeit der Extremitätenknochen der Wirbeltiere.

Fällen noch nicht zu wirklich überzeugenden Verwandtschaftshypothesen geführt.“ Auch bei Wirbeltiergruppen zeigten sich Probleme dieser Art, etwa bei Fledermäusen (z. B. TEELING et al. 2005), Schildkröten (z. B. ZARDOYA & MEYER 2001), Vögeln (FEHRER 2009) oder Säugetieren (ULLRICH 2012).

FEHRER (2009) zeigt am Beispiel der Vogelsystematik auf, dass es fundamentale Probleme der phylogenetischen Analyse gibt. So ist z. B. unklar, wie sich Verwandtschaft und Funktion in denselben Genen gegenseitig beeinflussen, wann genetische Ähnlichkeiten als Hinweise auf Verwandtschaft gelten können und wann sie einfach nur Ausdruck gleicher Funktionen sind. Es soll an dieser Stelle nicht behandelt werden, wie man mit den Problemen methodisch angemessen umgehen kann, sondern festgehalten werden, dass auch auf dem Gebiet

der molekularen Ähnlichkeiten in vielen Fällen sehr unterschiedliche Datenkonstellationen ins Evolutionsgebäude eingebaut werden können, sowohl das Zusammenpassen von molekularen und morphologischen Daten als auch deutliche Widersprüche zwischen den einzelnen Datensätzen. Die evolutionstheoretisch naheliegende Erwartung einer Passung verschiedener Datensätze wurde vielfach enttäuscht, ohne dass dies zu einem kritischen Rückfragen an den evolutionären Ansatz geführt hätte.

Gene und Entwicklungswege

Auf dem Gebiet der Vergleichenden Biologie hat sich eine weitere evolutionstheoretische Voraussage nicht erfüllt. Unter der Voraussetzung von Evolution wurde erwartet, dass homologen Organen homologe Gene und homologe ontogenetische* Entwicklungswege entsprechen. Die zugrunde liegende Argumentation lautet: Je früher die betrachteten ontogenetischen Stadien auftreten, desto stabiler sind sie gegenüber evolutiven Abwandlungen, da Änderungen in frühen Stadien weitaus gravierendere negative Folgen (Entwicklungsstörungen) haben dürften als Änderungen in späten Stadien. Es hat sich jedoch vielfach gezeigt, dass Homologien von fertig ausgebildeten Strukturen weder homologen Genen noch homologen ontogenetischen Entwicklungswegen entsprechen. Vielmehr können strukturelle Homologien erstaunlicherweise auftreten, auch wenn die zugrunde liegenden entwicklungsbiologischen, molekularen und genetischen Prozesse bzw. Vorgaben verschieden sind.

„Congruence between dates from molecular phylogenies and the fossil record is a rare thing, ...“ (THOMAS 2015).

Homologe Strukturen werden oft auf verschiedenen ontogenetischen Wegen ausgebildet; das gilt sogar für grundlegende Teile des Wirbeltierbauplans wie das Neuralrohr, die Vorniere oder den Verdauungstrakt (SHUBIN et al. 1994, 250). ALBERCH (1985, 51) hält solche Beispiele eher für die Regel als für die Ausnahme. Homologe Organe können bei verschiedenen Arten auch aus verschiedenen Körpersegmenten und aus verschiedenen Keimblättern gebildet werden. Sogar das klassische Beispiel der Vergleichenden Biologie, die Ähnlichkeit der Extremitätenknochen (Abb. 4), kann nicht durch Ähnlichkeiten im ontogenetischen Entwicklungsverlauf begründet werden. Denn die ähnlichen Knochenmuster entstehen in verschiedenen Arten aus verschiedenen Abfolgen von

Enkaptisches System, Ähnlichkeitshierarchie Seltenes Vorkommen von Konvergenzen Kongruenz molekularer und morphologischer Cladogramme Kongruenz molekularer und morphologischer Homologien Kongruenz von Genen und Entwicklungswegen Genetisch einfach ausgestatteter Vorfahr	Netzwerke von Ähnlichkeitsbeziehungen Häufiges Vorkommen von Konvergenzen Inkongruenz molekularer und morphologischer Cladogramme Diskrepanz zwischen molekularen und morphologischen Homologien Diskrepanz zwischen Genen und Entwicklungswegen Genetisch komplexer Vorfahr
Graduelles Auftreten fossiler Formen Geringe Verschiedenartigkeit zu Beginn der Fossilüberlieferung einer Formengruppe Rapide Änderungen in der Fossilüberlieferung Konstanz von Bauplänen („constraints“) Merkmalskontinuum Stasis wegen gleichbleibender Umweltbedingungen Identischer genetischer Code bei allen Lebewesen Modularer Aufbau der Lebewesen	Explosives Auftreten fossiler Formen Große Verschiedenartigkeit zu Beginn der Fossilüberlieferung einer Formengruppe Langanhaltende und häufige Stasis („Stehenbleiben“, Konstanz) Aufbrechen der <i>constraints</i> Markante Diskrepanzen zwischen Bauplänen Stasis trotz sich stark ändernder Umweltbedingungen Unterschiedliche Codes bei verschiedenen Taxa Nichtmodularer Aufbau der Lebewesen

Knorpelbildungen. Zahlreiche Beispiele dieser Art könnten angefügt werden (siehe JUNKER 2002, 52ff.). Eine eindeutige Zuordnung einzelner, früh auftretender ontogenetischer Strukturen mit einem einzelnen adulten Merkmal ist oft nicht möglich. So hat die Analyse der embryonalen Mittelohrentwicklung bei Säugetieren gezeigt, dass bei Berücksichtigung aufeinanderfolgender Phasen (Blastemphase, Knorpelphase) deutlich voneinander abweichende Homologiebeziehungen aufgestellt werden können, woraus unterschiedliche Stammbäume resultieren würden (ULLRICH 1994). Diese Befunde entsprechen nicht den traditionellen evolutionstheoretischen Erwartungen, aber das Rahmenparadigma Evolution bleibt davon unberührt.

Auch auf der *genetischen* Ebene findet sich bei weitem keine 1:1-Entsprechung zu homologen Strukturen. In vielen Fällen beeinflussen homologe Homeobox-Gene und andere Regulationsgene die Bildung nicht-homologer Strukturen. Beispielsweise besitzen Mäuse ein Gen, das demjenigen sehr ähnlich ist, das die Antenne einer Fliege in ein Bein verwandeln kann (*antennapedia*). Bei Mäusen beeinflusst das betreffende Gen den hinteren Gehirnteil. Umgekehrt: Obwohl Mäuse und Fliegen ein ähnliches Gen besitzen, das die Entwicklung des Auges initiiert, ist das Facettenauge der Fliege grundverschieden vom Kamerauge der Maus. Auch die Nicht-Entsprechung homologer Gene und homologer Organe widerspricht evolutionstheoretischen Erwartungen und wurde dennoch in zahlreichen Fällen festgestellt.

Die häufigen Nicht-Entsprechungen homologer Organe, Entwicklungswege und Gene haben zu einer Krise des Homologiekonzepts geführt, denn es ist unklarer denn je, woran Homologien als Indikatoren auf stammesgeschichtliche Verhältnisse überhaupt festgemacht werden können. Die Diskussion darüber ist bei weitem nicht abgeschlossen. Die Verhältnisse scheinen unübersehbar kompliziert zu sein.

Frühe Embryonalstadien

Zu diesem Zusammenhang gehört eine weitere Überraschung: Im Sinne der biogenetischen Grundregel war erwartet worden, dass die ersten Embryonalstadien in der Ontogenese* verschiedener Arten (bzw. höherer Taxa) besonders ähnlich sind. Bei den verschiedenen Wirbeltierklassen ist jedoch das genaue Gegenteil der Fall, offenbar ohne dass dies von Evolutionstheoretikern als ernsthaftes Problem empfunden wird. Bis zum sogenannten phylotypischen Stadium, bei dem die Embryonen verschiedener Wirbeltiere sich äußerlich vergleichsweise besonders stark ähneln (vgl. dazu aber RICHARDSON et al. 1997, ULLRICH 1998), gehen die Entwicklungsvorgänge sehr weit auseinander. RAFF (1999) schreibt dazu (in Übersetzung): „Der Prozess der frühen Entwicklung vom Ei bis zum phylotypischen Stadium sollte mindestens so konserviert sein wie die Form des phylotypischen Stadiums selbst. Man kann aus gutem Grund erwarten, dass die Mechanismen der frühen Ontogenese besonders gegen Änderungen gefeit sind, weil alle nachfolgenden Prozesse sich davon ableiten. Ursprünglich wurden Merkmale der frühen Ontogenese und konservierter Larvalstadien – auch bei verschiedenen Stämmen – als streng homologe Merkmale angesehen, um damit die Phylogenese zu erschließen.“ Die Tatsachen der Embryonalentwicklungen entsprechen diesen evolutionstheoretisch motivierten Erwartungen gerade nicht.

Komplexer Vorfahr

In den 1980er Jahren wurden die Homeobox-Gene und andere Masterkontrollgene entdeckt. Sie haben zentrale Regulationsaufgaben in der ontogenetischen Formbildung. Bald stellte sich heraus, dass auch entfernt verwandte Tiergruppen oft dieselben Regulationsgene besitzen. Beispielsweise wird die Bildung der Beine von

Tab. 1 Überblick über die in diesem Beitrag diskutierten widersprüchlich erscheinenden Befunde, die gleichermaßen durch Evolution „erklärt“ werden, sowie weitere hier nicht diskutierte Beispiele.



Abb. 5 Das Regulationsgen *dll* (*distalless*) bzw. das homologe Gen *dlx* codiert für ein Steuerprotein der Transkription (Übersetzung der DNA in RNA), das während der Embryonalentwicklung verschiedenster Tierstämme genutzt wird, in z. T. sehr verschiedenen, nicht homologen Strukturen. (Armskelett Fledermaus: Westfälisches Museum für Naturkunde Münster; Kamelhalsfliege: R. JUNKER; Stummelfüßer *Poliqueto*: GFDL, © Soniamartinez; Manteltier *Clavelina moluccensis*: CC BY-SA 3.0; Ringelwurm *Scoloplos*: CC BY-SA 4.0; Seeigel: CC BY-SA 3.0)

Wirbeltieren und von Gliederfüßern vom selben Regulationsgen *dll* reguliert (Abb. 5). AMUNDSON (2005, 5) spricht gar von „schockierenden genetischen Homologien“, die die Formbildung nicht-homologer Strukturen beeinflussen. Der Entwicklung auch morphologisch sehr verschiedener Organismen liegen häufig die gleichen oder sehr ähnliche genetische Mechanismen zugrunde. Das gilt nicht nur für einzelne Gene, sondern sogar für ganze Signalübertragungswege. Homologe Proteine sind in verschiedenen Organismen in einer homologen Weise arrangiert, üben aber z.T. verschiedene Funktionen in nicht-homologen Organen aus (GILBERT 2003, 763). CARROLL (2005) bezeichnet diese konservierten Gene als „tool kit-Gene“.

Da eine konvergente (unabhängige) Evolution von gleichen Regulationsgenen als äußerst unwahrscheinlich gelten muss (s. z. B. GILBERT 2003, 753), nimmt man an, dass die gemeinsamen Vorfahren bereits die entsprechenden Gene besaßen, die aber z.T. ursprünglich im Organismus andere Funktionen hatten als heute (ARTHUR 2002, 761). Da aber sehr viele grundlegend wichtige Regulationsgene in verschiedensten Tierstämmen nachgewiesen wurden, läuft dieser Befund auf einen unerwartet komplexen Vorläufer der Tierstämme hinaus (WRAY 2001, 2256; CARROLL 2005, 144).

Dies hat gravierende Folgen für das Verständnis von Evolution. Die Unterschiede zwischen den Tierstämmen liegen weniger in der Anwesenheit oder Abwesenheit von (Regulations-) Genen begründet, sondern mehr in deren *Nutzung* (AMUNDSON 2005, 7; CARROLL 2005, 78 u.v.a.).

Gegenüber früheren Ansätzen resultieren daraus ganz neue Fragen über Evolutionsmechanismen; unter dem Schlagwort „EvoDevo“ (evolutionäre Entwicklungsbiologie) ist u. a. dadurch eine ganz neue Forschungsrichtung entstanden (dieser und andere neue Ansätze sind hier nicht unser Thema, vgl. dazu JUNKER 2009). Ernst MAYR hatte 1963 in seinem bedeutenden Werk „Animal species and evolution“ aus evolutionärer Sicht noch die Erwartung formuliert, dass die Suche nach homologen Genen außer bei sehr nahe verwandten Formen ganz vergeblich sei.⁵ Seine Kollegen haben ihm damals sicher zugestimmt, doch es kam ganz anders: „Entgegen der Erwartung *aller* Biologen stellte sich heraus, dass die meisten Gene ..., die wichtige Aspekte des Bauplans der Taufolie steuern, bei den meisten Tieren ... genaue Entsprechungen besitzen, die dieselbe Aufgabe erledigen“ (CARROLL 2005, 9; Hervorhebung hinzugefügt; beide Zitate übersetzt). Die Befunde hätten den Erwartungen kaum gründlicher widersprechen können. Erstaunlicherweise wird nun aber diese höchst unerwartete Situation bei CARROLL zum unabwiesbaren Beleg für Evolution: „Die Entdeckung des uralten genetischen Baukastens ist ein unabwiesbarer Beleg für Abstammung und Veränderung von Tieren ... von einem gemeinsamen Vorfahren“ (CARROLL 2005, 10). Dies zeigt erneut eindrucksvoll, dass das Evolutionskonzept Sachverhalte und ihr Gegenteil zugleich „erklären“ kann.

Schlussfolgerungen

Einer der meistzitierten Sätze im Zusammenhang mit der Evolutionslehre ist DOBZHANSKY'S „Nichts in der Biologie macht Sinn, es sei denn im Licht der Evolution.“ Wie soll man diesen Satz angesichts der nicht enden wollenden Liste von „überraschenden“ Befunden bezeichnen, die bisherige evolutionstheoretische Vorstellungen in Frage gestellt oder sogar über den Haufen geworfen haben? RIEPPEL (1989, 13) hat ihn treffend analysiert: „Dieser Satz ist in zweierlei Hinsicht aufschlussreich. Zum einen handelt es sich nicht um einen Beobachtungssatz, sondern um eine Forderung, gar einen Imperativ, der gebietet und verbietet und damit das Forschungsprogramm der Biologie um die Mitte des 20. Jahrhunderts festschreibt. Zum anderen impliziert der Ausspruch, und das ist noch wesentlicher, zugleich sein Gegenteil, daß nämlich die Natur im Prinzip auch im Lichte anderer Theorien betrachtet werden könnte. ... Es wird darum gehen zu zeigen, daß die Welt aus verschiedenen Blickwinkeln betrachtet werden

kann und daß sie – je nach Sicht der Dinge – dem Betrachter auch unterschiedlich erscheint. Stellt der Forscher verschiedene Fragen an die Natur, so wird er unterschiedliche Antworten erhalten“ (RIEPEL 1989, 13).

Weiter stellt RIEPEL (1989) fest: „Wird die Idee der Evolution, oder einer speziellen Evolutionstheorie wie jener Darwins, der Beobachtung vorausgestellt, so wird die Welt im Licht jener Theorie erscheinen. Die Theorie wird sich nie als falsch erweisen können, sondern stets mit der Beobachtung in Einklang stehen.“ Der Umgang mit den vielen evolutionstheoretisch nicht vorhergesagten Befunden, die nach 1989 gemacht wurden, bestätigt diese Feststellung eindrucksvoll.

Es mag der Einwand kommen: Auch außerhalb der Evolutionsbiologie gibt es viele unge löste Probleme und ganz überraschende Befunde, die zur Theorieanpassung führen. Es sei ein ganz normaler Vorgang der empirischen Forschung, dass man eine Hypothese durch laufende Anpassung an neue und überraschende Daten so lange wie irgend möglich aufrecht erhält und sie nur im Notfall durch eine andere Hypothese ersetzt. Es gibt jedoch einen grundlegenden Unterschied beim Umgang mit dem Evolutionsparadigma: Dieses steht grundsätzlich nicht zur Disposition, während dem Paradigma untergeordnete Hypothesen durchaus bei nachhaltigen Problemen irgendwann aufgegeben und durch andere ersetzt oder Alternativen mindestens diskutiert werden. Wichtig ist auch: Es handelt sich bei den vorgestellten Beispielen um *systematische* Befunde, nicht um einzelne Anomalien. Und schließlich muss der Unterschied zwischen experimenteller Forschung und Ursprungsforschung beachtet werden. Eine (potentielle) Pluralität verschiedener Ansätze bzw. Hypothesen ist in der experimentellen Forschung unbestritten, dagegen gilt in der Ursprungsforschung das Evolutionsparadigma (wie eingangs definiert) als alternativlos.

Wissenschaftlern, die einen Schöpfungsansatz verfolgen (d. h. Planung und Zielsetzung in Ursprungsfragen erwägen), wird häufig vorgehalten, sei betrieben keine echte Forschung, sondern ihre Ergebnisse stünden von vornherein fest. Für die Ergebnisse von Labor- und Feldstudien trifft das mit Sicherheit nicht zu, genauso wenig wie für die Forschung im Rahmen des Evolutionsparadigmas. Am Schöpfungsansatz orientierte Forscher nehmen sich nur dasselbe Recht heraus wie Evolutionsbiologen: Selber zu entscheiden, in welchem Licht man die Ergebnisse der biologischen Forschung verstehen will. Wird dies nicht zugestanden und als unwissenschaftlich gebrandmarkt, könnte das auf die Evolutionstheoretiker zurückfallen, wie BRADY (1985, 177) anmerkt (in Übersetzung): „Wenn wir unsere Erklärung in die Bestimmung der zu erklärenden Bedingungen einfügen, bieten wir

keine wissenschaftliche Hypothese an, sondern Glauben. Wir sind so von der Wahrheit unserer Erklärung überzeugt, dass wir keine Notwendigkeit mehr sehen, die Erklärung selbst von der Situation zu unterscheiden, die wir zu erklären versuchen. Dogmatische Vorgehensweisen dieser Art müssen letztlich den Bereich der Wissenschaft verlassen.“ Dogmatische Elemente sind manchmal unvermeidbar, wichtig ist dabei allerdings, sie als solche zu kennzeichnen. (Die Frage, welche Befunde das Schöpfungsparadigma in Frage stellen oder unterstützen, sprengt den Rahmen dieser Abhandlung, vgl. dazu JUNKER 2004.)

Man mag darüber streiten, ob die vorgestellten Befunde grundsätzliche Anfragen an das Evolutionsparadigma stellen. Wenn aber unter allen Umständen Evolution als einzig zulässige konzeptionelle Vorgabe feststeht, sind Behauptungen, dass niemals ein Befund der Evolution widersprochen hätte, leer. Sie sind nur eine logische Folgerung aus der Festlegung auf Evolution als Rahmenparadigma, aber – wie die zahlreichen Beispiele zu grundlegenden Fragen der Biologie gezeigt haben – keinesfalls durch unabhängige Bestätigungen evolutionärer Hypothesen begründet.

Dank: Prof. Dr. Henrik ULLRICH und Prof. Dr. Siegfried SCHERER danke ich für wertvolle Hinweise.

Anmerkungen

- ¹ „... that Darwin later claimed, correctly, that his own theory predicts hierarchy.“ (Das Orig.-Zitat lautet: „it is a truly wonderful fact ... that all animals and all plants throughout all time and space should be related to each other in a group subordinate to group [...] On the view that each species has been independently created, I can see no explanation of this great fact in the classification of all organic beings; but to the best of my judgement, it is explained through inheritance and the complex action of natural selection“ (nach SOBER 2008, 124).
- ² Weiter gefasst wird von Homoplasien gesprochen: Ähnlichkeiten, die nicht unmittelbar auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt werden, neben Konvergenzen auch Parallelismen und Reversionen (Rückentwicklungen).
- ³ „Was andere Evolutionsbiologen in der Regel als lästige Irritationen beim Erstellen von Stammbäumen wahrnehmen und sie zu Adjektiven wie ‚unerwartet‘, ‚bizarr‘, ‚problematisch‘, ‚erstaunlich‘ greifen lässt, nämlich die Entdeckung weiterer Konvergenzen, ist für CONWAY MORRIS die erwartete Regel und allgegenwärtig. Er geht sogar so weit, Eigenschaften, die eigentlich schlüssig als vererbt, also homolog, erklärbar sind, auf mögliches Vorhandensein von Konvergenzen zu hinterfragen“ (BRAUN 2012, 15).
- ⁴ Unter diesen Umständen kann das Sparsamkeitsprinzip bei der Erstellung von Cladogrammen konsequenterweise nicht mehr angewendet werden.
- ⁵ „... the search for homologous genes is quite futile except in very close relatives.“

Literatur

- ALBERCH P (1985) Problems with the interpretation of developmental sequences. *Syst. Zool.* 34, 46–58.
- AMUNDSON R (2005) The changing role of the embryo in evolutionary thought. The roots of evo-devo. Cambridge Univ. Press.
- ARTHUR W (2002) The emerging conceptual framework of evolutionary developmental biology. *Nature* 415, 757–764.
- BRADY RH (1985) On the independence of systematics. *Cladistics* 1, 113–126.
- BRAUN HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. *Stud. Integr. J.* 19, 12–19.
- CARROLL SB (2005) Endless forms most beautiful. The new science of evo devo and the making of the animal kingdom. London.
- CLEVES PA, ELLIS NA, JIMENEZ MT, NÚÑEZ SM, SCHLUTER D, KINGSLEY DM & MILLER CT (2014) Evolved tooth gain in sticklebacks is associated with a cis-regulatory allele of *Bmp6*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 111, 13912–13917.
- CONWAY MORRIS SC (2009) The predictability of evolution: glimpses into a post-Darwinian world. *Naturwissenschaften* 96, 1313–1337.
- COYNE JA (2006) Intelligent Design: The faith that dare not speak its name. In: BROCKMAN J (ed) Intelligent thought. Science versus the Intelligent Design movement. New York.
- DARWIN C (1859) On the origin of species by means of natural selection. London.
- DOOLITTLE WF (1999) Phylogenetic classification and the universal tree. *Science* 284, 2124–2128.
- FEHRER J (2009) Eine neue Phylogenie der Vögel: Was sagen die Daten wirklich? *Stud. Integr. J.* 16, 3–16.
- GILBERT SF (2003) Developmental Biology. 7th ed. Sunderland, Mass.
- JORDAN M (2008) Intelligently discussing design: Jones and Reiss's teaching about scientific origins: Taking account of creationism. *Evo. Edu. Outreach* 1, 536–540.
- JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten – Rudimente – Atavismen. Design-Fehler oder Design-Signale? Holzgerlingen.
- JUNKER R (2003) Baum, Baukasten, Netzwerk. Ist die evolutionäre Systematik zirkelschlüssig? *Stud. Integr. J.* 10, 3–11.
- JUNKER R (2004) „Harter Kern“ und Hypothesen von Forschungsprogrammen in der Schöpfungsforschung. <http://www.wort-und-wissen.de/fachgruppen/wt/hartkern.pdf>.
- JUNKER R (2009) Evo-Devo: Schlüssel für Makroevolution? Wiederverwendung, Umfunktionierung und Neuprogrammierung. *Stud. Integr. J.* 16, 17–21.
- LEDON-RETTIG CC, PFENNIG DW & NASCONE-YODER H (2008) Ancestral variation and the potential for genetic accommodation in larval amphibians: implications for the evolution of novel feeding strategies. *Evol. Dev.* 10, 316–325.
- LEE MSY & WORTHY TH (2011) Likelihood reinstates *Archaeopteryx* as a primitive bird. *Biol. Lett.* 8, 299–303.
- LÜ J & BRUSATTE SL (2015) A large, short-armed, winged dromaeosaurid (Dinosauria: Theropoda) from the Early Cretaceous of China and its implications for feather evolution. *Sci. Rep.* 5:11775, doi: 10.1038/srep11775.
- MARTIN A, PAPA R, NADEAU NJ, HILL RI, COUNTERMAN BA, HALDER G, JIGGINS CD, KRONFORST MR, LONG AD, McMILLAN WO & REED RD (2012) Diversification of complex butterfly wing patterns by repeated regulatory evolution of a Wnt ligand. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 109, 12632–12637.
- MAYR E (1959) Darwin and the evolutionary theory in biology. In: MEGGERS BJ (ed) Evolution and anthropology: A centennial appraisal. Brooklyn, NY, pp 1–10.
- MAYR E (1963) Animal species and evolution. Cambridge, MA.
- MAYR E (2003) Das ist Evolution. München.
- MOCZEK AP (2008) On the origins of novelty in development and evolution. *BioEssays* 30, 432–447.
- MONTEIRO A & PODLAHA O (2009) Wings, horns, and butterfly eyespots: How do complex traits evolve? *PLoS Biology* 7:2, 0209–0216; doi: 10.1371/journal.pbio.1000037.
- 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* 522, 331–334.
- PETERS DS & GUTMANN WF (1971) Über die Lesrichtung von Merkmals- und Konstruktions-Reihen. *Z. zool. Syst. Evolut.-forsch.* 9, 237–263.
- RAFF RA (1999) Larval homologies and radical evolutionary changes in early development. In: Homology. Novartis Foundation Symposium 222. Chichester, pp 110–124.
- FOTH C, RAUHUT O & TISCHLINGER H (2015) Als die Federn fliegen lernten. *Spektr. Wiss.* 4/2015, 28–33.
- RICHARDSON MK, HANKEN J, GOONERATNE ML, PIEAU C, RAYNAUD A, SELWOOD L & WRIGHT GM (1997) There is no highly conserved embryonic stage in the vertebrates: implications for current theories of evolution and development. *Anat. Embryol.* 196, 91–106.
- RICHTER S & SUDHAUS W (Hg, 2004) Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa. Sitzungsbericht der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin. *N.F.* 43, 1–221.
- RIEPEL O (1989) Unterwegs zum Anfang. Zürich, München.
- RUDEL D & SOMMER RJ (2003) The evolution of developmental mechanisms. *Dev. Biol.* 264, 15–37.
- SAENKO SV, MARALVA MSP & BELDADE P (2011) Involvement of the conserved Hox gene *Antennapedia* in the development and evolution of a novel trait. *EvoDevo* 2011, 2:9; doi: 10.1186/2041-9139-2-9.
- SHUBIN NH (1994) History, ontogeny, and evolution of the archetype. In: HALL BK (ed) Homology: The hierarchical basis of comparative biology. San Diego, pp 249–271.
- SOBER E (2008) Evidence and evolution. The logic behind the science. Cambridge.
- TEELING EC, SPRINGER MS, MADSEN O, BATES P, O'BRIEN SJ & MURPHY WJ (2005) A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. *Science* 307, 580–584.
- THOMAS GH (2015) An avian explosion. *Nature* 526, 516–517.
- ULLRICH H (1994) Embryologie und Homologie: Die Reichert-Gaupp'sche Theorie. *Stud. Integr. J.* 1, 15–24.
- ULLRICH H (1998) Die Wiederentdeckung eines Irrtums. Individualität und Variabilität von Wirbeltierembryonen im Konflikt mit phylogenetischen Konzeptionen. *Stud. Integr. J.* 5, 3–6.
- ULLRICH H (2010) Evolution und Evolutionstheorien: Irrtümliche Selbstverständnisse und Fehldarstellungen naturalistischer Ursprungsmodelle. *Stud. Integr. J.* 17, 76–87.
- ULLRICH H (2012) Verwirrende Konvergenzen. Zur Evolution des Mittelohres der Säugetiere. *Stud. Integr. J.* 19, 20–31.
- WÄGELE JW (2001) Grundlagen der Phylogenetischen Systematik. München (2. Aufl.).
- WAGNER GP (2014) Homology, genes, and evolutionary innovation. Princeton University Press.
- WRAY GA (2001) Development: Resolving the Hox paradox. (Book reviews.) *Science* 292, 2256–2257.
- XU X, YOU H, DU K & HAN F (2011) An *Archaeopteryx*-like theropod from China and the origin of Avialae. *Nature* 475, 465–470.
- ZARDOYA R & MEYER A (2001) The evolutionary position of turtles revisited. *Naturwissenschaften* 88, 193–200.
- ZRZAVY J, STORCH D & MIHUKLA S (2009) Evolution. Ein Lese-Lernbuch. Heidelberg. Spektrum Akad. Verlag.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Reinhard Junker, Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbrunn; E-mail: sg@wort-und-wissen.de

Kretazische Insekten im Gestein und als Einschlüsse

Stratigraphische Besonderheiten weisen auf kurze erdgeschichtliche Zeiträume hin

Die zeitliche Verteilung von Insektenfossilien im geologischen System der Kreide und die Art ihrer Konservierung (zusammengepresst und mineralisiert oder in Bernstein) zeigt auffällige Muster. Die fossile Überlieferung in Bernstein und als Kompressionsfossil ist markant unterschiedlich. Diese Unterschiede sind im Rahmen kurzer Zeiträume besser zu verstehen als in einem Langzeitkonzept.

Michael Suling

Einleitung

Die Insekten stellen eine Klasse innerhalb der Hexapoda (Sechsfüßer) dar. In diesem Unterstamm der Arthropoda (Gliederfüßer) werden als weitere Klassen die Diplura (Doppelschwänze), die Collembola (Springschwänze) und die Protura (Beintaster) unterschieden.

Exemplare von fossilen Insekten liegen heute in einer nicht mehr überschaubaren Anzahl vor. In den letzten vier Jahrzehnten hat die Erschließung vieler neuer Fundstellen insbesondere in kretazischen* Sedimenten zu einer wesentlich besseren Kenntnis der damaligen Insektenwelt geführt. So wurden allein aus der Fundstätte Baissa Creek in Sibirien, die heute ins Aptium (vgl. Abb. 1) gestellt wird, bis zum Jahr 2000 ca. 20 000 Exemplare von Insekten geborgen. Wei-

tere große Deponien fossilisierter Lebewesen etwa gleichen Alters liegen bei Bon Tsagan in der Mongolei und im brasilianischen Araripebecken. Paläontologen konnten hier jeweils über 10 000 fossile Insekten sammeln. Tausende Fundstücke sind noch unbeschrieben und beinhalten vermutlich noch manche Überraschung.

Für statistische Aussagen über das Vorkommen fossiler Insekten bietet sich als taxonomische Ebene die Familie an. Insektenfamilien weisen oft eine große stratigraphische* Reichweite auf. So existieren ca. 84 % der aus dem Albium (vgl. Abb. 1) bekannten Familien auch heute noch. Insgesamt weist der Fossilbericht der Insekten gegenwärtig über 1100 Familien auf. Diese Anzahl hatte sich in der Zeit von 1983 bis 2005 um etwa 500 erhöht (GRIMALDI & ENGELS 2005, 2). Etwa 68 % der ca. 800 heute lebenden In-

Ein fossiler Netzflügler (Neuroptera: Araripeneuriidae) aus der kretazischen Crato-Formation, Brasilien. (© Dr. James E. JEPSON, mit freundlicher Genehmigung des Autors und von Siri Scientific Press; aus PENNEY & JEPSON 2014)

System	Serie	Stufe	Alter
Quartär			2,6 – 0
Tertiär			65 – 2,6
Kreide	Oberkreide	Maastrichtium	71,3 – 65
		Campanium	83,5 – 71,3
		Santonium	85,8 – 83,5
		Coniacium	89 – 85,8
		Turonium	93,5 – 89
		Cenomanium	98,9 – 93,5
	Unterkreide	Albium	112,2 – 98,9
		Aptium	121 – 112,2
		Barremium	127 – 121
		Hauterivium	132 – 127
		Valanginium	137 – 132
		Berriasium	142 – 137
Jura			200 – 142
Trias			251 – 200

Abb. 1 Unterteilungen des Systems Kreide. Angaben zum Alter in Millionen radio-metrischen Jahren.

sektenfamilien sind auch fossil bekannt. Auf der Gattungsebene liegt dieser Anteil dagegen unter 2 %. Bei fossilen Exemplaren, die nicht im Bernstein vorliegen, ist eine sichere Bestimmung der Gattung in der Regel kaum möglich.

Obwohl Fossilien von Insekten in mehreren verschiedenen Formen auftreten, werden in diesem Beitrag nur zwei Einbettungsweisen unterschieden: Insekteneinschlüsse im Bernstein (engl. *amber*) werden als **A-Fossilien** (bzw. A-Dokumente) bezeichnet; alle anderen Einschlüsse fallen unter den Sammelbegriff **C-Fossil** (*compression fossil*; bzw. C-Dokument). Bei den C-Fossilien handelt es sich in der Regel um lakustrine* oder seltener um fluviatile* Einbettungen bzw. Ablagerungen. Die Muster der Verteilung der kretazischen A- und C-Dokumente sind überraschenderweise deutlich unterschiedlich. Dieser Befund ist Gegenstand der folgenden Untersuchung.

Abb. 2 Der Rüsselkäfer *Burmonyx zigrasi* (Nemonychidae; ca. 2,3 mm groß; Bernstein aus Myanmar). Die rezente Familie Nemonychidae ist auch aus dem libanesischen Bernstein (Barremium; s. Abb. 1) sowie aus dem Jura von Australien, Kasachstan und der Mongolei bekannt. (<http://sciencythoughts.blogspot.de/2014/05/a-pine-cone-weevil-from-cretaceous.html>)



Im Fossilbericht der Insekten heben sich plötzlich auftretende größere Auslöschungen (mutmaßliches Aussterben) von Familien deutlich ab von einem relativ geringen sogenannten Hintergrund-Aussterben, dessen Rate im Mesozoikum gleichbleibend bei etwa 10 Familien pro Stufe liegt (LABANDEIRA 2005). Diese Situation erweist sich für Deutungen statistischer Merkmale bei Vorkommen von fossilen Insekten als vorteilhaft.

Datenmaterial

Den folgenden Betrachtungen liegen im Wesentlichen Informationen aus der EDNA FOS-SIL DATA BASE und der PALEOBIOLOGY DATABASE (PBDB) zugrunde. Beide Quellen geben den Bestand an bekannten fossilen Exemplaren allerdings nur unvollständig wieder. Daher wurden darüber hinaus weitere Fundmitteilungen aus zahllosen Veröffentlichungen (z.B. PENNEY 2010, PERRICHOT et al. 2007, GRIMALDI et al. 2002, MAKARKIN et al. 2012) berücksichtigt. Natürlich ist eine annähernd lückenlose Erfassung von Insektenfossilien nicht möglich. Innerhalb der meisten Insektenordnungen sind weit mehr Exemplare bekannt, als die Anzahl der beschriebenen Arten vermuten lässt. Man darf aber angesichts der in diesem Beitrag verwendeten Datenfülle die darin auftretenden Relationen zwischen den Anzahlen der Taxa in der Regel als hinreichend signifikant für die fossile Überlieferung betrachten.

Die taxonomischen Bestimmungen der einzelnen Exemplare und ihre Einordnung in die geologische Zeitskala orientieren sich an den Zuordnungen der PBDB.

Räumliche und zeitliche Unstetigkeiten

Weltweit sind mehrere hundert Fundstellen fossiler Insekten bekannt, die sich auf nahezu alle Stufen oberhalb des Devons verteilen. Auffällig ist aber, dass diese Fossilien in nur wenigen Lagerstätten besonders häufig auftreten, während die meisten Fundstellen nur wenige Fossilien bergen. Einige Beispiele mögen dies verdeutlichen:

- Im Campanium (Oberkreide; Abb. 1) sind Insekten praktisch nur aus dem kanadischen Bernstein – hier mit über 110 verschiedenen Familien – und von der russischen Ola-Formation bekannt.

- Insekten des Santoniums, der nächst älteren Stufe, finden sich fast ausschließlich in Sibirien und liegen hier ebenfalls als Bernsteineinschlüsse vor.

- Im Bereich kretazischer Ablagerungen ist in Brasilien außer den überreichen Funden im Araripebecken (Aptium/Albium) nur noch eine geringe Anzahl an Insektenfossilien bekannt. Ähnliches gilt für die entsprechenden kretazischen Nachweise in Australien, die sich auf die ins Aptium gestellte Koonwarra-Formation konzentrieren.

Nach LABANDEIRA & EBLE (2000, 6) ist diese episodentartige Form erdgeschichtlicher Überlieferung fossiler Insekten wesentlich bestimmt durch die jeweiligen Lagerstätten und zeigt sich in ausgezeichnet erhaltenen reichen Ablagerungen, die unregelmäßig in mancherlei grundverschiedenen Umfeldern auftreten.

Solche ausgeprägten räumlichen und zeitlichen Unstetigkeiten stellen kritische Anfragen an die Vorstellung von Insekteneinbettungen im Rahmen einer nur sehr langsam fortschreitenden Sedimentation dar. Die vorliegende Form dieser Überlieferung kann auch und vielleicht besser im Kontext von katastrophischen Ereignissen verstanden werden.

Die Fossilüberlieferung bezüglich der Familien

Zeitliche Verteilung von fossilen Insekten

Aus Abb. 4 ist ersichtlich, mit welcher Häufigkeit Familien der Ordnung Neuroptera in verschiedenen Phasen der Erdgeschichte auftreten. Natürlich ist bei allen Graphiken bezüglich des Vorkommens fossiler Taxa zu beachten, dass Lebensdauer und -raum dieser Taxa oft weit ausgedehnter gewesen sein dürften, als es die gefundenen Nachweise anzeigen. Dennoch darf man in den sich deutlich abzeichnenden Verteilungsmustern aufgrund der großen Datenfülle mehr als nur zufällige Erscheinungen sehen.

In Abb. 4 fallen bezüglich der Neuroptera mehrere Besonderheiten im stratigraphischen Bericht auf, z. B.:

- Nicht-rezente* Familien treten unterhalb des Albiums (vgl. Abb. 1) sehr zahlreich auf, oberhalb des Aptiums aber nur sehr selten;
- Bernsteininklusen beinhalten fast ausschließlich rezente Familien – sogar im Bereich des Barremiums;
- in der Oberkreide liegen fossile Neuropteren im Wesentlichen als Inklusionen vor.

Diese Verteilung, die sich auch innerhalb anderer Insektenordnungen abzeichnet, ist keineswegs zu erwarten:

- Da in der Unterkreide sowohl rezente als auch nicht-rezente Familien gleichzeitig mit harzproduzierenden Pflanzen auftraten, sollten in dieser Epoche beide Gruppen in ähnlicher

Kompakt

Unterzieht man die zeitliche Verteilung sowie die Konservierungsmodi von fossilen Insekten einer einfachen statistischen Betrachtungsweise, so stößt man auf mehrere Auffälligkeiten:

- Bei Insekten findet – auf der Ebene der Familie – nach Abschluss des Perms nur noch am Ende des Aptiums (Stufe der Unterkreide, vgl. Abb. 1) eine wesentliche Auslöschung statt. Während diese bei sedimentären* Einschlüssen sehr markant hervortritt, wird sie merkwürdigerweise von den Inklusionen* des Bernsteins kaum widerspiegelt.
- Sehr viele der heute noch lebenden Familien, die man vor dem Albium (ebenfalls Stufe der Unterkreide, Abb. 1) allein aus Sedimenteinschlüssen kennt, sind in der Oberkreide gar nicht oder allein als Bernsteineinschlüsse nachgewiesen.
- Während die Familienvielfalt bei sedimentären Einbettungen an der Aptium-Albium-Grenze einen deutlichen Rückgang wenigstens bis zum Beginn des Tertiärs erkennen lässt, zeichnet sich bei den Bernsteininklusionen in der mittleren Phase der kretazischen* Sedimentation eine starke Zunahme ab.

Diese gegenläufigen Tendenzen in der fossilen Überlieferung von Insektenfamilien im Bernstein einerseits und in Sedimenten andererseits führen zu einer Hinterfragung der für die oberkretazischen Bernsteininklusionen angegebenen Ablagerungsbedingungen und Entstehungszeiten. In einem kurzen Zeitrahmen sind Deutungen der Fundsituation fossiler Insekten teilweise weniger problematisch.

Weise im Bernstein zu finden sein. Das ist aber nicht der Fall.

- Da Familien rezenter Neuropteren sowohl im Barremium als auch im Aptium zahlreich durch C-Fossilien nachgewiesen sind, überrascht im Albium ihre alleinige Dokumentation durch Inklusionen.

Nachfolgend soll nun zunächst ein genaueres Bild der Dokumentation kretazischer Insekten gegeben werden, bevor die auffälligen Muster der Fossilüberlieferung kritisch diskutiert werden.

C-Fossilien und A-Fossilien

Etwa 35 % der ca. 720 Insektenfamilien, die aus kretazischen Ablagerungen bekannt sind, liegen hier sowohl als C- als auch als A-Dokumente

Abb. 3 Eine Libelle der auch heute vorkommenden Familie Thaumatopterauridae. Diese Familie findet sich häufig in der Crato-Formation (Aptium). Dokumente aus dem Bereich der C-Lücke sind nicht bekannt. (AUS BECHLY 2010)



Glossar

allochthon: nicht am Fundort entstanden.
autochthon: am Fundort entstanden.
Eutrophierung: Nährstoffanreicherung
Eventstratigraphie: Isochrone Gliederungsmöglichkeit durch plötzliche, in der Regel kurzfristige Ereignisse, welche Ausdruck in den Gesteinsablagerungen finden.
fluviatil: auf Fließgewässer bezogen.
Inkluse: Einschluss (hier: in Bernstein)
Känozoikum: „Erdneuzeit“, beginnend mit dem Tertiär (vgl. Abb. 1).

kretazisch: zum geologischen System der Kreide gehörend (vgl. Abb. 1).
lakustrin: auf den Bereich eines Süßwassersees bezogen.
marin: zum Meer gehörend.
phytophage Insekten: Insekten, die sich von pflanzlichen Stoffen ernähren.
rezent: heute lebend
sedimentär: in Ablagerungen befindlich.
stratigraphisch: Die Abfolge der (geologischen) Schichten betreffend.
terrestrisch: zur festen Landoberfläche gehörig.

Abb. 4 Häufigkeiten der Fossilien der Familien der Ordnung Neuroptera in verschiedenen Phasen der Erdgeschichte.
A: Harz-Einbettung,
C: harzfreie Einbettung.
Unerwartet sind die auffälligen Unterschiede in den Häufigkeitsverteilungen rezenter und nicht-rezenter Familien.

vor. Die bei fossilen Insekten erkennbaren stratigraphischen Besonderheiten treten nur dann deutlich hervor, wenn man nicht *allgemein* nach den stratigraphischen Vorkommen von Familien fragt, sondern die Verteilung der C- und A-Komponenten ihrer Fossilien jeweils gesondert betrachtet.

Zeit	Perm - Hauterivium	Barremium/ Aptium		Albium		Oberkreide		Känozoikum	
Konservierung	C	C	A	C	A	C	A	C	A
rezente Familien									
Ascalaphidae	–	2	–	–	1	–	1	5	6
Berothidae	20	10	3	–	2	1	45	–	9
Chrysopidae	8	62	–	–	1	1	1	51	4
Coniopterygidae	1	–	4	–	3	–	15	8	16
Dilaridae	–	–	–	–	–	–	1	–	1
Hemerobiidae	6	3	–	–	–	1	1	23	9
Ithonidae	1	31	–	–	–	–	–	2	1
Mantispidae	9	8	–	–	–	1	3	4	6
Myrmeleontidae	3	22	1	–	1	–	–	2	2
Nemopteridae	–	6	–	–	–	–	–	5	–
Nevrorthidae	–	–	–	–	–	–	1	–	14
Nymphidae	15	15	–	–	–	1	1	3	4
Osmylidae	49	12	–	–	–	1	1	11	2
Polystoechotidae	10	1	–	–	–	–	–	36	1
Psychopsidae	20	22	–	–	–	4	5	9	6
Rhachiberothidae	–	–	4	–	2	–	10	1	4
Sisyridae	–	1	1	–	–	1	2	2	5
nicht-rezente Familien									
Aetheogrammatidae	1	4	–	–	–	–	–	–	–
Araripeneuridae	–	23	–	–	–	–	–	–	–
Ascalochrysidae	1	2	–	–	–	–	–	–	–
Babinskaiidae	–	5	–	–	–	–	–	–	–
Brongniartellidae	5	2	–	–	–	–	–	–	–
Dipteromanitispidae	–	1	–	–	–	–	2	–	–
Epigambridae	1	–	–	–	–	–	–	–	–
Grammolingiidae	26	11	–	–	–	–	–	–	–
Kalligrammatidae	49	16	–	–	–	–	–	–	–
Mesoberothidae	2	–	–	–	–	–	–	–	–
Mesochrysopidae	8	18	–	–	–	–	–	–	–
Osmylitidae	5	1	–	–	–	–	–	–	–
Osmylopsychopsidae	12	1	–	–	–	–	–	–	–
Palaeoleontidae	–	12	–	–	–	3	–	–	–
Panfiloviidae	5	2	–	–	–	–	–	–	–
Parakseneuridae	23	–	–	–	–	–	–	–	–
Permithonidae	80	–	–	–	–	–	–	–	–
Prohemerobiidae	64	1	–	–	–	1	–	–	–
Rafaelidae	–	6	–	–	–	–	–	–	–
Saucrosmylidae	9	–	–	–	–	–	–	–	–
Solenoptilidae	6	–	–	–	–	–	–	1	–

C-Fossilien

Am Ende des Aptiums ist ein sehr markanter Rückgang der Anzahl der C-Fossilien erkennbar. Vorausgegangen war eine deutliche Zunahme seit Beginn der Kreide. Berücksichtigt man allein die in der PBDB gemachten Angaben, so stehen den 3016 C-Exemplaren des Aptiums nur 27 (!) im Albium gegenüber. *Betroffen von diesem Einschnitt in der C-Dokumentation sind – fast ausnahmslos – alle Familien, von denen im Aptium C-Dokumente vorliegen.* Innerhalb der etwa 396 Familien, die in dieser Stufe – neben eventuellen Einschlüssen im Bernstein – durch C-Fossilien vertreten sind, lassen sich drei paarweise disjunkte Gruppen unterscheiden:

- Von den genannten Familien verschwinden ca. 127 am Ende des Aptiums endgültig (Abb. Z1). Damit liegt die Anzahl der während dieser Stufe verlöschenden Familien weit über der mittleren Rate des pro kretazischer Stufe erfolgenden Hintergrundsterbens. Da diese Familien vielfach noch im Aptium zahlreich dokumentiert sind und von ihnen 62 % schon aus jurassischen und 23 % aus triassischen Sedimenten bekannt sind, tritt die Aptium/Albium-Grenze sehr unvermittelt als gemeinsame „**Abbruchkante**“ ihrer Existenz (bzw. ihres fossilen Nachweises) auf.

Es fällt auf, dass praktisch alle 150 Familien, die im Barremium bzw. Aptium als C-Dokument vorliegen und oberhalb der Abbruchkante nicht mehr existieren, in dem diesen Stufen zugeordneten libanesischen Bernstein fehlen – ein sonderbarer Befund (vgl. dazu nachfolgenden Abschnitt „A-Fossilien“ und Abschnitt „Weitere Aspekte“).

- Eine weitere Gruppe (Abb. Z2) besteht aus ca. 157 Familien, die – obwohl sie bis ins Känozoikum überleben – oberhalb der Abbruchkante in der gesamten restlichen Kreide nicht mehr als C-Fossil erscheinen. Durch ihr Fehlen in der C-Dokumentation zeichnet sich zwischen dem Ende des Aptiums und dem Beginn des Tertiärs eine deutliche **C-Lücke** ab. Viele dieser Familien findet man dann im Känozoikum sogar sehr zahlreich in direkter sedimentärer Einbettung wieder.

- Die noch verbleibenden ca. 110 Familien haben ebenfalls die Abbruchkante überlebt, sind aber im Bereich der C-Lücke mit nur relativ wenigen C-Fossilien – die PBDB nennt hier ca. 400 beschriebene Exemplare – vertreten. Sie konzentrieren sich im Wesentlichen auf ca. ein halbes Dutzend weit auseinanderliegender Fundorte. Hierzu gehören u. a. Orapa (Botsswana), Khetana River (Russland), Kzyl-Zhar (Kasachstan), die Ola-Formation (Russland) und die Ora-Formation (Israel).

Innerhalb dieser dritten Gruppe gibt es ca. 75 Familien, die die C-Lücke überleben. Praktisch

alle diese Familien liegen als C-Exemplare im Aptium nie seltener, aber oft sehr viel häufiger als in der breiten C-Lücke vor (Abb. Z3). Damit zeichnet sich bei diesen Familien parallel zur C-Lücke eine markante **C-Reduzierung** ab.

Der durch die C-Lücke und die C-Reduzierung bedingte Einschnitt in der C-Komponente ist für einige Insektengruppen aus Abb. 5 ersichtlich.

Die C-Lücke wird vergrößert durch weitere ca. 50 *rezente* Familien, bei denen die bis ins Känozoikum reichende Unterbrechung der C-Dokumentation schon vor dem Aptium einsetzt.

A-Fossilien

Bei den A-Fossilien ist mit Beginn des Barremiums ein sprunghafter Anstieg sowohl der Familien-Vielfalt als auch der Anzahl der Exemplare festzustellen. Im weiteren Verlauf der Kreide kommt eine Fülle von Inkluden hinzu.

Von den im Bereich der C-Lücke insgesamt fossil nachgewiesenen (nicht gleichbedeutend mit „existierenden“) etwa 430 Familien kommen ca. 90 % in Bernsteineinschlüssen vor und nur ca. 25 % als C-Fossilien. Bezogen auf die Anzahl der *Exemplare* ist der Anteil der C-Fossilien hier noch wesentlich geringer.

- Größere Vorkommen fossilführender Harze gibt es zuerst in unterkretazischen Ablagerungen des Libanon. Die Mehrheit der hier aus zahlreichen Fundstellen geborgenen Insektenfossilien wird heute ins Barremium und nur ein kleinerer Anteil ins Aptium gestellt. Die in diesen Harzen gefundenen Insekten werden ca. 130 Familien zugeordnet, von denen etwa 85 % heute noch vertreten sind.

- In den Inkluden des Albiums und der Oberkreide finden sich nahezu alle Familien des libanesischen Bernsteins wieder. Zu diesen Bernsteineinschlüssen gehören aber auch viele Familien, die unterhalb des Albiums nur durch ihre C-Komponente bekannt sind. Die Inkluden der C-Lücke sind weitgehend gebunden an bestimmte Lagerstätten. Anhäufungen fossilführender Harze finden sich in Spanien, Jordanien und Frankreich (alle Albium), in Myanmar (Cenomanium), im Bereich von New Jersey (Turonium), in Sibirien (Santonium) und in Canada (Campanium) (zu den Stufenamen vgl. Abb. 1). Auch die in der C-Lücke gefundenen Bernsteineinschlüsse bestehen in der Regel aus rezenten Familien.

- Während der C-Lücke erscheinen im Fossilbericht über 170 neue Familien. *Es fällt auf, dass die neuen Taxa in diesem Zeitintervall fast ausschließlich als Inkluden auftreten.* (In Abb. Z4 finden sich Angaben zu den jeweiligen Häufigkeiten der A- und C-Dokumente dieser Familien.)

Diskussion

Rahmenbedingungen

Zunächst soll ein Rahmen beschrieben werden, in den sich Deutungen der komplexen Fundsituation einordnen lassen müssen:

- Die Tatsache, dass die Abbruchkante der C-Fossilien, die C-Lücke und die C-Reduzierung Insektenordnungs-übergreifend auftreten, zeigt, dass ihre Ursachen nicht im Bereich spezifischer Veränderungen einzelner Insektenordnungen zu suchen sind wie etwa der Vernichtung ganz spezieller Lebensräume.

- Da die genannten Erscheinungen nicht auf einzelne Kontinente beschränkt sind, müssen zur Deutung globale Veränderungen in Betracht gezogen werden.

- Das endgültige massenhafte Verschwinden von ca. 125 Familien aus der alleinigen C-Dokumentation am Ende des Aptiums geschieht *gleichzeitig* mit dem Einsetzen eines sehr markanten Rückgangs bei C-Fossilien von ca. 270 Familien, die zumeist auch rezent vorkommen und die im Aptium C-Fossilien hinterließen. Damit besteht kaum ein Zweifel an einem *ursächlichen Zusammenhang* zwischen dem Verschwinden im Bereich der Abbruchkante und der sehr geringen bis ausbleibenden C-Dokumentation im Bereich der C-Lücke.

- Eine markante über die Hexapoda und Spinnentiere hinausgehende Dezimierung beziehungsweise Auslöschung ist nicht bekannt. Ein bei anderen Formengruppen wahrgenommener sogenannter „mid-Aptian extinction event“ zeigt sich im Wesentlichen nur in einem schwachen Rückgang einiger Taxa der marinen* Mikrofauna.

- Gemäß paläobotanischen Befunden wird das während der kretazischen Ablagerungen bestehende Klima im Allgemeinen als bis in hohe geographische Breiten warm beschrieben. Besonders auffällige klimatische Umbrüche sind im Bereich des Aptiums nicht erkennbar.

Hinweis: Die Abb. Z-Verweise beziehen sich auf zusätzliche Abbildungen unter www.si-journal.de/jg23/heft1/insekten.pdf.

Abb. 5 Summarische Häufigkeiten von C-Dokumenten für Familien innerhalb verschiedener Ordnungen (Stand: Januar 2016). Berücksichtigt sind nur Familien, die im Aptium als C-Fossil auftreten und noch heute existieren. Die Daten orientieren sich an den Angaben der PBDB.

Ordnung	Stratigraphischer Bereich			
	Unterhalb des Aptiums	Aptium	C-Lücke / C-Reduzierung	Känozoikum
Coleoptera (Käfer)	1205	409	79	6855
Diptera (Zweiflügler)	653	333	23	1827
Ephemeroptera (Eintagsfliegen)	70	22	0	15
Hemiptera (Schnabelkerfe)	192	189	10	1039
Hymenoptera (Hautflügler)	248	163	39	687
Odonata (Libellen)	21	51	1	72
Orthoptera (Schrecken)	140	64	3	166
Trichoptera (Köcherfliegen)	23	9	3	129



Abb. 6 Die Raubfliege *Burmapogon bruckschi* (Familie Asilidae) aus burmesischem Bernstein. Die rezente Familie Asilidae ist auch aus dem Aptium von Brasilien und Sibirien sowie dem Jura von Kasachstan bekannt. Sie erscheint in der C-Lücke nur als A-Fossil. (<http://www.sci-news.com/paleontology/science-assassin-flies-burmese-amber-01874.html>), © David GRIMALDI)

Ein naheliegendes Szenario

Insbesondere eventstratigraphische* Untersuchungen legen nahe, dass im Verlauf der Kreide der Meeresspiegel enorm angestiegen ist (HAQ 2014). So wird davon ausgegangen, dass in der Oberkreide ein Drittel der damaligen Landflächen unter Wasser gerieten. Das Maximum der Überflutung wurde aber nicht auf allen Kontinenten gleichzeitig erreicht. Als breiter Meeresarm durchzog der Western Interior Seaway den nordamerikanischen Kontinent von Norden nach Süden (BLAKEY 2014). In diesem ausgedehnten epikontinentalen Flachmeer, das während der gesamten Oberen Kreide bestand, sind heute viele marine Wirbeltiere eingebettet. Auf dem amerikanischen Südkontinent griff das Weltmeer von Norden her tief in das Landesinnere ein und hinterließ mehrere hundert Meter mächtige kreidereiche Ablagerungen, die u.a. viele große Sauropoden bergen. Über weite Gebiete im Westen Afrikas erstreckte sich ein Meer, das die Tethys (ein im Bereich des heutigen Mittelmeeres gelegener Ozean) mit dem südlichen Atlantik verband. Insgesamt erfolgte weltweit eine Verschiebung von terrestrischer* zu mariner Sedimentation.

Die Oberkreide ist durch weitere katastrophische Ereignisse gekennzeichnet. Es herrschte ein ungewöhnlich heftiger Vulkanismus, der teilweise mit der Plattenverschiebung verbunden war. Auf dem Festland und auf den Ozeanböden entstanden große Massen basaltischer Gesteine. Im Cenomanium schlug in Nordamerika am Rande des Western Interior Seaway ein Meteorit ein, dessen Durchmesser auf 2 km (!) geschätzt wird. Der hinterlassene Krater liegt heute unter

der Stadt Manson (Iowa) und hat eine Breite von ca. 38 km (KOEBERL & ANDERSON 1996).

Man darf annehmen, dass die skizzierten geologischen Ereignisse zur Vernichtung vieler Lebensräume und in deren Folge zu massiven Dezimierungen innerhalb der Insektenpopulationen und zum Aussterben vieler Familien führten. Mit fortschreitender Transgression des Meeres wurden die Möglichkeiten einer lakustrinen* Einbettung wesentlich eingeschränkt. Durch diese Ereignisse wird zunächst der extreme Rückgang der C-Fossilien mit dem Beginn des Albiums verständlich. Vermutlich spiegelt der vorausgehende Boom an C-Fossilien ein Massenbegräbnis wider, das zur Entstehung der Abbruchkante, der C-Lücke sowie der C-Reduzierung beitrug.

Solche Szenarien lassen sich im Rahmen kurzzeitiger katastrophischer Vorgänge gut verstehen. Dagegen lässt sich eine gemäß Abb. 1 bestehende Dauer von 50 Ma, während derer die C-Dokumentation unterbrochen oder erheblich reduziert ist, nicht überzeugend erklären, weder durch Dezimierungsprozesse noch durch Einschränkung lakustriner Sedimentation:

- Es wäre zu erwarten, dass sich auf der Familienebene Insektenpopulationen von einer bloßen Dezimierung – selbst bei globalem Ausmaß – in wenigen Jahrhunderten oder höchstens Jahrtausenden erholen. In gegenwärtiger Zeit wird bei mehreren Insektengruppen gelegentlich sogar ein explosionsartiges Anwachsen ihres Bestandes beobachtet. Bekannt für plötzliche Invasionen sind u. a. manche Heuschrecken-Arten (Orthoptera). Betrachtet man bei dieser Insektenordnung die zeitliche Verteilung von C-Fossilien aller derjenigen Familien, die im Aptium C-Dokumente hinterließen und noch heute existieren (Abb. 5), so zeigt sich zwischen dem Aptium und dem Känozoikum ein markanter Einschnitt, der in dieser Ausprägtheit schwerlich über 50 Millionen Jahre bestanden haben kann. Noch wesentlich unwahrscheinlicher ist es, dass bei ca. 300 Familien aus ganz unterschiedlichen Ordnungen zeitlich parallel derart lang währende Einschnitte (vgl. Abb. 5) bestanden haben.

Insbesondere ist es kaum denkbar, dass die Regeneration der Insektenpopulationen erst 50 Millionen Jahre nach der etwa mit dem Ende des Aptium einsetzenden mächtigen Ausbreitung der zuvor nur spärlich vorhandenen Angiospermen (Bedecktsamer) einsetzte. Denn einerseits wurde

Die Unterbrechung beziehungsweise die erhebliche Reduzierung der C-Dokumentation lässt sich für eine Dauer von 50 Ma nicht überzeugend erklären.

mit dieser Entwicklung der Flora das Nahrungsangebot für Insekten erheblich erweitert. Von den heutigen Insektenarten sind ca. 43 % phytophag* (GRIMALDI & ENGELS 2005, 622). Andererseits sind auch viele Angiospermen für ihren Fortbestand auf Insekten angewiesen. Nach GRIMALDI & ENGELS (2005, 5) werden annähernd 85 % der heutigen ca. 250 000 Arten der Angiospermen durch Insekten bestäubt.

- Für lakustrine und fluviatile Einbettungen standen die verbleibenden Landflächen während der C-Lücke grundsätzlich weiterhin zur Verfügung. Nach dem Rückgang (Regression) des Weltmeeres gegen Ende der Kreide entstanden neue Lebensräume mit terrestrischer Sedimentation. Insbesondere wurde Australien, das im Aptium/Albium weitgehend überflutet wurde, schon im Turonium wieder frei von mariner Sedimentation (STANLEY 2001).

- Die der C-Lücke zugehörigen Fundstellen von C-Fossilien zeigen, dass auch in diesem Zeitintervall weltweit lakustrine Sedimentation stattfand. Im Bereich des ehemaligen Kratersees bei Orapa (Botswana) konnten etwa 2000 Gesteine mit Insektenfossilien gesammelt werden (BROTHERS & RASNITSYN 2003). Dennoch weisen die Ablagerungen der C-Lücke einen sehr deutlichen Einschnitt in der C-Dokumentation auf (vgl. Abb. 5).

Bei Annahme sehr langer Zeiträume bestanden offensichtlich viele Biotope und Zeitphasen, in denen zwischenzeitliche Regenerationen vielfältig hätten erfolgen können, und es existierten auch genügend Räume für sedimentäre Einbettungen. Das auffällige Fehlen von C-Fossilien wirft daher die Frage auf, welche reale Zeitdauer der C-Lücke aufgrund der genannten Befunde zugestanden werden kann.

Die Dominanz der A-Fossilien

Im aktualistischen Langzeit-Konzept der Erdgeschichte erweist sich aber nicht nur die Deutung der C-Lücke sowie der C-Reduzierung als problematisch. Rätselhaft bleiben weitere Befunde:

- Die sehr zahlreichen Familien des libanesischen Bernsteins lassen durchaus kein Aussterbeereignis am Ende des Aptiums erkennen. Hier besteht ein markanter Gegensatz zu dem plötzlichen endgültigen Verschwinden vieler Familien aus der alleinigen C-Dokumentation des Aptiums. Dadurch zeichnet sich an der Grenze zum Albium eine recht *paradoxe Situation* bezüglich des Überlebens ab.

- Bei den Familien des libanesischen Bernsteins tritt mit Beginn des Albiums weder eine A-Lücke noch eine A-Reduzierung auf. Vielmehr kommen gerade diese Familien oft sehr gehäuft

in kretazischen Bernsteinlagerstätten vor, die jünger als das Aptium sind.

- Familien, die unterhalb des Albiums *allein* als Inkluden bekannt sind, liegen in der C-Lücke nicht in sedimentärer Einbettung vor. Ganz anders verhält es sich mit rezenten Familien, die unterhalb des Albiums *allein* als C-Fossilien bekannt sind und von denen zwischen Aptium und Känozoikum die C-Dokumente fehlen: 48 % dieser etwa 220 Familien werden im Bereich der C-Lücke – teilweise sehr zahlreich – in Bernsteininkluden gefunden. Der direkte Nachweis dieser Familien in der C-Lücke durch ihre A-Komponenten ist ein starkes Indiz dafür, dass das Fehlen ihrer C-Komponenten – und somit auch das weitgehende Ausbleiben der übrigen C-Dokumente – nicht durch eine sehr lang anhaltende extreme Dezimierung bedingt ist (vgl. Abschnitt „Ein naheliegendes Szenario“).

- Das auffallende Zurücktreten der C-Dokumentation gegenüber Bernsteininkluden bei den Familien, die im Bereich der C-Lücke zahlreich *neu* erscheinen (vgl. Abb. Z4), kann bei der Vielfalt unterschiedlicher Merkmale und Lebensweisen dieser Taxa nicht einfach taphonomisch (d. h. durch die Einbettungsbedingungen) erklärt werden. So finden sich unter diesen Familien auch viele Insekten (kursiv in Abb. Z4), deren Existenz eher an Feuchtbiootope oder direkt an den Wasserbereich gebunden ist, von denen aber zu erwartende lakustrine Einbettungen nicht bekannt sind.

- Die extreme Dominanz der A-Fossilien lässt sich auch nicht auf die Ausbreitung der Angiospermen zurückführen, da die Inkludenharze in der Regel von Koniferen, also Gymnospermen, stammen. Vielmehr stellten gerade die Angiospermen Lebensräume zur Verfügung, in denen Insekten kaum der Harzfalle ausgesetzt waren.

Der während der C-Lücke bestehende starke Kontrast zwischen den in großer Anzahl und Vielfalt vorliegenden Inkluden und den vergleichsweise wenigen C-Dokumenten führt zur Frage nach der Herkunft der Harzeinschlüsse. Die mit dem Ende des Aptiums einsetzende Divergenz zwischen den beiden Konservierungsweisen verliert ihre Problematik, *wenn man die Inkluden als Verdriftungen aus Biotopen ansieht, die schon in der Zeit vor dem Albium bestanden.* DELCLOS et al. (2007) räumen ein, dass die Harzlagerstätten kaum als autochthon* angesehen werden können: „... *gewöhnlich wird der Bernstein nicht am Ort seiner Entstehung gefunden, sondern nach Umlagerung durch Wasserströme zu den endgültigen Lagerstätten der Sedimente.*“

Auch diese Schlussfolgerung, dass Bernsteine durch Transport verdriftet werden, ist im Rahmen einer kurz währenden, katastrophisch verlaufenden Erdgeschichte gut verstehbar.

Einige Beispiele möglicher Einschwemmung

Die Lagerungsverhältnisse einiger bedeutender Harz-Fundstellen lassen eine Entstehung durch Einschwemmung von Inkluden erkennen oder vermuten.

Kanada: Die Allochthonie der Bernsteine der bedeutenden kanadischen Lagerstätte Cedar Lake (dem Cenomanium zugeordnet) wird heute kaum bezweifelt. Diese Bernsteine gelten als ein über viele hundert Kilometer umgelagerter Teil der fossilen Harze von Grassy Lake in SE-Alberta (McKELLAR et al. 2008).

Über die Entstehung der Grassy Lake-Inkluden selbst schreiben McKELLAR et al. (2013): „*Der kanadische Bernstein entstand etwa vor 78-79 Millionen Jahren, als zypressenähnliche Bäume, die an den Rändern des Western Interior Seaways lebten, Harze freisetzen, die von den Ablagerungen naher Salzmarschen oder Küstenseen aufgefangen wurden. Diese Ablagerungen verfestigten sich und wurden schließlich ein Teil des Bereichs der Tabor-Kohle ...*“

Der zitierte Harzlieferant aus der Familie der Cupressaceae ist jedoch gemäß PBDB im Bereich von Grassy Lake praktisch nicht fossil vorhanden und es fehlt der Nachweis der Autochthonie des Bernsteins. Gerade die exponierte Lage „*along the margins of the ... Seaway*“ kann als Hinweis dafür angesehen werden, dass die Pflanzenmassen der Tabor-Kohle auf einander folgenden Horizonten gestrandet sind

und der Bernstein als ebenfalls schwimmfähiges Material einfach ein ähnliches Schicksal erfuhr. Die fossilen Harze überlagern hier ein 70 cm mächtiges Kohleflöz.

Insgesamt gehören zur Tabor-Kohle sechs Kohleflöze. Mit Verweis auf PIKE (1995) wird von McKELLAR et al. (2008) eine autochthone Entstehung dieser Flöze hinterfragt: „*... diese Kohlenflöze stellen wahrscheinlich lokale Abfolgen von Ablagerungen in Küstenseen und Salzmarschen dar ...*“

Spanien: Auch der spanische Bernstein befindet sich teilweise in der Nähe von Kohlelagern. Die Vorkommen der dem Albium zugerechneten harzföhrnden Aufschlüsse (Abb. 26) lokalisieren DELCLOS et al. (2007) wie folgt: „*Diese Aufschlüsse verteilen sich auf einen gebogenen Streifen, der vom Norden zum Osten der Iberischen Halbinsel verläuft und der die Küstenlinie während der Unterkreide darstellt.*“

Die Positionierung dieser Bernsteine weit entlang einer kreidezeitlichen Küste unterstützt die Vermutung einer allochthonen Entstehung dieser Lagerstätten. Kaum einen Zweifel an dieser Sichtweise lassen insbesondere die bernsteinföhrnden Ablagerungen bei El Sopla (Basque-Cantabrian-Basin), deren Entstehung NAJARRO et al. (2009) so beschreiben: „*Die Las Penosas-Formation gehört zur regressiven Phase dieser Schichtenfolge ... Die Schichten, die Kohle*

und Bernstein föhren, kommen im Bereich von Deltamündungen vor, die sich während des Maximums der regressiven Abläufe bildeten ...“ Und nach einem Verweis auf die Ähnlichkeit aller unterkretazischen Bernsteinlager in Spanien konkretisieren die Autoren die Fundsituation wie folgt: „*... das Umfeld der Ablagerungen von El Sopla weist einen leichten Meereseinfluss auf, wie die Vorkommen einiger kleiner mariner Muscheln und Schnecken zwischen den Bernsteinablagerungen zeigen und wie auch Bryozoen und Serpuliden, die Krusten an der Oberfläche einiger Bernsteine bilden, erkennen lassen.*“

Jordanien: Die Bernsteine der im Wadi Zerqa aufgeschlossenen harzföhrnden Gesteine (heute dem Albium zugeordnet) sind zusammen mit Vegetationsresten (u. a. Blätter von Angiospermen) den hier etwa 320 m (!) mächtigen Sedimenten des Kurnub-Sandsteins eingelagert, deren Material von Süden her antransportiert wurde (BANDEL & SALAMEH 2013). „Es handelt sich hier um Ablagerungen eines Küstenwaldes am Randsaum des Arabisch-Afrikanischen Kontinents, dessen Waldboden durch wiederholte Meeresvorstöße aufgearbeitet wurde, wobei die herausgewaschenen Harze nach mehr oder weniger langem Aufenthalt im marinen Milieu nahe ihres Entstehungsortes wieder im Sediment abgelagert wurden“ (KRUMBIEGEL & KRUMBIEGEL 2005, 58).

Fossile Harze werden häufig im Umfeld von Kohlevorkommen gefunden. Die Ursache hierfür kann u. a. darin gesehen werden, dass Harze und Vegetationsmassen als schwimmfähige Materialien ähnliche Transporteigenschaften aufweisen und so gleichzeitig als Strandgut hinterlassen werden können. Diese Vorstellung wird – trotz mancher Verweise auf autochthone* Bernsteinvorkommen in Kohlen – nicht grundsätzlich bestritten: „*Die weltweit wesentlichen Bernsteinlagerstätten treten in Form von Delta-Ablagerungen auf, die in der Regel reich an kohlehaltigem Schluffstein sind ... Durch Flüsse transportierte Harze wurden zusammen mit pflanzlichen Überresten von Wäldern in Deltaebenen angehäuft*“ (GOMEZ et al. 2002). Eine Allochthonie* des Bernsteins lässt zunächst die Autochthonie der diese Harze beherbergenden Kohlen als fraglich erscheinen, dann aber auch die Autochthonie der Sedimente, in denen dieses fossile Material gefunden wird.

Die sich anbietende Annahme, dass es sich bei den Inkluden der C-Lücke um verdriftetes Material aus früheren Biotopen handelt, ist wenigstens verträglich mit Beobachtungen von Umlagerungen bei kretazischen Harzen. Darüber hinaus stellt diese Annahme aber auch erneut die langen Ablagerungszeiten in Frage, die den kretazischen Sedimenten üblicherweise zugeordnet werden.

Wann und wo bestanden harzreiche Biotope?

Eine Übersicht über die Verbreitung von Aufschlüssen, in denen die postulierten Harzlieferanten Araucariaceae, Taxodiaceae, Cupressaceae, Cheirolepidiaceae nachgewiesen wurden, ist in Abb. Z5a-d wiedergegeben. Zugrunde gelegt wurde hierbei das Datenmaterial der PBDB. *Diese vielen Fundstellen föhren fast immer nur äußerst wenige häckselförmige Reste der genannten Pflanzen und vermitteln schwerlich den Eindruck, dass man hier einen Einblick in eine autochthone Vegetation hat.* Regionen, die eine weiträumigere Anhäufung solcher „mageren“ Aufschlüsse aufweisen, stehen in der Regel in großer räumlicher und zeitlicher Distanz zu den wesentlichen Bernsteinlagerstätten. Die genannten Distanzen treten noch stärker hervor, wenn man nach einer Beziehung der einzelnen Lagerstätte (Abb. Z5a-d) zu der als Quelle vermuteten speziellen Pflanzenfamilie sucht. Auch wenn für mehrere fossile Harze die pflanzlichen Lieferanten bis heute nicht sicher bestimmt werden konnten, so stützt doch das Fehlen einer signifikanten Korrelation von Harzlagern und Harzproduzenten die Sichtweise einer allochthonen Entstehung dieser Lagerstätten.

Gemäß Abb. Z5a-d finden sich Nachweise fossiler Harzlieferanten in oberkretazischen Sedimenten nicht zahlreicher als in oberjurassischen.

Aus den zuletzt genannten Ablagerungen sind aber nur wenige Bernsteinfunde bekannt und Inkluden fehlen fast vollständig. Offen bleibt die Frage, ob hier eine Deponierung fossiler Harze kaum stattfand, ob abgelagertes Material zerfiel oder ob es später umgelagert wurde.

Weitere Aspekte

1. Es stellt sich natürlich die Frage, weshalb am Ende des Aptiums Dezimierungen und Auslöschungen im Wesentlichen nur bei den Hexapoda und Spinnentieren feststellbar sind und nicht auch etwa bei Landwirbeltieren. Nun waren die Sauropoden, die gemäß den fossilen Zeugnissen die terrestrische Fauna der Unterkreide dominierten, in der Regel an ein Leben im Bereich von interkontinentalen Flachmeeren gut angepasst. Plazentale Säugetiere sind aus dieser Phase der Erdgeschichte allgemein kaum nachgewiesen.

2. Unter den C-Dokumenten des Barremiums und Aptiums sind Vertreter der Heuschrecken (Orthoptera), Libellen (Odonata), Eintagsfliegen (Ephemeroptera), Skorpionsfliegen (Mecoptera), Steinfliegen (Plecoptera), Köcherfliegen (Trichoptera), Wasserwanzen (Nepomorpha), Wasserläufer (Gerromorpha) sowie der Adephaga (im Wasserbereich oder am Boden lebende Käfer) zahlreich zu finden. Dagegen fehlen die Familien dieser Gruppe, die aus Bewohnern von eher tiefer gelegenen Ebenen und Feuchtbiotopen besteht, unter den zeitgleich abgelagerten Inkluden des Libanon fast vollständig. Dieses Fehlen ist auch deshalb bemerkenswert, weil innerhalb der Fauna des baltischen Bernsteins aquatisch lebende Insekten ca. 25 % der Inkluden stellen (WICHARD et al. 2009, 17). Die Verschiedenartigkeit der beiden frühkretazischen Faunen ist sicherlich vorwiegend durch unterschiedliche Lebensräume bedingt. AZAR (2007) stellt fest: „... die im libanesischen Bernstein eingeschlossene Fauna besteht größtenteils aus Tieren, die im unteren sowie mittleren Bereich von Bäumen lebten.“

Als recht sonderbar erscheint nun die Tatsache, dass die Familien der ersten Gruppe – im markanten Gegensatz zu jenen, die im libanesischen Bernstein vorkommen – am Ende des Aptiums stark von Auslöschungen betroffen wurden (s.o.). Das könnte seine Ursache darin haben, dass die zugehörigen Familien der Transgression des Meeres leicht zum Opfer fielen. Hingegen ist es vorstellbar, dass die Familien des libanesischen Bernsteins in Biotopen überlebten, die hinreichend hoch lagen und teilweise von harzreichen Bäumen besiedelt wurden. Jedenfalls gedeihen heutige Vertreter kretazischer Koniferenfamilien gut in Höhenlagen. Das Fehlen einer

Die extreme Dominanz der A-Dokumente in der C-Lücke kann durch Einschwemmung aus älteren Ablagerungen gedeutet werden.

Abbruchkante, einer Lücke und einer Reduzierung bei den Familien dieser Inkluden würde dann verständlich. Aus dieser Vermutung lässt sich aber nicht folgern, dass den im Barremium bzw. im Aptium gefundenen Inkluden nicht eine schon frühere Entstehung zukommt. Die von AZAR (2007) gegebene Beschreibung der Bernstein-Aufschlüsse deutet an, dass wenigstens ein Teil dieser fossilen Harze als allochthon betrachtet werden muss: „Der Bernstein des Libanons tritt ... gelegentlich in einem System reiner Flussablagerungen auf, d. h. in Rinnen oder an Ufern, und manchmal zeigt die Ablagerung marine Einflüsse ... Bei Flussläufen ... kann es vor allem nach Stürmen zur Anhäufung von Bernstein kommen, ... dagegen werden marine Schnecken bei Übergriffen des Meeres ins Sediment eingebracht.“

3. Auf das Verschwinden zahlreicher Familien am Ende des Aptiums nehmen RASNITSYN & QUICKE (2002, 416) Bezug: „... fast alle heute ausgestorbenen aquatisch lebenden Familien verschwanden gegen Ende der Unterkreide ... Nach einer vorläufigen Erklärung für dieses Auslöschungsereignis um die Mitte der Kreide ... wird eine Eutrophierung angenommen, die vom Land her erfolgte aufgrund der Ausbreitung der Angiospermen, die große Mengen schnell zerfallender Streu erzeugten.“

Die genannte Hypothese (Eutrophierung*) bezüglich der Ursache dieses Massen-Aussterbens vermag aber nicht zu überzeugen:

- Die Ausbreitung der Angiospermen vollzog sich nicht gleichsam plötzlich gegen Ende des Aptiums, und die Angiospermen dominierten (im Albium) keineswegs sämtliche Biotope.

- Von dem erwähnten „Mid-Cretaceous extinction event“ sind nicht nur Wasserinsekten betroffen, sondern auch viele Familien mit vermutlich nicht-aquatischer Lebensweise.

4. Aus der Annahme, dass die in der C-Lücke auftretenden Inkluden schon vor der Absetzung albischer Sedimente gebildet wurden, lässt sich eine testbare Folgerung ableiten: Außer den in der C-Lücke oft zahlreich vorkommenden A-Komponenten derjenigen Familien, die nach aussetzender C-Dokumentation während der C-Lücke dann wieder im Känozoikum nachgewiesen sind, sollte es Familien geben, deren C-Komponente (spätestens) an der Abbruchkante – durch angenommenes Aussterben der Familie – endgültig erlischt, die aber allein während der C-Lücke noch in Form eines „A-Überhangs“ auftreten. Tatsächlich weisen ca. 16 Familien (aus 8 verschiedenen Ordnungen) gerade diese Eigenschaft auf. Familien mit hierzu

komplementären Eigenschaften bzgl. der A- und C-Dokumentation sind dagegen nicht bekannt.

Fazit

Etwa 160 auch aus dem Känozoikum bekannte Insektenfamilien, die im Aptium noch durch ihre C-Komponente überliefert sind, werden im Albium und in der Oberkreide in dieser Form nicht mehr gefunden. Weitere 127 Familien, die im Aptium als C-Dokument vorliegen, verschwinden am Ende dieser Stufe endgültig. Dieser extreme Einschnitt am Ende des Aptiums, der sich auch im Fehlen noch anderer C-Dokumente zeigt, bereitet im Rahmen großer Zeiträume, in denen der Ablauf geologischer Prozesse in der Regel als sehr langsam angenommen wird, erhebliche Verständnisschwierigkeiten. Weiter kontrastiert in der Oberkreide das Fortbestehen der Inkluden-Familien der frühen Kreide und die massive Zunahme der Familienvielfalt bei den Inkluden auffällig mit den Lücken bei sedimentärer Einbettung.

Durch dieses paradoxe Erscheinungsbild, aber auch durch die in der Regel von Verdriftungen gekennzeichneten Lagerungsverhältnisse des kretazischen Bernsteins und der ihn begleitenden Vegetation, müssen sowohl die Entstehungszeit dieser fossilen Harze als auch das Alter der sie bergenden Kohlen beziehungsweise Sedimente hinterfragt werden.

In einem Szenario, das die geologischen Ereignisse des Mesozoikums als kurzzeitige Katastrophen auffasst und das wenig Zeit für Regenerationsprozesse ließ, können die in der Unterkreide einsetzenden geologischen Veränderungen sinnvoll in einen ursächlichen Zusammenhang mit Dezimierungsprozessen gestellt werden, die dann auch teilweise zum Aussterben von Familien führten. In einem solchen Szenario lassen sich die kretazischen Bernsteine oberhalb des Aptiums zwanglos als aus älteren Biotopen stammende Einschwemmungen verstehen, die das Kreidemeer nach seiner Transgression zurückgelassen hat.

Die Fragen nach der Herkunft der fossilen Harze (Bernstein) müssen gesondert behandelt werden. Ebenso bleibt die Frage offen, weshalb die Familien der aptischen Inkluden fast ausschließlich zu solchen Familien gehören, die auch rezente Vertreter haben.

Dank. Dr. Reinhard JUNKER und Dr. Michael KOTULLA danke ich für vielfältige Unterstützung.

Literatur

AZAR D (2007) Preservation and accumulation of biological inclusions in Lebanese amber and their significance. *C. R. Palevol.* 6, 151-156.

- BANDEL K & SALAMEH E (2013) Geologic development of Jordan. Evolution of its rocks and life. *Deposit No.690/3/2013 National library:* 111-130. Amman.
- BECHLY G (2010) Additions to the fossil dragonfly fauna from the Lower Cretaceous Crato Formation of Brazil (Insecta: Odonata). *Paleodiversity* 3, Suppl. 11-77.
- BLAKEY CB (2014) Paleogeography and Paleotectonics of the Western Interior Seaway, Jurassic-Cretaceous of North America. *Search and Discovery Article #30392.*
- BROTHERS DJ & RASNITSYN AP (2003) Diversity of Hymenoptera and other insects in the Late Cretaceous (Turonian) deposits at Orapa, Botswana: a preliminary review. *African Entomol.* 11, 222.
- DELCLOS X et al. (2007) Fossiliferous amber deposits from Cretaceous (Albian) of Spain. *C. R. Palevol* 6, 135-149.
- GOMEZ B, MARTÍNEZ-DELCLOS X, BAMFORD M & PHILIPPE M (2002) Taphonomy and palaeoecology of plant remains from the oldest African Early Cretaceous amber locality. *Lethaia* 35, 300-308.
- GRIMALDI DA, ENGELS MS & NASCIBENE PC (2002) Fossiliferous Cretaceous amber from Myanmar (Burma): Its rediscovery, biotic diversity, and paleontological significance. *Amer. Mus. Novit.* 3361.
- GRIMALDI DA & ENGELS MS (2005) *Evolution of the Insects.* Cambridge University Press, New York.
- HAQ BU (2014) Cretaceous eustasy revisited. *Global and Planetary Change* 113, 44-58.
- KOEHLER C & ANDERSON RR (eds, 1996) *The Manson Impact Structure, Iowa: Anatomy of an Impact Crater.* Geological Society of America, Special Paper 302.
- KRUMBIEGEL K & KRUMBIEGEL B (2005) *Bernstein. Fossile Harze aus aller Welt.* Edition Goldschnecke.
- LABANDEIRA CC & EBLE GJ (2000) *The Fossil Record of Insect Diversity and Disparity.* SFI Working Paper: 2000-08-044: 6
- LABANDEIRA CC (2005) *The Fossil Record of Insect Extinction: New Approaches and Future Directions.* *American Entomologist* 51, doi:10.1093/ae/51.1.14.
- MAKARKIN VN, YANG Q, PENG YUANY & REN D (2012) A comparative overview of the neuropteran assemblage of the Lower Cretaceous Yixian Formation (China), with description of a new genus of Psychopsidae (Insecta: Neuroptera). *Cretaceous Res.* 35, 57-68.
- McKELLAR RC, WOLFE AP, TAPPERT R & MUEHLENBACHS K (2008) Correlation of Grassy Lake and Cedar Lake ambers using infrared spectroscopy, stable isotopes, and palaeoentomology. *Can. J. Earth Sci.* 45, 1061-1082.
- McKELLAR RC, GLASIER JRN & ENGEL MS (2013) New ants (Hymenoptera: Formicidae: Dolichoderinae) from Canadian Late Cretaceous amber. *Bull. Geosci.* 88, 583-594.
- NAJARRO M et al. (2009) Unusual concentration of Early-Albian arthropod-bearing amber in the Basque-Cantabrian Basin (El Saplao, Cantabria, Northern Spain): Palaeoenvironmental and palaeobiological implications. *Geol. Acta* 7, 363-387.
- PENNEY D (ed, 2010) *Biodiversity of fossils in amber from major world deposits.* Siri Scientific Press, Manchester.
- PENNEY D & JEPSON JE (2014) *Fossil Insects: An introduction to palaeoentomology.* Siri Scientific Press, Manchester.
- PERRICHOT V, NÉRAUDEAU D, NEL A & DE PLOËG G (2007) A reassessment of the Cretaceous amber deposits from France and their palaeontological significance. *Afr. Invertebr.* 48, 213-227.
- PIKE EM (1995) *Amber taphonomy and the Grassy lake, Alberta, amber fauna.* Ph.D. thesis. Department of Biological Science, The University of Calgary. Calgary, Alta.
- WICHARD W, GRÖHN C & SERENDSZUS F (2009) *Wasserinsekten im Baltischen Bernstein.* Verlag Kessel.
- RASNITSYN AP & QUICKE DLJ (eds) (2002) *History of insects.* Kluwer Academic Publishers, Dordrecht.
- STANLEY SM (2001) *Historische Geologie.* Spektrum Akad. Verlag.

Anschrift des Verfassers:

Michael Suling, Geestemünder Str. 68,
28219 Bremen; E-mail: michael.suling@gmx.de

Neuer Fund aus König Hiskias Palastarchiv in Jerusalem



Eine bereits vor einigen Jahren entdeckte aus Ton gefertigte Bulle erweist sich nach erneuter Reinigung und Untersuchung als ausgesprochene Kostbarkeit: Beim Siegelinhaber handelt es sich um den biblischen König Hiskia (726-697 v. Chr.). Die Tonbulle ist von besonderer Bedeutung, weil sie in einer kontrollierten Ausgrabung gefunden wurde. Verschiedene Aspekte des Siegelfundes werden erläutert und eine knappe vorläufige Deutung der dargestellten Bildmotive im Licht weiterer archäologischer Funde präsentiert.

Andreas Späth & Peter van der Veen

Eine kleine Sensation

Ende 2015 wurde eine kleine archäologische Sensation veröffentlicht. Unter der Leitung von Eilat MAZAR¹ hatte das Archäologische Institut der Hebräischen Universität von Jerusalem die Ausgrabungen am südlichen Tempelberg Jerusalems (Ophel) während der Jahre 2009 bis 2013 durchgeführt. Unter den zahlreichen Funden, die man am Fuße der Südmauer des Tempelberges ausgrub, befand sich auch ein Siegelabdruck (Tonbulle, vgl. Abb. 2), der sich ohne jeden Zweifel einem König aus der Bibel zuordnen ließ: König Hiskia (726-697 v. Chr.). Das königliche Siegel war in einen Klumpen Ton gepresst worden, den man auf die Verschlusskordel einer Papyrusrolle gedrückt hatte. Die Rückseite zeigt

deutlich die Spuren der Papyrusfasern und der Schnur. Solche Siegelabdrücke bezeichnet man als Tonbullen.

Der Siegeltyp an sich war bereits seit mehreren Jahren bekannt. Schon 2002 und 2003 (bzw. 2011) hatte Robert DEUTSCH eine Reihe von Siegelabdrücken publiziert, die eine Hiskia-Inschrift trugen. Zwei davon waren identisch mit dem jetzt gefundenen. Die von DEUTSCH publizierten Abdrücke hatten allerdings – wie alle bisher gefundenen Königsbullen – einen Makel. Sie stammten vom Antikenmarkt. Die nun publizierte Tonbulle ist – sowohl in Bezug auf das Nordreich als auch auf das Südreich – der erste Abdruck eines Königssiegels, der aus einer kontrollierten archäologischen Ausgrabung stammt. Obwohl der Stil der bildlichen Motive

Abb. 1 Südlicher Tempelberg mit dem Ophel. (Bild: Andrew SHIVA, CC BY-SA 3.0)

Abb. 2 Hiskia-Tonbulle mit geflügelter Sonne vom Ophel. (Bild: O. TADMOR; mit freundlicher Genehmigung von Dr. Eilat MAZAR)



(Ikonographie) und die Form der Buchstaben (Paläographie) der bereits bekannten Stücke (deren Herkunft also nicht gesichert war) mithilfe von zur Verfügung stehendem Vergleichsmaterial ziemlich genau auf die Zeit am Ende des 8. vorchristlichen Jahrhunderts datiert werden konnten, wurde ihre Echtheit erst jetzt eindeutig mithilfe der ausgegrabenen Tonbulle bestätigt.

Der Fundort

Die Tonbulle wurde am unteren Rand des Ophel, ca. 90 m von der südlichen Tempelbergmauer, kurz vor der heutigen Zufahrtsstraße zum Tempelberg, gefunden (vgl. Ellipse auf dem Luftbild, Abb. 1).

Das Fundareal selbst, gerade einmal 5 x 6 m groß, war bereits mehrfach in Grabungskampagnen einbezogen, so 1867 (Charles WARREN), 1967 (Kathleen M. KENYON), 1976 (Benjamin MAZAR) und 1994 (Eilat MAZAR). Allerdings drang keine dieser Grabungen bis zum Felsgrund vor. In den Schichten der 2009 gestarteten Ausgrabung befand sich in der Königszeit eine

Abb. 3 Vorratsraum im königlichen Gebäude mit Vorratskrügen. (Bild: P. VAN DER VEEN)



Müllhalde, direkt unterhalb der Vorratsräume eines königlichen Gebäudes, das bereits 1986/87 von Benjamin MAZAR und seiner Enkelin Eilat MAZAR bei einer Grabung entdeckt worden war (vgl. Abb. 3 und 4). Die Vorratsräume wurden, so legen es ein Inschriftenfund auf einem riesigen Vorratsgefäß und weitere Indizien nahe, wohl vom Hofbäcker genutzt. Auch die anderen Vorratsgefäße und deren früherer Inhalt (Dattelhonig, Öl, Wein) sowie weitere Tonbullen, etwa mit Abdrücken von Stoff auf der Rückseite, könnten auf die Vorratsräume des Hofbäckers oder eines anderen hochplatzierten Beamten im späten 8. oder frühen 7. Jahrhundert hinweisen. Es wird

Unter den zahlreichen Funden am Fuße der Südmauer des Tempelberges befand sich auch ein Siegelabdruck, der sich ohne jeden Zweifel König Hiskia aus der Bibel zuordnen ließ.

nämlich angenommen, dass die Tonbullen zur Versiegelung von Vorratssäcken oder königlichen Steuerzahlungen gedient haben könnten. Es stellte sich heraus, dass die müllführenden Strata durch Abfall entstanden waren, der vom königlichen Gebäude herabgeworfen worden war. Da das Erdgeschoss fensterlos war, muss der Müll aus dem ersten oder zweiten Stockwerk gekommen sein.

Die Bulle selbst verdankt ihre Entdeckung wohl nicht zuletzt der erst seit kürzerer Zeit in der Archäologie zunehmend eingesetzten Methode des „wet-sieving“, wobei beim Durchsieben der Kleinfunde der Dreck mit einem Wasserschlauch vorsichtig abgespült wird. Früher wurden vermutlich viele Siegelabdrücke nicht als solche erkannt und zusammen mit anderen Erdklumpen nach der Aussiebung als Abraum entsorgt. Erst seit der Schutt so sorgfältig abgespült wird, kommen sehr viele Siegel- und Kleinfunde ans Licht, während sie auf einmal auf dem Antikenmarkt weitgehend fehlen. Durch diese Methode werden nun endlich auch die aller kleinsten Artefakte wie winzige Münzen, Perlen, Amulette und eben nur zentimetergroße Tonbullen erfasst. So wurden allein auf dem früheren Abfallhaufen neben dem Hiskia-Abdruck 33 weitere Tonbullen² und zwei Siegel entdeckt.

Die Tonbulle

Die Bulle besteht aus rot-braunem *terra-rosa*-Ton und weist nur geringe Korruptionen auf. Allerdings ist sie am linken Rand nicht ganz sauber abgedrückt. Die Dicke variiert von 2–4 Millimetern, die Maße betragen 13 x 12 mm (vgl. Abb. 2).



Abb. 4 Müllhalde zwischen dem königlichen Gebäude und der Stadtmauer. (Bild: P. VAN DER VEEN)

Sie zeigt eines von drei Hiskia zugeschriebenen typischen Bildmotiven, nämlich die zweiflügelige Sonnenscheibe. Auf anderen Siegeln des Monarchen wird als weiteres Motiv ein ägyptischer Käfer (Skarabäus) dargestellt. Auf königlichen Vorratsgefäßen aus dieser Zeit werden zudem Flügelsonnen und Skarabäen mit vier Flügeln dargestellt.

Die bisher entdeckten Hiskia-Bullen werden auf drei verschiedene Siegel zurückgeführt. Der erste Typus zeigt einen Skarabäus mit nach oben geschwungenen Flügeln und eine Dungkugel zwischen den Vorderbeinen haltend (vgl. Abb. 5). Er trägt die Aufschrift „gehört Hiskia [dem Sohn des] Ahas König von Juda“. Der zweite Typus ist nahezu identisch. Der einzige Unterschied ist eine feine zusätzliche Linie auf den Flügeln des Skarabäus.

Das auf dem Ophel gefundene Exemplar ist identisch mit zwei weiteren Abdrücken eines dritten Typus (vgl. Abb. 6). Auf diesem ist eine Sonnenscheibe mit nach unten zeigenden Flügeln und jeweils drei nach oben und nach unten zeigenden Strahlen³ sowie je einem hieroglyphischen *ʿanch*-Zeichen (Henkelkreuz) an den Enden der Längsachse zu sehen. Das linke Henkelkreuz ist ebenso wie der darüber stehende Buchstabe auf dem Ophel-Exemplar nur teilweise vorhanden, aber mit dem von Robert DEUTSCH publizierten, an dieser Stelle intakten Exemplar eindeutig rekonstruierbar. Interessant ist auch zu erwähnen, dass diese Form der Flügelsonne in Juda bereits unter König Ussija/Asarja (erste Hälfte des 8. Jahrhunderts) bekannt war. Auf einem Siegel (unbekannter Herkunft)

eines nicht näher bekannten Beamten namens Schebanjo *ʿebed* Usijo (d. h. „Schebanja(h) u, Minister des (Königs) Ussija(h)u“⁴), das im Louvre-Museum in Paris ausgestellt ist, befindet sich am oberen Rand genau dieselbe Form der Flügelsonne (vgl. Abb. 7).

Die Inschrift

Die Inschrift lautet, wie bei den beiden anderen Siegeltypen: „gehört dem Hiskia [dem Sohn des] Ahas, König von Juda.“

Damit bezeugt die Bulle drei aus der Bibel⁵ bekannte Fakten:

- Das Siegel gehörte *Hiskia*,

Kompakt

Die israelische Archäologin Eilat MAZAR hat vor wenigen Jahren in der Nähe des Tempelberges in Jerusalem einen Siegelabdruck ausgegraben, dessen Brisanz damals noch nicht abzuschätzen war. Als die aus Ton gefertigte Bulle 2015 erneut gesäubert wurde, war auf Anhieb klar, dass es sich bei dem Siegelinhaber um den biblischen König Hiskia (726-697 v. Chr.) handelte. Zwar waren auf dem Antikenmarkt immer wieder Siegelabdrücke desselben Königs aufgetaucht, aber noch nie war bisher ein königliches Siegel in einer kontrollierten Ausgrabung zutage gefördert worden. Die Tonbulle zeichnet den König („Hiskia, den Sohn des Ahas“) als Monarchen des Königreichs Juda aus. Auf dem Siegel werden zudem eine Sonnenscheibe und eine ägyptische Hieroglyphe dargestellt. Die folgenden Aspekte des Siegelfundes werden in diesem Artikel diskutiert:

Die Inschrift: Nicht nur der Stil der Buchstaben, sondern auch die Personennamen des Königs und dessen Vaters als auch des Gebietes, über das sie regierten, lassen keinen Zweifel an der Gleichsetzung mit dem biblischen König.

Die Ikonographie: Die verwendeten Bildmotive schließen eng an bei den Bildmotiven, die sonst auch auf Siegeln aus der Zeit Hiskias und dessen jüdischer Zeitgenossen vorkommen. Besonders hervorgehoben werden hier die Flügelsonne und das ägyptische Lebenszeichen oder *ʿanch*-Symbol.



Abb. 5 (links) Hiskia-Tonbulle mit Skarabäus und ziselierten Flügeln. (Bild: R. WISKIN; mit freundlicher Genehmigung des unlängst verstorbenen Dr. Shlomo MOUSSAIEFF)

Abb. 6 (Mitte) Hiskia-Tonbulle mit geflügelter Sonne vom Antikenmarkt. (Bild: R. DEUTSCH; mit freundlicher Genehmigung von Josef Chaim KAUFMAN)

Abb. 7 (rechts) Abdruck des Siegels des Schebanjau, Minister des Königs Ussija. (Nach Avigad/Sass 1997, Nr. 3, mit freundlicher Genehmigung von Prof. Dr. Benjamin SASS)

- Hiskia wird als *Sohn des Ahas* gekennzeichnet (2 Könige 18,1),
- Hiskia war *König über das Südreich Juda* (2 Könige 18,1-2).

Die Ikonographie

Neben dem eindeutigen Informationsgehalt der Buchstaben vermittelt auch das Bildmotiv eine Botschaft. Hier ist zunächst einmal die Beobachtung interessant, dass Hiskia auf verschiedenen Siegeln (und auf den Krughenkeln der oben genannten Vorratsgefäße) verschiedene Symbole und „Wappentiere“ verwendet.

Betrachtet man die Siegelabdrücke aus der Zeit Hiskias, sei es auf Tonbullen oder Krughenkeln (der königlichen Vorratskrüge), so entdeckt man einige bemerkenswerte Indizien. Zunächst ist eine Ähnlichkeit, wenn nicht Parallele der verwendeten Bildmotive auf den administrativen Siegeln und den persönlichen Siegeln des Königs hervorzuheben.

Der *Skarabäus*, der auf einer der Tonbullen-typen zu sehen ist (vgl. Abb. 5), findet sich auf manchen Vorratskrügen wieder. Dasselbe gilt für die *geflügelte Sonnenscheibe* auf der Tonbulle vom Ophel. Denn auch auf den Vorratskrügen des Königs ist er in unterschiedlichen Formen belegt.⁶ Während die Ähnlichkeit zwischen den unterschiedlichen Bildmotiven wahrscheinlich bewusst gewählt wurde, gibt es auch nennenswerte Unterschiede. Denn während der Skarabäus auf den königlichen Tonbullen nur mit *zwei* Flügeln ausgestattet ist, besitzt er auf den königlichen Krughenkeln *vier* Flügel (vgl. Abb. 8). Die vierflügelige Variante ist auch als Königs-Emblem während der 25. Dynastie in Ägypten belegt⁷, mit deren nubischen Pharaonen sich Hiskia gegen Assyrien verschworen hatte. Interessant sind vor allem auch die Unterschiede bei den zweiflügeligen Sonnenscheiben. Während die auf den Tonbullen dargestellte *ägyptisierende* Form auch auf dem oben bereits erwähnten Amtssiegel aus der

Zeit des Königs Ussija von Juda zu finden ist, entspricht die Form der geflügelten Sonne auf den Vorratskrügen wohl eher der des neuassyrischen Sonnengottes Schamasch (vgl. Abb. 9). Diese Feststellung dürfte auch von chronologischer Bedeutung sein. Während die Vorratskrüge mit dem Skarabäusmotiv vor allem während der Regierung von Hiskia produziert wurden (wie z. B. Ausgrabungen in Lachisch belegen⁸), dürften die Krüge mit dem Sonnensymbol hauptsächlich aus der Regierungszeit seines Sohnes Manasse (696–642 v. Chr.) stammen, der – wie in den assyrischen Annalen von Esarhaddon und Assurbanipal belegt ist (PRITCHARD 1969, 291, 294) – während fast seiner ganzen Amtszeit ein Vasall der Assyrier blieb. Denn neuere Studien legen nahe, dass dieser Krugtypus bis ins späte 7. Jh. v. Chr. in den jüdischen Töpferwerkstätten hergestellt wurde (vgl. dazu bereits VAN DER VEEN 2007; VAN DER VEEN in Vorbereitung).

Hiskia und Manasse legten offenbar großen Wert auf (Wieder)Erkennbarkeit von Bildmotiven. Denn die Tonbullen Hiskias legen nahe, dass ähnliche Symbole auf persönlichen Siegeln wie auf den Krügen verwendet wurden.

Wie dem auch sei, Hiskia und Manasse legten offenbar großen Wert auf (Wieder)Erkennbarkeit von Bildmotiven. Denn wie die Tonbullen Hiskias nun nahelegen, wurden ähnliche Symbole auf persönlichen Siegeln wie auf den Krügen aus dem eher administrativen Bereich verwendet. Mitunter sind die Krughenkel mit der Phrase *lammelek* (hebr. für „Gehört dem König“ bzw. „für den König“) gekennzeichnet. Zudem befindet sich auf den Krughenkeln in den meisten Fällen noch eine Ortsangabe. So finden wir auf den verschiedenen Stempelvarianten die Ortsangaben Hebron, Socho, Sif und Mamschit. Die genaue Bedeutung dieser Angaben ist jedoch



Abb. 8 Lammelek-Krughenkel mit vierflügeligem Skarabäus.
(Bild: P. VAN DER VEEN)



Abb. 9 Lammelek-Krughenkel mit geflügelter Sonnenscheibe.
(Bild: P. VAN DER VEEN)

umstritten. Manche Wissenschaftler vermuten, dass es sich bei den Krügen und ihren Inhalten um Steuerzahlungen an den König (oder an den Oberherrn in Ägypten oder Assyrien) handeln könnte. Wieder andere Gelehrte haben vorgeschlagen, dass es sich um Nahrungsverteilungen für die königlichen Truppen handeln könnte, die an den genannten Orten stationiert waren.

Das königliche Siegel könnte von Hiskia selbst für seine persönliche Korrespondenz verwendet worden sein oder eben von nur wenigen Ministern, die stellvertretend in seinem Namen seine Korrespondenz „unterzeichnen“ durften. Ein interessantes Beispiel für einen solchen Gebrauch (oder vielleicht auch Missbrauch) lesen wir in 1 Könige 21,8. Hier findet sich der Hinweis darauf, dass Königin Isebel das Siegel Ahab's für ihre tödliche Intrige gegen Naboth benutzte. „Und sie schrieb Briefe im Namen Ahab's und siegelte sie mit seinem Siegel ...“

Das Siegel der Ophel-Tonbulle trägt noch ein zusätzliches Bildzeichen, das ägyptische Henkelkreuz, die ägyptische Hieroglyphe für „Leben“. Dieses Zeichen war jedoch bereits im 8. Jh. v. Chr. so weit verbreitet, dass es auch weit über die Grenzen Ägyptens hinaus im syrisch-palästinischen und sogar mesopotamischen Kulturraum auf Siegeln vorkommt. Inwieweit dessen ursprüngliche Bedeutung in Juda also

noch geläufig war (wiederum als Zeichen des Bündnisses mit Ägypten?) oder ob es eher nur als Platzhalter verwendet wurde, muss vorerst offen bleiben.

Natürlich drängt sich die Frage auf, warum ausgerechnet der Jahwe-fromme Hiskia heidnische Symbole verwendet haben soll. Da allerdings die exakte Bedeutung dieser Zeichen im Rahmen der jüdischen Amts- und Königsiegel bislang ungeklärt bleibt, muss auch die Antwort vorläufig bleiben. Robert DEUTSCH weist darauf hin, dass der Skarabäus ein seit Jahrhunderten in der Levante verbreitetes Bildmotiv war, das seine religiöse Bedeutung außerhalb Ägyptens schon lange verloren hatte und für nichtägyptische Augen ein reiner Ausdruck weltlicher Macht und Herrschaft war. Tatsächlich kommt das Zeichen später auch auf phönizischen und aramäischen Siegeln des 8. Jhs. vor und ist auch beim Nachbarvolk der Ammoniter im 7. und frühen 6. Jh. gut belegt (u. a. auf der Tonbulle des Milkom'ur, dem Minister des (aus der Bibel bekannten) Königs Ba'alīs (< Ba'aljisch'a)). Dennoch scheint sowohl im Nordreich Israel als auch im Südreich Juda das Interesse an Ägypten (das politisch als „geknicktes Rohr“ im 8. Jh. v. Chr. innenpolitisch stark an Macht eingebüßt hatte) nicht nachgelassen zu haben. So schickte König Hoschea von Israel 726 v. Chr. Boten zum

Pharao So/Osorkon III. von Tanis (2 Könige 17,4), während Hiskia sich 701 v. Chr. mit Pharao Schebitqu und dessen Neffen, dem Prinzen Tirhaka von Kusch, verbündete (2 Könige 18,21; 19,8–9). Somit könnten der Skarabäus und die Sonnenscheibe primär als reine Machtsymbole dieser Bündnisse zu verstehen sein (2 Könige 18,14–16; 2 Chronik 33,11). Mit einer religiösen Präferenz für ausländische Bildmotive muss dies also nichts zu tun gehabt haben.

Schlussfolgerung

Wie so oft in der Biblischen Archäologie wirft auch dieses Stück vorerst mehrere Fragen auf. Wichtig ist aber erst einmal die Entdeckung an sich und die Tatsache, dass die Tonbulle mit dem persönlichen Siegel des Königs Hiskia aus Jerusalem zum ersten Mal in einer kontrollierten Grabung entdeckt wurde. Einen Abdruck des Siegels eines Monarchen, dessen Frömmigkeit vom biblischen Autor hervorgehoben wird (2 Könige 18,3–4), und der zum bekannten Propheten Jesaja eine besondere Beziehung unterhielt, liegt uns nun vor. Das Stück (wie auch die bereits von Robert DEUTSCH veröffentlichten Stücke) bestätigt einmal mehr die Historizität einer aus der Bibel bekannten Persönlichkeit.⁹

Anmerkungen

- ¹ Mit der Ausgrabung am Tempelberg führte sie eine Familientradition fort. Ihr Großvater war der bekannte Leiter der Ausgrabungen am Tempelberg und am Ophel von 1968–1978 und frühere Präsident der Hebräischen Universität von Jerusalem, Benjamin MAZAR (1906–1995).
- ² Von diesen 33 Abdrücken tragen immerhin 23 althebräische Schriftzeichen aus der Zeit von vor der Zerstörung Jerusalems durch die Babylonier 587 v. Chr.
- ³ Die von Eilat MAZAR vorgeschlagene Deutung der Strahlen als Hörner ist aufgrund des Vergleichsmaterials aus Mesopotamien und der Levante abzulehnen. Es handelt sich um eine antennenartige Anfügung („Appendage“), die nach oben verlaufende Sonnenstrahlen repräsentieren (vgl. dazu COLLON 2001, 81–82).
- ⁴ Vgl. AVIGAD/SASS 1997, Nr. 3.
- ⁵ Vgl. 2. Könige 16,20.
- ⁶ Zu den verschiedenen Varianten vgl. WELTEN (1969); GRENA (2004).
- ⁷ Die vierflügelige Variante war in Ägypten bis dahin aber unbekannt gewesen und stellte also auch für Ägypten ein Novum dar.
- ⁸ Lachisch Stratum III wurde 701 v. Chr. von den Assyriern unter König Sanherib zerstört. Fast alle gestempelten Krughenkel aus Lachisch III besitzen das

Skarabäusmotiv. Krughenkel aus der Neustadt auf dem Westhügel in Jerusalem, der vor allem erst ab 701 v. Chr. von Flüchtlingen aus der Schephela-Gegend besiedelt wurde, besitzen fast alle die geflügelte Sonnenscheibe. Für eine detaillierte Besprechung der chronologischen Verbreitung der königlichen Krughenkel vgl. VAN DER VEEN (in Vorbereitung).

- ⁹ Zu weiteren archäologischen Belegen für aus der Bibel bekannte Personen vgl. VAN DER VEEN (2014); MYKYTIUK (2004).

Literatur

- PRITCHARD, J. (Hrsg.), *Ancient Near Eastern Texts Relating to the Old Testament*, Princeton University Press, Princeton, 1969.
- AVIGAD, N. / SASS, B., *Corpus of West Semitic Stamp Seals*, Israel Exploration Society u. a., Jerusalem, 1997.
- COLLON, D., *Catalogue of the Western Asiatic Seals in the British Museum: Cylinder Seals V – Neo-Assyrian and Neo-Babylonian Periods*, The British Museum Press, London, 2001.
- DEUTSCH, R., *Lasting Impressions: New bullae reveal Egyptian-style emblems on Judah's royal seals*, in: *Biblical Archaeological Review (BAR)*, 28. Jahrgang, Heft 4, Juli/Aug. 2002, S. 42–51 u. 60.
- DEUTSCH, R., *Biblical Period Hebrew Bullae – The Josef Chaim Kaufman Collection*, Volume 1, Archaeological Center Publication, Tel Aviv, 2003.
- DEUTSCH, R., *Biblical Period Epigraphy – The Josef Chaim Kaufman Collection: Seals, Bullae, Handles*, Volume 2, Archaeological Center Publications, Tel Aviv, 2011.
- DEUTSCH, R., VAN DER VEEN, P., *Sehend in die Katastrophe*, *Spektrum Spezial* 4/15, 2015, S. 74–75.
- GRENA, G. M., *Lmlk: A Mystery Belonging to the King*, Volume 1, 4000 Years of Writing History, Redondo Beach CA, 2004.
- MAZAR, E., *The Ophel Excavations to the South of the Temple Mount 2009–2013. Final Reports Volume I*, Shoham Academic Publications, Jerusalem 2015.
- MYKYTIUK, L. J., *Identifying Biblical Persons in Northwest Semitic Inscriptions of 1200–539 B.C.E.*, Society of Biblical Literature, Atlanta, 2004.
- VAN DER VEEN, P. G., *Inschriften datieren die Eisenzeit*, in: *Studium Integrale Journal* 14:1, 2007, 10–18.
- VAN DER VEEN, P. G., *The Final Phase of Iron Age II in Judah, Ammon, and Edom: a study of provenanced official seals and bullae as chronological markers*, *Alter Orient und Altes Testament* 415, Ugarit Verlag, Münster, 2014.
- VAN DER VEEN, P. G. in Vorbereitung, *Dating the Iron Age IIB Archaeological Horizon in Israel and Judah*.
- VAN DER VEEN, P., DEUTSCH, R., *The Bulla of 'Amaryahu Son of the King, the Ancestor of the Prophet Zephaniah?*, *Transeuphratène* 46, 2014, 121–132.
- WELTEN, P., *Die Königsstempel, Abhandlungen des Deutschen Palästinavereins*, Otto Harrassowitz, Wiesbaden, 1969.
- ZERBST, U., *Bleibende Eindrücke*, in: *Studium Integrale Journal* 9:2, 2002, 94–95.

Anschriften der Verfasser:

*Andreas Späth, Postfach 1131, 91502 Ansbach,
E-mail: andreas-spaeth@gmx.net*

*Dr. Peter van der Veen, Reinhardstr. 31, 73614 Schorndorf;
E-mail: van_der_veen@gmx.de*

Geheimnisvolle Octopussy – Wie wurden die Kraken, was sie sind?

Die modernen Methoden der Gensequenzierung erlauben es Forschern heutzutage relativ leicht, nach den genetischen Grundlagen für Besonderheiten der Codierung von Bauplänen im Tier- und Pflanzenreich zu suchen. Kraken (Oktopusse) sind Lebewesen mit einer ganzen Reihe von Eigentümlichkeiten, sodass es sich ganz sicher lohnt, einen detaillierten Blick auf ihre Erbsubstanz zu werfen.

Hans-Bertram Braun

Wie ihre zehnamigen Klassenkameraden (Sepia und Kalmare aus der Klasse der Kopffüßer) sind die Kraken Meister der Tarnung, sie können ihr Äußeres in kürzester Zeit farblich und in der Musterung verändern, um es an die Umgebung anzupassen oder um Artgenossen Stimmungen zu signalisieren. Sie können sich hinter einer Wolke ihrer namensgebenden Tinte verstecken („Tintenfische“) und derart geschützt die Flucht per Rückstoßantrieb antreten und sie verfügen über die besten Augen aller Wirbellosen, komplett mit Linse und Pupille. In der Schule lernt man sogar, ihre Augen seien sinnvoller angeordnet als die der Wirbeltiere, was sich aber inzwischen als Fehleinschätzung erwiesen hat. Die mehrere hundert Saugnäpfe an den Armen dienen nicht nur zum Greifen und Festhalten; dicht besetzt mit Chemorezeptoren machen sie die Fangarme sozusagen zur verlängerten Zunge, mit der Tintenfische die Umgebung sehr genau „schmecken“ können. Zudem befähigt ihr

ausgefeiltes Nervensystem (6x mehr Neuronen als ein Mäusegehirn, ein Großteil davon in den in alle Richtungen beweglichen Armen) die Kraken dazu, Aufgaben zu lösen, die man sonst nur höheren Wirbeltieren zutraut. Sie sind sehr lernfähig und schaffen es z. B. sogar, Schraubdeckel zu öffnen, um an Beutetiere zu gelangen oder aus einem Labyrinth herauszufinden. Im Gegensatz zu den anderen Tintenfisch-Familien der Sepien und Kalmare, die ein zumindest kleines festes Innenskelett, den Schulp, besitzen, sind Kraken voll flexibel und können sich durch kleine Öffnungen zwängen. Wenn man nun bedenkt, wie vergleichsweise einfach andere Vertreter der Weichtiere (wie Schnecken und Muscheln) daherkommen, ist es durchaus verständlich, dass sich ein Team von Forschern verschiedener Universitäten aus den USA, Japan und Deutschland daran gemacht hat, durch die erstmalige Entschlüsselung der Erbinformation einer Krakenart (*Octopus bimaculoides*, Kalifornischer

Abb. 1 Die Untersuchungen wurden am Kalifornischen Zweipunktkraken (*Octopus bimaculoides*) vorgenommen. Bild: © naturepl.com.

Zweipunktkrake, Abb. 1) nach den Grundlagen dieser besonderen Fähigkeiten zu suchen.

Vermehrtes Auftreten von zwei Proteinklassen

Der Titel der Veröffentlichung in der renommierten Wissenschaftszeitschrift *Nature* verspricht, Einblicke in die Evolution der besonderen Oktopus-Fähigkeiten zu geben. „The octopus genome and the evolution of cephalopod neural and morphological novelties“. Tatsächlich spiegelt sich im Genom, d. h. in der gesammelten Erbinformation des Kalifornischen Zweipunktkraken, die Besonderheit des Trägers wider. Mit über 33 000 Genen, die für Proteine codieren, scheint der Oktopus mehr unterschiedliche Proteine herzustellen als der Mensch (25 000). Obwohl die Grundausrüstung an Genen vergleichbar ist mit der anderer Weichtiere, treten besonders die Gene zweier Proteinklassen stark vermehrt auf: Protocadherine und C2H2 Zink-Fingerproteine. Erstere spielen bei Wirbeltieren eine wichtige Rolle in der Entwicklung des Nervensystems und in der Spezifität der Synapsen, also der Vermittlungsstellen zwischen Nervenzellen. 168 solcher Gene wurden beim Oktopus gefunden, während andere Weichtiere wie Schnecken oder Muscheln gerade einmal 17–25 davon haben. Wirbeltiere haben ebenfalls viele verschiedene Protocadherine, codiert in nur etwa halb so vielen Genen wie beim Oktopus, hier wird die Vielfalt allerdings nicht so sehr durch die Anzahl verschiedener Gene erzeugt, sondern durch unterschiedliche Ablesung oder unterschiedliches Ausschneiden (Spleißen) der Produkte der abgelesenen Gene.

Bekanntlich ist die genetische Ausstattung jeder Zelle eines Organismus praktisch identisch, da jede eine Kopie der befruchteten Eizelle ist. Allerdings werden andere Gene in den jeweili-

gen Zellen unterschiedlicher Gewebe abgelesen, was zur Verschiedenartigkeit von Zellen und Geweben innerhalb eines Organismus führt. Die Wissenschaftler untersuchten die Gen-Ablesung (durch Sequenzierung der messenger-RNA) unter anderem in Zellen des Gehirns, der Netzhaut, der Nervenstränge in den Fangarmen, der Geschlechtszellen, der Verdauungsorgane und der Saugnäpfe. Auch hier konnten sie feststellen, dass die Protocadherin-Gene besonders in den Zellen des Nervensystems abgelesen wurden, sie könnten also tatsächlich etwas mit der besonderen Intelligenz des Oktopus zu tun haben.

Die zweite Klasse von Genen, die in ungewöhnlich hoher Anzahl gefunden wurde, sind C2H2 Zink-Fingerproteine. Hier wurden 1800 Gene gefunden, im Vergleich zu 200–400 in anderen Wirbellosen und 500–700 in Säugetieren, bei denen sie die zweithäufigste Genfamilie darstellen. Auch sie kommen vor allem in Nervenzellen vor sowie in sich entwickelnden Embryonen. Sie können sehr spezifisch wiederum an DNA oder RNA binden, spielen also eine Rolle in der Regulation von Genen.

Besonders ausführlich wurden die beiden oben genannten Genklassen diskutiert, allerdings erwähnen die Autoren auch, dass sie Hunderte tintenfischspezifische Gene gefunden hätten, die oft auch in den typischen Geweben wie Saugnäpfen, farblich veränderbarer Haut und Nervenzellen besonders aktiv waren.

Den Wissenschaftlern gelang es also auf beeindruckende Art, spezifische Merkmale in der genetischen Ausstattung des Oktopus zu beschreiben, vor allem eine massive Vervielfachung innerhalb zweier spezieller Genfamilien. Die Spezifität dieser Genfamilien scheint auch mit den äußerlichen und verhaltensmäßigen Besonderheiten zusammenzuhängen, vor allem dem komplexen Nervensystem. Entsprechend suchen die Autoren hier einen Schlüssel zum Verständnis ihrer Entstehung:

„Unsere Analyse legt nahe, dass eine substanzielle Vermehrung einer Handvoll von Genfamilien, zusammen mit ausgeprägter Neuordnung von Genomverbindungen und repetitiven Inhalten, eine kritische Rolle gespielt hat in der Evolution der morphologischen Neuerungen der Kopffüßer, einschließlich ihres großen und komplexen Nervensystems.“

Wie die vielen neuen Kraken-Gene evolutiv entstanden sein könnten, wird nicht erklärt.

Beschreibend wurde also der erwartete Zusammenhang zwischen Aussehen und Verhalten einerseits und der genetischen Ausstattung andererseits hergestellt. Allerdings gelingt es den Autoren im Gegensatz zu dem, was der Titel

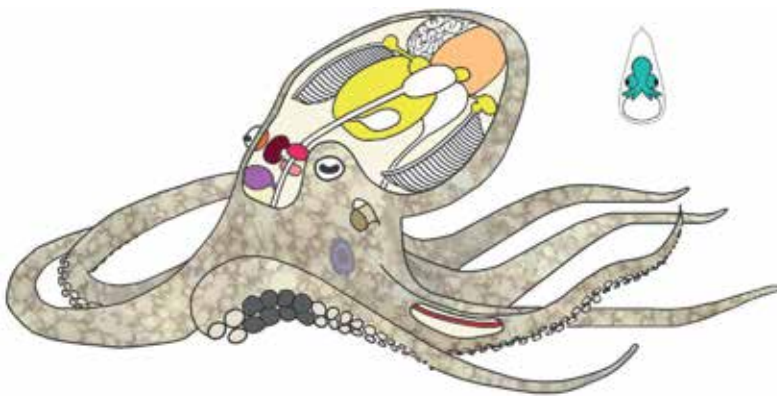


Abb. 2 Schmatische Darstellung der Anatomie von *Octopus bimaculoides*. Die Gewebe, die für die Analyse des Transkriptoms (= Summe aller zu einem bestimmten Zeitpunkt in einer Zelle von der DNA in RNA umgeschriebenen Gene) untersucht wurden, sind farblich wie folgt hervorgehoben: Gelb: Herz, Niere, Mitteldarmdrüse; pfirsichfarben: Geschlechtsorgane; orange: Retina; rötlich-braun: Sehlappen, hell-/mittelrosa: Teile des Gehirns, lila: Speicheldrüse; rot: axialer Nervenstrang, grau: Saugorgane; braun gefleckt: Haut. (Aus ALBERTIN et al. 2015; Creative Commons license)

der Publikation erwarten lässt, gerade nicht, zu erklären, wie diese vielen neuen Gene evolutiv entstanden sein könnten. Explizit stellen sie schon in den ersten Sätzen der Zusammenfassung fest, dass ihre genetischen Daten nicht die These unterstützen, dass die neuen Gene z. B. durch Verdoppelung des kompletten Genoms entstanden sein könnten. (Bei den Wirbeltieren wird ein solcher Vorgang angenommen.) Dabei könnte die Kopie dann theoretisch als „Spielwiese der Evolution“ zur Entwicklung von Neuem ohne Gefahr von essenziellen Ausfällen veränderter Gene dienen. Vielmehr führen sie die massive Vermehrung der Gene innerhalb einiger Genfamilien und das Erscheinen Hunderter neuer tintenfischspezifischer Gene gleichsam aus dem Nichts als Erklärung für deren Vorhandensein an. Das ist unlogisch, denn genau dieser Vorgang müsste doch erklärt werden:

„Andere Mechanismen als Gesamt-Genom-Verdoppelung können genetische Neuheiten vorantreiben, einschließlich der Erweiterung existierender Genfamilien, Evolution neuer Gene, Veränderung von genetischen regulatorischen Netzwerken und Reorganisation des Genoms durch Aktivität von Transposons. Innerhalb des O. bimaculoides-Genoms fanden wir Hinweise für alle diese Mechanismen, einschließlich der Erweiterung mehrerer Genfamilien, einer Fülle von kraken- und tintenfischspezifischen Genen und extensiver Genom-Umorganisation.“

Was sind also die Daten und was sind Mutmaßungen?

Mithilfe neuester Techniken gelang es, das Genom eines Kraken zum größten Teil zu entschlüsseln und auch Korrelationen zwischen der Verteilung und Häufigkeit von Genen und den besonderen Fähigkeiten dieser wunderbaren Tiere herzustellen. Es wurden genetische Befunde beschrieben, die verstehen helfen, warum ein Krake anders aussieht und sich anders verhält als eine Muschel. Es ist zu bewundern, wie Wissenschaftler der schier unglaublichen Komplexität auf die Spur kommen, die sich in den Zusammenhängen zeigt zwischen Genen, deren Umschreibung in mRNA und Übersetzung in Proteine, die wiederum Gene regulieren, sie unterschiedlich ablesen und die Ableseprodukte modifizieren, und all das auf spezifische Art in unterschiedlichen Zellen und Geweben und zeitlich verschieden im Verlauf der individuellen Entwicklung eines Organismus.

In Bezug auf die Ergründung des „Wie“ der Natur mit all ihren wundervollen Facetten sind Wissenschaftler also sehr erfolgreich, wenngleich

vom vollen Verständnis der Zusammenhänge wahrscheinlich noch meilenweit entfernt. In Bezug auf das „Woher“ der unfassbaren Komplexität liefert diese Publikation allerdings ernüchternd wenig, beziehungsweise gar nichts Konkretes:

Der interessante Befund, dass beim Oktopus wie bei den Säugetieren Protocadherin-Gene in großer Anzahl und Vielfalt vorhanden und wahrscheinlich für die erstaunlichen neurologischen Fähigkeiten mitverantwortlich sind, wird als eindrucksvolles („striking“) Beispiel für konvergente Evolution präsentiert. Wobei man konvergente, also unabhängige, Entstehung in nicht näher verwandten Klassen eher als das Gegenteil einer Erklärung durch Evolution deuten kann, denn sie widerspricht gemeinsamer Abstammung (dieses Merkmals), und überzeugende Mechanismen für konvergente Evolution komplexer Merkmale wurden bisher experimentell nicht nachgewiesen.

Überzeugende Mechanismen für konvergente Evolution komplexer Merkmale wurden bisher experimentell nicht nachgewiesen.

Die vielleicht vom Titel der Publikation geweckte Erwartung, das Genom des Oktopus gebe Aufschluss darüber, wie dieses faszinierende Lebewesen zu dem wurde, was es ist („evolution of novelties“), wird enttäuscht. Massive Erweiterungen von Genfamilien und eine Fülle neuer Gene liefern Hinweise darauf, *warum* Kraken sind, wie sie sind. *Wie* es zu diesen genetischen Neuigkeiten kommen konnte, bleibt ungeklärt. Dass die Autoren diese genetischen Neuigkeiten, also das Ergebnis einer hypothetischen Evolution, zum Mechanismus eben dieser Evolution erklären, ist nicht gerechtfertigt. Tatsächliche Mechanismen müssten erklären, wie Hunderte neuer Gene aus dem Nichts entstehen oder wie Genfamilien sich massiv erweitern können, um nachzuvollziehen, wie Oktopus wurde, was er ist. Tatsächlich aber bleibt die Herkunft der Komplexität, die die Kraken von anderen Weichtieren unterscheidet, vollkommen ungeklärt.

Literatur

ALBERTIN CB, SIMAKOV O, MITROS T, WANG ZY, PUNGOR JR, EDSINGER-GONZALES E, BRENNER S, RAGSDALE CW & ROKHSAR DS (2015) The octopus genome and the evolution of cephalopod neural and morphological novelties. *Nature* 524, 220–224.

Rumpfdrehung des Schimpansen beim zweibeinigen Gang

Ein lehrreiches Beispiel für die Paläanthropologie

Beim zweibeinigen Gehen des Menschen entsteht ein deutlicher Drehimpuls. Dieser Drehimpuls wird durch Drehbewegungen des menschlichen Körpers reduziert. Damit verringern sich Muskelarbeit und somit energetische Kosten des Gehens. Im Gegensatz zum Menschen treten beim Schimpansen aufgrund seiner besonderen Anatomie keine Drehbewegungen des Rumpfes auf – so die bisherige Auffassung. Eine neue Untersuchung von THOMPSON et al. (2015) hat diese Ansicht widerlegt. Die Ergebnisse dieser Studie haben auch allgemeine Konsequenzen für die zukünftige paläanthropologische Forschung.

Michael Brandt

Beim Gehen des Menschen spielt eine koordinierte Bewegung von Becken, Lumbalregion* und Brustkorb eine wichtige Rolle. Die Drehung des Beckens in der Transversalebene* ermöglicht dem Menschen, längere Schritte auszuführen. Bei dieser Drehung entsteht ein Drehmoment. Eine gleichzeitige Drehung des Brustkorbes in die entgegengesetzte Richtung führt zu einer Verminderung dieses Drehmoments und damit zu einer Verringerung der aufgewendeten Muskelkraft und Energie beim Gehen. Weiterhin wird der Drehimpuls durch das Schwingen der Arme in entgegengesetzter Bewegungsrichtung der Beine beim Gehen verringert. Es wurde seit langer Zeit vermutet, dass die Fähigkeit zu Rotationsbewegungen des Rumpfes von einem menschenähnlichen langen Rumpf und einer engen Taille abhängig ist.

Schimpansen weisen gegenüber dem modernen Menschen eine deutlich verschiedene Rumpfmorphologie auf. Die Beckenschaufeln sind hoch und laden nach außen aus, die Lendenwirbelsäule ist kurz und der untere Brustkorb ist breit. Diese Rumpfmorphologie wurde als starr und unbeweglich angesehen. Diese funktionelle Rigidität impliziert eine sehr begrenzte Bewegungsmöglichkeit zwischen dem Becken und dem Brustkorb in allen anatomischen Ebenen und verhindert eine Rotation des Beckens um die eigene Längsachse des Körpers gegenüber dem Brustkorb in entgegengesetzter Richtung während einer zweibeinigen Fortbewegung.

THOMPSON et al. (2015) haben diese Annahme geprüft. Sie führten eine dreidimensionale (3D) kinematische Untersuchung der Bewegung des Rumpfes in der transversalen Ebene beim bipeden* Gehen von zwei männlichen Schimpansen sowie von jeweils fünf männlichen und weiblichen Menschen durch. Der Rumpf wurde

in drei anatomische Segmente (Brustkorb, Lumbalregion, Becken) unterteilt und die absolute Gesamtbewegung für jedes Segment und die relative Bewegung der Segmente gegeneinander untersucht.

Der Schimpanse dreht alle drei Rumpfssegmente in die gleiche Richtung. Beim Menschen rotieren dagegen Becken und Lumbalregion in eine Richtung und der Brustkorb in die entgegengesetzte Richtung (Abb. 1).

Die Schimpansen zeigen beim bipeden Gehen eine signifikant absolut stärkere Drehbewegung aller drei Segmente im Vergleich zum Menschen. Am stärksten rotiert das Becken, gefolgt von der Lumbalregion und dem Brustkorb.

Beim zweibeinigen Gehen dreht der Mensch den Brustkorb gegenüber dem Becken in entgegengesetzte Richtung, der Schimpanse dagegen in gleiche Richtung.

Relativ gesehen erfolgt beim Schimpansen die stärkste Rotation des Beckens gegenüber dem Brustkorb, gefolgt von der Lumbalregion gegenüber dem Brustkorb und am geringsten dreht das Becken gegenüber der Lumbalregion.

Bei Mensch und Schimpanse ist das Ausmaß der relativen Bewegung zwischen Becken und Brustkorb und zwischen Becken und Lumbalregion ähnlich, aber zwischen Lumbalregion und Brustkorb ist die Drehung beim Schimpansen signifikant größer als beim Menschen.

Bei Mensch und Schimpanse rotiert der Brustkorb in Beziehung zum Becken maximal kurz nach dem Aufsetzen der Beine.

Zusammenfassend ist festzustellen, dass Menschen und Schimpansen den beim bipeden

Glossar

biped: zweibeinig
Lumbalregion (Lendenregion): untere rippenfreie Region des Rumpfes
Transversalebene (Axialebene, Horizontalebene): Ebene senkrecht zur Längsachse des Körpers; Drehungen des Körpers erfolgen in dieser Ebene.

Gehen auftretenden Drehimpuls, der hohe Muskelaktivitäten und damit Energiekosten verursacht, durch Rotationsbewegungen des Rumpfes verringern. Dabei treten beim Schimpanse gegenüber dem Menschen absolut größere Drehungen aller Rumpfsegmente auf. Beim Menschen rotieren Becken und Lumbalregion gegenüber dem Brustkorb in entgegengesetzter Richtung, während beim Schimpanse alle Rumpfsegmente in gleicher Richtung drehen. In der Studie von THOMPSON et al. (2015) wurde die Bewegung der Arme bzw. Vorderextremitäten, die beim bipeden Gehen beim Menschen den Drehimpuls zusätzlich vermindern, nicht untersucht.

Dreidimensionale (3D) kinematische Untersuchungen von OGIHARA et al. (2010) haben beim Japanmakak (Rotgesichtsmakake) überraschenderweise auch eine Rotation zwischen Becken und Brustkorb mit ähnlichen Messwerten wie beim Schimpanse nachgewiesen. OGIHARA et al. (2010) verwendeten allerdings weniger detaillierte Marker als THOMPSON et al. (2015). Beim Modell von OGIHARA et al. (2010) fehlen zwar direkte Marker am Brustkorb, aber die Autoren haben eine Rotation von Becken und Brustkorb in gleicher Richtung festgestellt, wobei die absolute Drehung des Brustkorbs vielleicht geringer ist als beim Schimpanse (THOMPSON et al. 2015). Diese Befunde zeigen, dass eine Rotation des Beckens gegenüber dem Brustkorb in gleicher Richtung beim bipeden Gehen nicht nur bei Großaffen, sondern auch bei Tieraffen vorkommt.

THOMPSON et al. (2015) haben nachgewiesen, dass Schimpanse keinen starren Rumpf besitzen, wie dies vorher aus den knöchernen Merkmalen geschlossen wurde. Zu diesen Merkmalen gehören eine kurze Lendenwirbelsäule mit Einschluss des letzten oder der beiden letzten Wirbel zwischen den hohen iliacalen Schaufeln, ein nach lateral ausladender unterer Brustkorb sowie dorsal gelegene Beckenschaufeln.

In der Paläanthropologie sind funktionelle Schlüsse ausgehend von Knochen oft spekulativ.

Der Nachweis von ausgeprägten Rotationsbewegungen des Rumpfes bei nichtmenschlichen Primaten während des zweibeinigen Gehens ist sehr lehrreich für die paläanthropologische Forschung, denn man hat vorher aufgrund der Knochenmerkmale auf den gegenteiligen Befund geschlossen. Dieses Beispiel demonstriert erneut (siehe z. B. BRANDT 2015a), wie spekulativ funktionelle Schlüsse sein können, wenn sie allein von Knochenmerkmalen ausgehen. In der Paläanthropologie, wo leider oft nur Knochenüberreste als Untersuchungsmaterial vorliegen,

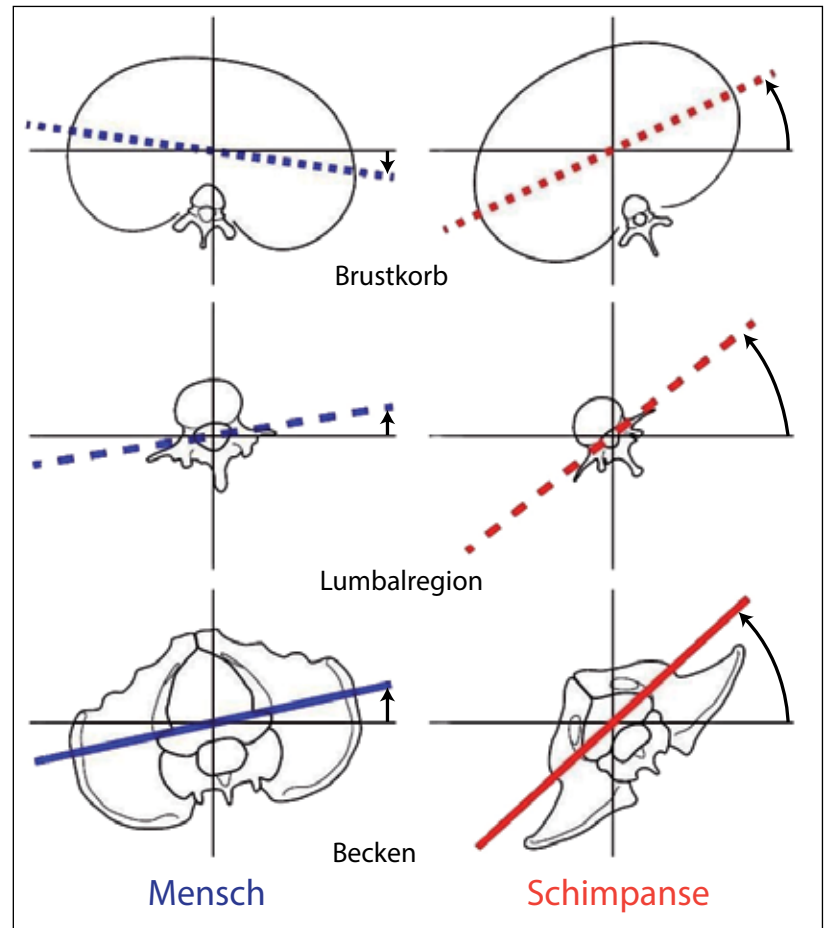


Abb. 1 Rotationsbewegung des Beckens, der Lumbalregion und des Brustkorbes in der Transversalebene von Mensch und Schimpanse bei etwa 50 % des Schrittes. Beim Schimpanse drehen die drei Rumpfsegmente absolut stärker als beim Menschen und in eine Richtung. Beim Menschen rotiert dagegen der Brustkorb in entgegengesetzter Richtung zum Becken und zur Lumbalregion. (Aus THOMPSON et al. 2015, etwas geändert; CC-BY-Lizenz)

sind solche Schlüsse aber die Regel. Beispielsweise werden von einem einmaligen knöchernen Merkmalsmosaik ganz spezifische Schlüsse bei *Australopithecus sediba* und *Homo naledi* zur Fortbewegung und Manipulationsfähigkeit gezogen. Der Autor (BRANDT 2014, 2016) hat den hochgradig spekulativen Charakter dieser Schlüsse bei beiden frühen Homininen aufgezeigt. Paläanthropologen sollten aus diesen Gründen bei der Interpretation knöcherner Überreste früher Homininen zurückhaltender sein.

Literatur

- BRANDT M (2014) Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? *Australopithecus sediba* und sein merkwürdiges Merkmalsmosaik. W+W Special Paper B-14-3. <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-14-3-sediba.pdf> (Zugriff am 12. 3. 2016).
- BRANDT M (2015a) Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? Das Beispiel Fußbeweglichkeit und zweibeinige Fortbewegung. Stud. Integr. J. 22, 58–60.
- BRANDT M (2016) *Homo naledi* – neuer Hominine mit vielen Fragezeichen. W+W Special Paper B-16-1. Internetadresse: http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-16-1_homo_naledi.pdf (Zugriff am 12. 3. 2016).
- OGIHARA N, MAKISHIMA H & NAKATSUKASA M (2010) Three-dimensional musculoskeletal kinematics during bipedal locomotion in the Japanese macaque, reconstructed based on an anatomical model-matching method. J. Hum. Evol. 58, 252–261.
- THOMPSON NE, DEMES B, O'NEILL MC, HOLOWKA NB & LARSON SG (2015) Surprising trunk rotational capabilities in chimpanzees and implications for bipedal walking proficiency in early hominins. Nat. Comm. 6, 8416.

Fossiler Fund eines Säugetiers mit prächtigem Haarkleid

Konvergente Entstehung eines weiteren Schlüsselmerkmals

Der Fossilfund eines eutriconodonten Säugetiers aus den unteren Kreideschichten Spaniens dokumentiert ein evolutionstheoretisches Dilemma. Schlüsselmerkmale der Säugetiere sind bereits bei Individuen aus den am ältesten datierten Fundhorizonten nachzuweisen. Andererseits zwingt die Merkmalsverteilung bei fossilen und rezenten Säugetieren zu dem Schluss, dass Schlüsselmerkmale mehrfach unabhängig voneinander mit erstaunlicher morphologischer Identität entstanden sind. Eine kausale evolutionstheoretische Erklärung für diese Befunde fehlt.

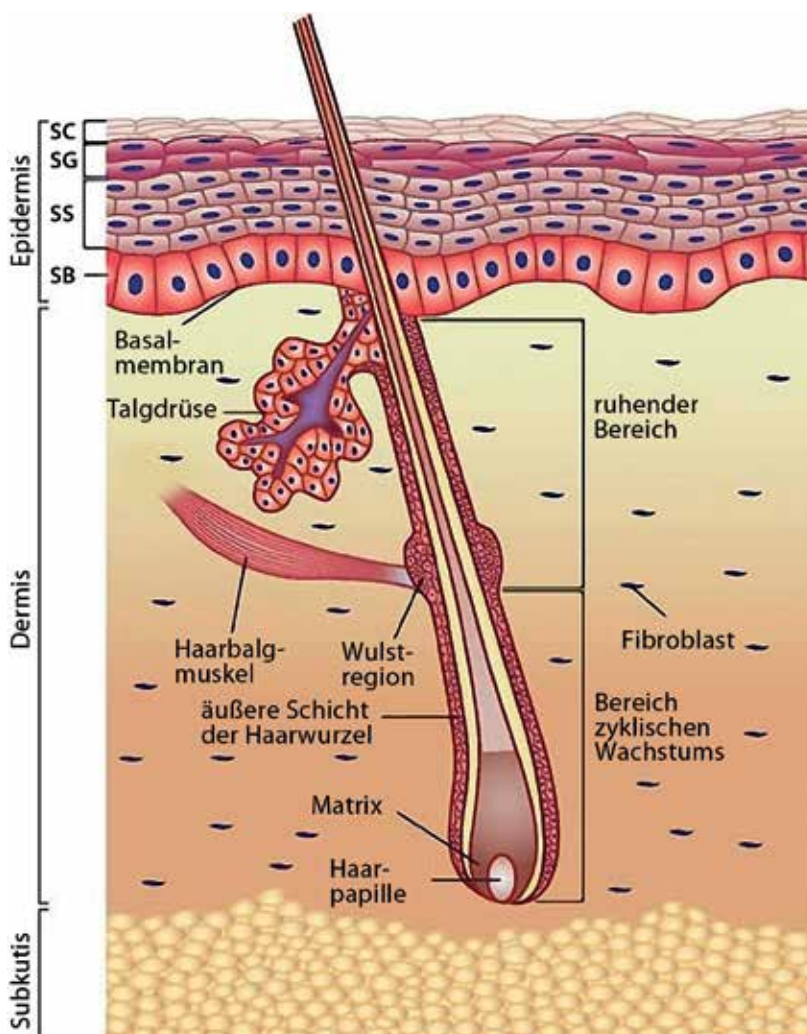
Henrik Ullrich

Abb. 1 Schematische Darstellung des Aufbaus der Haut des Menschen. **SB** stratum basale = Basalzellschicht, **SC** stratum corneum, **SG** stratum granulosum, **SS** stratum spinosum. Erläuterungen siehe Text. (Wikimedia Commons, CC-BY-3.0)

Schlüsselmerkmale der Säugetiere: Haut und Haare

Säugetiere unterscheiden sich von Reptilien, die als ihre evolutionäre Ahnen gelten, durch den Besitz von besonderen Merkmalen. Dazu zählen die Mittelohrknochen (Hammer, Am-

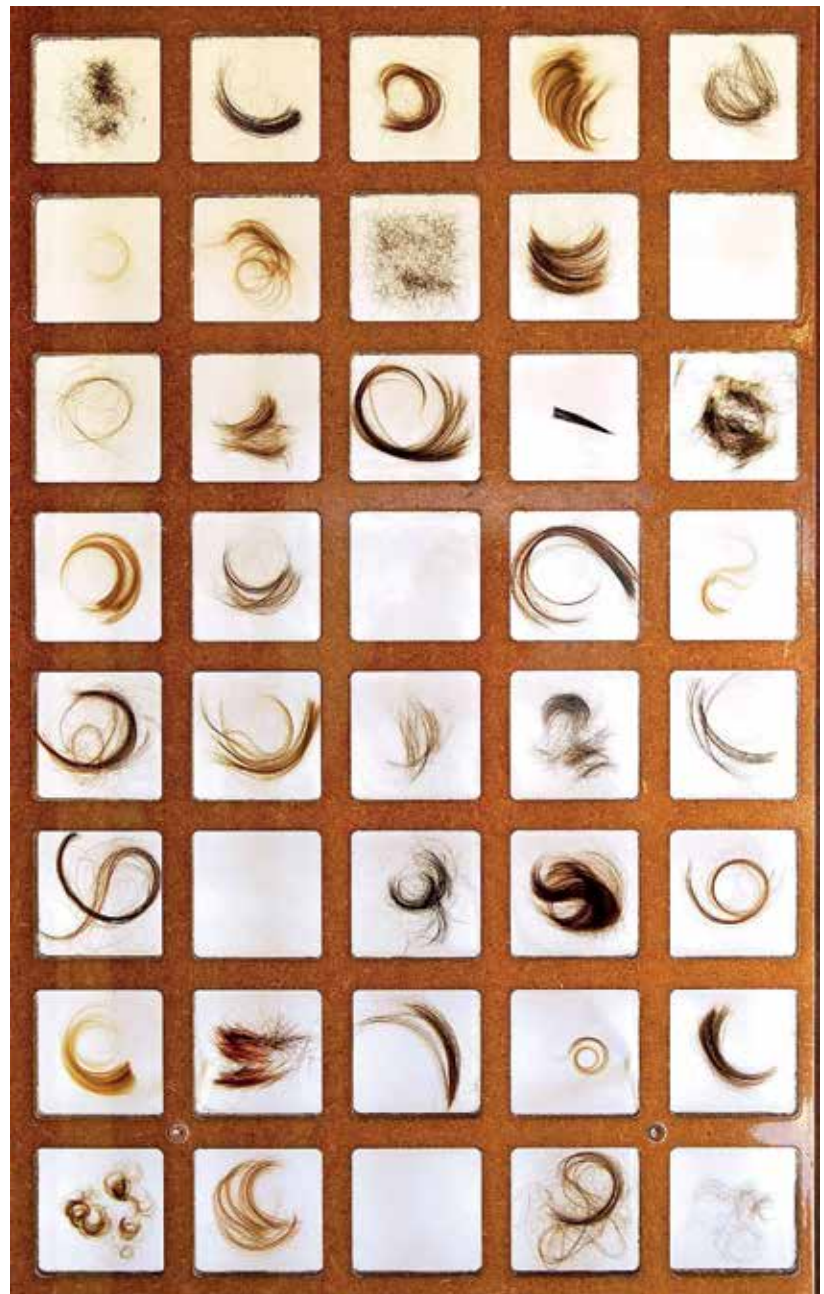
boss, Steigbügel), Milchdrüsen, Fell bzw. Haare, die Warmblütigkeit oder speziell bei den Plazentariern das Reifen und Heranwachsen der Nachkommen in der Gebärmutter mit der Ausbildung einer Plazenta. Über viele Jahrzehnte waren Evolutionsbiologen überzeugt, dass diese Schlüsselmerkmale im Verlauf der Evolution, also beim Übergang von Reptilien zu den ersten Säugetierformen, nur einmal (monophyletisch) entstanden und von allen folgenden Säugetierformen übernommen wurden. Die Haut (Integument) der Säugetiere stellt einen Merkmalskomplex dar, welcher die funktionelle und anatomische Basis für die Existenz von Schlüsselmerkmalen bereitstellt (z. B. für die Warmblütigkeit, für das Fell bzw. die Haare). Mit ihren Anhangsorganen (z. B. Haare, Nägel, Stacheln, Hautschilde, Drüsen, Brustdrüse) ist die Haut das größte Organ der Säugetiere. Beim erwachsenen Menschen bedeckt sie eine Oberfläche von 1,5-2,0 Quadratmetern und erreicht ein Gewicht von durchschnittlich 14 Kilogramm (ohne Unterhaut). Charakteristisch für die Haut (Abb. 1) ist ihr schichtförmiger Aufbau aus Oberhaut (Epidermis) und der Lederhaut (Dermis oder Corium). Der Haut unterlagert findet sich die Unterhaut (Subcutis). Die Epidermis, welche ontogenetisch aus dem äußeren Keimblatt, dem Ektoderm, hervorgeht, zeigt große regionale Unterschiede auf makroskopischem und mikroskopischem Niveau innerhalb eines Individuums (z. B. Handfläche ohne Drüsen und Behaarung, Kopfhaut mit Haaren und Drüsen). Die Lederhaut entsteht ontogenetisch aus dem mittleren Keimblatt, dem Mesenchym, und steuert maßgeblich die Differenzierung, Umformung und Proliferation (Vermehrung der jeweiligen Zelltypen) der Epidermis und der Hautanhangsstrukturen (z. B. der Haare). Die Epidermis,



die sich aus dem äußeren Keimblatt, dem Ektoderm, ontogenetisch ableitet, grenzt sich durch eine Basalmembran von der Lederhaut ab. Diese Epithelschicht stellt einen zentralen Ort der epithelio-mesenchymalen Wechselwirkungen dar, die ihrerseits wesentlich zur Bildung der o. g. spezialisierten Strukturen der Haut beitragen. In die Hautschichten wandern während der Ontogenese Zellen aus anderen Körperregionen ein und beeinflussen ebenfalls die Entwicklung und Differenzierung der Haut und ihrer Anhangsgebilde maßgeblich mit. Beispielsweise entstammen in die Haut einwandernde Neuralleistenzellen (neural crest cells) aus der Umgebung der embryonalen Anlage des zentralen Nervensystems. Aus diesen gehen unter anderem Pigmentzellen (Melanozyten) hervor, die für die Färbung der Haut und der Haare verantwortlich sind. Ein anderes Beispiel sind die dem Knochenmark entstammenden Langerhanszellen, die im Rahmen der Immunabwehr (T-Zellantwort) der Haut eine wichtige Funktion innehaben.

Unter dem induzierenden und steuernden Einfluss der Dermis entwickeln sich wie bereits erwähnt die für Säugetiere typischen Haare, Stacheln, Nägel und Hautschilde. In der Epidermis vorhandene spezialisierte Zellen, die Keratinozyten, produzieren dafür ein besonderes Protein, das Keratin, das den Zellen ihre strukturelle Integrität und später ihre morphologische Charakteristik vermittelt. Die Keratinisierung basiert auf einer komplexen, genetisch kontrollierten und programmierten Serie von morphogenetischen (formbildenden) Veränderungen, die ihren Motor im Bereich der Kontaktzone zwischen Epidermis und Dermis (z. B. Basalmembran) hat (vgl. O'RAHILLY & MÜLLER 1999). Neueste Untersuchungen haben darüber hinaus gezeigt, dass mehr als 50 verschiedene Varianten des Keratinproteins beim Säugetier existieren und diese in engsten Wechselwirkungen mit Mitochondrien – den Kraftwerken der Zellen – stehen, um den differenzierten funktionellen Ansprüchen gerecht zu werden (KUMAR et al. 2015).

Die ersten Haare entstehen beim Menschen am Ende der Embryonalperiode in den Augenbrauen, der Oberlippe und dem Kinn. Zu Beginn sind Einstülpungen der Epidermis (Follikel) zu sehen, die Stellen künftiger Haare und Talgdrüsen; an der tiefsten Stelle dieser Einstülpung entsteht der Haarbulbus. Durch dessen Kontakt mit dem dermalen Mesenchym werden zentrale Anteile der Follikel keratinisiert, der Haarschaft dringt durch das basale Zellwachstum im Haarbulbus zur Oberfläche vor. Die Färbung der Haare erfolgt durch Melanozyten aus der Neuralleiste (s. o.). Die ersten Haare (Lanugohaarung) werden zur Zeit der Geburt abgestoßen und durch die Terminalhaare ersetzt.



Ab einer Haardichte von 50 bis 400 Haaren je Quadratzentimeter spricht man von einem Fell, eine noch stärkere Behaarung nennt man Pelz. Das Fell besteht in der Regel aus zwei Anteilen, dem Deckhaar (Oberhaar) und dem Wollhaar. Stacheln wie beim Igel entstehen ontogenetisch etwas später als die Haare durch die Fusion mehrerer keratinisierter Tubuli, die ein starres hohles Haar formen. Eine besondere Spezialisierung von Haaren bei Säugetieren sind die hochsensiblen Tasthaare (Vibrissen).

Ein auffälliges Merkmal heutiger Säugetiere stellt der außergewöhnliche Polymorphismus (Vielgestaltigkeit) der Haare dar (Abb. 2). Diese morphologischen Varianten finden sich schon bei Individuen, die systematisch eng zueinander gehören, darüber hinaus auch bei einem einzelnen Individuum an unterschiedlichen Körperregionen und während der individuellen Ontogenese in aufeinanderfolgenden Entwicklungsstadien.

Abb. 2 Innerartliche Variabilität der Haartypen und Haarformen am Beispiel einer lokalen Haarsammlung von Einwohnern aus dem Ort Sulzbach. (Wikimedia Commons)



Abb. 3 Rekonstruktion des von MARTIN et al. beschriebenen Fossil *Spinolestes xenarthrosus*. *Spinolestes* war ca. 20 cm lang und erreichte eine Schulterhöhe von ca. 5,5 cm. Weitere Erläuterungen siehe Text. (Aus MARTIN et al. 2015)

Das Fossil *Spinolestes xenarthrosus*

MARTIN et al. (2015) beschreiben das Fossil eines außergewöhnlich gut erhaltenen Säugetiers aus der ausgestorbenen Gruppe der Eutriconodonten, das sie in Schichten der Unterkreide in Spanien (Las Hoyas) fanden, auf der Basis von Leitfossilien der Barremium-Stufe zuordneten und auf 125–127 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) vor heute datierten. Es fand sich ein komplettes Skelett mit Gelenken, einer außergewöhnlichen Erhaltung von Spuren der Haut, der Haare, keratinhaltigen Hautstacheln und Spuren von Organen des Brustkorbes und des Bauchraumes. Neben anderen Merkmalen fanden sich ein ossifizierter Meckelknorpel (vgl. ULLRICH 2012) und spezialisierte Gelenkverbindungen wie bei heutigen Nebengelenktieren im Bereich der unteren Wirbelkörper, welche die Wirbelsäule bei Bewegung stabilisieren. Der Name *Spinolestes xenarthrosus* verbindet diese anatomischen Besonderheiten („Spino“: Stachel, „Xenarthrosus“: Nebengelenk).

Wir wollen uns an dieser Stelle auf die Besonderheiten des Haarkleides des fossilen Fundes konzentrieren. Abdrücke von fossilem Fell, also einer kompletten Bedeckung der Haut mit Haaren, sind aus dem mittleren Jura von einem im Wasser lebenden Ursäuger bekannt (*Castorocauda lutrasimilis*, datiert auf 162 Millionen radiometrische Jahre, Ji et al. 2006). Fossilisierte Haare sind in Schichten des untersten Tertiärs (ca. 60 MrJ, Paläozän) gefunden worden (MENG et al. 1997). Der vorliegende Fund mit einem angegebenen

Alter von 125–127 MrJ präsentiert zahlreiche fossile Haarstrukturen mit unterschiedlichen Entwicklungsgraden, die auf makroskopischer und mikroskopischer Ebene den Haarstrukturen bei heutigen Säugetieren exakt entsprechen. Diese Entsprechung gilt, so MARTIN et al., für den individuellen Polymorphismus der Haare und auch für die zugrundeliegenden ontogenetischen Prozesse und die entwicklungs geschichtlichen Stadien der Haarentwicklung. Zum ersten Mal werden hier zylindrische Strukturen beschrieben (Protostacheln – „Protospines“),

Der vorliegende Fund präsentiert zahlreiche fossile Haarstrukturen mit unterschiedlichem Entwicklungsgraden, die den Haarstrukturen bei heutigen Säugetieren exakt entsprechen.

die mikroskopisch analog den Mikrostacheln bei heutigen Stachelmäusen sind. Sie befanden sich bei *Spinolestes xenarthrosus* im Rückenbereich über den Dornfortsätzen der Wirbelkörper. Die exquisite fossile Erhaltung von vielen Haarstrukturen zeigt deutlich eine regionale Differenzierung der Haare und der Mähne, es finden sich Deckhaare, 3–5 mm lang (in der seitlichen Körperregion, am Hals und am Schulterblatt) und lange zarte Haare im Rückenbereich und am Schwanz. Die übrigen Körperabschnitte wurden von einem dichten Unterfell bedeckt. Eindrucksvoll sind auch folgende mikroskopische Details: Es gelang den Forschern, am Fossil primäre und sekundäre Haarstrukturen mit Follikeln zu identifizieren, wie sie in allen drei modernen Säugetiergruppen vorkommen. Z.T. ließen sich bei *Spinolestes xenarthrosus* auch Spuren von durch Pilzbefall veränderten Haaren wie bei heutigen Säugern dokumentieren. „Die Haut dieses neuen mesozoischen Säugetiers vereinigt die gleiche Kombination von Hautanhangsorganen wie jene, die unabhängig in der gleichen Epoche in anderen Gruppen der Kronensäugetiere evolutionär entstanden sind

Glossar

Homologie: Gleichwertigkeit (z.B. gleiches Bauprinzip) ähnlicher, z.T. aber auch unähnlicher Strukturen, Organe oder Prozesse; in der Evolutionsbiologie als Belege für gemeinsame Abstammung interpretiert.

Homoplasien: Bauplanähnliche Strukturen, die trotz ihrer Ähnlichkeit als

mehrfach unabhängig entstanden interpretiert werden müssen. Dazu gehören Konvergenzen, Parallelentwicklungen und Rückentwicklungen.

Konvergenz: gleichförmige Entwicklung ähnlicher Strukturen und Funktionen einzelner Organe nicht abstammungsmäßig verwandter Organismen.

mit einer ähnlich großen strukturellen Variabilität wie bei den heutigen Säugetieren“ (MARTIN et al. 2015, 380).

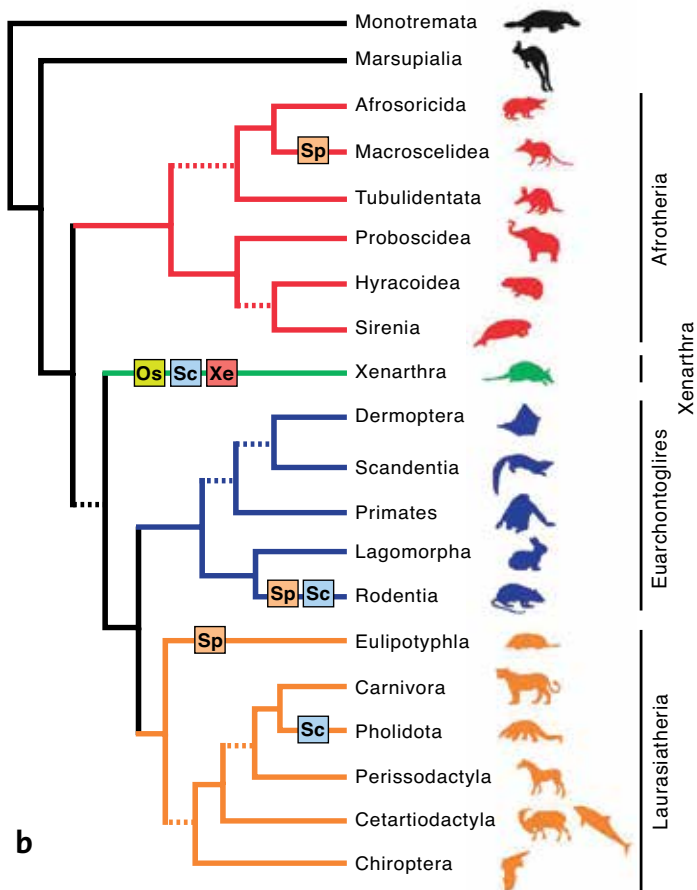
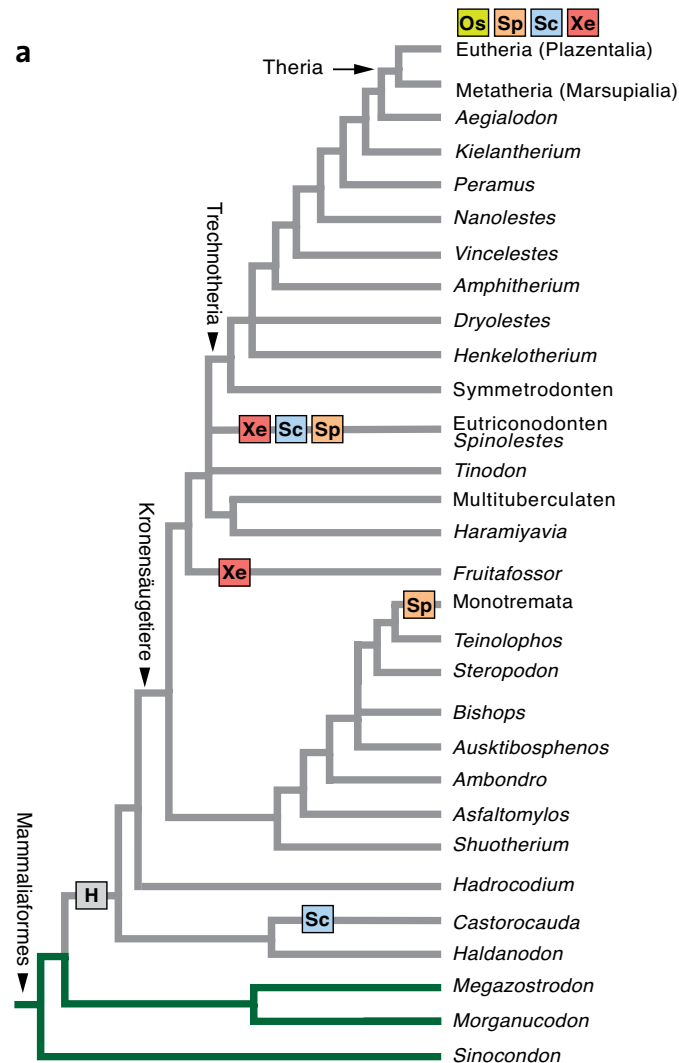
Konsequenzen für die evolutions-theoretische Modellbildung der Säugetierentstehung

Für die Autoren steht außer Frage: In einem evolutionären Kontext muss davon ausgegangen werden, dass die Haut mit ihren Anhangsorganen (z.B. Haare, Stacheln) bereits sehr früh von den ersten Ursäugetierformen evolutionär erworben wurde. Schon im Mesozoikum waren nicht nur unspezialisierte Haare vorhanden, sondern das gesamte Spektrum ihres Polymorphismus und der heute beobachtbaren individuellen ontogenetischen Entwicklungsschritte. Demgegenüber dokumentiert der Fossilbefund bislang nicht, über welche anatomischen Zwischenschritte die Haut der Säugetiere sich mit ihren Anhangsorganen aus der Haut reptilienartiger Vorgänger entwickelt haben könnte. Ein kennzeichnendes Merkmal der

Neben anderen Schlüsselmerkmalen der Säugetiere müssen auch die Anhangsorgane der Haut mehrfach konvergent entstanden sein.

rezenten Reptilien ist ihre trockene, schleimlose und drüsenarme Haut, die von Schuppen, Hornplatten oder Panzer bedeckt wird. Diese äußere Schicht wird bei Schlangen und Echsen regelmäßig durch Häutung erneuert. Als weitere Schlussfolgerung aus dem beschriebenen Befund und aus dem Vergleich mit weiteren fossilen Säugetierformen folgt für MARTIN et al. die Tatsache, dass neben anderen Schlüsselmerkmalen der Säugetiere (z. B. Mittelohrknochen) auch die Anhangsorgane der Haut mehrfach konvergent* innerhalb der einzelnen Säugetierlinien evolutionär entstanden sind. Und dies mit identischen Ergebnissen auf makroskopischer,

Abb. 4 Konvergenz des Auftretens von spezifischen Hautanhangsstrukturen bei Säugetieren. Systematik fossiler (a) und rezenter (b) Säugetiere unter Berücksichtigung fossiler Nachweise des ersten konvergenten Auftretens von Haaren und Hautanhangsstrukturen sowie des konvergenten Erscheinens der für die Nebengelenktiere typischen Wirbelkörperformen. Die Position des in diesem Artikel beschriebenen fossilen Fundes *Spinolestes* (Eutriconodont) ist besonders markiert. **H** Erster Nachweis von Haaren und Sporen/Stacheln, **Sc** keratinisierte / verhornte Schilder bzw. Platten, **Sp** Hautstacheln, **Os** ossifizierte Hautschilder, -platten, **Xe** Für Nebengelenktiere (Xenarthra) typische Konfiguration der hinteren Wirbelkörper. (Nach MARTIN et al. 2015, LUO 2007, SPRINGER et al. 2004)



mikroskopischer und ontogenetischer Ebene. Diese Aussage ist nicht trivial oder nebensächlich. Die Konvergenz betrifft nicht lediglich ein Einzelmerkmal, sondern ontogenetisch, funktionell und anatomisch hoch vernetzte Merkmalskomplexe, auf denen fundamentale Eigenschaften der Säugetiere basieren (s. o.). 2007 haben bereits LUO et al. auf die sich immer mehr abzeichnende und unerwartete Befundkonstellation im Hinblick auf die Evolution der Schlüsselmerkmale der Säugetiere hingewiesen und von einem neuem Paradigma evolutionärer Theorienbildung gesprochen: „Das aufstrebende neue Paradigma besagt, dass durch aufeinanderfolgende Diversifikationen innerhalb der mesozoischen Säugetiere es vielen ausgestorbenen Linien möglich wurde, unterschiedliche ökologische Lebensräume zu erobern – genauso wie in der känozoischen Säugetierdiversifikation (aber nicht so erfolgreich). Diese erfolgten in unabhängigen evolutionären Experimenten, basierend auf tiefgreifenden Homoplasien* der ontogenetischen Entwicklungen und konvergenten funktionellen und ökologischen Anpassungen“ (LUO et al. 2007, 1017, 1018; Hervorhebung hinzugefügt).

Diskussion

Das Mesozoikum (252–66 MrJ) gilt immer noch als das Zeitalter der Dinosaurier, obwohl die dieser Spanne zugeordneten geologischen Schichtfolgen auch eine bemerkenswerte ökomorphologische Vielfalt ausgestorbener, hochspezialisierter Säugetierformen bergen. Im Szenario der Evolution entstanden die Säugetiere mit ihren charakteristischen Schlüsselmerkmalen zeitgleich mit den Dinosauriern im Mesozoikum. Über viele Jahrzehnte im 20. Jahrhundert galten diese hochkomplexen Schlüsselmerkmale für die Fachwelt als einmalige (monophyletische) evolutionäre Erfindungen, die eine monophyletische evolutionäre Abstammungsfolge der Säugetiere im Rahmen der Synthetischen Evolutionstheorie (SET) begründeten.

In den letzten zwei Jahrzehnten mussten auf der Grundlage zahlreicher Fossilfunde ausgestorbener Säugetierformen aus dem Mesozoikum die klassischen phylogenetischen Konzeptionen der SET aufgegeben und eine komplett neue Systematik der Säugetiere entworfen werden (ULLRICH 2013). Der Fossilbefund – unter der Leitidee „Evolution“ interpretiert – lässt gegenwärtig nur den Schluss zu, dass mehrfach und unabhängig voneinander Säugetierformen evolutionär entstanden, die nahezu identische und konvergente Merkmalskomplexe aufweisen (siehe Glossar), die ihnen eine optimale

Die für die Konvergenzen verantwortlichen Mechanismen sind auf molekulargenetischer Ebene völlig unklar.

Anpassung in verschiedenen Ökosystemen (im Wasser, auf Bäumen oder als flugfähige Individuen) ermöglichten (sog. identische Ökomorphotypen). Die Annahme der konvergenten Entstehung dieser Merkmalskomplexe der Säugetiere schließt auch die komplexen Schlüsselmerkmale der Säugetiere ein. Während diese Konvergenzen bei Säugetieren unter den Evolutionsbiologen nicht mehr zur Debatte stehen, sind die dafür verantwortlichen Mechanismen auf molekulargenetischer Ebene völlig unklar. Es sind nicht einmal ansatzweise Mechanismen bekannt, die in der Lage wären, über Jahrmillionen immer wieder ungezielt die „tiefgreifenden Homoplasien der ontogenetischen Entwicklungen und konvergenten funktionellen und ökologischen Anpassungen“ (LUO et al. 2007) hervorzubringen. Zum anderen fehlt es regelmäßig an fossilen Belegen für die postulierten mehrfachen konvergenten Entwicklungswege, aus denen u. a. die Schlüsselmerkmale der Säugetiere hervorgegangen sein sollen.

Der aktuelle Fund eines eutriconodonten Säugetiers aus den unteren Kreideschichten Spaniens dokumentiert dieses evolutionstheoretische Dilemma eindrücklich am Beispiel außergewöhnlich gut überlieferter fossiler Spuren eines wichtigen Schlüsselmerkmals der Säugetiere: der Haut und ihrer Anhangsorgane.

Literatur

- Ji Q et al. (2006) A swimming mammaliaform from the Middle Jurassic and ecomorphological diversification of early mammals. *Science* 311, 1123–1127.
- LUO ZX et al. (2007) A new eutriconodont mammal and evolutionary development in early mammals. *Nature* 446, 288–293.
- KUMAR V et al. (2015) A keratin scaffold regulates epidermal barrier formation, mitochondrial lipid composition, and activity. *JCB* 211, 1057–1075.
- MARTIN T et al. (2015) A Cretaceous eutriconodont and integument evolution in early mammals. *Nature* 526, 380–384.
- MENG J & WYSS AR (1997) Multituberculate and other mammal hair recovered from Palaeogene excreta. *Nature* 385, 712–714.
- O'RAHILLY R & MÜLLER F (1999) Human Embryology and Teratology. New York.
- SPRINGER MS et al. (2004) Molecules consolidate the placental mammal tree. *Trends Ecol. Evol.* 19, 430–438.
- THANUKOS A (2008) Bringing homologies into focus. *Evo. Edu. Outreach* 1, 498–504.
- ULLRICH H (2012) Verwirrende Konvergenzen. Zur Evolution des Mittelohres der Säugetiere. *Stud. Integr. J.* 19, 20–33.
- ULLRICH H (2013) Moleküle und Anatomie im Konflikt? Die Systematik der Säugetiere. *Stud. Integr. J.* 20, 119–121.

Dino-Doppelgänger des Vogels Strauß

Ein jüngst veröffentlichter Dinosaurier-Fund bestätigt, dass die Ornithomimiden („Vogel-Nachahmer“) befiedert waren, und dokumentiert darüber hinaus eine sehr ähnliche Befiederung wie bei heutigen großen Laufvögeln – eine bemerkenswerte Parallele ohne nähere Abstammungsverwandtschaft. In die bisher favorisierten evolutionären Abstammungsfolgen passt der Fund nicht gut bzw. nur mit Zusatzannahmen, insbesondere der Annahme einer unabhängigen Entstehung typischer Elemente des Laufvogel-Bauplans und eventuell der Federn.

Reinhard Junker

Die „Vogel-Nachahmer“ unter den Dinosauriern, die Ornithomimidae, sind schon seit langem bekannt, vor allem aus den geologischen Schichten der Oberkreide Ostasiens und des westlichen Nordamerika. Sie gehörten zu den Theropoden (zweibeinig laufende Raubdinosaurier), besaßen einen schlanken Körperbau, wurden meist 3–6 Meter lang, und man vermutet, dass sie schnelle Läufer waren, vergleichbar den heutigen Laufvögeln (dafür spricht z. B., dass die Unterschenkel länger waren als die Oberschenkel, was ein Indiz für schnelles Laufen ist). Vogeltypisch war auch der zahnlose Schnabel. Der Schädel war langgestreckt und relativ klein, mit großen seitlich platzierten Augen und vermutlich gut entwickeltem Gehirn; Hirnschädel und Schnauzenregion besaßen luftgefüllte Hohlräume.

Erst vor kurzem sind bei einigen Exemplaren auch Reste federartiger Anhänge und eine flügelartige Struktur mit verlängerten Federn (ein sogenanntes „Pennibrachium“) nachgewiesen

worden (ZELENITSKY et al. 2012). Das war insofern überraschend, als die Ornithomimiden zwar aufgrund ähnlicher Merkmale als „Vogelnachahmer“ bezeichnet (s. o.), aber ansonsten mit den Vögeln nicht als näher verwandt betrachtet werden. (Der evolutive Weg zu den Vögeln soll über andere Gruppen gelaufen sein.) Daher wurde die evolutionstheoretische Hypothese formuliert, dass schon bei den gemeinsamen Vorfahren der Ornithomimiden und der Vögel Federn ausgebildet waren (www.theglobeandmail.com/news/national/alberta-researchers-discovery-offers-insight-into-feathered-dinosaurs/article27024287). Daraus würde allerdings folgen, dass viele Formen danach die Federn wieder zurückgebildet oder verloren hätten. Außerdem müssten diese gemeinsamen Vorfahren im evolutionären Modell mehr als doppelt so alt wie die befiederten Formen der Ornithomimiden gewesen sein – alles Befunde, die evolutionstheoretisch nicht gut passen. Heute ist aber auch die Annahme nicht



Abb. 1 Ein gefiederter *Ornithomimus*. (Künstlerische Rekonstruktion: Julius Csontonyi)

mehr tabu, dass Federn in verschiedenen evolutionären Linien mehrfach unabhängig entstanden sein könnten (BRUSATTE et al. 2015, R892), was nicht-zielgerichtete evolutionäre Mechanismen vor noch größere Herausforderungen stellt als die Erklärung einer einmaligen Entstehung.

Ein neuer Fund mit modernen Merkmalen

Nun berichten VAN DER REEST et al. (2016) von einem neuem *Ornithomimus*-Fund. Er stammt wie die anderen *Ornithomimus*-Funde mit Federresten aus der Oberkreide Nordamerikas (Dinosaur Park Formation of Alberta, Kanada). Das Tier war bis zu vier Meter lang; Kopf und Vorderextremitäten sind allerdings nicht erhalten. Das Besondere an diesem bereits 2009 gemachten Fund: Nicht nur Federn sind in sehr guter Erhaltung überliefert, sondern es ist auch klar erkennbar, welche Körperteile nicht befiedert waren, da im Bereich des Fußes auch fossile Spuren von Hautresten sehr gut sichtbar sind. Die Befiederung am Schwanz und an den Beinen und die nackten Bereiche ähneln stark den Verhältnissen heutiger großer Laufvögel wie Strauß oder Emu (Abb. 1). So sind die Unterseite des Schwanzes und die Beine ab etwa der Mitte des Oberschenkels ungefiedert. Die Forscher schließen aus der gesamten Befundsituation auf eine ähnliche Thermoregulation bei *Ornithomimus* wie bei den heutigen Straußen. „Die federlose Haut unter dem Körper deutet darauf hin, dass die Tiere sogar den gleichen Mechanismus nutzten, um überschüssige Wärme loszuwerden. Auch die Chemie der Federn sei von modernen Vögeln praktisch nicht zu unterscheiden, betont VAN DER REEST“ (www.spektrum.de/news/dino-hatte-schwanzfedern-und-nackte-beine/1373283).

Da die Ornithomimiden und die heutigen großen Laufvögel im aktuell favorisierten Evolutionsmodell auf relativ weit entfernten Ästen angeordnet sind, werden die genannten weitreichenden Ähnlichkeiten als Konvergenzen (unabhängig entstandene Ähnlichkeiten) interpretiert; sie werden also nicht als Indizien für gemeinsame Abstammung gewertet. Erstaunlich ist vor diesem Hintergrund die Auffassung eines der Autoren, der Fund erhöhe die klassische These, nach der Vögel eine Gruppe innerhalb der Dinosaurier darstellen (<http://phys.org/news/2015-10-ornithomimus-dinosaur-tail-feathers-skin.html>). Das ist aus zwei Gründen schwer nachvollziehbar:

1. Die Schichten, in denen *Ornithomimus* gefunden wurde, werden auf etwa 72 Millionen radiometrische Jahre datiert (Oberkreide, Campanium). Der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx*

mit unbestritten „moderner“ Befiederung hat das doppelte radiometrische Alter, und zahlreiche eindeutig flugfähige Vogelgattungen der Unterkreide sind ebenfalls deutlich älter datiert als *Ornithomimus*.

Der neue *Ornithomimus*-Fund ist viel jünger als *Archaeopteryx* und ist mit diesem nicht näher verwandt.

2. Da die Ornithomimiden auf einen systematischen Ast gestellt werden, der nicht zu den Vögeln überleitet, können sie auch nicht in eine enge phylogenetische Beziehung zu den Vögeln gebracht werden. Eine evolutive Verbindung Vögel-Dinosaurier wird durch die Ornithomimiden allenfalls sehr indirekt unterstützt (z. B. durch die Annahme mutmaßlicher entfernterer gemeinsamer Vorfahren; s. o.), und zweifellos gibt es für eine solche Verbindung bessere Kandidaten unter den Theropoden. Die Ornithomimiden sind für den Übergang von den Dinosauriern zu den Vögeln jedenfalls keine geeigneten Kronzeugen – im Gegenteil: Sie zeigen, dass auch die genannten weitreichenden Ähnlichkeiten nicht ohne weiteres als Hinweise auf eine gemeinsame Abstammung gedeutet werden können, sondern unter Umständen (wie hier) als Konvergenzen anzusehen sind. An die steigende Zahl von Konvergenzen auch von Schlüsselmerkmalen scheint man sich im Rahmen des Evolutionsmodells zwar zu gewöhnen; die damit verbundenen evolutionstheoretischen Fragen nach ihrer unabhängigen Entstehung bleiben dennoch ungelöst und fordern komplett neue Evolutionsmechanismen (Diskussion dazu bei BRAUN 2012).

Keine Auskunft kann der neue Fund darüber geben, wie im Verlauf der Evolution Federn entstanden sind. Das gilt insbesondere deshalb, weil das Federkleid von *Ornithomimus* als zurückgebildet interpretiert wird. Eine evolutionäre Neubildung von Federn bei *Ornithomimus* wäre noch unwahrscheinlicher, da dann noch weiter reichende Konvergenzen angenommen werden müssten.

Literatur

- BRAUN HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. Stud. Integr. J. 19, 12–19.
- BRUSATTE SL, O'CONNOR JK & JARVIS ED (2015) The origin and diversification of birds. Curr. Biol. 25, R888–R898.
- VAN DER REEST AJ, WOLFE AP & CURRIE PJ (2016) A densely feathered ornithomimid (Dinosauria: Theropoda) from the Upper Cretaceous Dinosaur Park Formation, Alberta, Canada. Cretaceous Res. 58, 108–117.
- ZELENITSKY DK, THERRIEN F, ERICKSON GM, DeBUHR CL, KOBAYASHI N, EBERTH DA & HADFIELD F (2012) Feathered non-avian dinosaurs from North America provide insight into wing origins. Science 338, 510–514.

Hocheffiziente Reparatursysteme für das Erbgut



Die DNA als materieller Träger der Erbinformation von Lebewesen ist aufgrund ihrer physikalisch-chemischen Eigenschaften ausgezeichnet dafür geeignet, Information zu speichern und für deren Weitergabe zu kopieren. Mögliche chemische Reaktionen und damit verbundene Strukturänderungen schränken diese Nutzung ein. Inzwischen sind verschiedene komplexe Reparatursysteme beschrieben, die die chemische Fehleranfälligkeit der DNA deutlich reduzieren. Diese Reparatursysteme zeigen Hinweise auf Design.

Harald Binder

Die Isolierung und erste Charakterisierung von Nukleinsäure aus Eiterzellen markiert den Anfang der Erforschung des Erbguts. Friederich MIESCHER führte die entsprechenden Experimente 1869 in Tübingen durch, er bezeichnete den isolierten Stoff als „Nuklein“ (DAHM 2008). Ein weiterer Meilenstein war die Entwicklung des Doppelhelix-Modells. Grundlegend dafür war die Charakterisierung der Bausteine der DNA mit den zugehörigen N-Heterozyklen Adenin (A), Cytosin (C), Guanin (G) und Thymin (T) durch Erwin CHARGAFF. Er konnte zeigen, dass A und T bzw. C und G jeweils im Verhältnis 1:1 vorliegen. Diese Beobachtung und nicht zuletzt auch die Daten der Röntgenbeugungsexperimente an DNA-Proben von Rosalind FRANKLIN und Maurice WILKINS haben James WATSON und Francis CRICK zu ihrem berühmten Modell verholfen. WATSON und CRICK (1953) schlossen ihre erste Beschreibung der Doppelhelix mit der Bemerkung ab: „Es ist unserer Aufmerksamkeit nicht entgangen, dass die spezifische Paarbildung, die wir postuliert haben, unmittelbar einen möglichen Kopiermechanismus für das genetische Material nahelegt.“¹ Diese vielsagende Andeutung markiert einen erfolgrei-

chen Etappenabschluss in der Erforschung der Nukleinsäuren und gleichzeitig den Startschuss für weitere zukünftige Forschungen.

Die Speicherung und Vervielfältigung der Erbinformation bei Lebewesen sind Prozesse, in deren Zentrum das DNA-Makromolekül steht. Dabei steht die Langzeitstabilität der genetischen Information – lebenslang für einen Organismus und bei der Vererbung über viele Generationen hinweg – in einem Spannungsverhältnis zu chemischen und damit auch strukturellen Veränderungen an der DNA. Die chemische Natur des DNA-Moleküls bietet nämlich eine Vielzahl von Angriffspunkten für Reaktionen, die unter den physiologischen Bedingungen in Zellen auch stattfinden. Damit aber wird die langfristige Unversehrtheit der DNA und deren Eignung als materielle Grundlage zur Informationsspeicherung eingeschränkt. Mit anderen Worten ist die zuverlässige Verfügbarkeit der genetischen Information, die in der Sequenz der DNA ausgedrückt ist, durch die chemischen Veränderungen der Nukleinsäure in den Zellen gefährdet. Um eine unveränderte Struktur des DNA-Makromoleküls über lange Zeit und beim Kopiervorgang der Replikation sicherzustellen,



Abb. 1 Die drei Preisträger. Von links: Thomas LINDAHL, Paul MODRICH und Aziz SANCAR. (CC BY-SA 3.0)

sind Mechanismen zur Überwachung und gegebenenfalls zur Reparatur von entstandenen Anomalien notwendig und auch zu erwarten. Pro Tag und Zelle rechnet man gegenwärtig mit mehreren 10 000 Schädigungen an der DNA (CARELL 2015b).

Im Jahr 2015 wurden drei Wissenschaftler mit dem Nobelpreis für Chemie geehrt, die gemeinsam mit Mitarbeitern und Kollegen für unterschiedliche Veränderungen an DNA-Molekülen entsprechende Reparaturmechanismen untersucht und beschrieben haben: Thomas LINDAHL, Paul MODRICH und Aziz SANCAR (CARELL 2015a, b; Abb. 1).

Chemisch veränderte N-Heterozyklen herauschneiden

Die einzelnen N-Heterozyklen, welche in der verdrehten DNA-Strickleiter die Leitersprossen darstellen, werden zwar für sich genommen selten, aber aufgrund der hohen Anzahl in diesem Makromolekül doch merklich häufig chemisch verändert. So kann z. B. Cytosin (C) desaminiert werden, d. h. seine Aminogruppe ($-NH_2$) verlieren; es wird damit in Uracil (U) umgewandelt. Da Cytosin in der DNA-Doppelhelix über Wasserstoffbrücken komplementär mit Guanin verbunden ist ($C : G$), resultiert nach der Desaminierung von C eine $U : G$ -Fehlpaarung. U kommt zwar in der RNA anstelle von T vor, aber in DNA kommt U nicht vor.

Thomas LINDAHL hat die chemische Modifikation von DNA-Bausteinen unter verschiedenen Randbedingungen untersucht und aufgrund entsprechender Beobachtungen Reparaturmechanismen für die natürliche DNA in Zellen postuliert. Zunächst von seiner Arbeitsgruppe und später auch von anderen sind dann Reparatursysteme beschrieben worden, deren zentraler Bestandteil in Glykolasen besteht. Diese Enzymkomplexe müssen zuerst am DNA-Strang die Stelle mit dem veränderten Baustein *lokalisieren*, den defekten Bereich *entfernen* und schließlich die Lücke wieder korrekt mit entsprechend komplementären Bausteinen *ergänzen* und die DNA wieder komplettieren. Dieses vielstufige Reparaturprinzip bezeichnet

man als Basenexzisionsreparatur, weil dabei zunächst ein bzw. mehrere Nukleotide aus der doppelsträngigen DNA herausgeschnitten und entfernt werden. Die einzelnen Schritte dieses Reparaturprinzips können bereits sehr detailliert beschrieben werden und sind recht aufwändig (SADEGHIAN et al. 2014). Die veränderte N-Base wird aus der Ebene der DNA-Strickleiter herausgedreht und im aktiven Zentrum der Glykolasen gebunden; der Komplex aus Enzym und N-Heterozyklus wird dann hydrolytisch aus der DNA entfernt. Durch weitere Enzyme wie Endonukleasen, Ligasen und Polymerasen wird an der entsprechenden Stelle die Phosphodiesterbindung gespalten, also die DNA aufgetrennt. Ligasen und Polymerasen ersetzen den fehlenden Baustein und komplettieren den DNA-Strang wieder.

Durch einen komplexen und fein abgestimmten Prozess können in Zellen chemische Veränderungen an der DNA entdeckt, lokalisiert und korrigiert werden.

Auf diese Weise, d. h. durch einen komplexen und fein abgestimmten Prozess, können in Zellen chemische Veränderungen an der DNA entdeckt, lokalisiert und korrigiert werden. Die häufigsten Modifikationen an den N-Heterozyklen stellen Desaminierung und Alkylierung dar oder werden durch Oxidationsprozesse hervorgerufen. Diese Schädigungen werden erkannt und durch die Aktivität mehrerer Enzyme korrigiert. Damit werden wirksame Schädigungen des Erbguts deutlich reduziert und ein bedeutender Beitrag zur Langzeitstabilität des Genoms geleistet.

Mismatch-Reparatur

Die N-Heterozyklen können in unterschiedlichen Strukturen auftreten; sind zwei solche Konstitutionen nur durch einen geringen Energieaufwand ineinander umwandelbar, nennt man sie Tautomere. Tautomerie kann während der Replikation, also dem Kopiervorgang der DNA, dazu führen, dass beim Einfügen des komplementären Nukleotids eine Fehlpaarung (mismatch) auftritt.

So dient die Aminogruppe ($-NH_2$) im Cytosin (C) als H-Donator für die Wasserstoffbrückenbindung, die bei der Bindung der komplementären Base ausgebildet wird. Sie stellt also Wasserstoff zur Verfügung. Die Aminogruppe kann aber auch tautomer als Iminogruppe ($=NH$) vorliegen und ist dann ein H-Akzeptor. Diese Tautomerie kann zur Folge haben, dass C bei der Replikation nicht G als komplementäre

Die Reparatursysteme weisen typische Kennzeichen teleologischer Strukturen auf: Sie sind auf das zu erwartende Auftreten von Fehlern eingerichtet.

Base bindet, sondern aufgrund des veränderten Musters bei der Ausbildung der H-Brücken Adenin (A) – es kommt also zu einer Fehlpaarung.

In diesem Fall der Fehlpaarung besteht die Herausforderung darin, dass ein Reparatursystem im eben beschriebenen Fall nicht nur den Fehler entdecken, sondern auch unterscheiden muss, in welchem Strang der Fehler vorliegt; ob also das C im einen Strang oder das A im anderen falsch ist und entfernt werden muss.

Die in Bakterien vorhandenen Enzyme, die dort die Reparatur ausführen, nutzen zu dieser Unterscheidung, in welchem DNA-Strang die falsche N-Base eingefügt worden ist, den Umstand, dass in der Zelle manche Adenin-Basen der DNA im Laufe der Zeit mit einer Methylgruppe versehen werden. Die N6-Methyladenine sind nur in den ursprünglichen DNA-Strängen enthalten; die bei der Replikation neu synthetisierten, komplementären Stränge tragen kein Methylmuster. Eines der an der Reparatur beteiligten Enzyme sucht also auf dem DNA-Strang ohne Methylgruppen nach einer Mismatch-Stelle und dient weiteren Enzymen, die ein Stück um die Stelle mit der Fehlpaarung ausschneiden, als Orientierung. Anschließend wird die entstandene Lücke auf dem entsprechenden Strang wieder durch Neusynthese gefüllt.

Für die anspruchsvolleren Mechanismen der Mismatch-Reparatur haben Paul MODRICH und seine Mitarbeiter grundlegende Beiträge geleistet (IYER et al. 2006).

Reparatur komplexer DNA-Schäden

Weitere Schäden an der DNA werden zusammenfassend als komplexe DNA-Schäden bezeichnet; dazu gehören z. B. Schädigungen der DNA, die durch UV-Licht induziert werden. Im Bereich der Reparaturmechanismen für komplexe DNA-Schädigungen hat sich die Arbeitsgruppe von Aziz SANCAR verdient gemacht (SANCAR 2003).

Der Einfluss von UV-Licht kann z. B. verursachen, dass chemische Bindungen zwischen zwei N-Heterozyklen im DNA-Doppelstrang gebildet werden, die ein Ablesen bei Replikation oder Transkription verhindern oder zu Fehlern führen. Die Reparatur solcher komplexen Schäden erlaubt z. B. Bakterien zu überleben, auch wenn sie längere Zeit UV-Licht ausgesetzt waren. Auch bei Pflanzen sind diese Mechanismen bedeutsam.

Die biochemischen Mechanismen umfassen auch hier jeweils verschiedene und zusammenwirkende Enzyme, die bisher vor allem in Bakterien erforscht sind.

Resumee

Die erstaunlichen physikalisch-chemischen Eigenschaften der Nukleinsäuren (wie z. B. die komplementäre Basenpaarung durch Wasserstoffbrücken) bilden die Voraussetzung dafür, dass sie die Funktion als Träger und Vermittler der Erbinformation auf faszinierende Weise erfüllen können. Die 2015 mit dem Nobelpreis für Chemie ausgezeichneten Forschungen weisen jedoch klar darauf hin, dass DNA unter den in einer Zelle vorherrschenden Bedingungen eine begrenzte chemische Stabilität hat und durch chemische Reaktionen derart verändert werden kann, dass dies ohne Reparaturmechanismen für die betreffenden Lebewesen fatale Folgen hätte. Die Zellen enthalten aber umfangreiche, komplexe und hochspezifische Reparatursysteme, die die Erhaltung und fehlerarme Weitergabe der Erbinformation ermöglichen.

Bereits beim derzeitigen Stand der Erkenntnisse wird deutlich, dass die DNA zur Erfüllung ihrer Funktion als Informationsträger in ein komplexes System eingebettet sein muss, das Fehler detektiert, lokalisiert und repariert. Zunächst muss also für eine natürliche Entstehung des Genoms für lebende Zellen plausibel gemacht werden, wie Nukleinsäuren in ungesteuerten Reaktionsabläufen so synthetisiert werden, dass sie für den Organismus geeignete Information tragen. Für dieses Problem liegt derzeit weder für die chemischen noch für informationstheoretische Aspekte eine plausible und empirisch fundierte Lösung vor. Darüber hinaus müssen auch Wege aufgezeigt werden, wie sich *sehr rasch* ein komplexes und effektives Reparatursystem etablieren kann, das für eine langfristige Nutzung der DNA notwendig ist; darauf weisen die preisgekrönten Arbeiten hin. Die darin erwähnten Reparatursysteme weisen typische Kennzeichen teleologischer Strukturen auf: Sie sind auf Zukunft angelegt, nämlich auf das zu erwartende Auftreten von Fehlern und auf den lebensnotwendigen längerfristigen Erhalt der Erbsubstanz. Gleichzeitig sind sie aufwändig und vielseitig und somit deutliche Indizien auf einen Schöpfer.

Anmerkung

¹ „It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material.“

Literatur

- CARELL T (2015a) Die Erbgut-Reparaturen. Nachrichten aus der Chemie 63, 1065–1067.
- CARELL T (2015b) DNA-Reparatur. Angew. Chem. Int. Ed. 54, 15330–15333; Angew. Chem. 127, 15546–15549.
- CHARGAFF E (1971) Preface to a grammar of biology. Science 172, 637–642.
- DAHM R (2008) Discovering DNA: Friedrich Miescher and the early years of nucleic acid research. Hum. Genet. 122, 565–581.
- IVER RR, PLUCIENNIC A, BURDETT V & MODRICH PL (2006) DNA mismatch repair: functions and mechanisms. Chem. Rev. 106, 302–323.
- SADEGHIAN K, FLAIG D, BLANK ID, SCHNEIDER S, STRASSER R, STATHIS D, WINNACKER M, CARELL T & OCHSENFELD C (2014) Ribose-protonated DNA base excision repair: a combined theoretical and experimental study. Angew. Chem. 126, 10208–10212.
- SANCAR A (2003) Structure and function of DNA Photolyase and Cryptochrome blue-light Photoreceptors. Chem. Rev. 103, 2203–2237.
- WATSON JD & CRICK FHC (1953) Molecular structure of nucleic acids. Nature 171, 737–738.

Ist der Erreger der Beulenpest erst vor 3000 Jahren entstanden?

Historische Evolution kann man nicht direkt beobachten. Deshalb haben sich Evolutionsbiologen lange gewünscht, DNA-Sequenzen von fossilen Organismen zu kennen. Inzwischen kann man sogar fossile Genome (= komplettes Erbgut) sequenzieren. Mehrere fossile und noch dazu sehr gut datierte Genome des Pestbakteriums *Yersinia pestis* legen nahe, dass der gefürchtete Erreger der Beulenpest erst vor etwa 3000 Jahren entstanden ist. Damit ist der Pesterreger ein Beispiel dafür, dass die Sequenzierung fossiler DNA die historische Evolutionsbiologie in eine neue Ära führt.

Siegfried Scherer

Pest: Eine alte biologische Waffe

Yersinia pestis verursacht die Beulenpest und gehört damit zu den gefürchtetsten bakteriellen Krankheitserregern. Nicht erst heute ist der Erreger als Biowaffe im Gespräch. Es gibt Indizien dafür, dass der Pesterreger bereits im Jahr 1346 bei der Belagerung der Stadt Kafa durch die Tataren eingesetzt wurde. Die Belagerer sollen ihre Pesttoten über die Mauern der Stadt katapultiert haben (WHEELIS 2002). Die infizierten Flüchtenden könnten die verheerende mittelalterliche Pestpandemie („Schwarzer Tod“) in Europa mit einem Höhepunkt zwischen 1347–1353 ausgelöst haben, sie soll schätzungsweise 25 Millionen Todesopfer gefordert haben.

Beschreibungen von Epidemien, die mutmaßlich auf *Yersinia pestis* zurückgehen, kennt man schon aus dem 5. Jahrhundert vor Christus und man weiß heute, dass auch die spätantike Justinianische Pandemie, welche zur Zeit des oströmischen Kaisers Justinian (527–565) grassierte, mit großer Wahrscheinlichkeit durch *Yersinia pestis* verursacht wurde. Die dritte Pandemie begann in der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts und forderte wohl weit über 10 Millionen Todesopfer. Zwischen diesen drei Pandemien traten immer wieder kleinere Epidemien in Europa und in Asien auf und bis heute ist *Yersinia pestis* eine Bedrohung für den Menschen (BOIRE 2013).

Während der dritten Pandemie wurde der Erreger von dem französischen Arzt Alexandre YERSIN isoliert und die Übertragung durch Flöhe konnte aufgeklärt werden. *Yersinia pestis* ist ein Gram negatives Bakterium aus der Familie der Enterobacteriaceae, zu welchen unter anderem Bakterien wie *Escherichia coli* gehören, die den Darm von vielen Tieren besiedeln. Die Herkunft der zahlreichen Gene, welche den Pesterreger zu einem der gefährlichsten bakteriellen Krankheitserreger der Menschheitsgeschichte machen („Virulenzfaktoren“), ist noch ungeklärt, derzeit existiert eine Reihe unterschiedlicher Hypothesen.

Taxonomische Stellung von *Yersinia pestis*

Zur Gattung *Yersinia* zählt man heute rund 20 Arten. Darunter finden sich neben dem Pesterreger die pathogenen Species *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis*, die beim Menschen die Yersiniose auslösen, eine durch Lebensmittel übertragene Erkrankung des Gastrointestinaltraktes, zuweilen kommt es in Folge auch zur Infektion von Gelenken und der Skelettmuskulatur. Für die Übertragung dieser Erreger ist ihre Kältetoleranz wichtig, wodurch sie sehr gut in gekühlten Lebensmitteln wachsen können

(NEUHAUS et al. 2003). Heute hat man Hinweise darauf, dass ein natürliches Reservoir von *Y. enterocolitica* möglicherweise Insekten sind, weil das Bakterium insektizide Toxine produziert (FUCHS et al. 2008).

Y. enterocolitica gehört zu einer anderen Speciesgruppe der Gattung *Yersinia* als der Pesterreger und man vermutet, dass die krankmachenden Eigenschaften der humanpathogenen *Yersinia*-Arten unabhängig voneinander in einer Parallel-evolution entstanden sind (REUTER et al. 2014). *Y. pseudotuberculosis* und *Y. pestis* sind sehr eng miteinander verwandt, bei Anwendung etablierter taxonomischer Kriterien dürfte man den Pesterreger keinesfalls als eigene Art führen, doch man hat das Bakterium aufgrund seiner hochgefährlichen Eigenschaften in einer eigenen Art belassen. Einen ähnlichen Fall findet man bei dem ebenfalls biowaffentauglichen, extrem gefährlichen Milzbranderreger *Bacillus anthracis*, welcher genetisch lediglich eine wenig unterschiedliche Variante des vergleichsweise harmlosen Durchfallerregers *Bacillus cereus* ist (BOHM et al. 2015).

Innerartliche Biodiversität des Pesterregers: Darwin'sche oder Neutrale Evolution?

Insgesamt wurden Hunderte kompletter *Y. pestis*-Genome von Isolatn aus aller Welt sequenziert. Beim Vergleich dieser Genome fällt auf, dass im Gegensatz zur Umgruppierung von Genen durch Rekombination (Änderung der Reihenfolge der Gene auf dem Chromosom) nur sehr wenige Punktmutationen vorkommen. Man kann analysieren, wie viele dieser Punktmutationen in proteincodierenden Genen eine Aminosäureänderung ergeben (dann spricht man von nicht-synonymen Mutationen, dN) und wie viele stille Mutationen vorkommen, welche nicht zu einer Änderung der Aminosäuresequenz führen (= synonyme Mutationen, dS). Vereinfachend gilt, dass stille Mutationen neutral sind, also nicht der Selektion unterliegen, denn sie verändern nicht die Funktion der

codierten Proteine. Nichtsynonyme Mutationen führen dagegen oft zu Verschlechterungen oder in Ausnahmefällen auch zur Verbesserung einer Proteinfunktion (zuweilen sind sie auch neutral) und unterliegen daher der negativen oder positiven Selektion. An dem Verhältnis von dS und dN kann man erkennen, ob bei der Evolution einer Gruppe Selektion eine Rolle spielte, dann liegt Darwin'sche Evolution vor, oder ob keine Selektion nachgewiesen werden kann, dann liegt Neutrale Evolution vor (SCHERER 2013).

Eine solche Analyse ergab bei *Y. pestis* sehr deutliche Hinweise darauf, dass die intraspezifische molekulare Diversität zum weit überwiegenden Teil nicht durch Darwin'sche Selektion, sondern durch neutrale Evolution entstanden ist (ACHTMAN et al. 1999). Das Vorliegen neutraler Evolution ist ein Argument dafür, dass eine hypothetische Molekulare Uhr eher mit konstanten Raten „tickt“.

Wann ist der Pesterreger entstanden?

In einer vielbeachteten Arbeit von 1999 schlugen ACHTMAN et al. aufgrund der Anwendung der molekularen Uhr vor, dass der Pesterreger erst vor 1500–20 000 Jahren aus *Y. pseudotuberculosis* hervorging, das wäre relativ kurz vor den ersten bekannten Pestepidemien gewesen (ACHTMAN et al. 1999). Sie schlossen das aufgrund von zwei Beobachtungen: Sechs Gene, deren Sequenzen aus über 30 aus der ganzen Welt isolierten *Y. pestis*-Stämmen teilsequenziert wurden, wiesen keinerlei Unterschiede auf (extrem klonale Populationsstruktur) und diese Gene waren nahezu identisch mit den entsprechenden Genen aus *Y. pseudotuberculosis*.

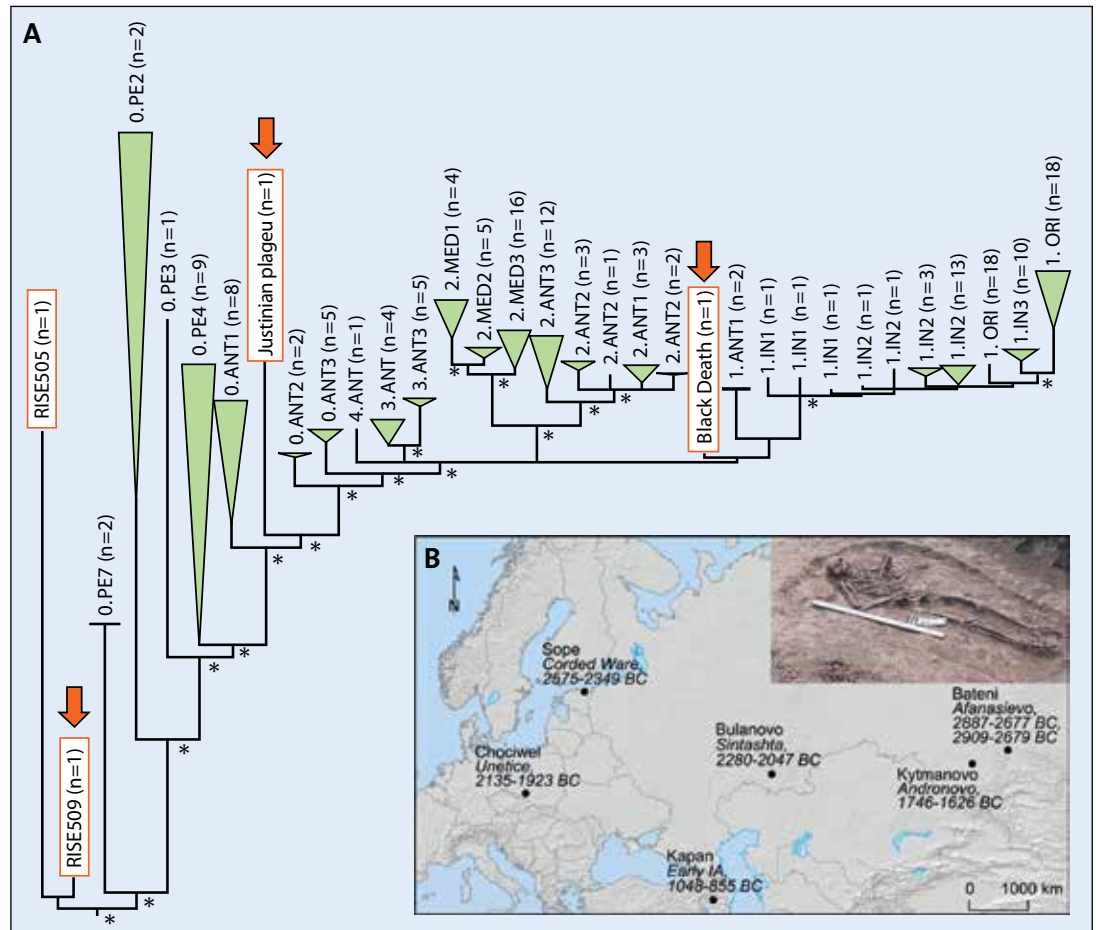
Neun Jahre später revidierte ACHTMAN seine Einschätzung (ACHTMAN 2008). Er nannte eine ganze Reihe von Gründen, warum die molekularen Uhren von Bakterien keine verlässlichen Altersangaben liefern; eines der Hauptprobleme ist die problematische Eichung der Uhren, die aufgrund hochspekulativer Annahmen erfolgt.

Tab. 1 Zusammenstellung der bekannten fossilen *Y. pestis*-Genomsequenzen. Die Sequenzierabdeckung gibt an, wie viele Sequenzen aus fossilem Material pro Zielsequenz erreicht wurden. Je höher die Sequenzierabdeckung, desto zuverlässiger kann die Sequenz des fossilen Genoms ermittelt werden. * Die aus einem auf ca. 950 Jahre vor Christus datierten Skelett stammende *Y. pestis*-Sequenz enthielt zum ersten Mal das *ymt*-Gen, welches für die Besiedlung von Flöhen durch *Y. pestis* erforderlich ist. Erst die Übertragung des Erregers durch den Biss eines infizierten Flohs führt zur epidemischen Beulenpest.

Zeitliche Einordnung	Zahl der Skelette	Sequenzierabdeckung	Erkrankungstyp	Referenz
„Schwarzer Tod“ 1346 – 1352 AC	1	22x	Beulenpest	Bos et al. 2011
Justinianische Pest 541 – 543 AC	2	5x	Beulenpest	Wagner et al. 2014
Pestinfektionen der Bronzezeit ca. 950 v. Chr.	1	0,25x	Beulenpest*	Rasmussen et al. 2015
ca. 1700 v. Chr.	1	8x	Lungenpest	
ca. 2000 – 2400 v. Chr.	3	0,14 – 0,82x	Lungenpest	
ca. 2700 – 2800 v. Chr.	2	0,2 – 29x	Lungenpest	

Abb. 1 A Stammbaum heutiger und fossiler (rote Pfeile) *Y. pestis*-Genome. „RISE505“ (ca. 1700 Jahre v. Chr.) und „RISE509“ (ca. 2850 Jahre v. Chr.) sind zwei bronzezeitliche Genome. Das Genom „Justinian plague“ wurde auf etwa 540 Jahre datiert und „Black Death“ bezeichnet ein Genom aus der Pestepidemie um 1350 n. Chr. Die unterschiedlichen Astlängen einzelner Abstammungslinien weisen auf unterschiedliche Evolutionsgeschwindigkeiten, d. h. verschiedene Ganggeschwindigkeiten der molekularen Uhr, hin.

B Karte der archäologischen Fundstellen bronzezeitlicher Skelette mit Datierungen, in deren Zähnen *Y. pestis*-DNA gefunden wurde. (Aus RASMUSSEN et al. 2015, Abb. 1 und Abb. 4B, <http://dx.doi.org/10.1016/j.cell.2015.10.009>; CC BY 4.0)



Als einzigen Ausweg aus dem Eichungsdilemma nannte ACHTMAN verlässlich datierte fossile DNA-Sequenzen, die aber 2008 nicht vorhanden waren.

Nahezu komplette Genome von fossilen Pesterregern

Nur drei Jahre später publizierten Bos et al. (2011) die DNA-Sequenz eines nahezu kompletten *Yersinia pestis*-Genoms, welches aus den Zähnen von Pesttoten eines Londoner Friedhofs aus der Pandemie von 1346–1352 gewonnen wurde (Tab. 1, Abb. 1). Dieses Genom unterschied sich von einem heutigen *Y. pestis*-Genom überraschenderweise nur durch 97 Punktmutationen an insgesamt rund 4 Millionen chromosomalen Basenpaaren. Dieser Stamm gehörte zu den Vorfahren aller späteren in Europa auftretenden Pestepidemien. Erstmals konnte die molekulare Uhr an einem fossilen, exakt datierten Genom geeicht werden. Allerdings fanden CUI et al. (2013) nur zwei Jahre später durch Vergleich von 133 kompletten heutigen *Y. pestis*-Genomen mit diesem fossilen Genom, dass die Raten der molekularen *Y. pestis*-Uhr stark variieren (CUI et al. 2013). Sie liegen zwischen 3×10^{-9} – 130×10^{-9} Nukleotidaustauschen pro DNA-Position und pro Jahr – das ist eine Schwankung um einen Faktor größer 40.

Im Jahr 2014 legten WAGNER et al. die nahezu kompletten Genomsequenzen von zwei weiteren *Y. pestis*-Stämmen aus dem Bajuwarenring-Friedhof von Aschheim in Bayern vor, der aus der Zeit der Justinianischen Pestepidemie (ca. 540–543 n. Chr.) stammt (WAGNER et al. 2014). Nur ein Jahr später erfolgte die Sequenzierung von sieben *Y. pestis*-Genomen aus bronzezeitlichen Skeletten (Abb. 1B), die ein durch Dendrochronologie geeichtes Radiokarbonalter von ca. 950–3000 Jahren v. Chr. aufwiesen (RASMUSSEN et al. 2015, Tab. 1). Damit ist insgesamt eine fossile, relativ breite und sehr genau datierte Datenbasis gegeben, um durch statistische Methoden den Zeitpunkt der Entstehung des Pesterregers durch eine fossil geeichte molekulare Uhr einzugrenzen. Die derzeitigen Befunde lassen eine Reihe von nachfolgend genannten Schlussfolgerungen zu (vgl. Abb. 2). Diese Schlussfolgerungen stehen allerdings unter dem Vorbehalt einer zwar substantiellen, aber immer noch zu schmalen fossilen Datenbasis. Sowohl neue fossile Sequenzen als auch neue Genome heutiger *Y. pestis*-Stämme könnten das Bild deutlich ändern.

- Der aus einem bronzezeitlichen Skelett isolierte *Y. pestis*-Stamm RISE509 steht an der Basis aller fossilen und heutigen *Y. pestis*-Stämme, deren Ursprung vor etwa 5000–7000 Jahren anzusetzen ist (Abb. 2).

- Die frühen bronzezeitlichen Erreger konnten nur die Lungenpest auslösen, weil ihnen das

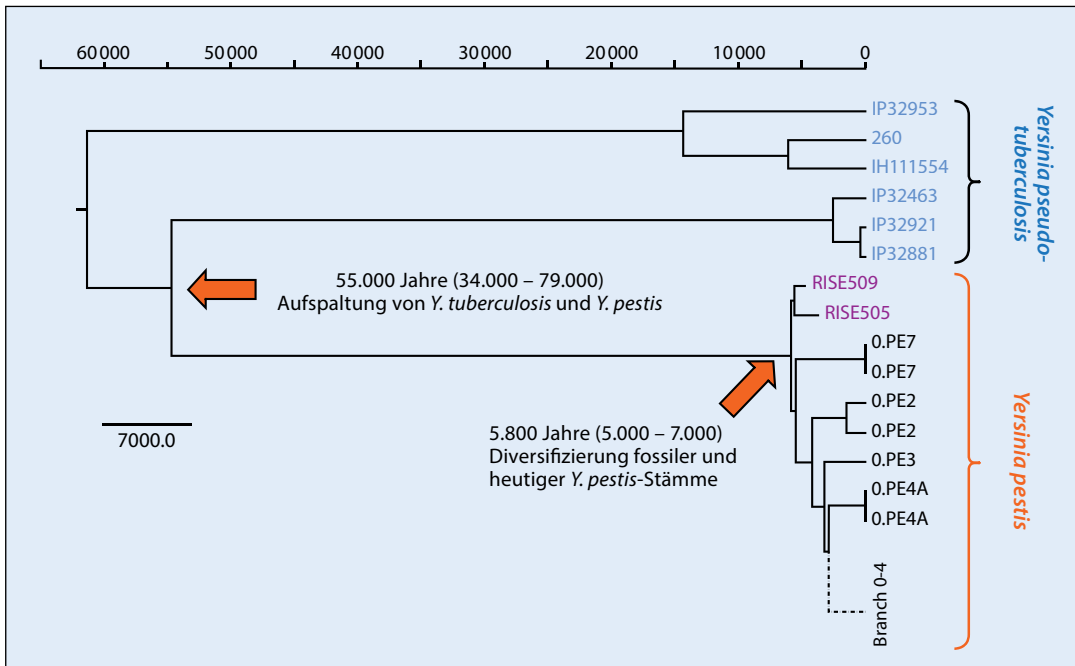


Abb. 2 Durch ein komplexes statistisches Verfahren wurde aus den fossilen und heutigen *Y. pestis*-Genomsequenzen sowie aus den direkten Datierungen der fossilen Proben eine molekulare Uhr berechnet. Je weiter die Aufspaltungsereignisse zurück liegen, desto größer wird der potentielle Fehler der molekularen Uhr. (Nach RASMUSSEN et al. 2015, Abb. 4C, <http://dx.doi.org/10.1016/j.cell.2015.10.009>; CC BY 4.0)

Gen *ymt* fehlte, welches für die stabile Besiedlung von Flöhen durch *Y. pestis* nötig ist. Der Erreger der Beulenpest entstand daher wohl erst vor etwa 3000 Jahren, denn im spätbronzezeitlichen Isolat von 950 v. Chr. wurde dieses Gen erstmalig gefunden (vgl. Tab. 1).

- Der Erreger der Justinianischen Pestpandemie könnte unabhängig vom Erreger der Schwarzen Pestpandemie aus einer Nagetierpopulation auf den Menschen übertragen worden sein.

- *Yersinia pestis* ist tatsächlich eine extrem klonale Art (s. o.), die taxonomisch zu *Y. pseudotuberculosis* gehört, von der sie sich vor rund 55.000 Jahren getrennt hat (Abb. 2).

Wenn man die an den fossilen, datierten *Y. pestis*-Genomen geeichte molekulare Uhr spekulativ auf die Gattung *Yersinia* überträgt, könnte diese möglicherweise nur eine Million Jahre alt sein, was im Gegensatz zu früheren Schätzungen von 41–186 Millionen Jahren steht (ACHTMAN et al. 1999). Falls die für *Y. pestis* abgeschätzte Ganggeschwindigkeit der molekularen Uhr auch für andere Enterobakterien gelten sollte (was man allerdings noch nicht gemessen hat), dann könnte auch die oft zitierte, auf ca. 140 Millionen Jahre geschätzte Aufspaltung von *Escherichia* und *Salmonella* (OCHMAN & WILSON 1987) um zwei Größenordnungen zu hoch gegriffen sein.

Literatur

ACHTMAN M (2008) Evolution, population structure, and phylogeography of genetically monomorphic bacterial pathogens. *Annu. Rev. Microbiol.* 62, 53–70.
 ACHTMAN M, ZURTH K, MORELLI G, TORREA G, GUIYOULE A & CARNIEL E (1999) *Yersinia pestis*, the cause of plague, is a recently emerged clone of *Yersinia pseudotuberculosis*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 96, 14043–14048.

BOHM ME, HUPTAS C, KREY VM & SCHERER S (2015) Massive horizontal gene transfer, strictly vertical inheritance and ancient duplications differentially shape the evolution of *Bacillus cereus* enterotoxin operons hbl, cytK and nhe. *BMC Evol. Biol.* 15, 246.
 BOIRE NA, RIEDEL VAA, PARRISH NM & RIEDEL S (2013) Lessons learned from historic plague epidemics: The relevance of an ancient disease in modern times. *J. Anc. Dis. Prev. Rem.* 2, 1–17.
 BOS KI, SCHUENEMANN VJ, GOLDING GB, BURBANO HA, WAGLECHNER N, COOMBS BK, MCPHEE JB, DEWITTE SN, MEYER M, SCHMEDES S et al. (2011) A draft genome of *Yersinia pestis* from victims of the Black Death. *Nature* 478, 506–510.
 CUI Y, YU C, YAN Y, LI D, LI Y, JOMBART T, WEINERT LA, WANG Z, GUO Z, XU L et al. (2013) Historical variations in mutation rate in an epidemic pathogen, *Yersinia pestis*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 110, 577–582.
 FUCHS TM, BRESOLIN G, MARCINOWSKI L, SCHACHTNER J & SCHERER S (2008) Insecticidal genes of *Yersinia* spp.: taxonomical distribution, contribution to toxicity towards *Manduca sexta* and *Galleria mellonella*, and evolution. *BMC Microbiol.* 8, 214.
 NEUHAUS K, ANASTASOV N, KABERDIN V, FRANCIS KP, MILLER VL & SCHERER S (2003) The AGUAAA motif in cspA1/A2 mRNA is important for adaptation of *Yersinia enterocolitica* to grow at low temperature. *Mol. Microbiol.* 50, 1629–1645.
 OCHMAN H & WILSON AC (1987) Evolution in bacteria: evidence for a universal substitution rate in cellular genomes. *J. Mol. Evol.* 26, 74–86.
 RASMUSSEN S, ALLENTOF ME, NIELSEN K, ORLANDO L, SIKORA M, SJOGREN KG, PEDERSEN AG, SCHUBERT M, VAN DAM A, KAPEL CM et al. (2015) Early divergent strains of *Yersinia pestis* in Eurasia 5,000 years ago. *Cell* 163, 571–582.
 REUTER S, CONNOR TR, BARQUIST L, WALKER D, FELTWELL T, HARRIS SR, FOOKES M, HALL ME, PETTY NK, FUCHS TM et al. (2014) Parallel independent evolution of pathogenicity within the genus *Yersinia*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 111, 6768–6773.
 SCHERER S (2013) Molekulare Evolutionsmechanismen. In: JUNKER R & SCHERER S (Hrsg) *Evolution, ein kritisches Lehrbuch*. Gießen, S. 138f. und S. 170f.
 WAGNER DM, KLUNK J, HARBECK M, DEVAULT A, WAGLECHNER N, SAHL JW, ENK J, BIRDSSELL DN, KUCH M, LUMIBAO C et al. (2014) *Yersinia pestis* and the plague of Justinian 541–543 AD: a genomic analysis. *Lancet Infect Dis.* 14, 319–326.
 WHEELIS M (2002) Biological warfare at the 1346 siege of Caffa. *Emerg Infect Dis.* 8, 971–975.

Ringwoodit: Gigantische Wasserreservoirs in großer Tiefe?

Der erstmalige Fund des Minerals Ringwoodit in einem Diamanten erhärtet die Vorstellung, dass die Übergangszone vom oberen zum unteren Erdmantel wasserhaltig ist, und zwar in Form von im Kristallgitter eingebauten (OH)-Gruppen. Wird dieser Fund als repräsentativ für die gesamte Zone erachtet, so befänden sich in großer Tiefe Wasserreservoirs, die umgerechnet das Mehrfache der Wassermenge der heutigen Ozeane enthielten. Das Phänomen in Verbindung mit dieser Dimension erinnert an die in der Bibel erwähnten „Quellen der großen Tiefe“.

Michael Kotulla

Einführung

Einen unmittelbaren Einblick in den tieferen Untergrund der Erde ist dem Menschen verwehrt; die Erforschung des Erdinneren erfolgt fast ausnahmslos auf indirektem Wege, beispielsweise durch theoretische Überlegungen, Experimente oder seismische Tomographie* (vgl. KOTULLA 2014b). Seismische Analysen haben Diskontinuitäten – sprunghafte Anstiege in der Geschwindigkeit der Ausbreitung seismischer Wellen – bei etwa 410 und 660 km Tiefe aufgezeigt.¹ Diese rund 250 km mächtige Schale wird als Übergangszone definiert und trennt den oberen vom unteren Erdmantel (Abb. 4, rechter Teil). Die Diskontinuitäten in den Grenzbereichen werden auf Änderungen der Mineralphase und/oder des Chemismus zurückgeführt. So

wird angenommen, dass das Mineral Olivin – $(\text{Mg,Fe})_2\text{SiO}_4$ – den Hauptbestandteil des oberen Erdmantels bildet (Abb. 1). Die Übergangszone dagegen soll hauptsächlich von den Hochdruck-Modifikationen* des Olivins, den dichter gepackten Mineralen Wadsleyit und Ringwoodit², aufgebaut sein.

Ob die Mantelübergangszone (nahezu) wasserlos oder wasserhaltig ist, wird seit Jahrzehnten insbesondere im Kontext des plattentektonischen Konzepts (z. B. Wasser als „Schmiermittel“) kontrovers diskutiert. Direkte Indizien, die wesentlich zur Klärung dieses Problems hätten beitragen können, gab es bisher nicht. Zwar ist Ringwoodit zuerst in Meteoriten entdeckt worden, und künstlich konnten kleine Kristalle (Abb. 2) schon Mitte der 1990er-Jahre hergestellt werden, aber eine Probe aus dem tieferen Erdmantel existierte bislang nicht. Durch weitere Laborexperimente war allerdings bekannt (u. a. KOHLSTEDT et al. 1996), dass Ringwoodit aufgrund seiner spezifisch „lückenhaften“ Kristallstruktur flexibel – wie ein Schwamm – OH-Gruppen (Hydroxyl) aufnehmen kann, die umgerechnet Wassergehalten bis zu 2,5 Gewichtsprozent (Gew.-%) entsprechen. Dieses Vermögen hat gewöhnlicher Olivin nicht.

Abb. 1 Olivinbombe. Fremdgesteinseinschluss (Xenolith) aus den Tephra-Ablagerungen des Laacher-See-Vulkans, Eifel. Das Bruchstück von Mantelgestein (Peridotit*) ist von der aufsteigenden Magma mitgerissen worden und zeigt die Tiefenlage des Quellgebietes der Magma an (einige 10er km Tiefe). Breite: ca. 7 cm. Sammlung/Foto: M. KOTULLA.

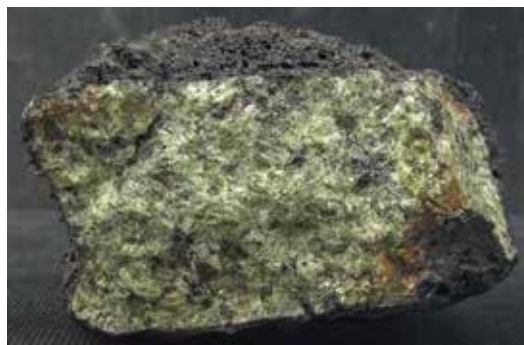
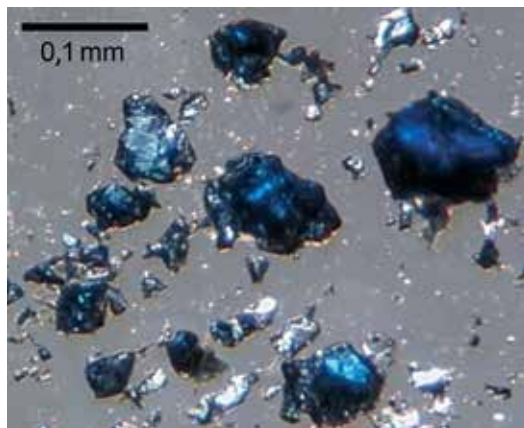


Abb. 2 Fragmente im Labor erzeugter (synthetischer) Ringwoodit-Mineralen. Synthese/Foto: S. JACOBSON; freundliche Zurverfügungstellung.



Ringwoodit-Einschluss in Diamanten

2009 entdeckte John McNEILL bei einer Nachuntersuchung einen grünlichen, 40 Mikrometer kleinen Einschluss in einem in 2008 angekauften brasilianischen Diamanten (Abb. 3), der unweit eines Kimberlitschlots* in einer Diamantseife* kommerziell gewonnen worden war. Dem Fund folgte ein mehrjähriger Analyse-Marathon, an dem etliche Institute weltweit beteiligt waren. Dabei wurden ausschließlich Methoden bzw. Verfahren angewendet³ – u. a. Synchrotron-Computertomografie, Einkristall-

Der Diamant mit dem Ringwoodit-Einschluss ist aus Hunderten Kilometern Tiefe mit bis zu Schallgeschwindigkeit an die Erdoberfläche katapultiert worden.

Röntgenstrukturanalyse, Raman- und Fourier-Transform-Infrarotspektroskopie –, die keine Extraktion erforderten, also den Originalzustand des umschließenden Diamanten bewahrten.

Schließlich stand fest (PEARSON et al. 2014): Bei dem Einschluss handelt es sich um ein Ringwoodit/Walstromit-Mineralpaar. Der mit Hilfe des Infrarotspektrums geschätzte Wassergehalt des Ringwoodits liegt bei 1,4 bis 1,5 Gew.-% (Abb. 4) mit einer Unsicherheit von 50 %; die relativ hohe Unsicherheit ist auch dem unmittelbar angrenzenden („störenden“) Walstromit* geschuldet. Zur Verifizierung des Ergebnisses erfolgte ein Vergleich mit Spektren synthetischer, wasserhaltiger Proben. Damit haben die Autoren einen ersten direkten Nachweis erbracht, dass die Übergangszone – zumindest lokal – wasserhaltig ist, bis zu 1 Gew.-%.

Der Fund zeige des Weiteren an, dass einige Kimberlite ihren primären Ursprung in dieser tiefen Mantelregion gehabt haben müssen. Und in Bezug auf die eingangs erwähnte Problemstellung sagt Co-Autor NASDALA (zitiert in SCHREIBER 2014): „Die Theorie, dass die heiße Schmelze im Erdmantel wasserfrei sei, haben wir damit widerlegt.“ Nach dieser Studie haben PEARSON und seine Kollegen ein weiteres, wasserhaltiges Ringwoodit-Kristall gefunden, sodass „die Indizienlage nun sehr solide ist“ (PEARSON zitiert in COGHLAN 2014).

Übergreifend heben PEARSON et al. (2014) – quasi als Tatsache – hervor: „Der letztendliche Ursprung des Wassers in der Hydrosphäre* der Erde ist in der tiefen Erde, dem Erdmantel.“⁴



Abb. 3 Der Diamant (Längserstreckung 5 mm) aus Brasilien, bei dem John McNEILL 2009 den winzigen Einschluss (40 µm) eines Ringwoodit/Walstromit-Mineralpaares entdeckte (siehe Markierung). Der Diamant wurde aus alluvialen Ablagerungen nahe des Rio Aripuana gewonnen, unweit eines Kimberlitschlots, und für \$20 erworben. S. auch Abb. 4. © University of Alberta, Edmonton, Kanada; freundliche Zurverfügungstellung.

Eine Wasserfalle im Inneren der Erde?

SCHMANDT et al. (2014) verknüpften Hochdruck-Laborexperimente und seismische Tomographie, um gegenwärtige Prozesse im Grenzbereich der Übergangszone zum unteren Erdmantel (660-km-Diskontinuität, vgl. Abb. 4) zu entschlüsseln.

Im experimentellen Teil setzten JACOBSON und Kollegen synthetisches Ringwoodit mit 1 Gew.-% H₂O (blauer Kristall in Abb. 5B) in einer Diamantstempelpresse einem Druck von 30 GPa* aus und erhitzen den Kristall punktuell mit einem Laser auf 1600 °C. Damit waren die angenommenen Druck- und Temperaturbedingungen 660 km unter Nordamerika nachgestellt worden. Der so herbeigeführte und beobachtbare Übergang von Ringwoodit zu Silikat-Perowskit⁵ – (Mg,Fe)SiO₃ – und Magnesiowüstit – (Mg,Fe)O – erfolgte unter Bildung von Schmelze zwischen den Mineralkorngrenzen (intergranular, Abb. 5C). Der Schmelzprozess kommt nur bei wasserhaltigem Ringwoodit in Gang. Das „Wasser“ wird regelrecht „ausgequetscht“ (Ringwoodit wird dehydratisiert); der Prozess wird demzufolge Dehydratationsschmelzen genannt. Silikat-Perowskit kann kein Wasser absorbieren.



Abb. 4 Wasserreicher Ringwoodit. Der im Diamant eingeschlossene Ringwoodit stammt ursprünglich aus einer Tiefe von 410 bis 660 km (Übergangszone oberer zu unterer Mantel). Er enthält umgerechnet etwa 1,5 Gew.-% Wasser. Der Fund erhärtet die Annahme, dass die Übergangszone insgesamt wasserreich ist. Grafik: © University of Alberta, Edmonton, Kanada; freundliche Zurverfügungstellung – Deutsche Überarbeitung: M. KOTULLA und F. MEYER (Original: ALARY 2014; Titel siehe Grafik rechts unten).

Glossar

Diamantseife: Sekundäre Anreicherung von Diamanten (Lagerstätte) in Sedimenten; hier in Form einer alluvialen Seife oder Flusssseife (Transport durch fließende Gewässer).

GPa: Gigapascal, 10⁹ Pascal; 1 bar = 10⁵ Pa, d. h. ein Druck von 30 GPa entspricht etwa dem 300 000-fachen des Normaldrucks (1013,25 mbar).

Hochdruck-Modifikation: Unter hohem Druck gebildete Modifikation eines Stoffes (Minerals), z. B. Diamant vom Kohlenstoff.

Hydrosphäre: Hier im weiteren Sinne das Wasser an oder nahe der Erdoberfläche, der bedeckende Teil (Flüsse, Seen, Meere), der in fester Form gebundene Teil (Eisschilde, Gletscher etc.) sowie Wasser des flacheren Untergrundes.

Kimberlitschlot: Bildung eines hochexplosiven Vulkanismus; in nur wenigen

Stunden wird Material aus Hunderten von Kilometern Tiefe in einem gesprengten senkrechten Aufstiegskanal (Schlot) an die Oberfläche befördert – die letzten Kilometer sogar mit Schallgeschwindigkeit. Das vulkanische (Trümmer-)Gestein im Schlot wird Kimberlit genannt; es enthält häufig Diamanten.

Peridotit: Gestein, aus welchem der größte Teil des Erdmantels besteht; mit hohen Anteilen an Olivin.

Phasenübergang: Hier Änderungen der Phasenzustände von Mineralen in Abhängigkeit von Druck und Temperatur.

Seismische Tomographie: Die Durchleuchtung und Sichtbarmachung von Strukturelementen des Erdinneren, ähnlich dem Prinzip einer Röntgen-Computertomographie.

Walstromit: Mineral mit der chemischen Formel BaCa₂(Si₃O₉).

Im seismischen Teil interpretierten SCHMANDT und Kollegen Daten des Seismometer-Netzwerkes USArray (MELTZER et al. 1999, KOTULLA 2014b) unterhalb der Great Plains und der US-kanadischen Grenze auf Grundlage eines Mantelzirkulationsmodells als einen Abwärtsfluss von Mantelmaterial. Diese Bewegungen führen sie auf unter Zentral- und Nordamerika (weiter) absinkende, subduzierte Platten zurück. Unmittelbar unterhalb der 660-km-Grenze war eine abrupte Reduzierung der Wellengeschwindigkeit festzustellen. Diese wurde als partielle Schmelze des Gesteins (um 1 %) gedeutet, wie es die experimentellen Ergebnisse aufgezeigt hatten. Ein analoger Prozess wurde auch für die 410-km-Grenze angenommen. Sie folgern abschließend, dass die Kombination des Dehydratationsschmelzens beim Absinken über die

660-km-Grenze und beim Aufsteigen über die 410-km-Grenze, wenn wasserreicher Wadsleyit in das stabile (wasserlose) Olivin-Feld gelangt, eine Langzeit-Falle für das Wasser in der Übergangszone schaffen könnte.

Aufgrund ihrer Ergebnisse gehen SCHMANDT et al. (2014) davon aus, dass zumindest eine große Region der Übergangszone – nämlich die untersuchte – wasserreich ist.

Mögliche Dimension der Wasserreservoirs

In den Fachartikeln werden keine Aussagen zur möglichen Dimension der Wasserreservoirs im Inneren der Erde getroffen.⁶ Diese sind nur in begleitenden Kommentaren und Mitteilungen sowie wissenschaftsjournalistischen Beiträgen zu finden; sie sind durch zusätzlich erhaltene Informationen der beteiligten Forscher angereichert (u. a. Interviews).

In der *Nature*-Rubrik News & Views gibt KEPPLER (2014) umgerechnet eine Größe von 1,4 x 10²¹ kg Wasser an, unter der Annahme, dass die Ringwoodit-Probe mit einem Wassergehalt von etwa 1 Gew.-% für den unteren Bereich der Übergangszone (520 bis 660 km), in welcher Ringwoodit stabil sei, repräsentativ wäre. Dies entspricht der Masse aller heutigen Ozeane zusammen (Volumen 1,4 Milliarden km³).⁷ So auch PEARSON (zitiert in ALARY 2014): „(...) die Übergangszone könnte so viel Wasser haben wie alle Ozeane der Welt zusammen.“⁸

JACOBSON zufolge könnte, so schreibt LINGENHÖHL (2014), im Erdmantel „dreimal so viel Wasser vorhanden sein wie in allen Ozeanen der Erde zusammen.“ Das gleiche Verhältnis nennt auch COGHLAN (2014); ihm gegenüber macht JACOBSON deutlich: „Wir sollten für dieses tiefe Reservoir dankbar sein. Wenn es nicht

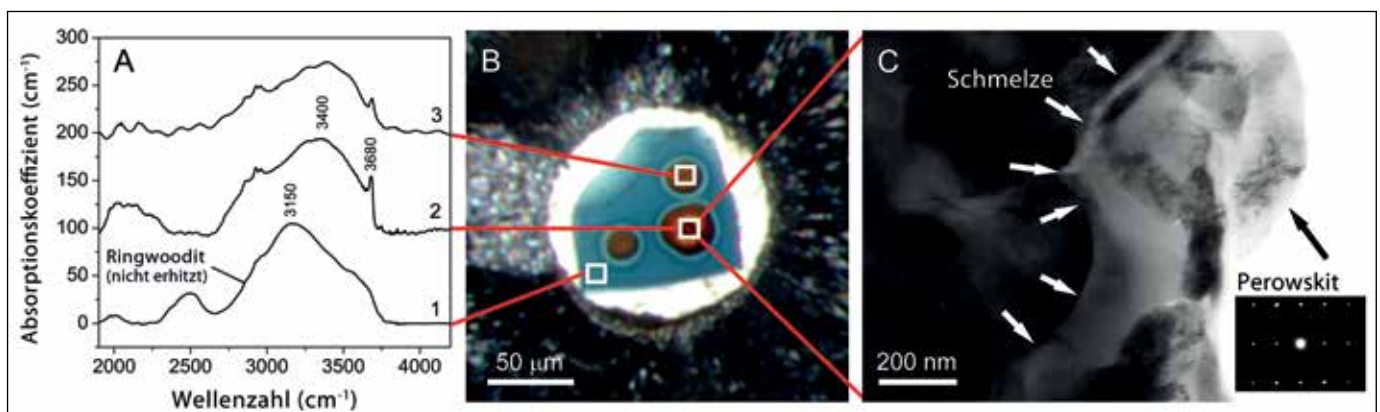


Abb. 5 Laborexperiment mit synthetischem, wasserhaltigem Ringwoodit (SCHMANDT et al. 2014). Nachbildung der Bedingungen in 660 km Tiefe und Auslösung eines Phasenübergangs*.

A Infrarotspektrum der drei markierten Zonen von B: Nicht erhitzter Bereich (Spektrum 1) sowie erhitzte Bereiche (Spektrum 2 und 3).

B Ringwoodit-Kristall (blau) mit 1 Gew.-% H₂O in einer Diamantstempelzelle unter einem Druck von 30 GPa. Der Kristall wurde mit einem Laser punktuell

auf 1600° C erhitzt (orangerote Kreise), um einen Übergang zu Silikat-Perowskit und Magnesiowüstit herbeizuführen.

C TEM-Aufnahme eines erhitzten Bereiches: Kristalle von Silikat-Perowskit sowie Schmelze in Form einer amorphen Masse zwischen den Mineralikorgrenzen. Erläuterung siehe Textteil. Grafik/Fotos: S. JACOBSEN (Co-Erstautor), Northwestern University, IL, USA; freundliche Zurverfügungstellung.

dort wäre, würde es sich auf der Oberfläche der Erde befinden und das einzige Land, das [aus dem Mega-Ozean, MK] herauschauen würde, wären Bergspitzen.“ Unklar ist, wie dieser um den Faktor 3 höhere Wert zustande kommt. Bezogen auf die konkreten Zahlen von KEPP-
LER (2014) könnte das Dreifache rechnerisch durch die Annahme eines Wassergehaltes von 1,5 Gew.-% (Faktor 1,5) und der Verbreitung über die gesamte Übergangszone (Faktor 2) gebildet werden (vgl. Abb. 4).

HARDY (2014) weist – unter Bezugnahme auf Co-Autor BRENNER und Kollegen und unter der Annahme einer gleichmäßigen Konzentration von 1 Gew.-% Wasser über die gesamte Übergangszone – sogar die „sechsfache der Wassermenge der heutigen Ozeane“ aus. Wie sich diese Größe errechnet, ist nicht angegeben.

Über die Fernsehprogrammzeitschrift *tv Hören und Sehen* hat die Meldung vom „Wasser im Erdmantel“ nach über einem Jahr auch einen größeren Teil der Allgemeinheit erreicht (Abb. 6). Die kurzen und sehr verdichteten Naturbeiträge sind auf Basis von Sekundärquellen i. d. R. fundiert recherchiert. ROGACKI (2015, 13) schreibt: „Der Geologe Steve Jacobson spricht von 4,2 Milliarden Kubikkilometern Wasser allein unter Nordamerika – mehr als das Dreifache des Volumens aller Weltmeere. Ließe man die Wassermassen auf die Erde regnen, würden nur noch die höchsten Gebirge aus dem auf diese Weise entstandenen Super-Ozean ragen ...“

„Wasser ändert über die Weise, wie ein Planet funktioniert, alles.“

Unabhängig davon, ob potentiell die 1-, 3- oder 6-fache Masse zutreffender ist, mag die sich erhärtende Vorstellung entscheidend sein, wie sie PEARSON formuliert: „Wasser ändert über die Weise, wie ein Planet funktioniert, alles“ (zitiert in ALARY 2014).

Ein Ozean tief in der Erde

„In mancher Hinsicht“, so KEPPLER (2014), „ist es ein Ozean im Inneren der Erde, wie es von Jules Verne in seinem Roman von 1864, *Reise zum Mittelpunkt der Erde*, (Fig. 1) [mit Bezug auf die entsprechende Illustration von Édouard Riou, MK] visualisiert ist, wenn auch nicht in der Form flüssigen Wassers, sondern als OH-Gruppen in einem ungewöhnlichen Mineral.“

Diese Assoziation greift auch HARDY (2014) auf; es sei mehr als nur Science Fiction: „Jules Vernes Vision von großen Wassermengen im Erdinneren konnte jetzt bestätigt werden.“ Oder (SCHIEFER 2014): „Jules Verne hatte recht: Es gibt auch im Erdinneren erhebliche Mengen Wasser.“



Grenzüberschreitungen

Die „Quellen der großen Tiefe“

Die Bibel⁹ berichtet im Buch Genesis von der Sintflut als einer umfassenden, globalen Katastrophe. Dabei scheint möglicherweise ein Großteil der Flutwasser dem Untergrund zu entstammen (Gen 7,11): „(...) an diesem Tag brachen alle Quellen der großen Tiefe auf, und die Fenster des Himmels öffneten sich.“ Hier werden keine wissenschaftlichen Begriffe verwendet, wie wir sie heute kennen. Es ist bildhafte, verdichtete und allgemeinverständliche Sprache – ähnlich wie sie teilweise auch im Wissenschaftsjournalismus Anwendung findet: „(...) Ozeane von Wasser tief in der Erde“ (FELLMANN 2014), „(...) gewaltige ‚Ozeane‘ unter der Erde“ (ALARY 2014) oder „Der Erde tiefes Wasserreservoir“ (KEPPLER 2014).

Der Bericht im Genesis-Buch enthält keine weiteren Einzelheiten. Es wird weder beschrieben, wie die Quellen beschaffen waren, noch aus welcher Tiefe die Wasser kamen. Das Phänomen allerdings – Wasser im Erdinneren – und die Dimension der Wasserreservoirs, die für eine globale Flutkatastrophe ausreichend waren, beides zusammen kann mit den mutmaßlichen „Ozeanen der Tiefe“ assoziiert werden.

Es soll damit keinesfalls gesagt werden, dass der vorsintflutliche Zustand der Situation gleichen könnte, die möglicherweise heute der Übergangszone des Erdmantels zugeschrieben wird, oder gar, dass die Flutwasser eventuell dieser Zone hätten entstammen können. Es soll vielmehr angedeutet werden, dass es grundsätzlich Möglichkeiten der Speicherung gigantischer Wassermassen im Erdinneren gibt und dass sich die Indizien für eine dieser Möglichkeiten nunmehr deutlich erhärtet haben.

Genesis 7 berichtet – unspezifisch – von „gigantischen Wasserreservoirs in großer Tiefe“.

Abb. 6 Der Artikel über einen „Ozean unter der Erde“ in der Fernsehprogrammzeitschrift *tv Hören und Sehen* (Ausgabe 40/2015). So erreichte die Meldung vom „Wasser im Erdmantel“ nach über einem Jahr auch einen größeren Teil der Allgemeinheit.

Eine Anerkennung setzt aber voraus, dass die Bibel als eine ernstzunehmende Erkenntnisquelle akzeptiert wird (vgl. KOTULLA 2014a).

Aktuell liegt das Wasser in der Übergangszone „gebunden“ vor – es wird auch hinsichtlich seines Flutpotentials (s. o., „nur noch die höchsten Gebirge würden aus dem Super-Ozean ragen“) gebunden bleiben. Denn es heißt weiter in Gen 9,12-15 mit Bezug auf die zuvor geschehene (universale) Flut: „Und Gott sprach: (...) dann werde ich an meinen Bund denken, der zwischen mir und euch und jedem lebenden Wesen unter allem Fleisch [besteht]; und nie mehr sollen die Wasser zu einer Flut werden, alles Fleisch zu vernichten.“

Anmerkungen

- ¹ Lokal davon abweichende Tiefenlagen, folglich auch teilweise unterschiedliche Dicken der Übergangszone.
- ² Benannt nach dem Geowissenschaftler Alfred Edward RINGWOOD (1930-1993), der Pionierarbeit leistete, die Diskontinuitäten als Phasenübergänge des Minerals Olivin anzusehen (vgl. RINGWOOD 1959).
- ³ Eine Beschreibung dieser Verfahren und Methoden ist nicht Gegenstand dieses Beitrages.
- ⁴ Diese Aussage zielt auf die Fragestellung, woher das Wasser auf der Erde kommt. Damit wird der Vorstellung widersprochen, dass wasserreiche Kometen und Asteroiden das Wasser aus dem Weltraum zur Erde gebracht haben sollen. Siehe beispielsweise auch HALLIS et al. (2015). In diesem Zusammenhang sei auf die grenzüberschreitende Anmerkung in diesem Journal, Ausgabe 21/2, S. 122-123 hingewiesen.
- ⁵ Neue Bezeichnung nach dem Physiker Percy William BRIDGMAN (1882-1961), genehmigt von der Internationalen Mineralogischen Vereinigung: Bridgmanit (TSCHAUNER et al. 2014), nachdem das Mineral erstmals in einem Meteoriten nachgewiesen werden konnte.
- ⁶ Diese „Zurückhaltung“ ist unverständlich. Bereits AHRENS (1989) mutmaßte zwei „Ozeane“ im Erdmantel: „Thus, plausible water budgets for the Earth's interior (mantle) are in the range of at least two oceans' worth.“ Oder BERGERON (1997): „You have oceans and oceans of water stored in the transition zone. It's sopping wet.“
- ⁷ Zum Vergleich: Das Gesamtvolumen der Grundwasser-Reservoirs in den oberen 2 km der kontinentalen Kruste beträgt nach einer aktuellen Schätzung etwa 23 Millionen km³ (GLEESON et al. 2016). Nur 6 % dieses Grundwassers ist weniger als 50 Jahre alt.

- ⁸ Ob solche extremen Extrapolationen zulässig sind, ist durchaus fraglich.
- ⁹ Die Bibelzitate entstammen der revidierten Fassung der Elberfelder Bibel (1985) in ihrer 4. bearbeiteten Auflage von 1992.

Literatur

- AHRENS TJ (1989) Water storage in the mantle. *Nature* 342, 122-123.
- ALARY B (2014) Rare mineral points to vast 'oceans' beneath the Earth. Pressemitteilung der University of Alberta vom 12. März 2014, Edmonton, Kanada.
- BERGERON L (1997) Deep Waters. *New Scientist* 155, 22-26.
- COGHLAN A (2014) Massive 'ocean' discovered towards Earth's core. *New Scientist* vom 12. Juni 2014.
- FELLMAN M (2014) New Evidence for Oceans of Water Deep in the Earth. Pressemitteilung vom 12. Juni 2014, Northwestern University, Evanston, IL, USA.
- GLEESON T, BEFUS KM, JASECHKO S, LUIJENDIJK E & CARDENAS B (2016) The global volume and distribution of modern groundwater. *Nature Geoscience* 9, 161-167.
- HALLIS LJ, HUSS GR, NAGASHIMA K, TAYLOR GJ, HALLDÖRSSON SA, HILTON DR, MOTTI MJ & MEECH KJ (2015) Evidence for primordial water in Earth's deep mantle. *Science* 350, 795-797.
- HARDY A (2014) Jules Vernes Vision bestätigt: Es gibt Wasser im Erdinneren. Pressemitteilung der Goethe Universität vom 13. März 2014, Frankfurt/M.
- KEPLER H (2014) Earth's deep water reservoir. *Nature* 507, 174-175.
- KOHLSTEDT DL, KEPLER H & RUBIE DC (1996) Solubility of water in the α , β and γ phases of (Mg,Fe)₂SiO₄. *Contrib. Mineral. Petrol.* 123, 345-357.
- KOTULLA M (2014a) Megafluten. *Stud. Integr. J.* 21, 4-11.
- KOTULLA M (2014b) Seismische Tomographie gewinnt an Schärfe. *Stud. Integr. J.* 21, 110-113.
- LINGENHÖHL (2014) Riesige Wassermassen im Erdinneren. *Spektrum der Wissenschaft*, 13. 6. 2014.
- MELTZER A, RUDNICK R, ZEITLER P, LEVANDER A, HUMPHREYS G, KARLSTROM K, EKSTRÖM G, CARLSON R, DIXON T, GURNIS M, SHEARER P & VAN DER HILT R (1999) USArray Initiative. *GSA Today*, November, 8-10.
- PEARSON DG, BRENNER FE, NESTOLA F, MCNEILL J, NASDALA L, HUTCHINSON MT, MATEEV S, MATHER K, SILVERSMITH G, SCHMITZ S, VEKEMANS B & VINCZE L (2014) Hydrous mantle transition zone indicated by ringwoodite included within diamond. *Nature* 507, 221-224.
- RINGWOOD AE (1959) The olivine-spinel inversion in fayalite. *Am. Mineral.* 44, 659-661.
- ROGACKI M (2015) Der geheime Ozean unter der Erde. *TV Hören und Sehen* 40/15.
- SCHIEFER P (2014) Diamant bringt Wasser aus der Tiefe. *Uni:View Magazin* vom 13. März 2014, Universität Wien.
- SCHMANDT B, JACOBSON SD, BECKER TW, LIU Z & DUEKER KG (2014) Dehydration melting at the top of the lower mantle. *Science* 344, 1265-1268.
- TSCHAUNER O, MA C, BECKETT JR, PRESCHER C, PRAPAKENKA VB & ROSSMANN GR (2014) Discovery of bridgmanite, the most abundant mineral in Earth, in a shocked meteorite. *Science* 346, 1100-1102.

Nichts in der Biologie macht Sinn außer ...

Kein Zitat in der Biologie ist wohl bekannter als der Satz „*Nothing in biology makes sense except in the light of evolution*“, im Jahr 1973 publiziert von einem der bedeutendsten Evolutionsbiologen des 20. Jahrhunderts, Theodosius DOBZHANSKY. Der Philosoph Stephen DILLEY legt eine detaillierte Analyse dieses Artikels vor und kommt zu einem überraschenden Ergebnis: Alle Argumente, die DOBZHANSKY als Belege für Evolution bringt, fußen unverzichtbar auch auf expliziten *theologischen* Aussagen über einen Schöpfer. Auch andere bekannte Evolutionsbiologen stützen Behauptungen zu Evolutionstheorien mit Aussagen darüber, was Gott in der Geschichte des Lebens tun oder nicht tun würde – in einem überraschenden Ausmaß.

Reinhard Junker

Er dürfte einer der meistzitierten Sätze in der biologischen Literatur sein: „Nothing in biology makes sense except in the light of evolution.“ Es handelt sich dabei um die Überschrift eines Artikels, den der bedeutende Evolutionsbiologe Theodosius DOBZHANSKY in der Zeitschrift *The American Biology Teacher* veröffentlicht hat (DOBZHANSKY 1973). Er wollte in diesem Artikel die besten Argumente für Evolution präsentieren, und man sollte meinen, dass diese Argumente sich aus den biologischen Daten ergeben. In diesem Sinne wurde dieser berühmte Satz auch gewöhnlich zitiert, auch wenn kaum jemand DOBZHANSKYs Artikel gelesen haben dürfte.

Die Lektüre bietet jedoch eine Überraschung: Alle Argumente, die DOBZHANSKY als Belege für seine These bringt, fußen unverzichtbar auch auf *theologischen* Aussagen. Sie sind nur schlüssig, wenn man Annahmen über Gottes Natur, seine Schöpfungsmethode oder seine Absichten und Ziele hinzunimmt. Diesen überraschenden Befund arbeitet der Philosophieprofessor Stephen DILLEY in einem Fachartikel heraus und weist darüber hinaus darauf hin, dass auch weitere berühmte Evolutionsbiologen wie z. B. Ernst MAYR, Douglas FUTUYMA oder Stephen Jay GOULD Argumente *pro Evolution* verwenden, die Bezug auf theologische Aussagen nehmen und ohne diesen Bezug logisch nicht schlüssig sind (DILLEY 2013). Im Folgenden werden die wichtigsten Punkte seiner Analyse zusammengefasst.

DILLEYS Analyse

DOBZHANSKY thematisiert sieben evolutionstheoretisch relevante Themengebiete: Radiometrische Datierung, Vergleichende Biologie, Embryologie, Adaptive Radiation, biologische Vielfalt, molekulare Homologie (biochemische Universalien) und Paläontologie. Es geht ihm dabei im Wesentlichen nur um die Frage der gemeinsamen Abstammung (Deszendenz), weniger um die Frage nach den evolutionären *Mechanismen*. Auf allen Gebieten führt er einen *Vergleich* durch: Die Daten seien besser durch eine natürliche Evolution zu erklären als durch eine direkte Schöpfung. Die in diesen Vergleichen zugrundeliegenden

Schöpfungsvorstellungen entnimmt DOBZHANSKY jedoch erstaunlicherweise nicht der kreationistischen Literatur, sondern formuliert seine eigenen Vorstellungen über die Vorlieben und Handlungsweisen des Schöpfers², um dann zu zeigen, dass nur eine evolutive Entstehung der jeweiligen Phänomene zu den betreffenden Gottesvorstellungen passt. Die Grundform seiner Argumentation, die DILLEY (2013, 775) aus seinen Ausführungen herausarbeitet, kann man wie folgt zusammenfassen:

1. Wenn Evolution wahr ist, ist das Naturphänomen X zu erwarten.
2. Wenn Kreationismus (im Sinne einer direkten Erschaffung von Lebewesen vor kurzer Zeit) wahr ist, ist das Naturphänomen X nicht zu erwarten.
3. Wenn ein Befund im Rahmen der einen Hypothese zu erwarten ist, nicht aber im Rahmen der anderen Hypothese, dann „macht er Sinn“ nur im Licht der ersteren, nicht aber im Licht der letzteren.
4. Daher macht eher Evolution als Kreationismus Sinn für das Naturphänomen X.

Prämisse 2 nimmt dabei immer Bezug auf eine Annahme darüber, was ein Wunder vollbringender Gott tun würde oder was er nicht tun würde. Das ist die *theologische* Aussage, die DOBZHANSKY benötigt, um seinen Schluss auf Evolution als einzigen „Lichtträger“ ziehen zu können.

Ein Beispiel: Einheit des Lebens

Im Folgenden soll diese allgemeine Argumentation am Beispiel der „Einheit des Lebens“ erläutert werden (DILLEY macht das ausführlich für alle sieben Themen). Es gibt Gemeinsamkeiten, die alle Lebewesen teilen, z. B. den genetischen Code, den Vorgang der Übersetzung von RNA in Proteine (Translation) oder bestimmte Vorgänge im Zellstoffwechsel. DILLEY fasst die Argumentation DOBZHANSKYs zu diesem Befund wie folgt zusammen:

1. Wenn die Evolutionstheorie (gemeint ist nur die Abstammung, nicht die Frage der Evolutionsmechanismen) wahr ist, sind bestimmte biochemische Universalien (z. B. der genetische Code) sehr stark zu erwarten.

2. Wenn Kreationismus wahr ist, sind diese biochemischen Universalien nicht zu erwarten.

3. Wenn die Befunde von der einen Hypothese sehr stark, von der anderen aber gar nicht erwartet werden, machen sie nur Sinn im Licht der ersteren Hypothese.

4. Daher macht nur die Evolutionstheorie, nicht aber der Kreationismus, Sinn in Bezug auf bestimmte biochemische Universalien wie den genetischen Code.

Prämisse 2 hat offenkundig theologischen Inhalt. Diese Prämisse wird von Kreationisten jedoch gar nicht vertreten. Vielmehr argumentiert DOBZHANSKY hier mit einer stillschweigenden Annahme, nämlich dass die Einheitlichkeit des Lebens nicht vereinbar sei mit der Freiheit eines Schöpfers, so zu handeln, wie er wolle (DILLEY 2013, 780).

Dieser für DOBZHANSKY eindrucksvollste Hinweis auf Evolution hängt also offenbar unabdingbar von einer theologischen Annahme ab, denn ohne Prämisse 2 kann der von ihm durchgeführte Schluss auf Evolution nicht gezogen werden.

Willkürliche theologische Annahmen

Die hier von DOBZHANSKY zugrunde gelegte theologische Annahme ist aber nicht nur willkürlich, sie ist sogar widersprüchlich zu einer anderen theologischen Annahme, die er bei einem anderen Argument macht. Denn bei der Argumentation zur *Vielfalt* des Lebens sieht DOBZHANSKY keinen vernünftigen Grund, warum Gott eine immense Anzahl von Arten erschaffen sollte (DILLEY 2013, 777). Hier argumentiert er also genau anders herum, nämlich *gegen* Vielfalt (er erwartet nicht, dass ein Schöpfer so vielfältig erschafft). Im anderen Beispiel (biochemische Einheitlichkeit) dagegen argumentiert er *für* Vielfalt (er erwartet, dass der Schöpfer vielseitiger erschafft als beobachtet). DOBZHANSKY argumentiert mit seiner Gottesvorstellung also immer so, dass daraus ein theologisches Argument gegen die Schöpfungshypothese folgt, das dann in seinen Beweisgang eingeht.

DILLEY zeigt auch anhand der anderen Beispiele, wo die theologischen Annahmen zum Tragen kommen, wobei sie auch etwas versteckt sein können, z. B.: Gott würde uns nicht über Isotopenverhältnisse täuschen (die in radiometrische Datierungen eingehen); wenn Gott durch natürliche Selektion schaffen würde, sollte kein Plan in der organischen Vielfalt erkennbar sein, und umgekehrt, wenn er durch direkte Schöpfungsakte die Lebewesen hervorgebracht hätte, sollte Plan und Zweck in der organischen Vielfalt erkennbar sein; im Falle einer Schöpfung sind Homologien (Bauplanähnlichkeiten) unter den Wirbeltieren nicht zu erwarten usw. DOBZHANSKY liefert jedoch durchweg keine Begründungen für seine speziellen Behauptungen über Gott. Darüber hinaus gehen z. T. auch noch moralische Bewertungen Gottes in DOBZHANSKYs Beweisgang ein, indem er annimmt, dass Gott nicht auf eine Weise handeln würde, die er, DOBZHANSKY, für unmoralisch hält.

Ob DOBZHANSKYs moralische Urteile gerechtfertigt sind, soll hier nicht diskutiert werden. Es soll hier nur herausgestellt werden, dass DOBZHANSKY in einem erheblichen Umfang mit eigenen spezifischen Urteilen und

Dobzhanskys Theologie präsentiert sich selbstgemacht mit dem Ziel, für Evolution punkten zu können.

Kennzeichen über Gott operiert. Diese sind meistens nicht nur dem Kreationismus fremd, sondern stehen oft auch gegen eine Reihe von traditionellen theologischen Traditionen, die völlig unabhängig von den Auffassungen zeitgenössischer Kreationisten sind (DILLEY 2013, 783). DOBZHANSKYs Theologie präsentiert sich selbstgemacht mit dem Ziel, für Evolution punkten zu können. DILLEY (2013, 785) kommentiert: „This ‘tactical potpourri theology,’ as I call it, deploys muddled content in order to achieve a polemical victory.“

Nicht nur DOBZHANSKY bringt Gott ins Spiel

DILLEY weist auch auf die erstaunliche Tatsache hin, dass Evolutionsbiologen wie GOULD, DAWKINS, COYNE und andere zwar einen persönlichen Gott ablehnen, aber dennoch Behauptungen zur Stützung ihrer Evolutionstheorien aufstellen, die beinhalten, was Gott in der Geschichte des Lebens tun oder nicht tun würde. *Qua* Evolutionsbiologen sind sie dafür sicher nicht autorisiert, aber es kommt noch schlimmer: Nach DOBZHANSKYs Verständnis von Evolution sind die Menschen gar nicht „geschaffen“, um etwas von Gott erkennen zu können, sondern sind nur da, weil günstige Umstände in der Umwelt und die nötige genetische Ausrüstung gegeben waren, um den Menschen möglich zu machen (DOBZHANSKY 1973, 127). Schon DARWIN bezweifelte aus evolutionstheoretischer Perspektive, dass Menschen vertrauenswürdige Urteile in Bezug auf Gott fällen könnten. Nach DILLEY ist das ein weiterer Grund, weshalb in allen sieben Beweisen DOBZHANSKYs ungerechtfertigte Prämissen (über Gott) verwendet werden. Ähnliches gelte auch für andere Evolutionsbiologen, die Bezug auf die Natur Gottes nehmen. „Thus, given their understanding of evolution, some evolutionary biologists may have powerful reasons that undermine their claims about God’s nature“ (DILLEY 2013, 785).

DILLEY stellt gegen Ende seines Artikels klar, dass er selber nicht der Auffassung sei, dass Argumente für Evolution auf theologische Prämissen angewiesen seien; er will jedoch herausstellen, dass Argumente überraschend oft mit solchen Prämissen versehen sind, nicht nur in DOBZHANSKYs *Biology Teacher*-Artikel, sondern in unzähligen Texten von Evolutionsbiologen: „A surprising number of actual justifications for evolution hinge upon God-talk“ (S. 784); er bringt auf S. 774f. und S. 784 einen wahren Berg von Belegen und findet die Häufigkeit theologischer Argumente in naturwissenschaftlichen Abhandlungen rätselhaft.

Literatur

- DILLEY S (2013) Nothing in biology makes sense except in light of theology? Stud. Hist. Philos. Biol. Biomed. Sci. 44, 774–786.
DOBZHANSKY T (1973) Nothing in biology makes sense except in the light of evolution. Amer. Biol. Teacher (March), 125–129.

Streiflichter

Invasion einer verwandten Spezies führt zu schneller Divergenz

Vor knapp 60 Jahren schlugen die beiden bekannten Biologen W.L. BROWN und E.O. WILSON die evolutionsbiologische Hypothese des „character displacement“ vor. Diese sagt voraus, dass zwei eng verwandte Spezies, die beide in einem bestimmten Gebiet leben, zueinander in Konkurrenz treten werden. Um diese Konkurrenz zu vermeiden, würden sie sich auseinanderentwickeln – eine Ursache von evolutionärer Divergenz (BROWN & WILSON 1956).

Nun liegt eine Arbeit einer Gruppe von Wissenschaftlern vor, die diese Hypothese in einem Freilandexperiment mit *Anolis*-Eidechsen testeten (STUART *et al.* 2014). *Anolis* ist eine Gattung von Eidechsen, die im karibischen Raum häufig vorkommt und ziemlich gut erforscht ist. Da sie eine relativ kurze Generationszeit hat (unter einem Jahr) und ihr Verbreitungsgebiet viele kleine Inseln umfasst, eignet sie sich sehr gut für solche Experimente (vgl. VEDDER 2012).

In diesem Fall war das Hauptuntersuchungsobjekt *A. carolinensis*, eine Art, die in den südlichen USA beheimatet ist (Abb. 1). Wie viele ihrer Verwandten leben Eidechsen dieser Art auf Sträuchern und Bäumen. Gibt es keine anderen *Anolis*-Arten in der Umgebung, so verbreiten sie sich über die gesamte Höhe des Baumes. Es wurde jedoch beobachtet, dass in Gegenden, wo *A. carolinensis* gemeinsam mit *A. sagrei* (Abb. 2) vorkommt, *A. carolinensis* meistens höher oben im Geäst sitzt als *A. sagrei*. Die Forscher vermuten, dass dieses Verhalten ausgelöst wird, um die interspezifische Konkurrenz zwischen *A. carolinensis* und *A. sagrei* zu vermindern. Wenn dem so wäre, würde das die „character displacement“-Hypothese stützen.

1995 begannen die Forscher mit einem Experiment, in dem sie sechs kleine Inseln vor der Küste Floridas

untersuchten. Die Inseln beherbergten zu der Zeit nur *A. carolinensis*. Die Wissenschaftler ermittelten ihre durchschnittliche Sitzhöhe. Daraufhin setzten sie auf drei der Inseln *A. sagrei*-Eidechsen aus. In den nächsten drei Jahren beobachteten sie, dass sich wie vorhergesagt die durchschnittliche Sitzhöhe von *A. carolinensis* auf den Inseln mit zwei Spezies etwa verdoppelte, während sie auf den Inseln ohne *A. sagrei* konstant blieb.

15 Jahre später kehrten sie zu der Inselgruppe zurück, um weitere Untersuchungen vorzunehmen. Diesmal vermaßen sie die Zehen der Eidechsen. Ähnlich wie Geckos weist auch *A. carolinensis* Zehenpolster mit

Lamellen (kleine Hautfalten, die die Oberfläche und Bodenhaftung vergrößern) auf. Es ist bekannt, das größere Zehenpolster mit mehr Lamellen beim Klettern auf dünnen Ästen einen Vorteil bieten. Folglich erwarteten die Autoren, dass die höher lebenden *A. carolinensis*-Eidechsen auf den Inseln mit *A. sagrei* diese Anpassung aufweisen sollten, eine Erwartung, die sie wiederum bestätigen konnten. Auf den Inseln ohne *A. sagrei* blieb auch in dieser Hinsicht alles beim Alten. Außerdem konnten die Wissenschaftler bestätigen, dass es sich bei diesem Phänomen tatsächlich um parallele genetische Adaption handelt und es nicht etwa durch Plastizität (umweltbedingte



Abb. 1 Rotkehlanolis (*Anolis carolinensis*). Männchen mit aufgestelltem Kehllappen. (CC BY-SA 3.0)



Abb. 2 Bahama-Anolis (*Anolis sagrei*) in Florida. (Foto: Ianaré Sévi, gemeinfrei)

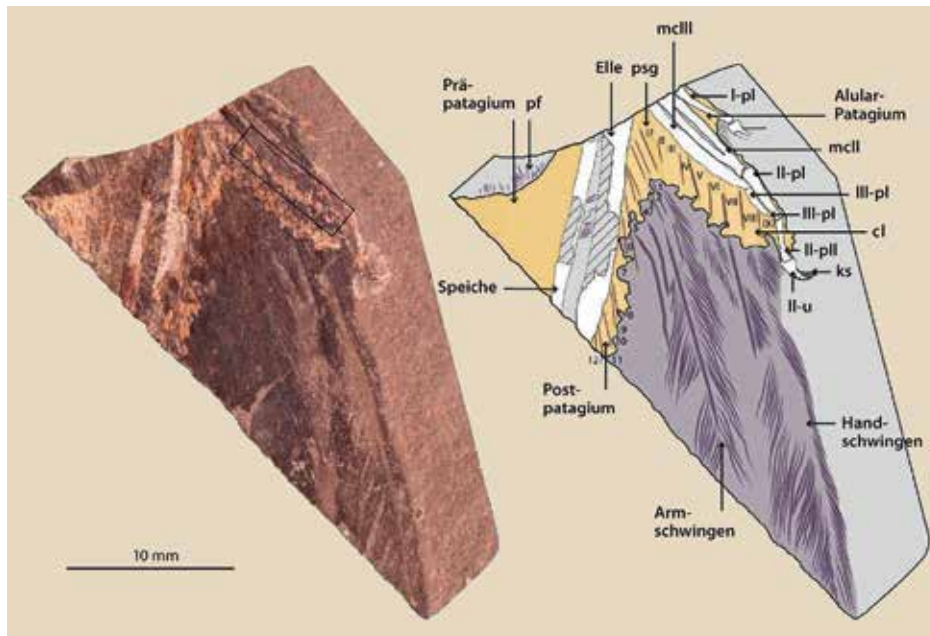


Abb. 1 Fossil und interpretierende Zeichnung des Enantiornithinen MCCMLH31444 aus Las Hoyas, Spanien. Der umrahmte Teil umfasst die Region des Übergangs zwischen Knochen und Weichgewebe. Abkürzungen: I, II, III bezieht sich auf Finger I, II und III, cl calamus; ks keratinisierte Hülle, mc Metacarpale, p Fingerknochen, pf Daunenfedern, u Klaue. (Aus NAVALÓN, 2015, verändert)

Anpassung) oder Migration (Einwanderung aus anderen Gebieten) hervorgerufen wurde.

Die Bedeutung dieser Studie liegt zum einen in der Geschwindigkeit, mit der *A. carolinensis* sich an die neuen Gegebenheiten anpasste. Innerhalb von zwei Monaten nach der Invasion von *A. sagrei* ließ sich bereits eine verhaltensbiologische Adaption beobachten (Verschiebung der Sitzhöhe) und nach weniger als 20 Generationen gab es genetisch bedingte morphologische Änderungen (die Vergrößerung der Zehenpolster). Daher zeigt die Studie auch, dass sich manche evolutionsbiologische Fragestellungen in verhältnismäßig kurzer Zeit untersuchen lassen. Es braucht keine Jahrtausende, um Evolution in Form von genetischer Anpassung in der Natur beobachten zu können. Zum anderen stützen die Ergebnisse die „character displacement“-Hypothese sehr gut. BROWNS und WILSONS Hypothese kann also als ein bestätigter Mechanismus der (Mikro-)Evolution angesehen werden.

[BROWN WL & WILSON EO (1956) Character Displacement. Syst. Zool. 5, 49-64 • STUART YE, CAMPBELL TS et al. (2014) Rapid evolution of a native species following invasion by a congener. Science 346, 463-466 • VEDDER D (2012) Gründereffekt bei Eidechsen: ein Freilandexperiment auf Inseln. Stud. Integr. J. 19, 107-109] D. Vedder

■ Alte Vögel mit moderner Flugkunst

Die fossile Überlieferung der Vögel zeigt zwei Phasen eines plötzlichen Erscheinens vielfältiger Formen. Die eine liegt am Beginn des Tertiärs (wo die auch heute vorkommenden Vogelordnungen explosiv im Fossilbericht auftauchen), die andere in der Unterkreide, in deren geologischen Schichten ebenfalls ziemlich abrupt eine große Vielfalt von Vögeln mit anderer Anatomie als der heutigen überliefert ist. Der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* aus dem Oberjura datiert noch ca. 20 Millionen radiometrische Jahre älter; es ist aber nach wie vor umstritten, ob er aktiv fliegen konnte oder eher ein Gleiter war. Andere eindeutig befiederte Formen aus dem Oberjura (z.B. *Anchiornis*) gelten als flugfähig.

Die Kreidevögel unterscheiden sich anatomisch mehr oder weniger deutlich von den tertiären Vögeln und zeigen manche Gemeinsamkeiten mit zeitgleich lebenden Theropoden-Dinosauriern (zweibeinige Raubdinosaurier), die als ihre stammesgeschichtlichen Vorfahren gelten. Sie werden in zwei Gruppen unterteilt, die Enantiornithes („Gegenvögel“; sind am Ende der Kreide ausgestorben) und die Ornithurae

(„Vogel-Schwänze“), zu denen u. a. auch die heutigen Vögel gehören. (Es gibt in der Fachliteratur keine einheitliche Begründung für die Bezeichnung „Gegenvögel“. Es wird auf zwei anatomische Besonderheiten hingewiesen, die die Enantiornithes von anderen Vögeln unterscheiden: zum einen die Art der Verwachsung einiger Fußknochen, zum anderen der Bau des Gelenks zwischen Schulterblatt und Raubenbein. Bei den Gegenvögeln sind Gelenkkopf und Gelenkpfanne im Vergleich zu allen anderen Vögeln sozusagen vertauscht. Es ist schwer denkbar, wie die eine anatomische Ausprägung in die andere evolutiv überführt werden könnte. Für die Ornithurae gibt es keine eingebürgerte deutsche Bezeichnung; der Name bezieht sich auf den kurzen knöchernen Schwanz, wie er auch für die heutigen Vögel typisch ist.)

Eine Forschergruppe hat nun herausgefunden, dass die Enantiornithes trotz deutlich verschiedener Anatomie im Vergleich zu heutigen Vögeln überraschenderweise vergleichbare Fähigkeiten zu einem versierten Flug besaßen. Nachgewiesen wurde dies anhand eines sehr gut erhaltenen vorderen Teils einer Vorderextremität aus einem Kalkstein von Las Hoyas, Spanien (datiert auf 125 Millionen radiometrische Jahre), die aufgrund ihres Baus von einem enantiornithinen Vogel stammt (NAVALÓN et al. 2015; Abb. 1). Erhalten sind auch Hand- und Armschwinge. Das Besondere an dem Fund: Es sind Details von Muskeln, Bändern und Follikeln (in der Haut befindliche Basis der Federn) aus den Bereichen zwischen den Flügelteilen und Fingern (Propatagium, Postpatagium und Patagium der Alula) in Form von Abdrücken erhalten (Die Alula = Daumenfittich ist wichtig z. B. für Manöver beim Landen). Der Fund aus Las Hoyas lässt auch Verbindungen von Bindegewebsstrukturen mit den Ansätzen der Flugfedern erkennen; das gesamte komplizierte Netzwerk weist große Ähnlichkeiten mit den anatomischen Verhältnissen heutiger Vögel auf. Ein solch komplexes System aus Sehnen, Bändern, Bindegewebe und Muskeln ermöglicht eine ausgefeilte Manövrierbarkeit während des Fluges.

Aus ihren Beobachtungen schließen die Autoren, dass die „Gegenvögel“ der Kreidezeit ebenso gut wie viele moderne Vögel „über den Köpfen der Dinosaurier“ fliegen konnten, wie der Leiter der Forschergruppe, L. M. CHIAPPE, es formuliert (<http://www.sciencenutshell.com/the-bird-who-flew-above-dinosaurs-heads/>). „The anatomical match between the muscle network preserved in the fossil and those that characterize the wings of living birds strongly indicates that some of the earliest birds were capable of aerodynamic prowess like many present-day birds“ (CHIAPPE unter http://www.eurekalert.org/pub_releases/2015-10/nhmo-taf100615.php). Bislang war man davon ausgegangen, dass die Gegenvögel der Unterkreide eher schlechte Flieger waren; das kann in dieser Pauschalität mit diesem Fund als widerlegt gelten. Die Gegenvögel starten gleichsam als gut ausgebildete Flieger; eine Evolution der Flugfähigkeit ist innerhalb dieser Gruppe somit nicht dokumentiert. Das Beispiel zeigt auch, dass es zu Fehlschlüssen kommen kann, wenn man die Funktionalität nur anhand von Knochenüberresten erschließen möchte (bzw. kann).

NAVALÓN et al. (2015) stellen allgemein über die Gegenvögel am Schluss ihres Artikels fest, dass obwohl die Enantiornithinen eine Anzahl von primitiven Skelettelementen aufwiesen, bereits die frühesten unter ihnen (*Protopteryx fengningensis*) Vorderextremitäten mit modernen Proportionen besaßen, außerdem ein gekieltes Brustbein und einen „fortschrittlichen“ Schultergürtel mit einem Kanal für die Passage der Flugmuskeln (triosseal canal), was alles auf die Fähigkeit zu aktivem Flug und Flügelschlag ähnlich dem heutiger Vögel hinweise. Auch Ähnlichkeiten der Körperbedeckung mit heutigen Vögeln mit identischer Federanordnung würden in diese Richtung weisen.

Es sei noch angemerkt, dass auch unter den Ornithurae eine der ältesten Formen als guter Flieger angesehen wird (WANG et al. 2015).

[NAVALÓN G, MARUGÁN-LOBÓN J, CHIAPPE LM, SANZ JL & BUSCALIONI A (2015) Soft-tissue and dermal arrangement in the wing of an

Early Cretaceous bird: Implications for the evolution of avian flight. Sci. Rep. 5:14864 • 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

■ Erneute Bestätigung: *Homo habilis* war kein Mensch

Seit der Erstveröffentlichung von Fundmaterial von *Homo habilis* im Jahre 1964 gibt es eine kontroverse Diskussion um die Gültigkeit dieses Taxons: War *habilis* wirklich ein Mensch oder gehört das Fundmaterial eher zu den großaffenähnlichen Australopithecinen?

ZACHWIEJA et al. (2016) haben einen wichtigen Beitrag zu dieser Kontroverse geleistet, indem sie das Verhältnis der Knochenstärke des Oberarmes (Humerus) zum Oberschenkel (Femur) der fossilen Homininen (= Menschen und hypothetische evolutionäre Vorläufer des Menschen) KNM-WT 15000 (*Homo erectus*), AL 288-1 (*Australopithecus afarensis*) und OH 62 (*Homo habilis*; Abb. 1) im Vergleich mit heute lebenden Menschen und nichtmenschlichen Primaten bestimmten. Dieses Verhältnis – der humerofemorale Index – spiegelt die Belastung der Extremitäten bei der Fortbewegung wider.

Die Untersuchung ergab einen humerofemorale Index für KNM-WT 15000 im Bereich des modernen Menschen. Dagegen liegen AL 288-1 und OH 62 im Variationsbereich des Schimpansen. Nach diesem Ergebnis kletterten *Homo habilis* und *Australopithecus afarensis* – im Gegensatz zu *Homo erectus* – gewohnheitsmäßig in Bäumen. ZACHWIEJA et al. (2016) bestätigen mit diesem Resultat das Ergebnis einer ähnlichen Untersuchung von RUFF aus dem Jahre 2009.

Mit der heute in der Paläanthropologie leider häufigen Zuordnung des *habilis*-Materials zum Menschen umfasst die Gattung *Homo* einerseits Arten wie *erectus* mit einem modernmenschlichen Extremitätenbelastungsmuster und andererseits *habilis* mit einer schimpansenähnlichen Belastung wie die Australopithecinen. Dagegen werden beispielsweise Gorilla und Schimpanse, deren Fortbewegung zwar nicht identisch (SCHMITT et al. 2016), aber doch relativ ähnlich ist, da beide einen Knöchelgang praktizieren, in unterschiedliche Gattungen gestellt. Aufgrund der *Australopithecus*-ähnlichen Fortbewegung und vieler weiterer nichtmenschlicher Merkmale ist die Zuordnung von *habilis* zum Formenkreis der großaffenähnlichen Australopithecinen viel begründeter als eine Zuordnung zum Menschen.

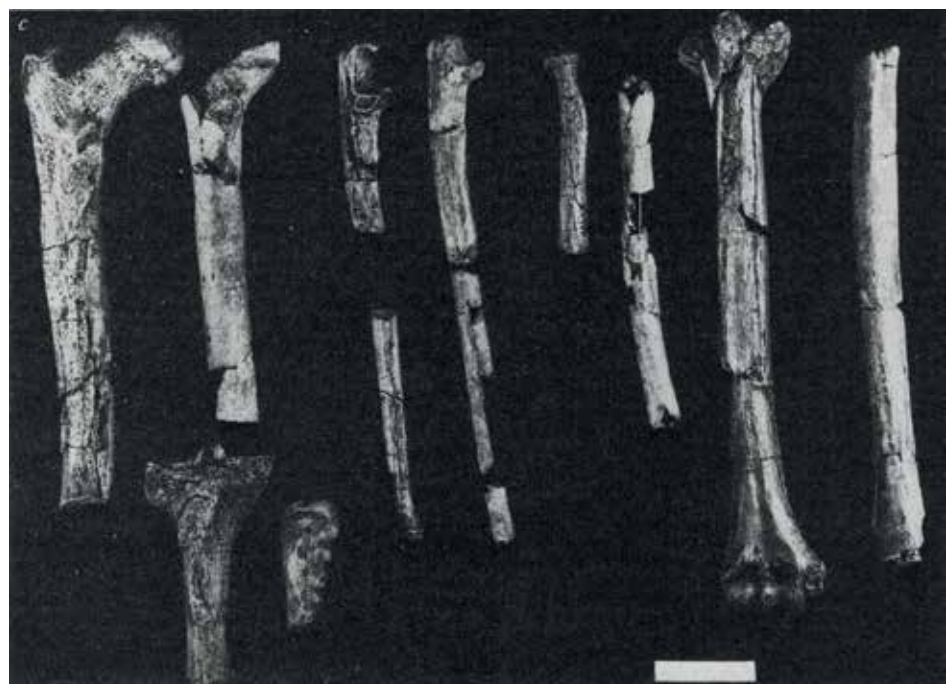


Abb. 1 Langknochen von OH 62 (*Homo habilis*) im Vergleich mit entsprechenden Elementen von AL 288-1 (*Australopithecus afarensis*); die Knochen von OH 62 sind jeweils rechts. Balken: 4 cm. (Aus JOHANSON et al. 1987)

[JOHANSON DC, MASAO FT et al. (1987) New partial skeleton of *Homo habilis* from Olduvai Gorge, Tanzania. *Nature* 327, 205-209 • RUFF C (2009) Relative limb strength and locomotion in *Homo habilis*. *Amer. J. Phys. Anthropol.* 138, 90-100 • SCHMITT D, ZEININGER A, HAMRICK E, SNYDER ML, KIVELL TL & WUNDERLICH RE (2016) Gorilla limb kinematics and hominoid locomotor diversity: Implications for hominin locomotor evolution. *Amer. J. Phys. Anthropol.* 159, S62, 282 • ZACHWIEJA AJ, DEMES B, JUNGERS WL, CARLSON KJ, GRINE FE, PEARSON OM, SHACKELFORD LL & POLK JD (2016) Ratios of humeral to femoral midshaft cortical area reflect differences in locomotor behavior in primates, including fossil hominins. *Amer. J. Phys. Anthropol.* 159, S62, 342-343.] M. Brandt

■ Plastizität: Funktionelle Interpretation fossiler Gehirne problematisch

In der Paläanthropologie ist es üblich, bei fossilen Menschen und deren angenommenen Vorläufern (Hominine) Unterschiede in der absoluten Größe des Gehirns und der relativen Größe von Gehirnnarealen im Rahmen eines makroevolutionären Prozesses funktionell zu deuten. Das heißt: Unterschiede werden als Indizien für unterschiedliche evolutionäre Entwicklungsstadien interpretiert. Eine jüngere Untersuchung verdeutlicht jedoch die Schwierigkeit dieses Unterfangens.

ALBESSARD et al. (2016) haben die Gehirne von Menschen aus dem Jungpaläolithikum von Cro-Magnon und Abri Pataud (Frankreich), dem Epipaläolithikum von Afalou (Algerien) und Taforalt (Marokko) und aus der heutigen Zeit analysiert. Im Evolutionsmodell sind diese Menschen phylogenetisch gleichwertig.

Die Untersuchung ergab, dass sich das menschliche Gehirn in den

vergangenen 20.000 radiometrischen Jahren verkleinerte und verkürzte. Außerdem kam es zu Änderungen der relativen Größe von Gehirnnarealen: Die Stirn- und Hinterhauptlappen wurden kleiner, während sich die Scheitellappen und das Kleinhirn relativ vergrößerten.

Diese hohe Plastizität des menschlichen Gehirns macht es nach ALBESSARD et al. (2016) problematisch, die Größe und die Form fossiler Gehirne funktionell zu interpretieren.

[ALBESSARD L, DURRLEMAN S, BALZEAU A & GRIMAUD-HERVÉ D (2016) The human brain evolving: a diachronic study of endocranial variation. *Amer. J. Phys. Anthropol.* 159, S62, 76-77.] M. Brandt

■ Schnelle Entstehung der Dinosaurier?

Es ist der Normalfall, dass die Fossilüberlieferung diskontinuierlich ist. In einem evolutiven Szenario wechseln demnach Phasen von weitgehendem Stillstand mit dem relativ plötzlichen Erscheinen zahlreicher neuer Formengruppen ab. An der bereits von DARWIN beschriebenen Situation hat sich im Großen und Ganzen bis heute nichts geändert, auch wenn zahlreiche Mosaikformen gefunden werden, die z. T. als Übergangsformen zwischen verschiedenen Großgruppen von Lebewesen interpretierbar sind. Eine auffällige Diskontinuität zeigt sich auch bei einer der berühmtesten Fossilgruppen, den Dinosauriern. Vor einigen Jahren stellten MARTINEZ et al. (2011) fest, dass die fossile Überlieferung der drei Hauptgruppen der Dinosaurier etwa gleichzeitig in der Obertrias beginnt (unter den Saurischiern

[Echsenbeckensaurier] sind das die Theropoden und Sauropoden, außerdem sind auch die Ornithischier [Vogelbeckensaurier] nachgewiesen). Die frühen Dinosaurier seien sowohl verbreiteter als auch vielfältiger gewesen als zuvor angenommen. Seltensamerweise habe es dann aber noch 30 Millionen Jahre gedauert, bis sie die Fauna dominierten.

Die Dinosaurier werden evolutionär von einer Gruppe von Echsen abgeleitet, die als Dinosauromorpha bezeichnet werden; dieser Name soll ausdrücken, dass diese Formen den Dinosauriern im Körperbau relativ nahe stehen, aber keine Dinosaurier sind. Die Fundschichten der Dinosauromorpha wurden bislang der Mittleren Trias zugeordnet. Grundlage für diese Zuordnung waren Faunenvergesellschaftungen, die für diese Schichten als typisch gelten. Radiometrische Datierungen lagen dagegen bis vor kurzem noch nicht vor. Dinosaurier-Gruppen wurden bisher in Schichten fossil gefunden, die nur etwa 10 Millionen radiometrische Jahre jünger datiert wurden. Diese (im Langzeitrahmen) kurze Zeitspanne galt schon bisher in evolutionstheoretischer Sicht als Beleg für eine überraschend schnelle Entstehung der Dinosaurier.

Nun konnte eine Forschergruppe (MARSICANO et al. 2016) mit Hilfe der Uran-Blei-Methode Zirkone datieren, die in der triassischen Chañares-Formation (Argentinien) eingelagert sind, welche Dinosauriomorpha-Fossilien enthalten, und erlebte eine Überraschung: Das radiometrische Alter erwies sich als etwa 5-10 Millionen Jahre geringer als bisher angenommen, so dass die Chañares-Formation nun in die Obertrias gestellt werden muss (bisher Mitteltrias, s. o.; auf 236-234 Millionen radiometrische Jahre datiert). Auch die ältesten dinosaurierführenden Schichten konnten mit dieser Methode datiert werden und erhielten ebenfalls ein jüngerer Alter (231 Millionen radiometrische Jahre). Folge: Der ohnehin geringe zeitliche Abstand zwischen den Dinosauriomorpha und den ältesten fossil nachweisbaren Dinosauriergruppen ist noch kleiner und beträgt weniger als 5 Millionen radiometrische Jahre



Abb. 1 Skelett eines *Lagosuchus talampayensis*; einer früh fossil überlieferten Dinosaurier-Gattung aus der Mitteltrias Argentiniens. (CC BY-SA 3.0)

– sehr wenig Zeit (zu wenig?) für eine evolutionäre Entstehung. Die Ergebnisse der Datierungen können sehr wahrscheinlich auch auf die anderen Fundorte mit Dinosauriomorpha übertragen werden, die bislang noch nicht radiometrisch datiert werden konnten – so die Autoren.

Eine weitere Folge der Neudatierung ist, dass die bisherige Erklärung für das Aufkommen der Dinosaurier fallengelassen werden muss, wonach die Dinosaurier nach einem großen Aussterbeereignis an der Perm-Trias-Grenze die frei gewordenen Lebensräume füllen konnten. Dafür aber treten die Dinosaurier – gemäß der fossilen Überlieferung – nämlich viel zu spät auf. Davon abgesehen machen freie ökologische Räume ohnehin noch keine neuen Baupläne. Wahrscheinlicher ist bei einem relativ plötzlichen Erscheinen neuer Formen das Heraustreten aus bisher geologisch nicht überlieferten Lebensräumen, also die zahlenmäßig deutliche Zunahme von zuvor bereits existenten, aber fossil nicht überlieferten Formen (vgl. STEPHAN 2015, 129f., 157).

[MARSICANO CA, IRMIS RB, MANCUSO AC, MUNDILE R & CHEMALE F (2016) The precise temporal calibration of dinosaur origins. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 113, 509-513 • MARTINEZ RN, SERENO P, ALCOBER OA, COLOMBI CE, RENNE PR, MONTANEZ IP & CURRIE BS (2011) A basal dinosaur from the dawn of the dinosaur era in southwestern Pangaea. *Science* 331, 206-210 • STEPHAN M (2015) Sintflut und Geologie. Holzgerlingen, 4. Aufl.] R. Junker

■ Neues zur kambrischen Explosion?

Im Jahr 2013 veröffentlichten zwei ausgewiesene Kenner, Douglas ERWIN und James VALENTINE, das Buch „The Cambrian Explosion“. Der Titel bezieht sich auf die Art und Weise, wie sich die Fossilüberlieferung im unteren Teil des Kambriums darstellt: Zahlreiche grundverschiedene Tierbaupläne tauchen erstmals auf, und zwar in großer Fülle und Verschiedenartigkeit und zudem in weiter geographischer Verbreitung. ERWIN & VALENTINE (2013, v) schreiben: „... während einer relativ kurzen Zeitspanne im frühen Kambrium erfolgt ein explosives Erscheinen vieler verschiedener, gestaltlich abgegrenzter Fossilien, einschließlich Vertreter



Abb. 1 Rekonstruierte Szenerie des kambrischen Meeresbodens mit dem räuberisch lebenden *Anomalocaris*. (© John SIBBICK/Natural History Museum)

der meisten größeren Tiergruppen, die auch heute leben“ (vgl. Abb. 2).

So klar der fossile Befund ist, so unklar ist, wie er im evolutionstheoretischen Rahmen erklärt werden könnte. Was war der Auslöser für diesen „evolutionären Durchbruch“ (Fox 2016)? In neuen Untersuchungen wird der schon älteren Idee nachgegangen, dass ein Anstieg des Sauerstoffgehaltes ausschlaggebend gewesen sein könnte. Schließlich sind Innovationen wie Muskeln, Nervensystem, Einrichtungen zum Beuteerwerb und zur Verteidigung, mineralisierte Schalen und Skelettelemente sehr energiehungrig und damit auch sauerstoffbedürftig. Die gegenüber den Formen des nächst älteren Ediacariums neu vorkommende räuberische Lebensweise erforderte größere Mengen an Sauerstoff, sie habe zudem zu einem Wetttrüben zwischen Räubern und Beute geführt (Fox 2016, 269), was ebenfalls die Evolution von Neuheiten begünstigt habe.

Um die Idee mit dem Sauerstoffgehalt zu prüfen, wurden Gesteine, die ehemals am Meeresgrund entstanden sind und dem Kambrium oder älteren Sedimenten zugeordnet

werden, auf das Vorkommen von Eisen, Molybdän und anderen Metallen untersucht (SPERLING et al. 2015). Die Löslichkeit dieser Metalle hängt eng mit der Menge an Sauerstoff zusammen, so dass diese Metalle als Indikatoren dafür genutzt werden können, wie viel Sauerstoff im Wasser war, als die betreffenden Sedimente gebildet wurden.

Erik SPERLING von der Stanford University in Kalifornien und sein Team sammelten Daten von 4.700 Eisenmessungen weltweit aus Proben aus dem Kambrium und dem Ediacarium – und fanden keinen besonders auffälligen Sauerstoff-Anstieg an der (künstlichen) Grenze zwischen den beiden geologischen Perioden. Der Sauerstoffgehalt heutiger Meere sei im Kambrium nicht erreicht worden. Andererseits weiß man von heutigen sauerstoffarmen Ökosystemen im Meer, dass auch bei einem sehr viel niedrigeren Sauerstoffgehalt als dem gegenwärtigen komplexes Leben möglich ist. Daher könnte – so SPERLING – auch ein moderater Anstieg des Sauerstoffgehalts als Auslöser für eine „große Veränderung“ ausgereicht haben (Fox 2016, 269).

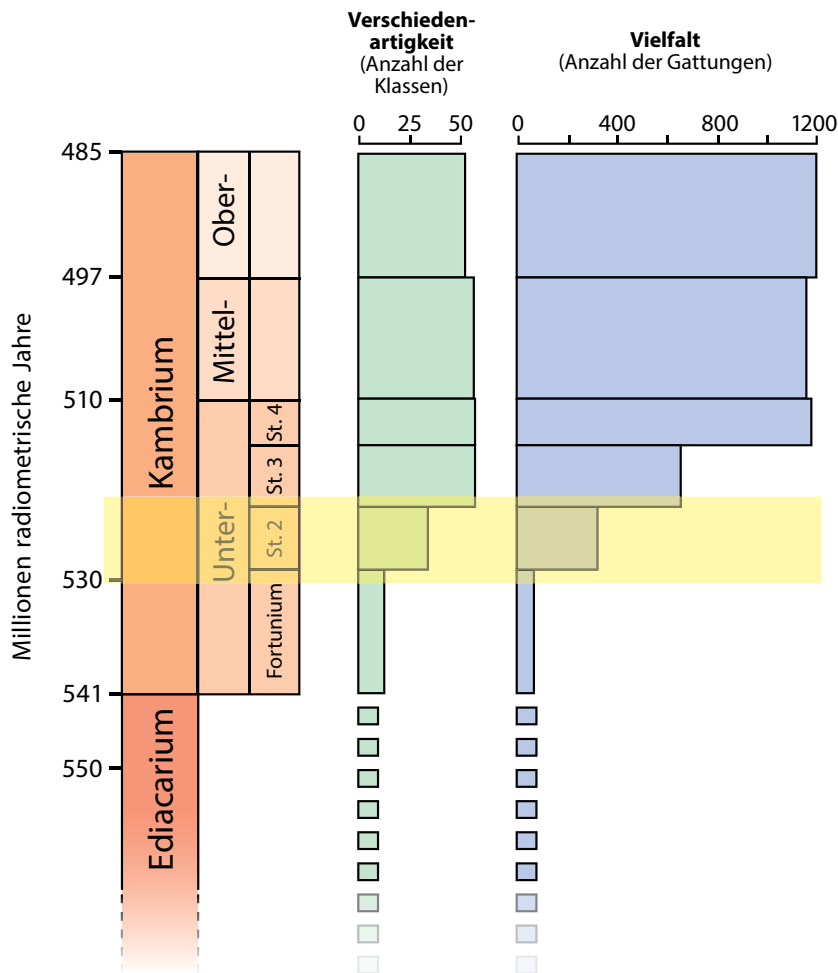


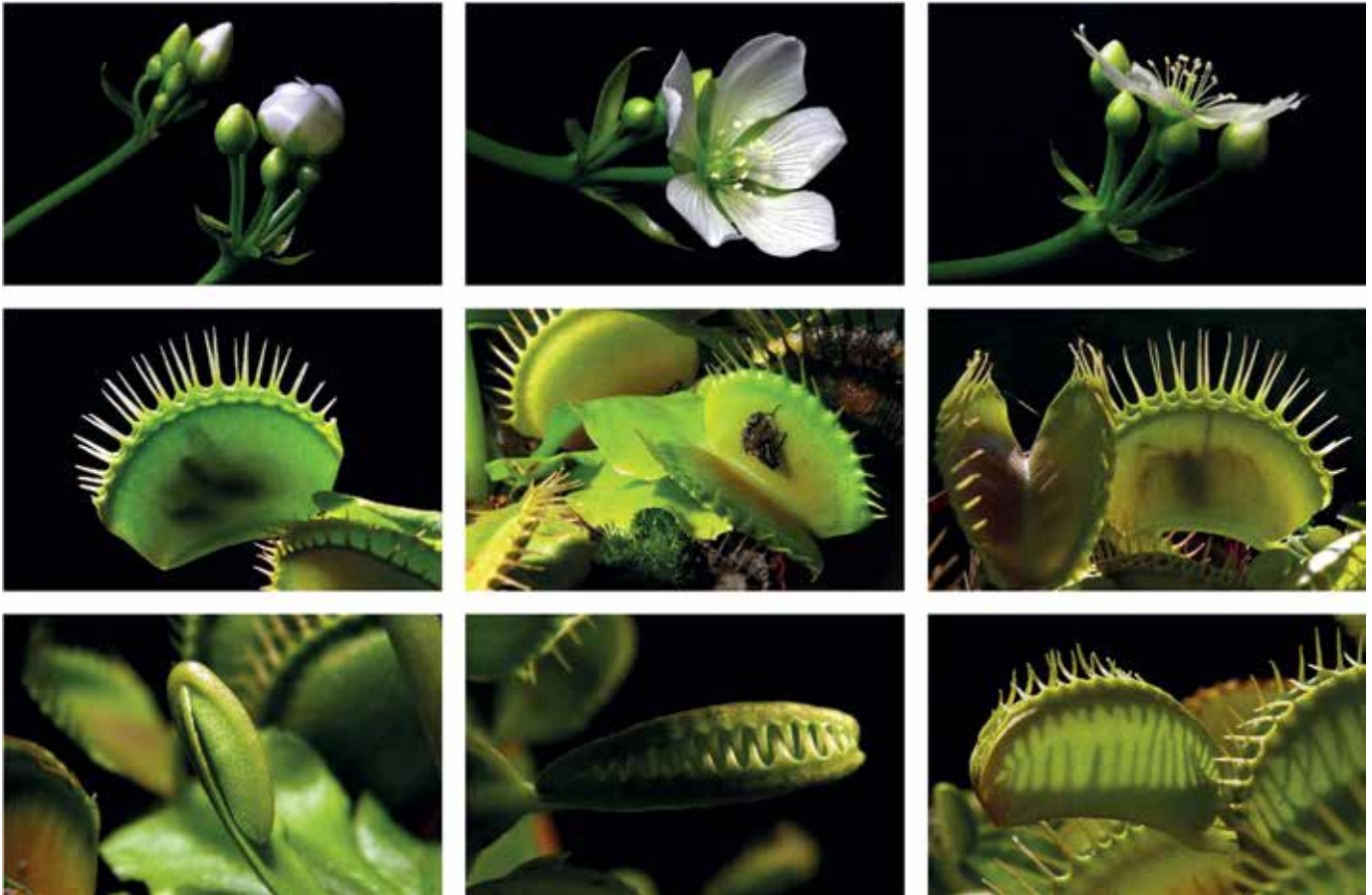
Abb. 2 Kambrische Explosion, dargestellt anhand der Anzahl der Klassen (Verschiedenartigkeit; Mitte) und der Anzahl der Gattungen (Vielfalt; rechts). Im oberen Teil des Unterkambriums (farblich unterlegt) erfolgt eine rasante Zunahme. St.=Stufe. (Nach MARSHALL 2006, vereinfacht)

So umfangreich und detailliert die neuen Untersuchungen sind – welcher Sachverhalt wird damit eigentlich getestet? Offenkundig wird damit *nicht* eine Hypothese darüber geprüft, *wie* die Fülle der Tierbaupläne entstanden ist! Nachgewiesen wird bestenfalls ein Zusammenhang zwischen dem Sauerstoffgehalt in den Meeren und der Komplexität der in den betreffenden Sedimenten erhaltenen Lebewesen und Lebensgemeinschaften. Mit Evolution hat das nichts zu tun. Der festgestellte Zusammenhang ist ein ökologischer, kein evolutionärer. Wenn man dennoch einen evolutionären Kontext *voraussetzt*, könnte man auch sagen, dass auf eine mögliche *Begleiterscheinung* bzw. eine *Koinzidenz* oder eine *notwendige Bedingung* der kambrischen Explosion getestet wurde. Eine Koinzidenz ist aber keine Ursache. Schließlich ist der heutige Sauerstoffgehalt der Luft auch keine Ursache für die Entstehung eines Verbrennungsmotors, sondern nur

eine notwendige Voraussetzung. Dieser selbstverständliche Sachverhalt wird immer wieder verschleiert, indem nicht klar zwischen Ursachen und notwendigen Voraussetzungen unterschieden wird. Kurz: Auslöser machen keine Baupläne.

Eine weitere aktuelle Arbeit zum Thema soll hier noch Erwähnung finden – eine Studie, von der die Neue Zürcher Zeitung (NZZ) behauptet, dass sie einen „ziemlich grossen Nagel in den Sarg der ‚kambrischen Explosion‘“ schlagen würde (<http://www.nzz.ch/wissenschaft/biologie/jahr-millionen-mit-der-dna-zurueckgeblick-1.18660890>). Es geht in der betreffenden Arbeit um die Ermittlung der Divergenzzeiten der Tierstämme, die im Kambrium fossil plötzlich in Erscheinung treten. Diese (hypothetischen) Zeiten werden durch Anwendung der sogenannten Molekularen Uhr ermittelt. Diese wiederum beruht auf einem Vergleich von DNA-Sequenzen und einer Kalibrierung

mit Hilfe geeigneter Fossilien. Unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen – also nicht alleine anhand der Sequenzdaten und Fossilfunde – kann auf eine Ganggeschwindigkeit des evolutiven Wandels geschlossen werden, und damit wiederum können Aufspaltungszeitpunkte verschiedener Linien von Organismengruppen bestimmt werden. In der Vergangenheit hatten verschiedene Studien sehr unterschiedliche Zeiten z. B. für die Existenz des letzten gemeinsamen Vorfahren aller Bilaterier (Zweiseitentiere) ergeben, wobei sich ein Trend abzeichnete, dass dieser hypothetische gemeinsame Vorfahr mindestens 100 Millionen radiometrische Jahre vor der kambrischen Explosion existierte. Die neue Studie, auf die sich die NZZ bezieht, bringt diesbezüglich nichts grundsätzlich Neues; sie ist jedoch sehr viel detaillierter und differenzierter als bisherige Arbeiten (REIS et al. 2015). Ein Ergebnis dieser Arbeit ist, dass – *Evolution vorausgesetzt* – die kambrische Explosion ein Erhaltungsartefakt sein müsste – sprich: Die kambrischen Tierstämme sollten bereits vor 833–650 Millionen radiometrischen Jahren entstanden sein (eine genauere Bestimmung geben die Daten trotz aller Fülle nicht her); entsprechende Fossilien werden aber viel später gefunden. Folgt man dieser Deutung der molekularen Daten, ergibt sich das Problem, warum die *Fossilisierung* so stark verspätet und eben damit doch plötzlich eintritt. So oder so: Der Fossilbericht bezeugt ein abruptes Erscheinen vielgestaltiger Organismengruppen und voll funktionsfähiger Organismen (die „Explosion“); daran ändern die neuen Daten nichts. Erschwerend kommt hinzu, dass die neuen Daten kaum auf evolutionäre Aufzweigungsabfolgen schließen lassen, so dass die Autoren es für verfrüht ansehen, evolutionäre Abfolgen der kambrischen Tierstämme auf der Basis der molekularen Uhr zu rekonstruieren. Nebenbei: Wenn die kambrischen Stämme wirklich vor mindestens 650 Millionen radiometrischen Jahren entstanden wären, wären alle Überlegungen zu Sauerstoffgehalten im Ediacarium und Kambrium bedeutungslos.



[ERWIN DH & VALENTINE JW (2013) The Cambrian explosion. Austin: Roberts & Company Publishers • Fox D (2016) What sparked the Cambrian explosion? Nature 530, 528-530 • REIS DM, THAWORNWATTANA Y, ANGELIS K, TELFORD MJ, DONOGHUE PC & YANG Z (2015) Uncertainty in the timing of origin of animals and the limits of precision in molecular timescales. Curr Biol. 2015, doi: 10.1016/j.cub.2015.09.066 • SPERLING EA, WOLOCK CJ et al. (2015) Statistical analysis of iron geochemical data suggests limited late Proterozoic oxygenation. Nature 523, 451-454.] R. Junker

■ Zwei, drei, fünf – ein grüner Mathematiker

Die Venusfliegenfalle (*Dionaea muscipula*) ist eine der faszinierendsten Pflanzen – sie ist bekannt durch ihre ungewöhnliche karnivore (fleischfressende) Lebensweise. Da die Pflanze auf nährstoffarmen Böden wächst, ist sie auf eine zusätzliche Nährstoffquelle angewiesen. Ein wichtiger Mineralstoff für die Pflanze ist Natrium. Um an diesen Stoff zu gelangen, lockt sie mit zwei roten Blattspreiten, etwas Nektar und einem UV-Muster deshalb ihre Beute an. Lässt sich ein Insekt auf einer der Blattspreiten nieder, berührt es oft die sich darauf

befindenden Fühlborsten. Durch jede Berührung mit einer Fühlborste wird ein Aktionspotential generiert. Falls auf das erste Aktionspotential innerhalb von 10–15 Sekunden ein zweites folgt, schnappen die beiden Blattspreiten in einem Bruchteil einer Sekunde zusammen. Die Falle „zählt“ also auf zwei.

Es wird vermutet, dass der grüne Jäger nicht bereits nach der ersten Berührung mit einer Fühlborste zuschnappt, da ein Fehlalarm vorliegen könnte. Dies würde für die Pflanze einen großen Energieverlust bedeuten, da die Falle vergebens zuschnappt und sich umsonst wieder öffnen muss. Die Falle hat also einen Sicherungsmechanismus.

Längliche Borsten am Rand beider Blattspreiten, welche in geschlossenem Zustand wie Finger von gefalteten Händen ineinandergreifen (Abb. 1), verhindern das Entkommen von lukrativer größerer Beute. Im dadurch geformten „grünen Magen“ wird das Tier mit Hilfe eines Enzymcocktails verdaut und die daraus gewonnenen Nährstoffe werden von der Pflanze aufgenommen.

Ein Forschungsteam der Universität in Würzburg (BÖHM et al.

Abb. 1 Venusfliegenfalle (*Dionaea muscipula*). (Joe MiGo, CC BY-SA 3.0)

2016) konnte vor Kurzem zeigen, dass die Falle sogar weiter zählen kann. Wird eine Fühlborste nämlich zum dritten Mal berührt, wird die Produktion von Verdauungsenzymen gestartet, welche später durch Drüsen in den grünen Magen ausgeschieden werden. Besonders bemerkenswert ist, dass die Anzahl an Berührungen



Abb. 2 Einzelnes Fangblatt mit den Fühlborsten. (CC BY-SA 2.5)

mit den Fühlborsten (vgl. Abb. 2) bestimmt, welche Menge an Verdauungsenzymen gebildet wird. Wenn ein großer Käfer aus dem Gefängnis zu entkommen versucht, berührt er die Fühlborsten öfter als eine Fruchtfliege. Die Pflanze erhält somit Information über die Größe der Beute und kann den Umfang des Enzymcocktails dementsprechend anpassen.

Doch nach drei Berührungen ist nicht Schluss! Werden die Fühlborsten insgesamt fünf Mal berührt, beginnt die Bildung von Natriumkanälen. Diese sind für die Aufnahme von Natrium in die Fangorgane zuständig. Das Natrium wird durch die Verdauungsenzyme aus der Beute gelöst. Auch hier konnte das Forschungsteam nachweisen, dass vermehrtes Berühren der Fühlborsten zu einem Anstieg in der Bildung der Natriumkanäle führt.

Es ist einerseits bemerkenswert, dass eine Falle die Fähigkeit hat, nach einer bestimmten Anzahl von Aktionspotentialen gewisse „Handlungen“ auszuführen. Andererseits fällt die geschickte Abstimmung der Enzyme und Natriumkanäle auf die Größe der Beute auf. Die Verarbeitung der Information aus den Fühlborsten erinnert an andere Regelkreisläufe der Natur, in denen komplexe Informationen verarbeitet werden und eine passende Reaktion darauf folgt. Es gilt abzuwarten, ob weitere Forschung zeigt, dass die Venusfliegenfalle in noch größeren Zahlenräumen operieren kann.

[BÖHM J, SCHERZER S et al. (2016) The venus flytrap *Dionaea muscipula* counts prey-induced action potentials to induce sodium uptake. *Curr. Biol.* 26, 286-295] F. Hess

■ Ist die Gegenwart der Schlüssel zur Vergangenheit?

Zur Entschlüsselung der geologischen Überlieferung werden gewöhnlich Prozesse herangezogen, die gegenwärtig auf der Erdoberfläche beobachtet werden. Diese Vorgehensweise – auch mit „die Gegenwart ist der Schlüssel zur Vergangenheit“ umschrieben – ist ein bedeutendes regulatives Prinzip* in

der Erdgeschichtsforschung. NYBERG & HOWELL (2015) allerdings setzen ein Fragezeichen – bereits in der Überschrift ihres in *Geology* veröffentlichten Artikels: *Is the present the key to the past? A global characterization of modern sedimentary basins*. Ihre Analyse moderner Sedimentbecken erfolgte nicht im Rahmen dieser Fragestellung, vielmehr war es ihr Ergebnis, das zu einer Infragestellung des Prinzips führte.

Ziel der Studie von NYBERG & HOWELL war, Verteilung und Ausmaß bedeutender Sedimentbecken der kontinentalen Lithosphäre* zu kartieren, um eine repräsentative, globale Größe moderner Beckensysteme zu ermitteln und diese schließlich zur Gesteinsüberlieferung in Beziehung zu setzen.

Als moderne sedimentäre Becken definieren die Autoren Bereiche, die einer aktiven Subsidenz (Absenkung) unterliegen und in denen sich Sedimente ansammeln. Für die Kartierung und Quantifizierung haben nur Bereiche kontinentaler Lithosphäre mit quartären Sedimenten Berücksichtigung gefunden; Bereiche mit ozeanischer Lithosphäre (die meisten ozeanischen Becken) sowie unbekanntes Terrain (wesentliche Teile von Grönland und der Antarktis) sind ausgeschlossen worden. Zur Reproduzierbarkeit sind die Zielgebiete möglichst genau definiert worden: Einerseits Gebiete innerhalb der Platten mit Flächen > 10.000 km² und niedrigem Relief (< 0,8°), z. B. Nord- und Ostsee; Schwarzes Meer, Kaspisches Meer, Aral-See und ihre umliegenden Gebiete; Teile Nordafrikas und Inneraustraliens (teilweise auch äolische Sedimente). Andererseits kleinräumigere Spezialgebiete (> 250 km²) wie Küsten- und intramontane Regionen, z. B. Becken der Basin-und-Range-Provinz in den USA.

Im Ergebnis werden nur 16 % der Landoberfläche von Sedimentbecken eingenommen; die restlichen über 80 % sind Hochlandgebiete ohne zukünftiges geologisches Erhaltungspotential. Des Weiteren sind 60 % der modernen Beckenbereiche (der zuvor genannten 16 %) ariden Klimagebieten zuzurechnen, im Vergleich zu 27 % bezogen auf die gesamte Landoberfläche.

Das Ergebnis zeige an (S. 646), „dass der Anteil der Erdoberfläche, welcher innerhalb des terrestrischen Bereiches potentiell in der Gesteinsüberlieferung erhalten bleibt, nur 16 % betragen könne.“ Dies werfe „eine interessante Frage auf, [nämlich] wie repräsentativ die quantitative Verteilung moderner Analogien [hier Sedimentbecken, MK] für die Gesteinsüberlieferung (...) sind.“ Die Autoren schließen aus ihrer Analyse, dass die Kartierung und Quantifizierung moderner Becken die Unvollständigkeit der stratigraphischen Überlieferung herausstelle – wie [folglich] auch die Wichtigkeit eines vorsichtigen Umgangs mit der stratigraphischen Überlieferung, wenn eben angenommen wird, dass „die Gegenwart der Schlüssel zur Vergangenheit ist“ (S. 643).

NYBERG & HOWELL stellen mit ihrer konkreten Analyse die Anwendung dieses Prinzips bzw. seine Aussagekraft bei entsprechender Anwendung in Frage; es ist nicht ihr Anliegen, das (uniformitaristische) Prinzip wissenschaftstheoretisch zu diskutieren (vgl. KOTULLA 2014, 2-21). Es ist anzumerken, dass die Autoren ihr (Gegenwarts-) Ergebnis auf die Vergangenheit übertragen – also im Grunde genommen das Prinzip anwenden. Aus ihren Ergebnissen hätte auch Folgendes geschlossen werden können: Die gegenwärtig auf der Erdoberfläche beobachtbaren Prozesse (mit Bezug auf Sedimentbecken und ihre Füllungen) sind mit denen der Vergangenheit nicht vergleichbar. Wo gibt es heute Sedimentationsräume, die beispielsweise denen des Karbons, Zechsteins oder Buntsandsteins vergleichbar wären? Streng genommen müssten die quartären Becken mit ihren Ablagerungen, die wesentliche Grundgröße der Analyse, separat betrachtet werden;

Glossar

Regulatives Prinzip: Regel oder Regelwerk zur Deutung der nicht beobachtbaren Vergangenheit, z. B. Uniformitarismus.

Lithosphäre: Die Erdkruste sowie der obere, starre Teil des Erdmantels.

denn auch sie sind – insbesondere die geologische Aktivität und Intensität betreffend – in ihrer Gesamtheit kein Abbild der Gegenwart.

Dass ihrem Schlusse zufolge die stratigraphische Überlieferung unvollständig ist bzw., mit Verweis auf MIALL (2014), die Gesteinsüberlieferung eine unvollständige Überlieferung der geologischen Geschichte ist, auf diese (Erkenntnis-) Grenzen hat auch der Verfasser (KOTULLA 2014, 2–01) aufmerksam gemacht.

[KOTULLA M (2014) Gültigkeit und Grenzen geologischer Zeitbestimmung. Online-Lo-seblattsammlung, Stand: 1. Ergänzungslieferung 03/2014, <http://www.wort-und-wissen.de/lo-seblattsammlung.html> • MIALL A (2014) The emptiness of the stratigraphic record: A preliminary evaluation of missing time in the Mesaverde Group, Book Cliffs, Utah, U.S.A. *Journal of Sedimentary Research* 84, 457–469 • NYBERG B & HOWELL JA (2015) Is the present the key to the past? A global characterization of modern sedimentary basins. *Geology* 43, 643–646.] M. Kotulla

■ 2 km unter dem Meeresboden

46 Autoren, allesamt Wissenschaftler der Tiefseebohr-Expedition 337, haben kürzlich gemeinsam in *Science* ihre Ergebnisse über die Erforschung der tiefen Biosphäre in Verbindung mit kohleführenden Sedimenten vorgestellt (INAGAKI et al. 2015): Es existieren lebende Mikroorganismen mindestens bis in Tiefen von 2,5 km unter dem Meeresboden. Und: Taxonomische Gruppen in 2 km tiefen kohleführenden Sedimenten, die ursprünglich einen flachen küstennahen Ablagerungsraum besiedelten, scheinen seit ihrer Einbettung fortzubestehen – über einen Zeitraum von mehreren Zehner Millionen Jahren (Anm.: unter Zugrundelegung der geologischen Zeitskala, die mit radiometrischen Alterswerten geeicht ist).

Die 2012 mit dem derzeit modernsten Forschungsbohrschiff *Chikyu* im Rahmen des internationalen IOD-Programms (Integrated Ocean Drilling) durchgeführte Expedition 337 konnte einen neuen Tiefen-Rekord vermelden. An der Bohrlokalität Site C0020, auf dem westlichen pazifischen Kontinentalrand, 65 km östlich der Shimokita-Halbinsel



Abb.1 Kohlehaltiges Sediment. Bohrkern der IODP-Tiefseebohrung, Expedition 337, vom Kontinentalrand östlich Japan (Site C0020). (©Luc RIOLON, MARUM/IODP)

(Japan), entstand in einer Wassertiefe von 1180 m das bislang tiefste Bohrloch einer wissenschaftlichen Tiefseebohrung – 2466 m (Expedition 337 Scientists 2013a).

Die Bohrcrew reaktivierte ein bereits bestehendes Bohrloch (C9001) und setzte in einer Meeresbodentiefe von 647 m neu an. Wissenschaftlich beprobt wurden die rückgeführte Bohrspüle (Suspension, Bohrklein, Gase etc.) und die ab einer Tiefe von 1256 m punktuell gezogenen Kerne. Darüber hinaus wurden umfangreiche Bohrlochmessungen vorgenommen. Zur Identifizierung der Kontamination und ihrer quantitativen Berücksichtigung wurden spezifische Systeme und Verfahren entwickelt und eingesetzt.

Die durchbohrten Ablagerungen bestehen hauptsächlich aus unterschiedlich verfestigten Sand-, Silt- und Tonsteinen sowie Konglomeraten; sie wurden in vier (lithologische) Einheiten gegliedert. Im tieferen Bereich herrschen Temperaturen von ~ 40 ° bis 60 °C. Der Tiefenabschnitt von 1826–2046 m (Einheit III) zeichnet sich durch Einschaltungen von Kohle- bzw. kohlehaltigen Schichten aus (Abb. 1), darunter zwölf bedeutendere, zehn mit Dicken von 30 bis 140 cm und zwei mit 350 bzw. 730 cm (Expedition 337 Scientists 2013b, Tab. T10). Die biostratigraphische Einordnung mittels Diatomeen (Kalkalgen, nur

am Top) und Palynomorphen (Sporen und Pollen) ist recht grob: Am Top (647 m) oberes Pliozän und an der Basis (2466 m) oberes Oligozän/unteres Miozän; Einheit III oberes Oligozän/unteres bis mittleres Miozän. Der Sedimentationsraum wird in seiner kontinuierlichen Entwicklung als zunächst küstennah und stark wechselnd (terrestrisch, intertidal, flachmarin) gedeutet, sodann als marin und zunehmend küstenfern (heute Kontinentalrand). Demzufolge entstanden die Kohleschichten in 2 km Tiefe, „(...) als große Mengen organischen Materials, das aus Landpflanzen stammt, in Küstennähe abgelagert wurden“ (MARUM) und das Sedimentbecken insgesamt absank. Beckenabsenkung (Subsidenz) und Sediment-Input müssen weitestgehend in Balance gestanden haben (Expedition 337 Scientists 2013a, 13).

Die Forscher entdeckten über die gesamte Tiefe intakte mikrobielle Zellen. Die Zellkonzentration nahm erwartungsgemäß mit der Tiefe ab, im „flacheren“ Meeresbodenuntergrund (bis 365 m) von ~10⁹ zu ~10⁷ Zellen pro cm³. Im „tieferen“ Meeresbodenuntergrund (> 1,5 km) lag sie mit ~ 10² bis 10³ Zellen pro cm³ aber deutlich unter der Erwartung. Auffällig dagegen waren lokal höhere Konzentrationen in den kohleführenden Sedimenten.

Des Weiteren kann sogar von einer mikrobakteriellen Aktivität

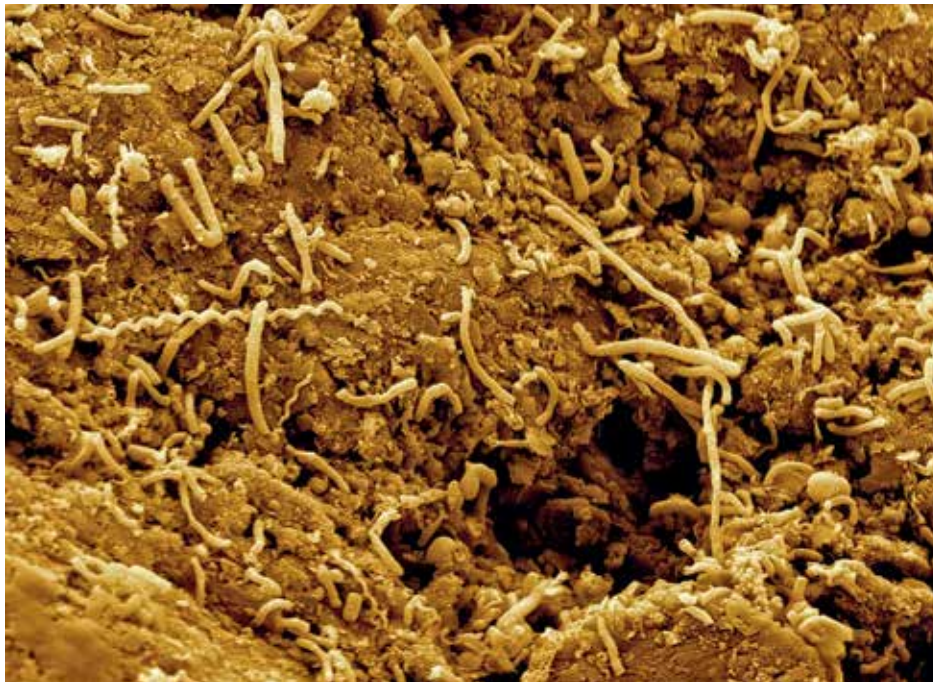


Abb. 2 Kultur mit Mikrobenproben aus kohlehaltigem Sediment, das aus einer Meeresbodentiefe von 2 km stammt (vgl. Abb. 1). Im Bioreaktor wuchsen die Zellen auf dem der Kultur zugeführten Kohlenstaub und produzierten Methan. Elektronenmikroskop-Aufnahme, etwa 5.000-fache Vergrößerung. Bildbreite: ca 25 µm. (© Hiro IMACHI, JAMSTEC)

im gesamten Untergrund bis 2,5 km Tiefe ausgegangen werden. Das zeigten spezifische und kontinuierliche Methananalysen an, die auf eine Methanerzeugung durch Mikroben hinweisen. Die Autoren mutmaßen, dass wahrscheinlich der größte Teil des Methans auf diese Weise entstanden sein könnte. Insbesondere wirke das kohlige Substrat (erhöhte Zellkonzentrationen) stimulierend auf Mikrobewachstum und Methanproduktion. Den indirekten Nachweis lieferte ein Laborexperiment: In einem Bioreaktor waren Proben der methanbildenden Mikroben-Vergesellschaftungen aus den kohleführenden Sedimenten bei 40 °C mit Kohlenstaub, der Hauptenergiequelle, angereichert worden. Die Bakterien wuchsen und produzierten durch Umwandlung von Kohle Methan (Abb. 2). Die in der Kultur gewachsenen Methanogene seien mit *Methanobacterium subterraneum* und *M. formicicum* eng verwandt, Arten, die kürzlich in terrestrischen Kohleschichten entdeckt worden waren.

Gensequenzielle Analysen (auf Basis des bakteriellen Gens 16S rRNA) zeigten deutliche Unterschiede in der Zusammensetzung der Mikrobengemeinschaften im „flacheren“ und „tieferen“ Meeresbodenuntergrund. So würden die

Gemeinschaften der „Tiefe“ von Bakteriengruppen dominiert, die von terrestrischen Böden bekannt sind; insbesondere würden viele operationale taxonomische Einheiten (OTU) eine hohe Sequenz-Übereinstimmung mit denen von Waldböden aufzeigen.

Dieses Milieu im tiefen Meeresbodenuntergrund scheint, so schließen INAGAKI et al. (2015, 424), „einige der taxonomischen Gruppen, die ursprünglich den flachen Ablagerungsraum besiedelten, erhalten haben und seitdem zum Kohlenstoffkreislauf beigetragen haben“. Die Zeitdauer dieses vermuteten Fortbestandes – rund „20 Millionen Jahre“ (MARUM) – wird allerdings weder diskutiert noch problematisiert.

[Expedition 337 Scientists (2013a) Expedition 337 summary. In: INAGAKI F, HINRICHS K-U, KUBO Y (eds) Proc. IODP 337, Tokyo (Integrated Ocean Drilling Program Management International, Inc.). doi:10.2204/iodp.proc.337.101.2013 • Expedition 337 Scientists (2013b) Site Coo20. In: INAGAKI F, HINRICHS K-U, KUBO Y (eds) Proc. IODP 337, Tokyo (Integrated Ocean Drilling Program Management International, Inc.). doi:10.2204/iodp.proc.337.103.2013 • INAGAKI F, HINRICHS K-U & weitere 44 Autoren (2015) Exploring deep microbial life in coal-bearing sediment down to ~2.5 km below the ocean floor. *Science* 349, 420-424 • MARUM (2015) Auf der Suche nach den Grenzen des Lebens. Pressemitteilung des Zentrums für Marine Umweltwissenschaften, Universität Bremen, vom 24. Juli 2015] M. Kotulla

■ Fossile Hinweise auf erste Lebensspuren: echt oder nur scheinbar?

Anfang der 1990er-Jahre hat SCHOPF (1993) mikroskopische Strukturen in Feuersteinen (Apex Chert) aus Australien beschrieben. Diese Gesteine werden zu den ältesten Gesteinen gezählt, die auf der Erde vorkommen. Ihr Alter wird mit 3,46 Milliarden radiometrischen Jahren angegeben. Seit der ersten Beschreibung werden die Interpretationen der Befunde kontrovers diskutiert, d. h. es gibt Autoren, die ausschließlich physikalisch-chemische Ursachen für die Entstehung dieser Strukturen anführen und sie als Pseudofossilien (BRASIER et al. 2002) ansprechen, während andere Wissenschaftler Befunde und Argumente anführen, die für einen biologischen Ursprung dieser Mikrofossilien sprechen.

Jetzt haben BOWER et al. (2016) ursprüngliche Proben, die im Natural History Museum in London archiviert sind, einer umfangreichen Analyse unterzogen. Dabei haben sie neu entwickelte Methoden eingesetzt, in welchen Signale von Raman-Spektren – genauer das Verhältnis aus zwei Signalen – zur Erzeugung von hochaufgelösten Bildern genutzt werden. Diese Darstellungen ermöglichen die Feststellung der Orientierung von Quarzkristallen in den untersuchten Proben.

Diese Methode wurde, nachdem sie vorher an bekannten Proben evaluiert worden war, auf eines der Fossilien angewendet, die SCHOPF als Holotypus für die Art *Eoлектonema apex* beschrieben hatte, also eines, das maßgeblich für die Beschreibung dieser Art ist. Wird nur ein Raman-Signal (461 cm⁻¹) für die bildliche Darstellung der Verteilung von Quarz benutzt, so zeigt sich eine ziemlich gleichförmige Verteilung bis auf die unmittelbare Umgebung der als Mikrofossil beschriebenen Struktur und innerhalb derselben. Die Bilder auf Basis von für Kohlenstoffspezifischen Signalen zeigen, dass dieses Element in und neben der fraglichen Struktur zu finden ist. Die Abbildungen, die mit der von den Autoren entwickelten Methode erstellt wurden, legen nahe, dass

einzelne Quarzkristalle von der als Mikrofossil beschriebenen Struktur durchschnitten wurden.

Die von BOWER et al. vorgelegten Daten werden von den Autoren so interpretiert, dass das von SCHOPF als *E. apex* beschriebene Mikrofossil sehr viel wahrscheinlicher einen Riss darstellt, der entstand, während der Kristall aus einer Lösung gewachsen ist, die reich an Silikat und Kohlenstoff war. Der spektrometrisch nachgewiesene Kohlenstoff entspricht dann einer Rissfüllung.

Über den Ursprung des Kohlenstoffs machen die Autoren keine verbindlichen Aussagen. Dieser könnte in der Tat biologischen Ursprungs, aber auch unter hydrothermalen Bedingungen anorganisch entstanden sein.

BOWNER et al. (2016) plädieren dafür, dass vor einer sorgfältigen und umfassenden Analyse der mikroskopischen Strukturen in Feuerstein diese als Pseudofossilien aufgefasst werden sollten, also als Strukturen, die nur so aussehen, als wären sie Mikrofossilien und damit Hinweise auf Lebewesen. Damit ist an einem Beispiel der von SCHOPF in einer aufsehenerregenden Veröffentlichung beschriebenen Mikrofossilien aus den ältesten verfügbaren Gesteinen gezeigt, dass deren Natur nach wie vor ungeklärt ist. Das bedeutet, dass man bei der Interpretation gerade sehr alter Strukturen sehr vorsichtig vorgehen sollte.

[BOWER DM, STEELE A, FRIES MD, GREEN OR & LINDSAY JF (2016) Raman imaging spectroscopy of a putative microfossil from the ~3,46 Ga Apex chert: insights from quartz grain orientation. *Astrobiol.* 16, 169-180 • BRASIER MD, GREEN OR, JEPHCOAT AP, VAN KRANENDON MJ, LINDSAY JF, STEELE & GRASSINEAU NV (2002) Questioning the evidence for the earth's oldest fossils. *Nature* 416, 76-81 • SCHOPF JW (1993) Microfossils of the Early Archean Apex chert: new evidence of the antiquity of life. *Science* 260, 640-646.]
H. Binder

■ Kohlenstoff biologischen Ursprungs in alten Zirkonkristallen?

Hinweise auf Leben kann man in Gesteinen in verschiedener Form weit in die Vergangenheit zurückverfolgen. In Fossilien finden wir

oft deutliche Spuren auf vergangene Organismen; mikroskopische Strukturen in Gesteinen, sogenannte Mikrofossilien, lassen sich noch weiter zurück verfolgen, sind aber auch schwerer zu interpretieren, und die Fachleute diskutieren sie kontrovers. Chemische Besonderheiten, die als Hinweise auf Leben verstanden werden, finden sich in den ältesten Gesteinen, die man bisher auf der Erde findet; aber auch in diesem Fall ist der Interpretationsspielraum sehr groß.

Im Westen Australiens (Jack Hills, Narryer-Gneis Terran) werden sehr alte Gesteinsformationen (Meta-sedimente) beschrieben, in denen Zirkonkristalle eingeschlossen sind, die ursprünglich aus noch älteren Gesteinen stammen (detritisch). Einigen dieser Zirkone wird aufgrund radiometrischer Bestimmungen ein Alter von mehr als 4 Milliarden Jahren zugesprochen. BELL et al. (2015) haben 656 Zirkonkristalle mit einem radiometrischen Alter von mehr als 3,8 Milliarden Jahren auf Kohlenstoff (C)-haltige Einschlüsse untersucht. Dabei fanden sie einen Zirkon, dem sie aufgrund von Uran(U)-Blei(Pb)-Messungen ein U-Pb Alter von $4,10 \pm 0,01$ Milliarden Jahren zuweisen. Dieser Kristall enthält in einem ungestörten Bereich (keine Risse) graphitartige C-Einschlüsse, von welchen der Gehalt an stabilen C-Isotopen C-12 und C-13 bestimmt wurde. Daraus lässt sich ein $\delta^{13}\text{C}$ -Wert bestimmen, der im Vergleich zu einem Standard (Pee Dee Belemniten Standard: $\delta^{13}\text{C}_{\text{PDB}}$) die Anreicherung bzw. Verarmung an C-13 angibt. Ein im Vergleich zum Standard deutlich verringerter ^{13}C -Gehalt wird aufgrund bisheriger Erfahrung als Hinweis auf eine biologische Quelle des Kohlenstoffs interpretiert; dabei wird die enzymatische Aktivität in lebenden Zellen für den Effekt verantwortlich gemacht. So wurden Partikel mit Proben aus Grönland mit einem radiometrischen Alter $< 3,7$ Milliarden Jahren aufgrund von $\delta^{13}\text{C}$ -Werten als frühe Hinweise auf Leben interpretiert (MOJZSIS et al. 1996, ROSING 1999).

BELL et al. (2015) ermittelten einen $\delta^{13}\text{C}$ -Wert von -24 ± 5 ‰, der damit in einem Bereich liegt,



Abb. 1 Zirkone zählen zu den ältesten Mineralien in der Erdkruste. Sie bestehen hauptsächlich aus Zirkoniumsilikat und können größere Mengen an Verunreinigungen enthalten. Das hier abgebildete Exemplar wurde von Forschern der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung im permischen „Versteinten Wald“ von Chemnitz aus einer Aschelage geborgen und zur radiometrischen Datierung genutzt. (© Senckenberg)

der für eine biologische C-Quelle spricht. Die Autoren diskutieren umfänglich alternative anorganische Erklärungen für die Verarmung an ^{13}C und verteidigen dabei die Plausibilität eines biologischen Ursprungs des Kohlenstoffs in der von ihnen präsentierten Probe.

Angeichts des Interpretationsspielraums der Daten und der Tatsache, dass nur ein einziger Zirkonkristall diese Art des Einschlusses aufweist, ist die Aussagekraft der Arbeit von BELL et al. (2015) begrenzt und bedarf einer Bestätigung durch weitere zukünftige Untersuchungen. Dennoch liefert sie möglicherweise den derzeit ältesten Hinweis auf Leben mit $> 4,1 \cdot 10^9$ radiometrischen Jahren rund $300 \cdot 10^6$ Jahre älter als bisher bekannt. Damit weisen die Autoren wieder einmal darauf hin, dass Leben auf der Erde sehr früh nachweisbar zu sein scheint, was die Erklärung seiner möglichen natürlichen Entstehung auf der Erde vor eine große Herausforderung stellt.

[BELL EA, BOEHNKE P, HARRISON TM & MAO WL (2015) Potentially biogenic carbon preserved in 4.1 billion-year-old zircon. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 112, 14518–14521 • MOJZSIS SJ, ARRHENIUS G, MCKEEGAN KD, HARRISON TM, NUTMAN AP & FRIEND CRL (1996) Evidence of life on earth by 3800 million years ago. *Nature* 384, 55-59 • ROSING MT (1999) $\delta^{13}\text{C}$ -depleted carbon microparticles in > 3700 -Ma sea floor sedimentary rocks from West greenland. *Science* 283, 674-676] H. Binder

