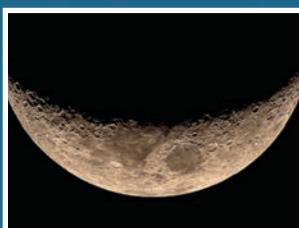


STUDIUM INTEGRALE

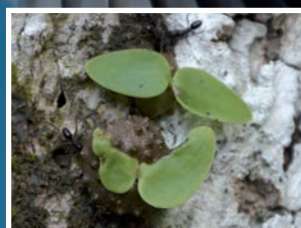
Wie entstand die Feder?



War das Mittel-
meer trocken?



Entstehung
des Mondes



Ameisen als
Gärtner

Ist die Welt aus sich selbst erklärbar?

Eine kritische Analyse des Naturalismus

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



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

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

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

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

Erhältlich auch bei:

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



Nimmt man eine Vogelfeder in die Hand, überrascht immer wieder, wie leicht dieses Gebilde ist. Es heißt nicht umsonst „federleicht“. Gleichzeitig sind Vogelfedern ausgesprochen robust und dennoch biegsam und kombinieren damit sehr unterschiedliche Eigenschaften. Diese Kombination stellt besondere Anforderungen an den Feinbau der Federn. Benötigt wird dafür geeignetes Baumaterial – das Federkeratin –, außerdem gibt es anspruchsvolle Anforderungen an die Art und Weise, wie das Material in Federschaft, -ästen und -strahlen „verbaut“ wird, und schließlich sind auch die Anforderungen an die Struktur der reißverschlussartig ineinandergreifenden Federstrahlen (Bogen- und Hakenstrahlen) alles andere als trivial. Denn bei aller Robustheit müssen die Federn auch kontrolliert nachgeben können, wenn starke Kräfte auf sie

wirken, dass es nicht zu irreparablen Rissen kommt; dabei hilft der „Reißverschluss“. Es zeigt sich: Materialeigenschaften, Feinbau und Federstrukturen sind aufeinander abgestimmt. Und es ist leicht einzusehen, dass diese besonderen Eigenschaften der Federn komplett vorhanden sein müssen, damit Federn flugtauglich sind.

Tatsächlich ist der Feinbau von Schaft und Federästen so kompliziert, das erst in jüngerer Zeit durch neue Untersuchungstechniken größere Fortschritte in der Aufklärung ihres Aufbaus erzielt wurden. Doch die an schon sehr anspruchsvolle Federstruktur reicht bei weitem nicht für die Flugfähigkeit. Es wird auch eine zweckmäßige Verankerung im Körper benötigt, ein Muskelgeflecht an den Federspulen zur Bewegung der Federn, Blutgefäße, Nervenbahnen und Sinneskörperchen, die die Positionen der einzelnen Federn registrieren und ans Gehirn melden, und die passenden Reaktionen darauf, und die Einbettung der Federn in ein hydraulisches System von Fett- und Bindegewebe. Von den anatomischen Voraussetzungen für die Flugkünste und ihre komplexe Steuerung ganz zu schweigen.

Vor diesem Hintergrund überrascht es, wenn in populären Darstellungen der Eindruck erweckt wird, die evolutive Entstehung flugtauglicher Federn sei im Wesentlichen aufgeklärt. Das heute gängige Modell nach Richard O. PRUM beinhaltet fünf Stadien bis zur Flugfeder, angefangen von einem fädigen hohlen Auswuchs bis zur asymmetrischen, flächigen Feder. In der zweiten Folge der Reihe über Vogelfedern und Vogelflug geht Reinhard JUNKER der Frage nach, inwieweit dieses Modell und auch ein früher favorisiertes Modell dem Erklärungsziel einer evolutiven Entstehung durch zukunftsblinde Prozesse nahekommen.

Themenwechsel: Vor einigen Wochen verfolgten viele Menschen mit Sorge die Entwicklungen am Oroville-Staudamm (Kalifornien). Dort drohten die aufgestauten Wasser unkontrolliert überzulaufen. 200 000 Einwohner mussten das Gebiet verlassen. Schließlich wurde der Abfluss über die beschädigte Überlauftrinne geleitet und so eine Reduzierung des Wasserstandes herbeigeführt. Der Wasserstrom allerdings, der aus der beschädigten Überlauftrinne ausgebrochen war, schuf in nur wenigen Tagen einen beachtlichen Canyon in hartem Felsgestein. Damit liegen neue Beobachtungsdaten für das Phänomen der Tiefenerosion vor, die anzeigen, dass eine signifikante Erosionsleistung erst durch höher-energetische Ströme erzeugt werden kann.

Dagegen gibt es keine Beobachtungsdaten für die Bildung großer Salzlagerstätten. Nirgendwo auf der Erde entstehen heute in einem Meeresbecken auf einer Fläche von über 1 Million km² mächtige Salzablagerungen – wie einst im Mittelmeer. Die gigantischen Mittelmeer-Salzvorkommen wurden seit den 1970er-Jahren durch Austrocknung des Mittelmeeres erklärt. Michael KOTULLA zeigt auf, dass die damalige Interpretation des Probenmaterials übereilt und zielgerichtet erfolgte und den kürzlich vorgenommenen Überprüfungen nicht standhält. Die Quantifizierung der Sedimentationszeit der mächtigen Steinsalz-Körper, ob länger oder kürzer, ist abhängig von der jeweiligen Vorstellung über die Bedingungen und Mechanismen zur Salzbildung selbst – und bleibt vorläufig ein spekulatives Feld.

Die Erforschung des menschlichen Erbguts scheint starke Belege für eine Abstammung des Menschen von affenartigen Vorfahren zu bringen. Der Aufbau des Chromosoms 2 des Menschen, das mögliche Anzeichen einer Fusion aufweist, ist ein Beispiel dafür. Peer TERBORG zeigt, dass die Situation sehr viel komplizierter ist als oft dargestellt und dass es auch starke Gegenargumente gegen eine Fusion gibt, aber auch, dass eine in der Vergangenheit stattgefundene Fusion kein Beweis für eine gemeinsame Abstammung von Mensch und Schimpanse wäre. Über genetische Studien berichtet auch Harald BINDER, und zwar bei den Giraffenartigen. Deren Erbgut zeigt im Vergleich zu anderen Säugetieren auffällige Besonderheiten. Das ist angesichts ihrer besonderen Statur und der damit verbundenen Physiologie auch nicht überraschend. Somit spiegeln sich auf molekularer Ebene die Besonderheiten der Lebensweise der Giraffenartigen wider. Die genetischen Grundlagen stellen aber nur einen kleinen Teil der Biologie der Giraffen dar und erklären nicht ihren Bauplan. Die mutmaßliche Phylogenese wird durch die vorliegenden Befunde nicht erhellt.

Zahlreiche weitere Themen aus verschiedensten Gebieten der aktuellen Forschung versprechen viele interessante neue Erkenntnisse.

■ IMPRESSUM

Herausgeber

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

Redaktion

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

Korrespondenzadresse

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

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

Produktion

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

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen

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

Alle Rechte vorbehalten.

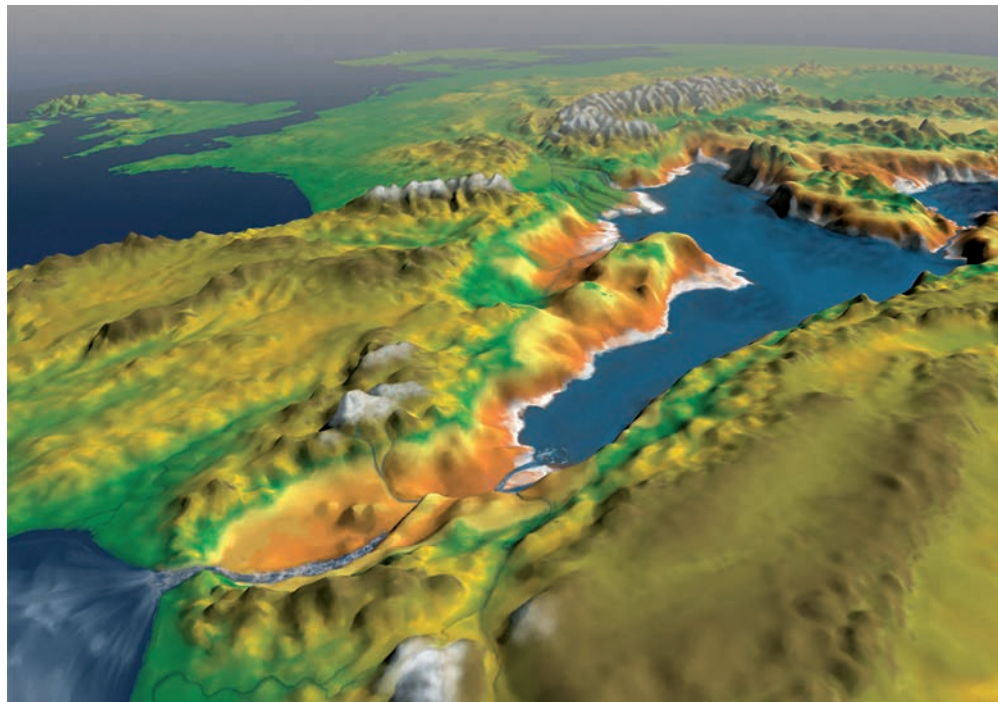
Die Verantwortung für den Inhalt tragen
die jeweiligen Autoren. Der Herausgeber
und die Redaktion identifizieren sich
nicht zwangsläufig mit allen Details der
Darlegungen.

■ TITELBILD

Damit Federn das Fliegen ermöglichen,
muss Vieles aufeinander abgestimmt sein,
angefangen vom „Baumaterial“ der Federn
und dessen Anordnung bis zur Flugsteue-
rung. Was über die Entstehung der Vogel-
federn bekannt ist, wird ab Seite 4 disku-
tiert. Das Bild zeigt eine Lachmöwe, *Chroico-
cephalus ridibundus*. (Foto: Fotolia.com
© Maciej Olszewski)

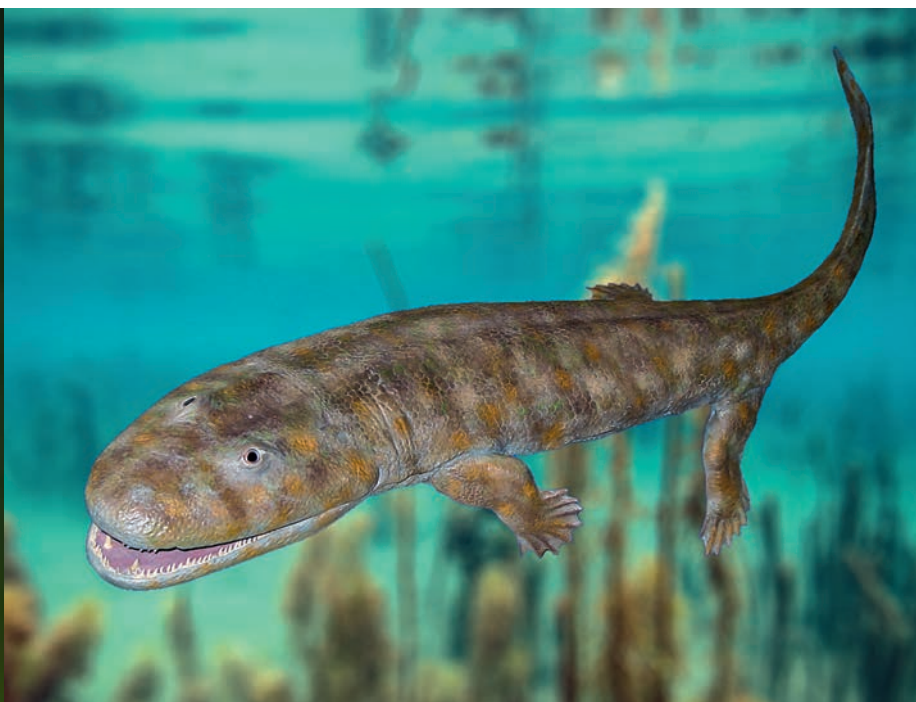
ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

R. Junker	Vogelfedern und Vogelflug. 2. Modelle zur Entstehung von Federn	4
P. Terborg	Chromosom 2 des Menschen: Ergebnis einer Fusion?	12
M. Kotulla	Salzlagerstätten: Das Mittelmeer war keine Wüste	22



■ KURZBEITRÄGE

N. Pailer	Die Entstehung des Mondes – noch immer eine schwere Geburt	31
T. Holder	Antiwasserstoff und die Herkunft der Materie im Urknallmodell	35
H.-B. Braun	Ant-Man als Plant-Man. Ameisen als Pflanzenzüchter	37
H. Binder	Giraffenartige – Genom und Körperbau	40
R. Junker	Kurzflügler als „Ameisenkäfer“ – eine erstaunliche Konvergenz	42
M. Kotulla	Neuer Canyon am Oroville-Staudamm – Ausgebrochener Wasserstrom verursacht schnelle Erosion	45
R. Junker	Dino-Federn in Bernstein?	48

■ STREIFLICHTER

Ameisen-Design ist anders	53
Programmierte Anpassungsfähigkeit bei Killifischen?	
Von Fischen zu Vierbeinern? Neues von <i>Acanthostega</i>	54
Pflanze betrügt Mistkäfer	56
Kletternde Leuchterblume: Seltsamer Geruch führt zur Bestäubung	
Wiesen-Bocksbart mit optimalem Fallschirm	58
Islandponys – ursprünglich von den britischen Inseln?	59
Seeanemonen und die Haarzellen aus dem Gleichgewichtsorgan von Wirbeltieren	60
Biotechnisch veränderte (semisynthetische) Organismen mit unnatürlichen Nukleinsäure-Bausteinen	61
Anfangs explosiv – dann nur noch Fine-Tuning: Vielfalt der Vogelschnäbel	62
Urvogel <i>Confuciusornis</i> unerwartet „modern“	63

■ KOMMENTAR

H. Binder	Mischwesen: Chimäre Mensch-Tier-Föten	51
-----------	---------------------------------------	----

Vogelfedern und Vogelflug

2. Modelle zur Entstehung von Federn

Vogelfedern sind hochkomplexe Gebilde und nur dann flugtauglich, wenn sie passend in der Körperoberfläche verankert sind, bewegt werden können und die vielfältigen Abläufe beim Flug in Sekundenbruchteilen durch Rückkopplungsprozesse gesteuert werden. Evolutionäre Entstehungsmodelle müssen diese Synorganisation und die für die Funktionalität der Federn erforderlichen Details berücksichtigen, wenn sie realistisch sein sollen. Wie schneiden die Modelle ab?

Reinhard Junker

Einleitung

In der letzten Ausgabe von *Studium Integrale Journal* wurde ein Überblick darüber gegeben, welche Erfordernisse Federn erfüllen müssen, um flugtauglich zu sein (JUNKER 2016). Angefangen vom geeigneten „Baumaterial“ bis zur Flugsteuerung hängen die verschiedenen Aspekte eng miteinander zusammen, es liegt eine ausgeprägte *Synorganisation* vor. Die verschiedenen Ebenen müssen fein aufeinander abgestimmt sein – im Einzelnen: das Federkeratin als Baustoff, die überkreuzte Anordnung der Keratinfasern in der Wand des Federschafts und deren nahtloser Übergang in die Wände der Federäste, die detaillierten Strukturen der Federn mit Haken- und Bogenstrahlen – das alles ermöglicht Leichtbau, Robustheit und Flexibilität zugleich –, die Ver-

ankerung im Körper (Follikel), das muskuläre Geflecht an den Calami (Basen der Federschafte) sowie die dafür erforderlichen Blutgefäße, Nervenbahnen und Sinnesorgane, die die Positionen der einzelnen Federn registrieren und ans Gehirn melden, und die passenden Reaktionen darauf (Regelkreise), die Einbettung der Federn in ein hydraulisches System von Fett- und Bindegebe- webe usw.

Die Anforderungen an die Federn und ihre Steuerung sind wiederum nur ein Teil der Voraussetzungen für die Flugfähigkeit, denn es muss auch ein passendes Federkleid ausgebildet sein, weiterhin dessen koordinierte Steuerung; zahlreiche Muskelpartien sind beim Flug beteiligt; es gibt Anforderungen an den Skelettbau; die Federn bedürfen ständiger Pflege und es braucht besondere Fähigkeiten beim Starten und

Hinweis zu den Anmerkungen:

Die Anmerkungen enthalten Belegzitate und weitere Informationen; sie können als Zusatzmaterial zum Artikel unter www.si-journal.de/jg24/heft1/federentstehung.pdf heruntergeladen werden.

Landen, um nur einige Aspekte zu nennen. Und schließlich wird auch eine „Bauanleitung“ für den Aufbau der Federn während der ontogenetischen (individuellen) Entwicklung benötigt – ein sehr anspruchsvoller und komplizierter Vorgang.

Wenn eine evolutionäre Entstehung der Vogelfedern modelliert werden soll, müssen alle diese Aspekte bedacht werden. Man kann zwar argumentieren, dass die für ihre Flugtauglichkeit erforderlichen Merkmale nicht auf einen Schlag entstanden sein mussten, sofern funktionale Zwischenstufen mit anderen Funktionen als der Flugfunktion plausibel gemacht oder gar nachgewiesen werden können. Und im Rahmen evolutionärer Modellierungen ist tatsächlich bis heute umstritten, welche Erstfunktion Federn oder federartige Anhänge besaßen, bevor Federn in flugtauglicher Ausprägung entstanden sind. Doch in allen Fällen ist der Weg von solchen Vorstufen zu flugtauglichen Federn kaum kürzer als bei direkter Entstehung. (Darauf soll in einer späteren Folge dieser Artikelserie eingegangen werden.)

In evolutionären Entstehungshypothesen müssen die Mindestanforderungen an die Flugtauglichkeit von Federn in Rechnung gestellt werden und es muss jederzeit beachtet werden, dass die einzelnen Module und Ebenen (vom Baumaterial bis zum Verhalten) nicht isoliert voneinander verstanden werden und auch nicht isoliert entstanden sein können. Außerdem sind bereits die *einzelnen* Teilstrukturen und Verhaltensweisen (Feedback-Systeme) hochkomplex wie z.B. die Mauser, die nur in ihrer Gesamtheit funktional und selektierbar ist und als nichtreduzierbares Teilsystem gelten kann. Ähnliches gilt für andere Teilsysteme.

Es muss beachtet werden, dass die einzelnen Module und Ebenen nicht isoliert voneinander verstanden werden und auch nicht isoliert entstanden sein können.

Aus diesen Gründen sind Beschreibungen wie die beiden folgenden aus aktuellen Publikationen ausgesprochen unrealistisch: „Die haarartigen Strähnen [bei manchen Dinosauriern als mutmaßliche Feder-Vorstufen interpretiert] wuchsen länger und begannen sich zu verzweigen, zunächst in wenige einfache Büschel und später in ein geordnetes System von Ästen, die seitlich von einem zentralen Schaft abzweigten. So entstand der Federkiel“ (BRUSATTE 2017, 54).¹ Oder die folgende „Erklärung“: „Ihre Federplakode, wie das Bildungsgewebe bezeichnet wird, sieht zwar aus wie das entsprechende Bildungsgewebe bei Schuppen tragenden Reptilien, doch nur eine einzige Mutation lässt die embryonale Vorform

Kompakt

Hypothesen zur Entstehung der Vogelfeder müssen deren komplexe Struktur und Synorganisation im gesamten Vogelbauplan berücksichtigen. Dabei stehen die einzelnen Voraussetzungen für eine Flugfähigkeit in vielfacher Wechselwirkung über verschiedene Ebenen der Konstruktion des gesamten Organismus hinweg. In evolutionären Hypothesen muss diese Synorganisation angemessen beachtet werden. Beispielweise muss die an sich schon sehr komplexe Steuerung der Federbewegungen auf die Koordination des Flugapparates abgestimmt sein. Beides zusammen wäre dennoch wirkungslos, wenn die Federn nicht geeignet strukturiert wären und keinen geeigneten Feinbau besäßen. Es wird gezeigt, dass und warum sowohl das früher favorisierte Schuppe-zu-Feder-Modell von REGAL (1975) als auch das heute gängige Ontogenese-Modell von PRUM (1999) bei weitem nicht geeignet sind, eine evolutive Entstehung flugtauglicher Vogelfedern plausibel zu machen.

Das heute weitgehend als Standard akzeptierte Feder-Entstehungsmodell von PRUM (1999) beinhaltet mit seinen fünf Stadien sehr große Schritte, berücksichtigt zahlreiche Details gar nicht und übergeht weitgehend die relevanten Fragen, welche Änderungen *im Einzelnen* von Schritt zu Schritt erforderlich sind und welche Selektionsdrücke diese Schritte begünstigt haben könnten.

senkrecht statt flach und geneigt aus der Haut wachsen. Auf der Grundlage der ersten Filamente waren dann nur noch kleine Abwandlungen erforderlich, um immer kompliziertere Federn entstehen zu lassen“ (GLAESER et al. 2017, 189). Im Folgenden soll ein genauerer Blick auf evolutionäre Feder-Entstehungshypothesen geworfen und untersucht werden, inwieweit die notwendigen Details von Federn berücksichtigt werden.

Modelle zur Entstehung von Federn

Methodische Fragen

Fragen der methodischen Herangehensweise bei Versuchen, einmalige vergangene Abläufe zu rekonstruieren, werden in der biologischen Fachliteratur relativ selten aufgeworfen. Einer der wenigen Autoren, die sich im Rahmen von Hypothesen zur Entstehung des Vogelflugs mit methodischen Fragen etwas genauer befassen, ist Walter BOCK (1985; 2000a; b; 2001). Er fordert, dass bei Modellen über evolutionäre Abfolgen berücksichtigt werden muss, dass die Lebewesen in jedem Stadium funktionelle Ganzheiten sind, die den Umweltanforderungen und daraus resultierenden Selektionsbedingungen gerecht werden müssen.² Eine realistische evolutionäre Abfolge müsse drei Bedingungen erfüllen (BOCK 2000a, 482):

1. Die evolutionären Schritte der Änderungen von Merkmalen müssen realistisch und in der zeitlichen Abfolge passend sein.

2. Die Organismen müssen *als Ganze* bei jedem Schritt funktional sein („functional wholes“). Die hypothetischen Evolutions-Szenarien müssen somit auf einer detaillierten Analyse funktioneller und ökologischer Eigenschaften des betreffenden Gegenstands – hier der Feder – beruhen (BOCK 1985, 201³). Anders gesagt: Das Erklärungsziel –

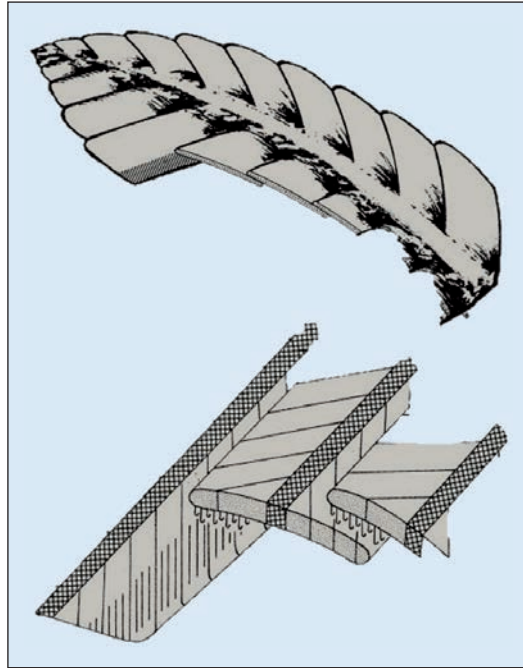


Abb. 1 REGALs Modell der Federentwicklung. Erläuterungen im Text. (Aus REGAL 1975)

Aufbau, Verankerung, Bewegung, Steuerung der Feder usw. – muss realistisch formuliert werden.

3. Die Abfolge evolutionärer Schritte muss kontinuierlich und graduell sein, ohne größere Sprünge.⁴ Neuerdings rücken zwar einige Biologen von der dritten Forderung ab und halten größere Sprünge durch Änderungen in Regulationsgenen oder durch Neuerschaltung von Genen für möglich (Evo-Devo-Ansatz; z.B. CHUONG et al. 2003, WU et al. 2004, CHEN et al. 2015), doch sind solche Überlegungen spekulativ und haben *bezüglich der Entstehung evolutiver Neuheiten* keinen Anhaltspunkt in der experimentellen Forschung (vgl. JUNKER 2009a).

Alle diese Bedingungen sind aber keine direkten Tests von Entstehungshypothesen, sondern nur Tests auf *Randbedingungen* bzw. auf *notwendige Voraussetzungen*. Es wird damit nur getestet, 1. ob empirische Befunde (wie z.B. Fossilfunde und unsere Kenntnisse über Evolutionsmechanismen)

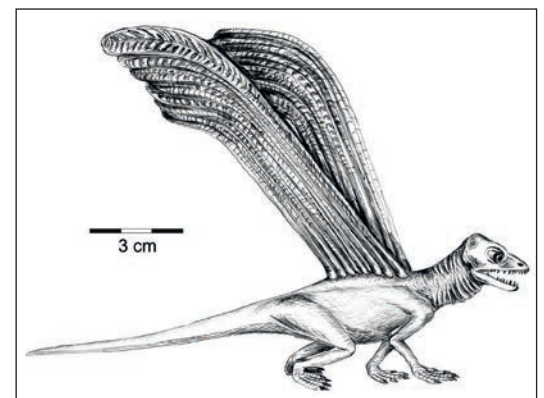
einer bestimmten Hypothese *nicht widersprechen*, und 2. ob die jeweilige Hypothese mehr *bestätigende* Befunde integrieren kann als ihre Konkurrenten (BOCK 2000b, 35; vgl. CLELAND 2001; 2002; zusammenfassend dargestellt von JUNKER 2009b).⁵ Es behält dann diejenige Hypothese die Oberhand, die die genannten Kriterien am ehesten erfüllt. Dagegen sind Tests, wie sie in der experimentellen Forschung durchgeführt werden, nicht möglich. Im experimentellen Bereich können durch Variation von Versuchsbedingungen universell gültige *gesetzmäßige* Vorgänge entdeckt und im Prinzip beliebig oft direkt getestet werden. Bei historischen Hypothesen ist das nicht möglich, da diese *einmalige* historische Vorgänge beschreiben, nicht jedoch allgemeine Gesetzmäßigkeiten. So könnte beispielsweise aus einer Erklärung der Entstehung des Fledermausfluges nicht auf die Entstehung des Vogelfluges geschlossen werden (BOCK 1985, 200), weil die Entstehung von Flügeln keiner bekannten Gesetzmäßigkeit folgt, die man auf beliebig viele Beispiele anwenden könnte.

Bestenfalls kann also gezeigt werden, dass eine bestimmte Hypothese den bekannten Daten nicht widerspricht, dass es zu ihr einige passende Daten gibt und dass sie in diesen beiden Punkten besser ist als ihre Konkurrenten. Es ist aber auch möglich, dass alle vorgeschlagenen Hypothesen durchfallen. Wie sind diesbezüglich Hypothesen zur Entstehung der Vogelfedern zu bewerten?

Federn als umgewandelte Reptilschuppen: Modell von REGAL

Aus welchen Vorstufen könnten sich Federn evolutiv entwickelt haben? Der erste Ansatz zur Erklärung evolutiver Neuheiten ist gewöhnlich, von einem „Umbau“ bisher schon vorhandener Strukturen auszugehen. Für die Vogelfeder bieten sich naheliegenderweise Reptilschuppen als Vorläuferstrukturen an. Diesen Ansatz verfolgt ein Modell, das REGAL (1975) veröffentlicht und das einige Zustimmung erfahren hat (Abb. 1). Auch wenn es heute aufgrund neuerer Erkenntnisse

Abb. 2 *Longisquama insignis*, Holotyp, isolierte längliche Strukturen (verlängerte Schuppen) auf dem Rücken (CC BY-SA 2.0) und Lebendrekonstruktion auf der Grundlage eines Skelettexemplars. Anordnung der verlängerten Rückenschuppen in Anlehnung an HAUBOLD & BUFFETAUT (1987), die *Longisquama* als Gleitflieger rekonstruieren (CC BY-SA 3.0). Die genaue Rekonstruktion der Schuppen von *Longisquama* und ihre Anordnung sind umstritten (vgl. FISCHER et al. 2007; BUCHWITZ & VOIGT 2012).



weithin als unplausibel gilt, soll es vorgestellt werden, um die Problematik evolutionärer Entstehungshypothesen zu diskutieren.

Ausgangspunkt sind nach REGALS Modell Reptilschuppen. In einem ersten Stadium sollen sich Schuppen verlängert haben und es soll zu einer dachziegelartigen Überlappung der Schuppen gekommen sein, wodurch die Haut vor zu starker Sonneneinstrahlung geschützt worden sein soll – eine Funktion, die bei heutigen Reptilien nachgewiesen werden konnte. In einem zweiten Stadium sollen sich die Schuppen mit Muskeln verbunden haben. Dadurch konnten sie bewegt werden, z.B. wäre damit ein Herunterklappen möglich, wodurch Luft eingeschlossen werden kann, was die Wärmedämmung verbessert und eine Regulierung des Wärmehaushalts unterstützt. In der weiteren Folge – so vermutet REGAL – wurden die Schuppen seitlich eingekebt. Dies bedeutete einen Schutz vor unkontrollierten Rissen und habe die Fiederung und die Flugfähigkeit eingeleitet.

Nach REGALS Modell war der erste evolvierte Federtyp eine Konturfeder, also eine flächige Feder mit zentralem Schaft; andere Federtypen sind davon evolutionär abgeleitet.

Kritik

Legt man die oben erläuterten Anforderungen an historische Hypothesen zugrunde, muss erhebliche Kritik angemeldet werden. PETERS (2001, 396) meint zwar, dass REGALS Modell „durch die sprunglosen Übergänge der Entwicklungsstadien“ bestehe, „wobei für jedes Stadium die Selektionsvorteile genannt werden können“, doch ist eine solche Einschätzung abgesehen vom ersten Schritt nicht nachvollziehbar. Schuppen können zwar mit Muskeln bereits verbunden sein, doch ist eine koordinierte Steuerung der Muskelaktivität im Hinblick auf den Wärmehaushalt kein kleiner Schritt. Das erfordert ein Regelkreissystem zur Regulierung der Körpertemperatur mithilfe unterschiedlicher Stellen der verlängerten Schuppen. Die Zerfransung der Schuppen könnte man sich dann zwar eher als graduellen Prozess vorstellen, aber der Weg zur Flugtauglichkeit ist dann noch extrem weit, denn dafür ist das System von Haken- und Bogenstrahlen unerlässlich, ebenso gleichzeitig die Bildung des Follikels mit Federmuskeln und vieles mehr. In REGALS Modell ist nicht einmal klar, welcher Selektionsdruck die Entstehung des Follikels begünstigt haben könnte.

Als weitere Kritik an REGALS Modell wird das Fehlen entsprechender Fossilformen genannt (PETERS 2001, 396) und es gibt auch nur für die erste Stufe Vorbilder in der heutigen Fauna. Unter Fossilformen wird zwar das triassische Fossil

Zwei grundlegend verschiedene Erklärungstypen

Bock (1985, 2000a, b) unterscheidet nominologisch-deduktive Erklärungen (**N-DE**) von historisch-narrativen Erklärungen (**H-NE**). N-DE nehmen auf Gesetzmäßigkeiten (gr. *nomos* = Gesetz) Bezug, aus welchen konkrete testbare Schlussfolgerungen abgeleitet (deduziert) werden. Diese werden dann durch Freilandbeobachtungen oder Laborexperimente überprüft und können ggf. falsifiziert werden. N-DE gelten universell, hängen nicht von der vergangenen Geschichte der Objekte ab, die erklärt werden sollen, und ihre Prämissen werden als generell gültig angenommen.

H-NE dagegen versuchen das vorhandene Belegmaterial durch ein mutmaßliches historisches Ablaufszenario (eine Erzählung, lat. *narratio*) zusammenzufügen, wobei solche Szenarien bekannten Gesetzmäßigkeiten nicht widersprechen dürfen (Bock 2000a, 482) und auf detaillierten Analysen funktioneller und ökologischer Eigenschaften beruhen müssen (Bock 1985, 201). Die Plausibilität von historisch-narrativen Erklärungen hängt also auch davon ab, ob und wie sie nominologisch-deduktive Aspekte (N-DE) berücksichtigen und ob sie auf einer realistischen funktionellen und ökologischen Analyse des Erklärungsgegenstandes fußen. Die Objekte der H-NE sind Singularitäten und betreffen definierte räumlich-zeitliche Positionen

(Bock 2000b, 35). H-NE beinhalten dementsprechend keine allgemeingültigen Aussagen, sondern beschreiben einmalige Ereignisse.

H-NE können abgewiesen werden, wenn die N-DE, auf die Bezug genommen wird, sich nicht bewährt haben. Zu den N-DE gehören insbesondere die experimentell nachgewiesenen Variationsmechanismen. Es gibt Hinweise darauf, dass diese begrenzt sind. Beispielsweise sind die Gen-Regulationsnetzwerke (GRN), die für die korrekte Ausbildung der Frühstadien verschiedenster Organe benötigt werden, sehr empfindlich gegen Mutationen. Änderungen der GRN führen zum Zusammenbruch des betreffenden Organs und zu schweren Missbildungen. Mutationen, die die frühe Embryogenese (und damit die Regulationsgene und -netzwerke) betreffen, könnten zwar größere Auswirkungen haben, weil sie frühe Weichenstellungen betreffen, erwiesen sich im Experiment aber durchweg als destruktiv (DAVIDSON 2011, 40).⁶ Auf der anderen Seite sind *geringe* Änderungen zwar selektierbar, ermöglichen aber nicht die Entstehung neuer Baupläne – ein Umstand, den der Genetiker John F. McDONALD (1983, 92f.) als „Großes Darwin'sches Paradoxon“ bezeichnet hat. Befunde dieser Art müssen in H-NE berücksichtigt werden.

N-DE

Gesetzmäßigkeiten
Deduktion, empirische Tests

Falsifikation im Prinzip möglich

universelle Geltung

unabhängig von vorausgegangenen Prozessen

Prämissen generell gültig

H-NE

einmaliges historisches Ablaufszenario*

Test: Kein Widerspruch zu bekannten Gesetzmäßigkeiten

Falsifikation schwierig; Verifizierung durch bestätigende Befunde

keine universelle Geltung

abhängig von vorausgegangenen Prozessen

Prämissen nicht generell gültig

* „Ablaufszenario“ ist im weitesten Sinne gemeint, nicht von vornherein als evolutives Szenario.

Longisquama (Abb. 2) als Beispiel eines Reptils mit verlängerten Schuppen genannt, aber seine Körperanhänge waren ungewöhnlich lang, für Wärmedämmung – wie in REGALS Modell vorgesehen – nicht geeignet und als Federvorstufen kaum tauglich.

Außerdem sprechen Befunde aus der Entwicklungsbiologie und neuerdings aus der Entwicklungsgenetik deutlich gegen REGALS Modell. Schuppen entstehen aus Hautfalten; Federn sind dagegen zylindrische, hohle, epidermale Anhängsel, die sich aus einem Follikel entwickeln. Nach der Bildung der Plakode verlaufen die ersten Stadien des Federwachstums

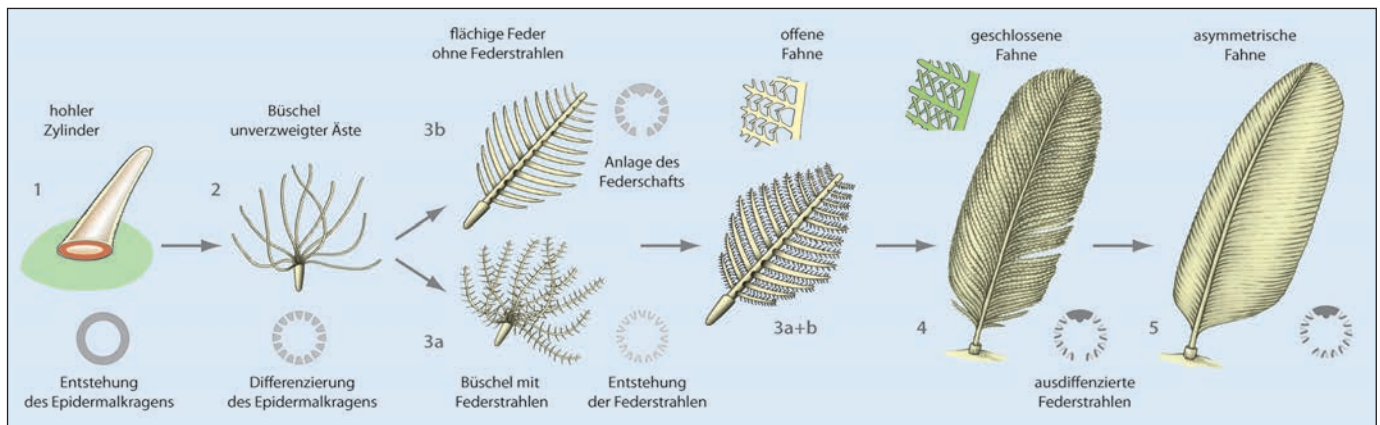


Abb. 3 PRUMS Modell der Federentwicklung. Einzelheiten im Text. (1-3 zusammengestellt nach PRUM & BRUSH 2003 und PERRICHOT et al. 2008; 4-5 von Emily WILLOUGHBY, <https://emily-willoughby.com>)

ganz anders als die ersten Stadien nach dem Schuppe-zu-Feder-Modell (vgl. JUNKER 2016). Auch neuere molekulare Studien unterstützen eine Homologisierung von Schuppen und Federn überhaupt nicht – außer in ganz frühen Stadien bis zur Bildung der Plakode (HARRIS et al. 2002, 173f.⁷; DI-POI & MILINKOVITCH 2016), da unterschiedliche molekulare Module aktiviert werden (PRUM 2003, 559). XU & GUO (2009, 311) stellen dazu fest: „Mehrere Modelle zum evolutionären Ursprung der Federn, die auf entwicklungsbiologischen Daten fußen, legen nahe, dass der Ursprung der Federn ein völlig innovatives Ereignis ist und dass die ersten Federn nichts mit Reptilschuppen zu tun haben“⁸ (vgl. PRUM & BRUSH 2002, 285⁹).

Federn als Neuheit: Ontogenese-Modell von PRUM

Das neuere Modell der Federentstehung von PRUM (1999) soll hier als Ontogenese-Modell bezeichnet werden, da es sich an der ontogenetischen Entwicklung orientiert. Es gilt heute weithin als Standard. In fünf Schritten soll die Entstehung flugtauglicher Federn plausibel gemacht werden. Gegenüber dem Modell von REGAL (1975) weist PRUMS Modell wesentliche Unterschiede auf:

- Die ersten Federstadien sind haarartige Federn und Dunenfedern.
- Federn sind Neubildungen und nicht mit Reptilschuppen homolog.
- Die Federevolution begann mit der Bildung des Follikels.
- PRUM merkt ausdrücklich an, dass in seinem Modell funktionelle Aspekte nicht berücksichtigt werden.

Die fünf Schritte von PRUMS Modell sind wie folgt (Abb. 3):

1. Es bildet sich eine fadenförmige Röhre, die sich in die Haut einsenkt; diese Einsenkung wird später zum Follikel. Außerdem bildet sich an der Basis der Epidermalkragens (die Bildungszone).

2. Daraus entwickelt sich eine dunenartige büschelige Feder ohne Verzweigungen. Außerdem differenziert sich der Epidermalkragen in zwei Schichten, deren äußere später zur schützenden Federscheide und deren innere zur Feder wird.

3. Das dritte Stadium stellt PRUM (1999) zweigleisig dar, d.h. er lässt offen, in welcher Reihenfolge die Änderungen auftraten. Zum einen sei es zur Bildung des Federschafts und zur Entstehung von Seitenästen und deren flächigen Anordnung gekommen, die noch nicht verhakt waren, zum anderen hätten sich an den Daunenfedern Nebenstrahlen gebildet. Die Kombination beider Veränderungen würde dann zur ersten Deckfeder mit unverbundenen Nebenstrahlen führen.

4. Im vierten Stadium bildet sich das System aus Bogen- und Hakenstrahlen, die Konturfedern waren anders als heutige Flugfedern aber symmetrisch und somit nicht flugtauglich. Dafür nötig war eine weitere Differenzierung der Vorgänge im Follikel und im Epidermalkragen (der Bildungszone), sodass entsprechend kompliziert strukturierte Säulen gebildet wurden, die zu den mit Bogen- und Hakenstrahlen versehenen Federästen wurden. Erst damit konnten die Federn der Luft Widerstand bieten.

5. Schließlich bildete sich eine Asymmetrie der Flugfeder heraus, womit aktiver Flug möglich wurde.

PRUM & BRUSH (2003, 37) betrachten es als eine Stärke ihres Modells, dass sich auch bei den heutigen Vögeln Federn aller fünf Stadien finden (vgl. auch PRUM 1999, 299¹⁰), merken allerdings an, dass es sich dabei um nachträglich vereinfachte Formen handeln dürfte, da bereits der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* komplexe Federn des Stadiums 5 besaß.

Nach dem Modell von PRUM entstanden Federn ursprünglich nicht im Kontext des Flugerwerbs (PRUM 1999, 301f.), da die Flugtauglichkeit für aktiven Flug erst im letzten Stadium erreicht wird und Gleitflug erst mit Federn des vierten Stadiums möglich ist. Daher sollen Federn zunächst andere Funktionen ausgeübt

haben: Wärmedämmung, Kommunikation (Signalgebung, „display“), Verteidigung oder Wasserabweisung (PRUM 1999, 291).

Kritik

Hält man sich vor Augen, welche strukturellen und histologischen Details bei Federn ausgebildet sein müssen, wird schnell deutlich, dass die Schritte in PRUMs Modell ausgesprochen groß sind. Viele Aspekte bleiben zudem außer Betracht, insbesondere die Details des Baus des Follikels, die Federmuskulatur u. v. a. (s. o.). Darüber hinaus sind plausible Selektionsdrücke, die kein evolutionäres Modell übergehen darf, unklar. PRUM hat im Wesentlichen einige Vorgänge während der ontogenetischen Entwicklung in eine hypothetische phylogenetische Abfolge übersetzt. Diese Übersetzung und die Existenz von Federtypen aller fünf Stufen bei heutigen Vögeln betrachtet er als Stütze für sein Modell, ebenso den Fossilbefund (wird in der nächsten Folge dieser Artikelserie behandelt), während er Fragen nach Selektionsbedingungen ausdrücklich außer Acht lässt und nicht in die Details geht. Die ontogenetischen Prozesse auf eine hypothetische phylogenetische Entwicklung zu projizieren ermöglicht allerdings keine Erklärung der erstmaligen Entstehung. Betrachten wir die einzelnen Stadien etwas eingehender.

Stadium 1: Die Entstehung des Follikels, also die Einsenkung einer röhrenförmigen Feder-Vorstruktur in die Haut, ist im PRUM'schen Modell ein Schlüsselereignis der Federentstehung (PETERS 2001, 396). Doch die Entstehung des Follikels mit eingesenkter hohler Röhre erfordert einen enormen Sprung. Die Einsenkung macht nur Sinn, wenn die darin befindliche Röhre bewegt werden kann; dafür werden Muskeln, Sehnen, Innervierung, Sinnesorgane usw. benötigt – wie oben kurz zusammengefasst (vgl. JUNKER 2016) –, zwar nicht unbedingt genau in der heutigen ausgeklügelten Form, aber ohne ein Mindestmaß an Vernetzung und Abstimmung der verschiedenen Strukturen ist keine Funktionalität zu gewährleisten und somit keine Selektion möglich. Eine Modellierung einer Evolution des Follikels ohne Beachtung dieses Zusammenhangs lässt also wesentliche Details und wichtige Zusammenhänge außer Acht und kann daher nicht überzeugen.

Unklar sind auch die Selektionsdrücke, die zur Einsenkung und zur hohlen Röhre geführt haben könnten; hier wird manchmal mit zukünftigem Nutzen, also teleologisch, argumentiert, was für evolutionäre Hypothesen allerdings tabu ist (vgl. Kasten). Wie erwähnt berücksichtigt PRUM in seinem Modell funktionelle Aspekte erstaunlicherweise gar nicht – das ist deswegen

Unzulässige Zielorientierung in evolutionären Hypothesen

Die Selektionsdrücke, die zur Einsenkung und zur hohlen Röhre geführt haben könnten (Stadium 1 in PRUMs Modell), sind unklar. „Schon die allereinfachsten Röhrenfedern müssen einen Überlebensvorteil bedeutet haben“, stellen PRUM & BRUSH (2003, 41) fest, ohne dazu konkrete Überlegungen anzustellen. Worin aber bestand dieser Überlebensvorteil? Auf die Frage, warum der Follikel evolvierte, gibt PRUM (1999, 300) nur die vage Antwort, dass der Follikel durch Selektion auf dessen komplexes und nicht-determiniertes Entwicklungspotenzial entstanden sein könnte.¹¹ Die zylindrische Form des Follikels sei praktisch bzw. nützlich für die nachfolgende Evolution: „Rather, subsequent developmental novelties led to the evolution of an astoundingly complex diversity of structures that can be grown from a single cylindrical organ.“ Das klingt verdächtig zielorientiert – für natürliche Evolutionsmechanismen jedoch ein Tabu.¹²

PETERS (2001, 397) meint, es gebe „einen recht naheliegenden Grund für die Follikelentstehung: die Muskeln, die die Federn und ihre Vorläufer bewegen. Die Arbeit der Muskeln kann sich auf die Feder viel effektiver auswirken, wenn die Muskeln an einem in die Haut versenkten Hebel angreifen können“ (PETERS 2001, 397). Auch das ist in die Zukunft gedacht, und PETERS kritisiert das auch. Ein späterer Nutzen kann in evolutionären Modellen nicht berücksichtigt werden, denn nur geistbegabte Wesen können Zukünftiges vorausschauen und ihr Handeln entsprechend darauf einrichten. Die röhrenförmige Struktur und der grundsätzliche Federaufbau sollen für

die weitere Evolution zweckmäßig gewesen sein, meint auch PRUM (2005, 573ff).¹³ „In summary, the tubular organization of the feather germ provides multiple anatomical axes over which differentiation can occur, resulting in a tremendous potential for morphological innovation“ (PRUM 2005, 574). Diese Differenzierung erfolgt aber erst in der Zukunft, noch nicht im Stadium 1.

Man kann also feststellen, dass die Federkonstruktion mit Follikel zweckmäßig eingerichtet ist, um eine große Variationsmöglichkeit von Federtypen zu ermöglichen. Wenn PRUM (2005, 574) die Frage „Warum röhrenförmig?“ aufwirft, darf eine naturwissenschaftliche Antwort sich aber nur auf Vergangenes beziehen, aus dem der gegenwärtige Zustand hergeleitet werden kann. Damit tut sich PRUM offensichtlich schwer. Die Konstruktion erscheint gleichsam geschickt eingefädelt und vorteilhaft im Hinblick auf weitere Entwicklungsmöglichkeiten, wenn PRUM (2005, 575) weiter schreibt: „Hierarchy of modules – either morphological or developmental nestedness of morphological entities – can create additional opportunities for phenotypic complexity, diversity, and morphological innovation.“ Und: „The inherent tubularity of the feather germ was the initial morphological innovation that created inherent opportunities for differentiation over multiple spatial axes and fostered the evolution of subsequent innovation“ (PRUM 2005, 578). Auch diese Formulierungen implizieren einen zukünftigen Nutzen im Hinblick auf weitere Evolutionsmöglichkeiten.

verwunderlich, weil Fragen der Funktion in der Biologie im Allgemeinen und der Selektionsdrücke bei evolutionären Hypothesen im Besonderen wesentlich sind.

Fossil sind Follikel nicht eindeutig überliefert; das fossile Material liefert hierzu keinen schlüssigen Befund. Nicht gesichert ist auch, ob wenigstens manche fossile haarartige Strukturen, die als Protofedern und Belege für Stadium 1 interpretiert werden, hohl waren.

Stadium 2: Neu hinzu kommen bei diesem Stadium das Auftreten von ganzen Büscheln hohler Haare und die Differenzierung des Epidermalkragens in zwei Schichten. Gegenüber Stadium 1 erscheinen die Neuerungen weniger umfangreich als die Neuerungen, die für Stadium 1 erforderlich sind. Doch auch die Bildung einer Schutzhülle ist ein ganz neues Element und macht erst Sinn, wenn es etwas

Schützenswertes im Inneren gibt, und das ist hier eine sich darin entwickelnde komplexe Feder, die es in Stadium 2 aber noch gar nicht gibt; ein hohles Filament des Stadiums 2 ist dagegen kaum schutzbedürftig.

Wie Säugetiere zeigen, ist für eine Wärmedämmung ein Fell aus einfachen Haaren effektiv. „Weshalb also entwickelten Vögel nicht einfach eine Hülle aus Haaren und membranartige Flügel wie Fledermäuse und Flugsaurier?“ fragen PROCTOR & LYNCH (1993, 88).¹⁴ Die Verzweigung bringt keinen weiteren Vorteil. Im Gegenteil: Büschelige Haare können leichter benetzt werden und verlieren dadurch ihre isolierende Wirkung (FEDUCCIA et al. 2005, 147; FEDUCCIA 2012, 121f.). Eine Körperbedeckung nur mit Daunenfedern bei ausgewachsenen Tieren ist daher unangepasst und kann sich selektiv nicht durchsetzen. Daunenfedern kommen folglich als evolutive Vorstufe von flugtauglichen Federn kaum in Frage, denn sie sind nur dann effektiv, wenn sie wie bei heutigen Vögeln unter waserabweisenden Deckfedern liegen, bzw. bei Jungtieren, die von den Muttertieren geschützt werden. Eine Wärmedämmung macht zudem nur Sinn, wenn das Tier endotherm (gleichwarm) ist. Endothermie wiederum erfordert einen erheblichen strukturellen und regulativen Aufwand (BOCK 1985, 203; 1986, 61; BOCK & BÜHLER 1995, 8).

Stadium 3: Zum Erreichen dieses Stadiums sind mehrere Schritte erforderlich. Neu sind die Herausbildung einer zentralen Achse (Rachis bzw. Federschaft) und die Anordnung der bisher als Büschel gebildeten fadenförmigen Federn als symmetrische Federäste. Außerdem bilden sich die Federstrahlen, also die Seitenäste der Federäste, die aber noch nicht miteinander verhaken. Welche Veränderung zuerst erfolgt, bleibt in PRUMs Modell wie erwähnt offen. Auch hier bleiben wesentliche Fragen in Bezug auf eine evolutionäre Entstehung ohne Antwort. Die Entwicklung einer Rachis mit dicht angeordneten zweireihigen Federästen, ausgehend von einem Büschel erfordert erhebliche „Umbaumaßnahmen“, insbesondere angesichts der komplizierten ontogenetischen Prozesse während der Federbildung. Die einzelnen Äste mussten nicht nur in die zweireihige Form, sondern auch in eine Ebene gebracht werden. Wie dieser Umbau in einem graduellen oder auch sprunghaften Evolutionsprozess erfolgen konnte, ist unklar.

Stadium 4 und 5: Neu ist beim vierten Stadium das System der Haken- und Bogenstrahlen. Auch dieses System unterscheidet sich in seinen strukturellen Details erheblich vom hypothetischen Vorläuferstadium 3 und es ist nicht ersichtlich, wie es kleinschrittig erreicht werden kann. Es weist erst dann eine neue Funktionalität und damit einen Selektionsvorteil auf, wenn

es ziemlich ausgeklügelt gebaut ist. Das Öffnen und Schließen des „Reißverschlusses“ erfordert nicht nur passende Strukturen, sondern auch geeignete Materialeigenschaften wie z.B. ein passendes Ausmaß der Flexibilität der Haken. Dazu kommt, dass das Bogen- und Hakenstrahlensystem einerseits nur für die Flugfähigkeit benötigt wird, andererseits dafür zugleich auch die asymmetrische Form der Feder ausgebildet

Die Entwicklung einer Rachis mit dicht angeordneten zweireihigen Federästen erfordert erhebliche „Umbaumaßnahmen“.

sein muss (Stadium 5). Beide Stadien müssten also in einem einzigen evolutionären Schritt erreicht werden, was sehr unplausibel ist. Eine Rückbildung hin zu symmetrischen Federn ist dagegen sehr viel einfacher und wird bei vielen sekundär flugunfähigen Vögeln (z.B. auf Inseln) beobachtet.

Weitere Aspekte. Das Federevolutionsmodell von PRUM orientiert sich an der Ontogenese heutiger Federn. Die Reihenfolge des ontogenetischen Auftretens von Federtypen ist jedoch umgekehrt wie die Reihenfolge der mutmaßlichen Evolution nach dem PRUM'schen Modell: In der Ontogenese erscheinen zuerst die Konturfedern, erst danach die Pelzdunen und noch später die Fadenfedern (STEPHAN 1979, 112). Im Detail eignen sich die ontogenetischen Abläufe der Federbildung ohnehin nicht als Abbild hypothetischer phylogenetischer Prozesse, weil viele Stadien als Evolutionsstadien keinen Sinn machen und die komplexen ontogenetischen Vorgänge kaum ein Vor- oder Abbild von evolutionären Stadien sein können. Interessanterweise werden die einfacheren Federformen heutiger Federn als sekundär abgeleitet und vereinfacht angesehen und können nicht als Belege dafür herangezogen werden, dass evolutionär primitive Federn über diese Stadien verlaufen sind (PRUM & BRUSH 2002, 275).¹⁵

Fazit

Die vorgeschlagenen Modelle beinhalten nur sehr grobe Abfolgen; die Sprünge von Stadium zu Stadium sind zum Teil erheblich. Viele relevante Aspekte wie die Federmuskulatur, deren Innervierung und Versorgung, die Tätigkeit der Sensoren und die damit gekoppelte Steuerung, Feedbackmechanismen, Gehirnleistungen usw. werden nicht oder nicht angemessen berücksichtigt.

Die Selektionsdrücke sind unklar, vage oder werden gar nicht thematisiert; das Ausblenden

Die Modelle übergehen die Details, die Selektionsdrücke sind unklar und Testmöglichkeiten sind nur indirekt und vage.

funktioneller Aspekte im PRUMS Modell ist biologisch unrealistisch. Die Modelle selber sind nur indirekt testbar; getestet werden können nur notwendige Voraussetzungen und Randbedingungen für einzelne Stadien der hypothetischen Federentstehung. Zu den Randbedingungen von Entstehungshypothesen gehört auch, dass es keinen Widerspruch zu bekannten Mechanismen gibt (s. Kasten „Erklärungstypen“). Bedenkt man an dieser Stelle, dass die Sprünge von Stadium zu Stadium meist sehr groß sind und Abstimmungen verschiedener Aspekte der Gesamtorganisation des Vogel-Organismus erfordern, wird klar, dass das Wechselspiel aus ungerichteter, nicht zukunftsorientierter Zulieferung (Mutationen) und in jeder Generation erfolgreicher Auslese überfordert ist, solche Sprünge in der von BOCK (s.o.) geforderten Weise zu bewältigen. Insgesamt erscheinen die Federentstehungsmodelle, auch das derzeit favorisierte Ontogenese-Modell, nicht geeignet, eine evolutive Entstehung der Vogelfedern plausibel zu machen.

Eine wichtige Testmöglichkeit für eine Evolution der Vogelfedern ist der Fossilbericht. Diesem widmen wir uns in der nächsten Folge dieser Artikelserie.

Literatur

- BOCK WJ (1985) The arboreal theory for the origin of birds. In: HECHT MK, OSTROM JH, VIOHL G & WELLNHOFFER P (eds) *The Beginnings of Birds*. Eichstätt: Freunde Jura-Museums, pp199-207.
- BOCK WJ (1986) The arboreal origin of avian flight. *Mem. Calif. Acad. Sci.* 8, 57-72.
- BOCK WJ (2000a) Explanatory history of the origin of feathers. *Amer. Zool.* 40, 478-485.
- BOCK WJ (2000b) Explanations in a historical science. In: PETERS DS & WEINGARTEN M (Hg) *Organisms, Genes and Evolution*. Stuttgart, S. 33-42.
- BOCK WJ (2001) Explanations in systematics. In: WILLIAMS DM & FOREY PL (eds) *Milestones in Systematics*. CRC Press, Boca Raton, S.49-56.
- BOCK WJ & BÜHLER P (1995) Origin of birds: Feathers, flight and homoiothermy. *Archaeopteryx* 15, 5-13.
- BRUSATTE S (2017) Taking wing. *Sci. Am.* 316, 48-55.
- BUCHWITZ M & VOIGT S (2012) The dorsal appendages of the Triassic reptile *Longisquama insignis*: Reconsideration of a controversial integument type. *Palaont. Z.* 86, 313-331.
- CHEN CF, FOLEY J, TANG PC, LI A, JIANG TX, WU P, WIDELITZ RB & CHUONG CM (2015) Development, regeneration, and evolution of feathers. *Ann. Rev. Anim. Biosci.* 3, 169-195.
- CHUONG CM, WU P, ZHANG FC, XU X, YU M, WIDELITZ RB, JIANG TX & HOU L (2003) Adaptation to the sky: Defining the feather with integument fossils from Mesozoic China and experimental evidence from molecular laboratories. *J. Exp. Zool.* 298B, 42-56.
- CLELAND CE (2001) Historical science, experimental science, and the scientific method. *Geology* 29, 987-990.
- CLELAND CE (2002) Methodological and epistemic differences between historical science and experimental science. *Phil. Sci.* 69, 474-496.
- DAVIDSON EH (2011) Evolutionary bioscience as regulatory systems biology. *Dev. Biol.* 357, 35-40.
- DI-POI N & MILINKOVITCH MC (2016) The anatomical placode in reptile scale morphogenesis indicates shared ancestry among skin appendages in amniotes. *Sci. Adv.* 2016; 2: e1600708.
- FEDUCCIA A (2012) *The riddle of the feathered dragons*. New Haven & London: Yale Univ. Press.
- FEDUCCIA A, LINGHAM-SOLAR T & HINCHLIFFE JR (2005) Do feathered dinosaurs exist? Testing the hypothesis on neontological and paleontological evidence. *J. Morphol.* 266, 125-166.
- FISCHER J, BUCHWITZ M, VOIGT S & KOGAN I (2007) Lebensbilder von *Longisquama insignis* SHAROV, 1970 (Diapsida, Eureptilia) – eine wissenschaftshistorische Betrachtung. *Hallesches Jahrb. Geowiss. Beiheft* 23, 141-144.
- GLAESER G, PAULUS HF & NACHTIGALL W (2017) *Die Evolution des Fliegens*. Heidelberg, Springer.
- HARRIS MP, FALLON JF & PRUM RO (2002) Shh-Bmp2 signaling module and the evolutionary origin and diversification of feathers. *J. Exp. Zool.* 294, 160-176.
- HAUBOLD H & BUFFETAUT E (1987) A new interpretation of *Longisquama insignis*, an enigmatic reptile from the Upper Triassic of Central Asia. *Comptes Rendus de l'Académie des Sciences. Sér. 2*, 305, 65-70.
- JUNKER R (2009a) Evo-Devo: Schlüssel für Makroevolution? Teil 2: Wiederverwendung, Umfunktionierung und Neuprogrammierung. *Stud. Integr. J.* 16, 17-21.
- JUNKER R (2009b) Methodologie der Naturgeschichtsforschung. Internetartikel. <http://www.wort-und-wissen.de/fachgruppen/wt/naturgeschichtsforschung.pdf>
- JUNKER R (2016) Vogelfedern und Vogelflug. Was Evolutionshypothesen erklären müssten. *Stud. Integr. J.* 23, 75-82.
- MCDONALD JF (1983) The molecular basis of adaptation: A critical review of relevant ideas and observations. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 14, 77-102.
- PETERS DS (2001) Probleme der frühen Vogelevolution. I. Die Sache mit den Federn. *Nat. Mus.* 131, 387-401.
- PERRICHOT V, MARION L, NÉRAUDEAU D, VULLO & TAFFOREAU P (2008) The early evolution of feathers: fossil evidence from Cretaceous amber of France. *Proc. R. Soc.* 275B, 1197-1202.
- PROCTOR NS & LYNCH PJ (1993) *Manual of ornithology. Avian structure & function*. Yale Univ. Press.
- PRUM RO (1999) Development and evolutionary origin of feathers. *J. Exp. Zool.* 285, 291-306.
- PRUM RO (2003) Are current critiques of the theropod origin of birds science? Rebuttal to Feduccia (2002). *The Auk* 120, 550-561.
- PRUM RO (2005) Evolution of the morphological innovations of feathers. *J. Exp. Zool.* 304B, 570-579.
- PRUM RO & BRUSH AH (2002) The evolutionary origin and diversification of feathers. *Quart. Rev. Biol.* 77, 261-295.
- PRUM RO & BRUSH AH (2003) Zuerst kam die Feder. *Spektr. Wiss.* 10/03, 32-41.
- REGAL PJ (1975) The evolutionary origin of feathers. *Quart. Rev. Biol.* 50, 35-66.
- STEPHAN B (1979) *Urvögel*. Wittenberg-Lutherstadt.
- WU P, HOU L, PLIKUS M, HUGHES M, SCHEINET J, SUKSAWEANG S, WIDELITZ RB, JIANG TX & CHUONG CM (2004) Evo-Devo of amniote integuments and appendages. *Int. J. Dev. Biol.* 48, 248-267.
- XU X & GUO Y (2009) The origin and early evolution of feathers: Insights from recent paleontological and neontological data. *Vertebrata Palasiatica* 47, 311-329.

Anschrift des Verfassers:

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

Chromosom 2 des Menschen

Ergebnis einer Fusion?

Das menschliche Chromosom 2 scheint durch eine Verschmelzung zweier Chromosomen entstanden zu sein, die bei Menschenaffen getrennt vorkommen, und einige Indizien stützen dieses Szenario. Daher wird Chromosom 2 als starkes Argument für eine Abstammung des Menschen von affenartigen Vorfahren verwendet. Doch andere Befunde stellen diese Deutung infrage, insbesondere ein mehrfach funktionales Gen, das die Fusionsstelle enthält. Doch selbst wenn eine Fusion in der Vergangenheit stattgefunden hätte, wäre es kein Beweis für eine gemeinsame Abstammung.

Peer Terborg

Einleitung

Das Genom (Karyogramm*) des Menschen besteht aus 46 Chromosomen; das der heutigen großen Menschenaffen (Schimpanse, Gorilla und Orang-Utan) aus 48. Die Tatsache, dass dem Menschen zwei Chromosomen fehlen, motivierte zur Formulierung einer Hypothese, dass in der Vergangenheit eine Chromosomenfusion erfolgt sein müsse. Damit würde die Plausibilität der mutmaßlichen gemeinsamen Abstammung dieser Organismen vergrößert. Als man vor etwa 50 Jahren die Anfärbung von Metaphase-Chromosomen so weit verbessern konnte, dass 320 bis 500 Banden pro haploidem Chromosomensatz identifizierbar wurden, wendete man diese neue Technik auch sehr bald an, um die Ähnlichkeit der Chromosomen und damit auch der vermuteten Verwandtschaftsverhältnisse zwischen

Mensch und Menschenaffen zu bestimmen. Die vorgefundene generelle Homologie der Chromosomenbanden bei Mensch, Schimpanse, Gorilla und Orang-Utan stärkte die Hypothese, dass diese vier Spezies auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgeführt werden können. Eine vergleichbare hochauflösende Chromosomenfärbung legte 1982 nahe, dass 18 der 23 Chromosomen-Paare des modernen Menschen praktisch identisch mit denen der Menschenaffen sind, während die restlichen Chromosomenpaare Variationen des Heterochromatins aufweisen, die den unterschiedlichen Spezies die jeweils charakteristischen Eigenschaften verleihen. Im Vergleich mit dem Schimpansen wurden in neun der menschlichen Chromosomen (Chr1, -4, -5, -9, -12, -15, -16, -17 und -18) Inversionen* gefunden. Der prominenteste Unterschied, den diese Studien aufdeckten, war aber, dass alle

Oft wird behauptet, genetische Daten würden eine Abstammung des Menschen von affenartigen Vorfahren beweisen. Die Datenlage ist viel zu kompliziert, als dass diese einfache Schlussfolgerung gezogen werden kann. (fotolia.com)



Menschaffen 48 Chromosomen haben, während Menschen nur 46 besitzen. Die Chromosomenfärbungen identifizierten das menschliche Chr2 als ein Fusionsprodukt von zwei kleinen, in Menschenaffen getrennt vorkommenden Chromosomen (Chr2A und Chr2B oder: 12 und 13) (YUNISH & PRAKASH 1982). Obwohl eine Fusion der Telomere* der Chromosomen 2A und 2B die Reduktion von 24 Paaren von Chromosomen der großen Affen auf 23 beim modernen Menschen erklären würde, weisen YUNISH & PRAKASH darauf hin, dass man die Fusion nur in Menschen vorfindet und sie daher nach der Abspaltung von Mensch und Schimpanse stattgefunden haben muss. Die Fusion an sich demonstriert die Plastizität des Genoms, beweist aber nicht eine Abstammung des Menschen von affenartigen Vorfahren.

Hinweise auf eine Fusion: Telomer und Zentromer

Telomere sind Regionen am Ende der Chromosomen und enthalten Tausende von Wiederholungen der DNA-Sequenz „TTAGGG“. Sie binden an Proteine, die die Chromosomen vor Degeneration schützen. Wenn zwei Chromosomen an ihren Enden (Kopf-Kopf) fusionieren, so ergibt sich ein Chromosom mit zwei endständigen Telomeren sowie Telomer-Sequenzen im Bereich der Fusion des Chromosoms (Abb. 2). Des Weiteren resultiert aus einer Kopf-Kopf-Fusion zweier Chromosomen ein zusätzliches Zentromer* (Bereich der primären Einschnürungsstelle eines Metaphase-Chromosoms*). Mit den heute verfügbaren biotechnischen Methoden sind die beiden angesprochenen Merkmale schnell und leicht zu erkennen.

Die Fusion an sich demonstriert die Plastizität des Genoms, beweist aber nicht eine Abstammung des Menschen von affenartigen Vorfahren.

Chromosomale Aberrationen kommen beim Menschen in etwa 20 von 1000 Neugeborenen (HAMERTON et al. 1976). Obwohl die meisten Träger von Fusionen gesund sind, besteht ein erhöhtes Risiko für Unfruchtbarkeit und spontane Abgänge aufgrund der Übertragung der unausgeglichenen Gameten (MCKINLAY GARDNER 2012). Interessanterweise sind alle bekannten Fusionen in heute lebenden Tieren durch eine Sequenz gekennzeichnet, die als Satelliten-DNA (SatDNA) bezeichnet wird (CHAVES et al. 2003; TSIPOURI et al. 2008; ADEGA et al. 2009). Alle diese Fusionen sind das Ergebnis eines der beiden folgenden Szenarien: 1) SatDNA-SatDNA oder

Kompakt

Das menschliche Chromosom 2 (Chr2) wird typischerweise als Ergebnis eines alten Fusionsereignisses interpretiert. Zwei kleinere Chromosomen, die bei Menschenaffen getrennt vorkommen, sollen sich im Verlauf der Entwicklungsgeschichte vereinigt haben. Als Beleg werden dafür vor allem ein ähnliches Bandenmuster zwischen menschlichem Chr2 und den Schimpansen-Chromosomen Chr2A und Chr2B angeführt sowie ein Sequenzabschnitt, der als ein deaktiviertes Zentromer auf dem humanen Chr2 aufgefasst wird. Das angeblich deaktivierte Zentromer ist durch eine Reihe von 171-bp-Repeats* charakterisiert, die als Alpha-Satellit-DNA* bezeichnet wird. Außerdem enthält es eine Region mit vielen Telomer*-Wiederholungen (TTAGGG), die zunächst in einer bevorzugten Richtung laufen, gefolgt von spiegelbildlichen Kopien in die andere Richtung. Dies würde man genau so von einer Kopf-Kopf-Fusion erwarten. Die Chr2-Fusion ist eines der anschaulichsten Argumente für eine vermutete Abstammung des Menschen von affenähnlichen Vorfahren, wobei oft betont wird, dass sie tatsächlich die gemeinsame Abstammung von Menschen und Menschenaffen beweise. Gemäß der aktuellen Genom-Karte und den ENCODE-Daten, die mit dem *UCSC-Genome-Browser** abrufbar sind, befindet sich die sogenannte Fusionsstelle allerdings innerhalb des ersten Introns* des *DDX11L2*-Gens auf dem menschlichen Chr2. Dieses Gen ist wohl funktional, denn die mutmaßliche Fusionsstelle weist deutliche epigenetische und biochemische Aktivität auf und es befinden sich in der Fusionsstelle mehrere funktionelle Bindungsmotive für Transkriptionsfaktoren*. Die Bindungsstellen erlauben es, im Zusammenhang mit Polymerase-II-Komplexen, drei alternative *DDX11L2*-Gen-Transkripte hervorzubringen. Der Befund eines funktionierenden Gens stellt ein Fusionsereignis in Frage. Die Argumente, die für bzw. gegen eine mutmaßliche Chr2-Fusion sprechen, werden kritisch diskutiert und bewertet.

2) SatDNA-telomereDNA (TOMKINS 2013). Die Fusionssequenz, die wir im menschlichen Genom vorfinden, ist aber eine abnorme Telomer-Telomer-Fusion (TTF), die nur einmal in der wissenschaftlichen Literatur beschrieben worden ist – bei einem Fall von Darmkrebs (TANAKA et al. 2014). Beim Menschen sind verschiedene Fusionsereignisse bekannt, darunter Robertson'sche Translokationen (SONG et al. 2016). Sie haben zwar Auswirkungen auf die Fruchtbarkeit, verursachen aber keine Änderung im Phänotyp (Erscheinungsbild). Ebenso gibt es keinen Grund zur Annahme, dass eine Telomer-Fusion eine Affenart in einen Menschen umwandelt.

Abb. 1 Die 46 Chromosomen des Menschen. Chromosom 2 ist unterlegt. (Wikimedia Commons)

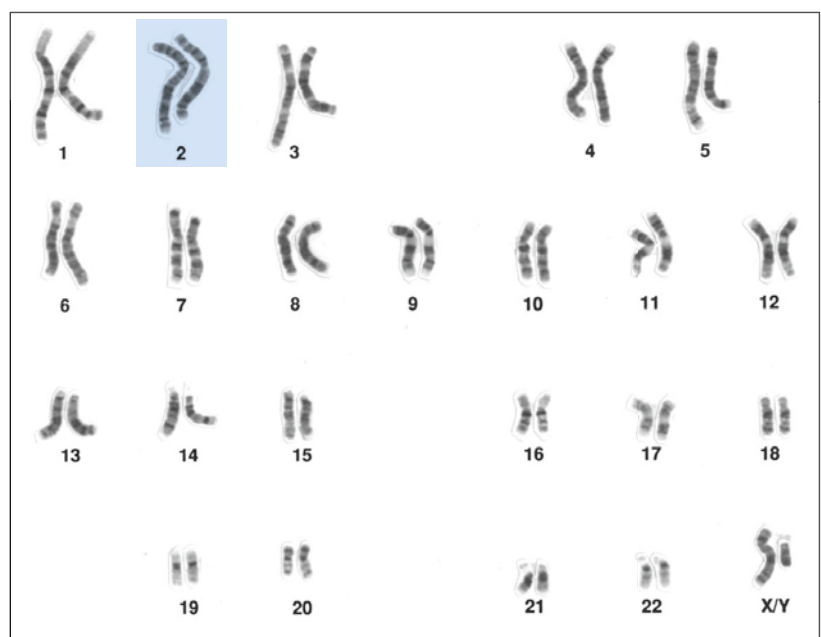
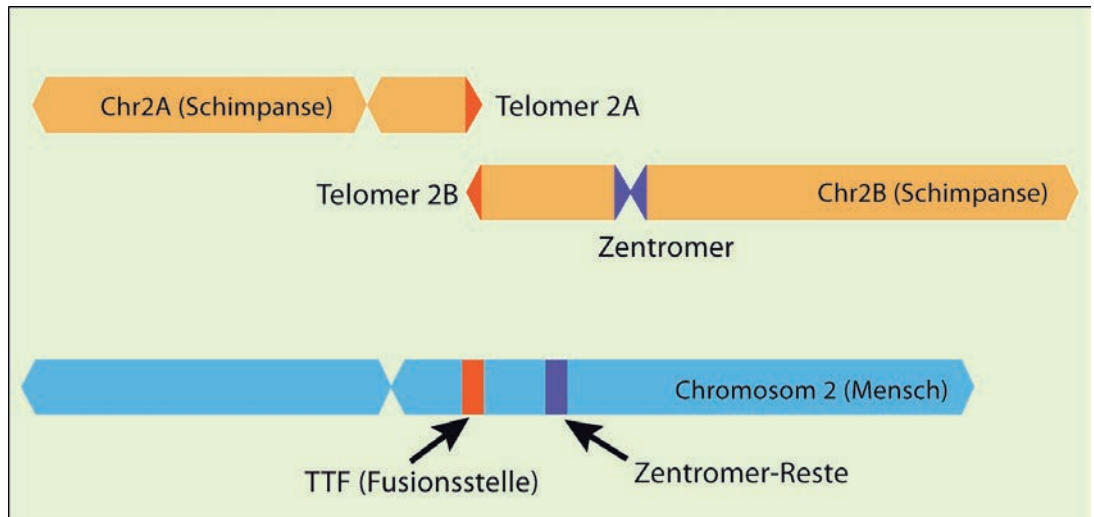


Abb. 2 Darstellung der TTF, in der zwei Ur-Chromosomen (als Chr2A und Chr2B in Schimpansen-Genom) zu einem menschlichen Chromosom 2 fusionieren. Die Positionen von Zentromer und TTF auf Chromosom 2 basieren auf den aktuellen Stellen, die man im UCSC Genome Browser* vorfindet. Man beachte das extrem geringe Maß an Positionskorrespondenz für die kryptische Zentromerstelle. Bei der mutmaßlichen Fusion verschwanden etwa 24 Millionen Basen – d. h. etwa 10% der DNA-Sequenzen gingen verloren. Alle Chromosomen sind maßstabsgetreu gezeigt. (Nach YUNIS & PRAKASH 1982)



Die fast völlige Abwesenheit von dokumentierten TTF in heute lebenden Säugetieren ist weitgehend darauf zurückzuführen, dass Telomere mit einer hochspezifischen Sequenz abschließen, der sogenannten Endkappe. Diese als *Shelterin-Protein-Komplex* bezeichnete Struktur schützt das Chromosom vor einer Fusion (TOMKINS 2011b). Trotzdem gibt es Hinweise auf eine derartige ungewöhnliche abnorme TTF im genetischen Sequenzbereich, in welchem die Fusion der Chromosomen lokalisiert sein soll. Die genaue chromosomale Position der Fusion wird mit den Koordinaten 2q13-2q14.1 bezeichnet, d. h. auf den langen Arm (q) des 2. Chromosoms (Abb. 2). Die Idee einer TTF kam 1991 auf, als 800 Basen dieser Stelle geklont, sequenziert und die Ergebnisse mittels einer Fusion zweier Telomere (TTF) erklärt wurden (Ijdo et al. 1991).

Ein Zentromer ist die eingeschnürte Region, die Wespentaille eines Metaphase-Chromosoms*, welche die Schwesterchromatiden zusammenhält (Abb. 2). Pro Chromosom gibt es in der Regel immer nur eines davon, weil das Zentromer als Anheftungsstelle der Spindelfasern dient, mit dessen Hilfe die duplizierten Chromosomen bei der Zellteilung auseinandergezogen werden. Falls zwei Chromosomen Kopf-Kopf fusionieren, erwartet man ein Fusionsprodukt mit zwei Zentromeren. Das menschliche Chr2 weist aber nur ein einziges Zentromer auf, was bedeutet, dass im Falle einer vorausgegangenen Fusion Relikte eines zweiten Zentromers im entsprechenden Genombereich vorhanden sein sollten. Diese erwartet man ungefähr an der betreffenden Stelle des Schimpansen-Chromosoms Chr2b (Abb. 2). YUNIS und PRAKASH erforschten die mutmaßliche Fusionsregion im Jahr 1982 mit einer besonderen Technik, der *Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung* (abgekürzt: FISH), und fanden tatsächlich Hinweise auf ein zweites Zentromer auf Chr2 (YUNIS & PRAKASH 1982). Das Vorkommen Zentromer-ähnlicher Sequenzen im entsprechenden Bereich des Chr2 wurde 1992

bestätigt (Ijdo et al. 1992). In der Wissenschaftswelt war es danach lange Zeit um dieses Thema ruhig, während die bis dahin vorliegenden Befunde vor allem in Internetforen als Beweise für einen gemeinsamen Vorfahren von Schimpanse und Mensch diskutiert wurden. Erst 2005, nachdem das menschliche Genom sowie Chr2A und Chr2B vom Schimpansen vollständig sequenziert waren, wurde dieses Thema in wissenschaftlichen Publikationen wieder intensiver diskutiert.

Neuere Daten

Im Jahr 2002 wurden 614.000 Nukleotide des Fusionsbereichs vollständig sequenziert und die Ergebnisse wurden in zwei Studien veröffentlicht (FAN et al. 2002a; 2002b). Die Autoren berichten von alpha-Satelliten*-ähnlichen DNA-Sequenzen, die sich etwa an der richtigen Stelle auf dem langen Arm des menschlichen Chr2 befinden, wenn man von einer vorausgegangenen Fusion ausgeht. Beim Menschen wird die Zentromereinheit, eine deutlich erkennbare Sequenz von genau 171 Nucleotiden, als alpha-Satellit-DNA bezeichnet. Die auf Chr2 vorkommenden Sequenzen könnten also als Relikte eines Zentromers interpretiert werden, wenn die Sequenzen sich am richtigen Ort befinden würden. Diese Erwartung ist jedoch nur sehr eingeschränkt erfüllt: Zwischen der Fusionsstelle und den als Zentromer-Relikt identifizierten Alpha-Satelliten fehlen etwa 24 Millionen Nukleotide im Vergleich mit Chr2A und Chr2B des Schimpansen. Zudem befindet sich im mutmaßlichen Fusionsbereich des menschlichen Chr2 eine einzigartige Sequenz von 150.000 Nukleotiden, die man nirgendwo im Schimpansen-Genom vorfindet. Solche Diskrepanzen kann man als *Indels** bezeichnen, eine Folge von Mutationen, durch die DNA-Sequenzen hinzugefügt oder entfernt wurden. Diese Vorgänge sind allerdings wissenschaftlich nicht nachweisbar, da sie keine überprüfaren

Spuren hinterlassen. Überzeugender ist die Beobachtung von Dutzenden degenerierter 6-Basen-Paar-Motive, die Telomer-Wiederholungen zu sein scheinen und sich überwiegend in Vorwärtsrichtung (TTAGGG) oberhalb der Fusionsstelle und in der umgekehrten Richtung (CCCTAA) darunter befinden, genauso, wie es im Fusionsmodell erwartet wird (FAN et al. 2002a; 2002b). Die vermeintliche Fusionsstelle enthält aber keine SatDNA und beschränkt sich auf eine einzige Region von nur 798 Basen Länge, was sehr wenig ist im Vergleich zu dem, was man von einer Fusion Tausender Telomer-Wiederholungen erwarten würde (TOMKINS und BERGMAN 2011).

Die beiden Studien aus dem Jahr 2002 brachten aber auch eine Reihe ziemlich schwerwiegender Probleme, die laut Genetiker Jeffrey TOMKINS völlig im Widerspruch zum Fusionsmodell stehen (TOMKINS 2013). Das erste Problem ist die fehlende Syntenie (Gemeinsamkeiten in der Reihenfolge von Genen oder Gensegmenten) der menschlichen Sequenz mit den Sequenzen beim Schimpansen. Die nur 798 BP (Basenpaare) lange mutmaßliche Fusionsstelle erwies sich als von vielen funktionalen Genen und mutmaßlichen Pseudogenen* umgeben, die keine Homologie mit ihren mutmaßlichen Herkunftsorten, den Enden der Schimpansen-Chromosomen 2A oder 2B, aufwiesen. Da FAN et al. keine Ähnlichkeit mit Genen des Schimpansen aus der Umgebung der vermuteten Fusionsstelle fanden, postulierten sie, dass nach dem Auftreten des Fusionsereignisses die Gene aus anderen Teilen des menschlichen Genoms übertragen wurden (FAN et al. 2002a).

Es hätten zu viele evolutionäre Prozesse in relativ kurzer Zeit stattfinden müssen.

Ein zweites Problem war, dass die mutmaßliche Fusionssequenz angesichts der abgeleiteten evolutionären Zeitskala sehr stark – zu stark – degeneriert war. Das heißt: Es hätten zu viele evolutionäre Prozesse in relativ kurzer Zeit stattfinden müssen. Die Forscher berichteten: „Nur 48% der 127 Wiederholungen in RP11-395L14 (Bereich *upstream** von der Fusionsstelle) und 46% der 158 Wiederholungen in M73018 (Bereich *downstream** von der Fusionsstelle) sind perfekte TTAGGG- oder TTGGGG-Einheiten“ (FAN et al. 2002a). Weitere Forscher berichteten: „(W)ährend der Bildung des menschlichen Chromosoms 2 wurde einer der beiden Zentromere inaktiviert (der mit dem des Schimpansen-Chr2B übereinstimmt), und die Struktur dieses Zentromers zerfiel rapide.“ Warum dieses Zentromer einer beschleunigten Degeneration ausgesetzt wurde, bleibt ungeklärt (HILLIER et

Glossar

Alpha-Satelliten-DNA (Alpha-Satelliten-Sequenz): Bezeichnung für repetitive Einheiten (→ Repeats) im Genom, die in der Größenordnung von 60-200 Nukleotiden liegen. Sie sind für die Bildung wichtiger chromosomaler Strukturen wie z. B. der Zentromere zuständig.

Annotation: In der Genetik und der Bioinformatik: Funktionelle Zuordnung, die sowohl aus experimentellen Befunden als auch aus einer bioinformatischen Voraussage stammen kann. Die Annotation einer DNA-Sequenz beschreibt die genaue Lage von Exons und Introns sowie die repetitiven und funktionellen DNA-Elemente in diesen Sequenzen.

Denisova-Menschen: Ausgestorbene Frühmenschen aus dem Altai-Gebirge im südlichen Sibirien.

Downstream: Unterhalb eines bestimmten Gens (oder einer bestimmten DNA-Sequenz).

Exon: Der Teil eines Gens, der genetische Information enthält und in mRNA abgeschrieben wird und nach dem Spleißen erhalten bleibt. Exons tragen die biologische Funktion eines Proteins oder einer nichtcodierenden RNA. Angrenzende Exons werden durch Introns voneinander getrennt.

expimieren: Ablesen und Nutzen von Genen.

Indel (Plural: Indels): Sammelbegriff für Insertion (Einfügung) oder Deletion (Verlust) von Basen in der DNA.

Intron: Abschnitt der DNA innerhalb eines Gens, der benachbarte → Exons trennt. Introns werden → transkribiert (in prä-mRNA abgeschrieben), aber aus dieser herausgespleißt (ausgeschnitten), bevor sie in Proteine oder ncRNAs übersetzt wird.

Inversion: Drehung eines chromosomalen Abschnitts um 180°.

Karyogramm: Die geordneten Chromosomen eines Chromosomenpräparats, wie man sie während Zellteilungen in den Zellen vorfindet.

Metaphase-Chromosom: Kondensiertes Chromosom, das wie ein X-förmiges Gebilde lichtmikroskopisch erkennbar ist.

MicroRNA-Bindungsstelle: Sequenz in einem DNA-Abschnitt, die bei → Transkription in mRNA MicroRNA-Moleküle bindet und somit die Expression dieses mRNAs

beeinflusst. (MicroRNA-mRNA-Bindung initiiert vorwiegend einen beschleunigten Abbau von mRNA)

Repeats: Bezeichnung für Wiederholungen von identischen oder sehr ähnlichen Sequenzmotiven in DNA oder RNA.

Seed-Sequenz („Samensequenz“): Konservierte Sequenz mit einem spezifischen Merkmal (z.B. TTAGGG-Motive in Telomeren).

Syntenisch: Gemeinsamkeiten in der Reihenfolge von DNA-Sequenzen auf verschiedenen chromosomalen Abschnitten beim Vergleich zwischen den Genomen zweier verschiedener Organismen.

Telomer: Region am Ende eines Chromosoms, besteht aus Tausenden von Wiederholungen der DNA-Sequenz TTAGGG. Bindet Proteine, die die Chromosomen vor Degeneration schützen.

Translation: Die „Übersetzung“ von mRNA in ein Protein.

Translationsstelle: Sequenz in einem DNA-Abschnitt, die bei → Transkription in mRNA für die Andockung des Translationskomplexes zuständig ist, damit die Anfertigung von Proteinen von dem richtigen AUG (Startcodon) des mRNA-Moleküls initiiert werden kann.

Transkription: Das Abschreiben von DNA in mRNA.

Transkriptionsfaktor: Komplex von Proteinen (und manchmal auch RNA), der das Abschreiben (Transkription) eines Gens initiiert, indem er an DNA bindet und einen Ansatzpunkt für die RNA-Polymerase bildet.

Transkriptionsfaktor-Bindungsstelle: Sequenz in einem DNA-Abschnitt (oder in einem Gen) für die Andockung eines Transkriptionsfaktors, damit die Transkription vorbereitet oder initiiert wird.

UCSC-Genome-Browser: Interaktive Online-Suchmaschine der Universität von Kalifornien, Santa Cruz (UCSC), USA; bietet Zugang zu Genomsequenzdaten aus einer Vielzahl von Modellorganismen einschließlich des Menschen.

Upstream: Oberhalb eines bestimmten Gens oder einer bestimmten DNA-Sequenz.

Zentromer: Bereich der primären Einschnürungsstelle (die sog. „Wespentaille“) eines → Metaphase-Chromosoms.

al. 2005). Zudem wurde festgestellt, dass die Region, die als Zentromer interpretiert wird, aus Sequenzen besteht, die auch auf zehn anderen menschlichen Chromosomen vorhanden sind, nämlich auf Chr1, -7, -9, -10, -13, -14, -15, -18, -21 und -22 (HILLIER et al. 2005).

Drittens war die Entdeckung bemerkenswert, dass die Fusionsstelle innerhalb eines

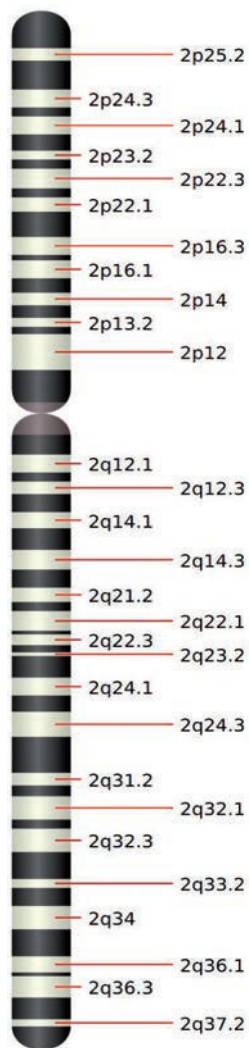


Abb. 3 Schematisierte grafische Darstellung der Bänderung (Idiogramm) des menschlichen Chromosoms 2. (National Library of Medicine)

RNA-Helicase-artigen Pseudogens (heute als *DDX11L2* bezeichnet) lag, eine Beobachtung, die von den Forschern weitgehend ignoriert wurde (FAN et al. 2002b). Seit 2005 wurde die Fusionsstelle des menschlichen Genoms mit verbesserten Annotationen* sowie einer erheblichen Anzahl von in Fachzeitschriften unveröffentlichten, jedoch öffentlich zugänglichen ENCODE*-Daten aktualisiert. Diese neuen Daten führten ebenfalls zu neuen Einsichten.

Next Generation

Durch technische Entwicklungen im Bereich der DNA-Sequenzierung (*Next Generation* DNA-Sequenzierung) sowie leistungsfähigere Methoden der Bioinformatik konnte die Qualität von Genomanalysen extrem gesteigert werden. TOMKINS und BERGMAN nutzten die entsprechenden Werkzeuge und stellten fest, dass eine Telomer-Signatur außerhalb des 798 BP langen Fusionsbereichs fast vollständig fehlt und TTAGGG/TTGGGG-Sequenzen nur vereinzelt angetroffen werden. Nach TOMKINS sind menschliche Telomere typischerweise 5.000 bis 15.000 Basen lang, und ein TTF-Ereignis (s.o.) sollte eine Signatur von Tausenden von Basen hinterlassen haben (TOMKINS & BERGMAN 2011). Die vermissten Sequenzabschnitte könnten aufgrund von Verlust-Mutationen fehlen, da diese kaum irgendwelchen Regeln folgen. Der Verlust genetischen Materials ist ein empirisch bestätigter evolutiver Mechanismus, und solange ein genetischer Verlust die Reproduktionsfähigkeit eines Organismus nicht beeinträchtigt, ist eine solche Erklärung möglich. Ferner bestätigten TOMKINS und BERGMAN, dass innerhalb der 798-Basen-Sequenz der Nachweis für ein Fusionsereignis, wie oben diskutiert, stark eingeschränkt ist. Ein wichtiges Merkmal ist die Tatsache, dass die Telomer-Motive in der Fusionsstelle weitgehend monomer sind und nicht als kontinuierliche Wiederholungen gefunden werden. Von den 10 intakten TTAGGG-Motiven (Telomer-Repeats*) auf der linken Seite der 798-Basen-Fusionsstelle konnten nur zwei Tandem-Vorkommen nachgewiesen werden. Von den 43 intakten CCTAA-Motiven (inverse Telomer-Repeats*) auf der rechten Seite der 798-Basen-Fusionsstelle werden zwölf Tandem-Motive gefunden. Als die 798-Basen-Fusionsstelle mit dem BLASTN-Algorithmus gegen das menschliche Genom durchsucht wurde, traten 85 Übereinstimmungen auf. Mit anderen Worten, es existieren 85 Fusions-ähnliche Sequenzen im Genom des Menschen. Viele dieser Motive sind nicht telomerisch lokalisiert und liegen innerhalb der Chromosomen, eine Beobachtung, die eine telomerische Herkunft

fragwürdig macht. Diese internen Motive werden als *interstitielle Telomersequenzen* bezeichnet und sind bei Tieren und Menschen allgemein bekannt (LIN & YAN 2008). Eine alternative Erklärung für die an der vermeintlichen Chr2-Fusionsstelle vorhandenen Telomer-ähnlichen Merkmale ist daher, dass es sich dabei um eine Art von internen genomischen Motiven handelt. (TOMKINS & BERGMAN 2011).

2012 wurde eine phylogenetische Studie veröffentlicht, in der die Fusionsstelle des Chr2 des Menschen mit den homologen Sequenzen des Schimpansen und des Gorillas verglichen wurde. Diese vergleichende genomische Analyse legte nahe, dass die Strukturen weitgehend unabhängig voneinander in den beiden Abstammungslinien entstanden sind, mit Ausnahme von wenigen sogenannten *Seed-Sequenzen**, die sowohl in Menschen als auch in afrikanischen Affen vorkommen. Die Analyse, die die DNA-Sequenz und die genomische Organisation der chromosomalen Telomer-Endkappenregionen von Gorilla- und Schimpanse-Chromosomen charakterisierte, beschreibt große Mengen Schimpansen-spezifischer SatDNA an den Enden der Chromosomen 2A und 2B, die jedoch bei Menschen fehlten. Die Forscher schlussfolgerten: „Unsere Ergebnisse betonen das komplexe Zusammenspiel von duplizierten Sequenzen und chromosomalen Umlagerungen, das die zytogenetische Landschaft in kurzer evolutionärer Zeit schnell verändert“ (VENTURA et al. 2012¹). Die Autoren vermuteten, dass die Schimpansen-SatDNA im Fusionsereignis verloren ging, doch die Telomer-Sequenz in einem von der Fusionsstelle weiter entfernten Bereich irgendwie verschont blieb. Trotz der vorgeschlagenen Verlust-Mutationen beim Fusionsereignis ist das von VENTURA vorgestellte Modell nicht realistisch, wonach 24 Millionen DNA-Basen verloren gegangen sein sollen (TOMKINS 2013). Auch hier gilt aber, obwohl es sich um einen Verlust von 24 Millionen Nukleotiden handelt, dass es keine Beschränkungen für Verlust-Mutationen gibt, solange sie die Reproduktion des Organismus nicht beeinträchtigen. Alles im allem haben die Fusions-Befürworter stärkere und schwächere Argumente, wobei die Telomer-Repeats am klarsten eine Fusion stützen, da sie anti-parallel verlaufen, genauso wie man erwarten würde, wenn in diesem Bereich eine TTF stattgefunden hat. Eine mutmaßliche TTF kann also tatsächlich in diesem Bereich verteidigt werden. Diese Schlussfolgerung bedeutet nicht automatisch eine Mensch-Schimpanse-Abstammung, da die Fusion eindeutig spezifisch für den Menschen ist und nicht in den heute lebenden Affen angetroffen wird. Auch YUNIS & PRAKASH (1982) schließen, dass das Fusionsereignis nach der Aufspaltung dieser Organismen stattgefunden haben muss. Eine

neue Studie zur Funktionalität der Fusionsstelle stellt die Fusion als Tatsache jedoch abermals in Frage, wie nachfolgend geschildert werden soll (TOMKINS 2013).

Der *DDX11L2*-Gen-Locus

Seit der erstmaligen Sequenzierung des Fusionsbereichs auf dem Chromosom 2 (FAN et al. 2002a) wurde das Pseudogen, dessen DNA-Sequenz den Fusionsbereich beinhaltet, als eines der 18 Mitglieder der *DDX11L*-Familie von RNA-Helicase-Genen erkannt (COSTA et al. 2009). Eine typische evolutionäre Erklärung zur Entstehung neuer Gene nimmt Bezug auf eine Duplikation bereits vorhandener *ancestraler* Gensequenzen.

COSTA und Mitarbeiter schlagen daher vor, dass alle Varianten der *DDX11L*-Gene beim Menschen aus Ahnensequenzen des Genoms von Affen entwickelt wurden. Diese Hypothese wurde vorgeschlagen, obwohl die Autoren nur wenige Stellen im Genom des Schimpansen und des Gorillas identifizierten, die als Vorläufersequenzen in Betracht kommen könnten. Beim Schimpanse befinden sich die betreffenden Stellen zudem nicht auf Chr2A oder Chr2B, sondern auf Chr12 und Chr20. Im Genom des Gorillas befinden sie sich auf den Chromosomen 3, 6, 7 und 20 (COSTA et al. 2009). Die Tatsache, dass 18 variable Kopien des *DDX11L*-Gens beim Menschen existieren, aber nur zwei in Schimpansen und vier in Gorillas, stellt hohe Herausforderungen an die Flexibilität der hypothetischen evolutionären Prozesse der angenommenen Affe-Mensch-Evolution, besonders weil diese Sequenzen an völlig unterschiedlichen Positionen im jeweiligen Genom auftreten. Das bedeutet, dass im Blick auf das eben vorgestellte Phänomen ein erheblicher Aufwand an Hypothesen und Mutmaßungen betrieben werden muss, um eine gemeinsame Abstammung von Mensch und großen Menschenaffen plausibel zu machen. Die erforderlichen hypothetischen Mechanismen sind komplex und bisher liegen keine empirischen Befunde vor, die solche Vorgänge wahrscheinlich machen. Interessanterweise wurde in COSTAs Artikel, in dem die vermeintliche Entwicklungsgeschichte der *DDX11L*-Familie ausführlich beschrieben wurde, völlig ausgeblendet, dass das *DDX11L2*-Gen die bekannte Chromosom-2-Fusionssequenz enthält; eine seltsame und nur schwer verständliche Unterlassung, denn es ist genau die Fusionsstelle in diesem Gen, die als anschaulichster Beweis für die gemeinsame Abstammung mit den Menschenaffen gewertet wird.

In seiner Studie aus dem Jahr 2003 analysierte TOMKINS den *DDX11L2*-Gen-Locus mit Hilfe des UCSC-Genome-Browsers, das ist

ein öffentliches Datensystem, das die neusten Gen-Annotationen und ENCODE-bezogene *Tracks* (d.h. Sequenzen) bereitstellt. Das System beinhaltet alle funktionellen Aspekte einer DNA-Sequenz wie z.B. Transkriptions*- und Translationsstellen*, Exons* und Introns*, miRNA-Bindungsstellen, epigenetische Marker usw. Die Datenbank belegt, dass der *DDX11L2*-Gen-Locus für drei Exons codiert und dass die Transkripte variabel und komplex sind (TOMKINS 2013). Basierend auf der jüngsten Annotation des menschlichen Genoms (GRCh37/hg19; <http://genome.ucsc.edu>) zeigt TOMKINS, dass die Fusionsstelle klar in dem ersten Intron des *DDX11L2*-Gens auf dem menschlichen Chromosom 2 enthalten ist (Abb. 4A, B). Das *DDX11L2*-Gen besteht aus drei Exons und wird von der Telomer-zu-Zentromer-Richtung auf dem Minus-Strang transkribiert (Abb. 4A, B). Somit wird die sogenannte Fusionssequenz im *reverse* Komplement als Teil eines funktionalen Gens tatsächlich abgelesen, allerdings nicht in der Vorwärtsstrang-Orientierung, wie sie typischerweise durch die sogenannte Fusions-Signatursequenz dargestellt ist – also 5'→3' statt 3'→5' (TOMKINS 2013). Wenn die Fusionsstelle tatsächlich ein DNA-Bindungsstellenmotiv repräsentiert und der Schlüssel zur Funktion und Expression des *DDX11L2*-Gens ist, wie TOMKINS vermutet, dann wäre es wichtig zu wissen, welche Transkripte produziert werden und wie eine zweite Promotorstelle im ersten Intron diesen Prozess beeinflusst. Der UCSC-Genome-Browser zeigt zwei Konsensus-Transkripte für das *DDX11L2*-Gen, die beide drei Exons enthalten, aber nur eines enthält das erste Exon direkt 5' (vor) dem Intron, das die Fusionssequenz enthält.²

Zusätzlich enthält die Fusionsstelle Sequenzen dreier unterschiedlicher funktionaler DNA-Bindungsdomänen, an denen Transkriptionsfaktoren* (CTCF, cMyc und Po12) binden, wie *Chromatin-Immunpräzipitation-DNA-Sequenzierung (ChIP-seq)-Analysen* belegen. Transkriptionsfaktoren sind Proteine, die an regulatorische Stellen in Genen oder in der näheren Umgebung bestimmter Gene binden, um deren Aktivität zu steuern, und funktionieren wie Ein-/Aus-Schalter. Es gibt tatsächlich drei Transkriptionsfaktor-Bindungssequenzen* im *DDX11L2*-Gen, wobei die beiden stärksten Bindungsbereiche in der Fusionsstelle auftreten und auch direkt 5' und proximal zum ersten Exon in der Promotorregion des Gens (TOMKINS 2013). Diese beiden Transkriptionsfaktor-Bindungssequenzen stimmen mit spezifischen epigenetischen Markern überein, die mit der Transkriptionsaktivität assoziiert sind (Abb. 4A, B). Von besonderer Bedeutung ist das Vorhandensein spezifischer Modifikationen der Histone (Acetylierung von H3K27ac und H3K9ac und

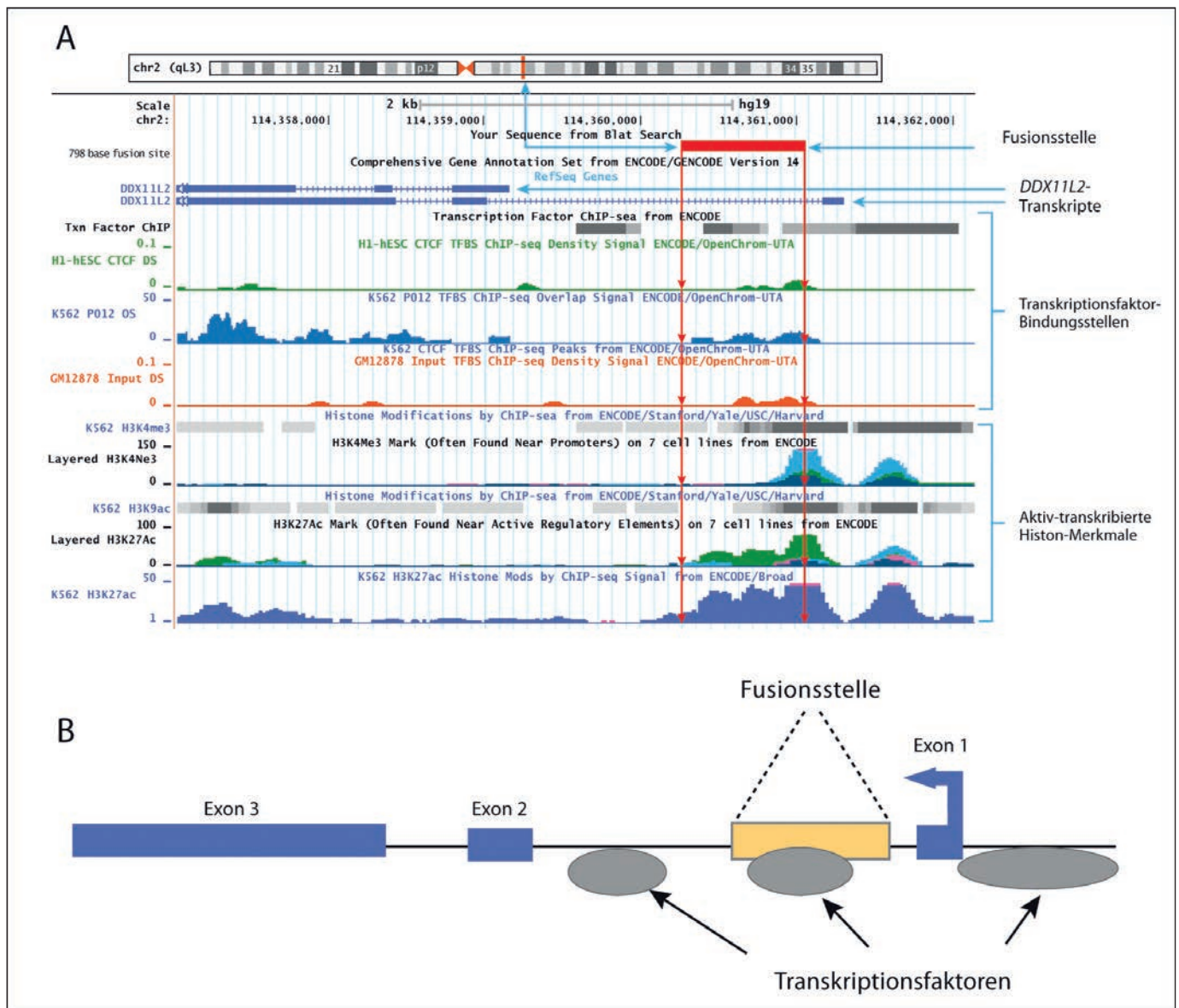


Abb. 4 **A** UCSC-Genome-Browser-Daten, die ausgewählte Gen-Annotationen und ENCODE-bezogene Tracks für den *DDX11L2*-Gen-Locus zeigen, wobei die 798-Basen-Fusionsstelle innerhalb des Locus unter Verwendung von *BLAT* positioniert ist. Nach einem Analyse-Bild auf genome.ucsc.edu (Zugriff 23. Juli 2013). **B** Vereinfachte Darstellung der Fusionsstelle (rote Linie) innerhalb des *DDX11L2*-Gen-Locus. Der Pfeil im ersten Exon zeigt die Richtung der Transkription. Transkriptionsfaktor-Bindungsstellen und Merkmale für aktiv-transkribiertes Chromatin befinden sich genau dort, wo sich die Fusionsstelle befindet (zwischen den roten Pfeilen). (Nach TOMKINS 2013)

Methylierung von H3K4Me1, H3K4Me3), die an der Fusionsstelle und dem Genpromotorbereich identifiziert wurden und sich transkriptionell decken mit den Bereichen der Transkriptionsfaktorbindung. Typischerweise verbindet man die H3K27ac-Histon-Acetylierungen mit aktiven Genpromotoren (DUNHAM et al. 2012; HARMSTON & LENHARD 2013) und mit aktiven *Enhancer*-Elementen in weitreichenden Chromatin-Wechselwirkungen (CREYGHTON et al. 2010; ZENTNER et al. 2011). In Kombination mit den Transkriptionsfaktor-Bindungsstellen* markieren die Histon-Modifikationen die Fusionsstelle demzufolge als eine transkriptionell aktive Stelle. Mit anderen Worten, das *DDX11L2*-Gen wird häufig in zwei unterschiedliche RNA-Moleküle transkribiert (übersetzt).

Vernetzungen

Die von TOMKINS durchgeführten Analysen kann man selber jederzeit nachvollziehen.³ Sie bestä-

tigen, dass sich die Fusionsstelle innerhalb des *DDX11L2*-Gens auf Chr2 befindet. Dieses Gen enthält drei funktionale Transkriptionsfaktor-Bindungsstellen*, von denen sich eine in der mutmaßlichen Fusionsstelle befindet. TOMKINS zeigte, dass die Fusionsstelle ein aktiver Promotor innerhalb des ersten Introns des *DDX11L2*-Gens ist. Dieser bindet zahlreiche Transkriptionsfaktoren und enthält mehrere aktive Polymerase-II-Transkriptions-Bindungsstellen*. Das *DDX11L2*-Gen wird aktiv abgelesen und produziert mehrere alternative RNA-Varianten, die aus zwei oder drei Exons bestehen. Es handelt sich also kaum um ein Helicase-artiges Pseudogen, eher betrifft es hier ein *long non-coding* (lnc)RNA-Gen, das exprimiert* und reguliert wird. Man muss sich immer klarmachen, dass Gene nie einzeln, isoliert funktionieren, sondern immer Teil eines biologischen Programms sind und in ein holistisches (ganzheitliches) Netzwerk eingebunden sind.

Zudem werden allgemein immer häufiger Funktionen für Pseudogene beschrieben, was

daran erkannt werden kann, dass sie Transkripte produzieren, sogenannte *lncRNAs**, die an der Regulation ihrer Protein-codierenden Homologa oder anderer Proteine im Netzwerk beteiligt sind. Es ist dabei von Bedeutung, dass die Proteine und ihre Regulatoren simultan und synchron exprimiert werden. Daher analysierte TOMKINS Expressionsmuster für das Gen, das das *DDX11*-Protein codiert, in der Datenbank von *BioGPS.org*. Sowohl *DDX11L2* als auch sein Homologon, *DDX11*, wurden in denselben Gewebe- und/oder Organkategorien exprimiert (TOMKINS 2013).

Diese Daten stehen nicht für sich alleine. Auch die biomedizinische Datenbank *genevestigator.com* berichtet eine signifikante Expression von *DDX11L2* in 255 verschiedenen Zell- und Gewebetypen (HRUZ et al. 2008). Untersuchungen mit Daten aus der *COXPRESSdb*-Datenbank (OBAYASHI et al. 2013) zeigen, dass das *DDX11L2*-Gen zusammen mit einer Vielzahl unterschiedlicher Blutzell- und *Chromatin-Remodelling*-Gene exprimiert wird, ebenfalls gekoppelt mit der Expression des proteincodierenden *DDX11*-Gens.⁴ Diese Koexpressionsdaten liefern mögliche Hinweise auf die regulatorische Rolle von *DDX11L2*-Transkripten in Verbindung mit *DDX11*-proteincodierenden Transkripten. Hinweise darauf, in welche Art von generellen zellulären Prozessen das *DDX11L2*-Pseudogen eingebunden sein könnte, zeigten sich durch seine enge Verknüpfung mit mehreren anderen Genen. Die enge Kopplung der Koexpressionsdaten für *DDX11L2* belegen, dass das Gen mit drei verschiedenen Schlüsselgenen, *TREML1*, *TUBB1* und *BEND2*, transkriptionell verknüpft ist (TOMKINS 2013). *TREML1* spezifiziert einen Zelloberflächenrezeptor, der in myeloiden Zellen, d.h. nicht-lymphozytischen Zellen des Immunsystems, und bei der Gerinnung exprimiert wird. *TUBB1* ist ein Mitglied der Beta-Tubulin-Proteinfamilie, spezifisch für Thrombozyten und Megakaryozyten, d.h. für die Knochenmarkszellen, die für die Produktion von Blutplättchen verantwortlich sind. Und *BEND2* ist ein proteincodierendes Gen, das mit Protein-DNA-Wechselwirkungen assoziiert und während der Chromatin-Restrukturierung und Transkription aktiv ist. Grundsätzlich hat das *DDX11L2*-Gen alle Merkmale eines *lncRNA*-Gens, das im Zusammenhang mit mehreren Genen exprimiert wird und in deren Regulation involviert ist. Darüber hinaus deutet eine Vielzahl von MicroRNA-Bindungsstellen* auf eine komplexe posttranskriptionelle Regulation der

unterschiedlichen *DDX11L2*-Gentranskripte hin. Es ist äußerst unwahrscheinlich, dass eine willkürliche Chromosomen-Fusion komplexe Multi-Exons und alternativ gespleißte funktionelle Gene hervorbringen könnte.

Belege für eine Fusion

Die jüngste Studie, die die Fusionsstelle beleuchtet, stammt aus dem Jahr 2016 (MIGA 2016). Sie zeigt, dass sowohl der Neandertaler als auch der Denisova-Mensch* die 171bp Alpha-SatDNA-Wiederholungen aufweisen, die man auch in modernen Menschen findet. Die Sequenzen sind sogar sehr ähnlich, aber alle sind sehr verschieden von denjenigen in Schimpansen. Zudem bestätigte diese Studie, dass die Gensequenzen sich (nach dem evolutionären Modell) sehr schnell über kurze evolutionäre Zeit umgestaltet haben müssen. Die verschiedenen Arten haben auf dieser Sequenzebene keine Homologie: „... die vorherrschende SatDNA-Sequenz (ID2Z1), die mit dem aktiven Zentromer auf dem menschlichen Chromosom 2 assoziiert ist, ist unähnlich dem Zentromer auf dem syntenischen* Chromosom 2A in Schimpansen ...“ (MIGA 2016⁵). Dem Anschein nach existieren sowohl Spezies-spezifische 171bp Alpha-SatDNA-Wiederholungen als auch Chromosom-spezifische Wiederholungen. Dementsprechend würde man erwarten, dass das rudimentäre Zentromer auf dem menschlichen Chr2 ganz anders – d.h. Spezies-spezifisch – ist als das funktionelle Zentromer auf dem Schimpansen-Chr2B. Das würde aber auch bedeuten, dass die Daten nicht als Belege für gemeinsame Abstammung gewertet werden können. Im darwinistischen Modell sollte das rudimentäre Zentromer degenerieren, aber seit der hypothetischen Mensch-Schimpanse-Aufspaltung sollte sich das Schimpansen-Chr2B-Zentromer auch verändert haben. Wenn die beiden Sequenzen heute verschieden sind, könnte dies als Indiz sowohl für gemeinsame Abstammung als auch für gemeinsames Design gewertet werden.

Die Autorin liefert jedoch zusätzliche Daten, um das Fusionsmodell zu unterstützen. Zwei Gene, die am Ende des Schimpansen-Chr2A und -2B gefunden wurden, flankieren das rudimentäre Zentromer beim Menschen in der erwarteten Entfernung und in der erwarteten Orientierung. Außerdem entsprechen Alpha-Sat-Monomere oberhalb und unterhalb des Zentromers denen des Schimpansen-Chr2A und -2B und es gibt zwei genomische Elemente (eine LINE und eine SVA), die auf Chr2A bzw. Chr2B gefunden wurden und das rudimentäre Zentromer des Menschen flankieren. Alles in allem zeigt MIGA eine überzeugende Beweisführung für eine TTF.

Die Fusionsstelle liegt innerhalb eines möglicherweise wichtigen und funktionalen Gens – ein Zufallsprodukt?

Die Biologie braucht eine neue Theorie

Zieht man die bekannten molekularbiologischen und genetischen Daten in Betracht sowie die hier vorgestellten Argumente, dann wird deutlich, dass beim Thema Fusion des humanen Chr2 nach wie vor eine kontroverse Diskussion geführt wird. Einerseits gibt es sehr deutliche Hinweise auf eine TTF, andererseits gibt es klare Belege für die Existenz eines funktionalen Gens, das die Fusionsstelle beinhaltet, was gegen eine Fusion spricht. Entscheidend ist, wie man diese Daten insgesamt deutet. Geht man von dem (Neo-) Darwinistischen Paradigma aus, in dem zufällige genetische Abänderungen und eine gemeinsame Abstammung aller Organismen wesentlich sind, dann wird man eine Fusion des humanen Chr2 als Beweis für eine gemeinsame Abstammung mit den Menschenaffen deuten. Dabei müssen aber die

Der genetische Unterschied von Menschenaffen und Menschen betrifft viele Tausende von Genen.

Daten zur Funktionalität des Gens im Fusionsbereich weitgehend ignoriert oder umgedeutet werden. TOMKINS' Befunde wurden im Artikel von Karen MIGA überhaupt nicht aufgenommen und diskutiert (MIGA 2016). Die Tatsache, dass die Fusionsstelle innerhalb eines möglicherweise wichtigen und funktionalen Gens liegt, ist kaum mit der Hypothese vereinbar, dass sie das Zufallsprodukt einer genetischen Abnormalität ist. Die enge Integration eines rezenten Mutationsereignisses in das Genom ist nahezu unmöglich in einem evolutionären Vorgang, in dem nur Anhäufungen von zufälligen Mutationen erlaubt sind. Eine zweite Studie aus 2016 geht davon aus, dass die Fusion ein einmaliges Ereignis war und dass der *Verlust von Genen*, die in die repetitiven subtelomerischen Sequenzen eingebettet waren, eine wichtige evolutionäre Rolle gespielt hat, indem er z.B. höhere kognitive Funktionen, aufrechte Körperhaltung, Ausdauerlauf oder verbesserte Thermoregulation durch eine verbesserte Transpirationsfähigkeit in verschiedenen Unterarten und Populationen von Homininen initiierte (STANKIEWICZ 2016). Mit anderen Worten: Die Höherentwicklung des Menschen wurde durch Verlust von biologischer Information vorangetrieben – eine sehr unorthodoxe Sichtweise.

Die derzeitigen Erkenntnisse dokumentieren, dass der genetische Unterschied von Menschenaffen und Menschen viele Tausende von Genen betrifft. Es gibt 643 Menschen-spezifische und 780 Schimpansen-spezifische proteincodierende Gene und dazu noch etwa 1000 microRNA-Gene,

Die Befunde könnten auch ein gemeinsames Design oder einen gemeinsamen biogenetischen Mechanismus widerspiegeln.

die man nur beim Menschen antrifft. Solche Befunde sind nur schwer verträglich mit einer gemeinsamen Abstammung dieser Arten. Zudem belegen vergleichende Genomstudien, in denen man etwa 2700 *human accelerated regions* (HARs) feststellte, dass genetische Veränderungen extrem schnell verlaufen sein müssten, wenn man von einer Abstammung von Menschen und heutigen Menschenaffen von gemeinsamen Vorfahren in den angenommenen Zeiträumen ausgeht. Daten, die als Hinweis auf eine gemeinsame Abstammung interpretiert werden, sollten demgemäß mit mehr kritischer Zurückhaltung betrachtet werden (wie z.B. bei TOMKINS). Die Befunde könnten ja auch ein gemeinsames Design oder einen gemeinsamen biogenetischen Mechanismus widerspiegeln (TERBORG 2010). Die Frage nach der Herkunft der jeweils spezifischen Information, die sich im Genom von Menschen und großen Menschenaffen widerspiegelt, wird in der aktuellen Diskussion der Biowissenschaften nicht beantwortet. Könnte es sein, dass etablierte darwinistische Denkmuster neue Hypothesen hemmen? Vermisst wird in der Biologie eine Informationstheorie, die den Ursprung der biologischen, in den Genomen niedergelegten Information sowie deren Modifikation und Konservierung behandelt. Die Biologie braucht die Einsicht, dass manche evolutionäre Prozesse programmiert (*front-loaded*) sein können. Demnach wäre die Information programmiert und bestimmte genetische Veränderungen erfolgen nicht nur zufällig und ungerichtet (TERBORG 2008; 2009). Eine solche Theorie könnte vermutlich vieles erklären, was jetzt offen bleiben muss.

Dank

Besonderer Dank geht an Dr. Jeffrey G. TOMKINS für fruchtbare Informationen, Hinweise und Abbildungen.

Anmerkungen und Originalzitate

¹ Anti-Schöpfungs-Blogger behaupten, dass TOMKINS falsch liegt, aber man kann seine Daten selbst validieren: <http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>. Man setzt bei genome-euro.ucsc.edu die „human assembly“ auf „hg19“ (dies ist kritisch), gibt die Fusion-Site-Koordinaten ein: „chr2: 114,360,257–114,361,054“, und vergrößert sie durch Wahl von base mit der „ZOOM IN“-Funktion, um sicherzustellen, dass man die Nukleotid-Sequenz anschauen kann. Jetzt verkleinern, bis sichtbar wird, welche Gene und mRNAs in dieser Region annotiert sind.

- Hier findet man das *DDX11L2*-Gen; die Fusion ist genau in der Mitte des ersten Introns.
- ² *DDX11* ist in der *COXPRESdb*-Datenbank auf Stelle 27 der Koexpressionsliste des *DDX11L2*-Gens zu finden. URL = <http://coxpresdb.jp/>
 - ³ VENTURA et al. (2012): „Our findings highlight the complex interplay between duplicated sequences and chromosomal rearrangements that rapidly alter the cytogenetic landscape in a short period of evolutionary time.“
 - ⁴ In der NCBI-Nukleotid-Datenbank entsprechen diese *DDX11L2*-Gensequenzen den Zugängen NR_024005.2 und NR_024004.1. Die RNA-Transkripte haben eine Länge von 1.668 bzw. 2.188 Nukleotiden. Das längste Transkript von 2.158 Basen bildet die gesamte Länge des *DDX11L2*-Gens ab.
 - ⁵ MIGA (2016): „... the predominant satellite array (D2Z1) associated with the active centromere on human chromosome 2 is distinct from the HOR (i.e. high order repeats of a 171-bp alpha satellite DNA) array on the syntenic chimpanzee chromosome 2A centromere ...“

Literatur

- ADEGA F, GUEDES-PINTO H & CHAVES R (2009) Satellite DNA in the karyotype evolution of domestic animals – clinical considerations. *Cytogen. Genome Res.* 126, 12–20.
- CHAVES R, ADEGA F, WIENBERG J, GUEDES-PINTO H & HESLOP-HARRISON SJ (2003) Molecular cytogenetic analysis and centromeric satellite organization of a novel 8;11 translocation in sheep: A possible intermediate in biarmed chromosome evolution. *Mammalian Genome* 14, 706–710.
- COSTA V, CASAMASSIMI A, ROBERTO R, GIANFRANCESCO F, MATARAZZO MR, D'URSO M, D'ESPOSITO M, ROCCHI M & CICCOCICOLA A (2009) *DDX11L*: A novel transcript family emerging from human subtelomeric regions. *BMC Genomics* 10:250.
- CREIGHTON MP, CHENG AW, WELSTEAD GG, KOOISTRA T, CAREY BW, STEINE EJ, HANNA J, LODATO MA, FRAMPTON GM, SHARP PA, et al. (2010) Histone H3K27ac separates active from poised enhancers and predicts developmental state. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107, 21931–21936.
- DUNHAM I, KUNDAGE A, ALDRED SE, COLLINS PJ, DAVIS CA, DOYLE F, EPSTEIN CB, FRIETZE S, HARROW J, KAUL R, et al. (2012) An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. *Nature* 489, 57–74.
- FAIRBANKS DJ (2010) *Relics of Eden: The powerful evidence of evolution in human DNA*. Amherst, New York: Prometheus Books.
- FAN Y, LINARDOPOULOU E, FRIEDMAN C, WILLIAMS E & TRASK BJ (2002a) Genomic structure and evolution of the ancestral chromosome fusion site in 2q13-2q14.1 and paralogous regions on other human chromosomes. *Genome Res.* 12, 1651–1662.
- FAN Y, NEWMAN T, LINARDOPOULOU E & TRASK BJ (2002b) Gene content and function of the ancestral chromosome fusion site in human chromosome 2q13-2q14.1 and paralogous regions. *Genome Res.* 12, 1663–1672.
- HAMERTON JL, CANNING N, RAY M & SMITH S (1975) A cytogenetic survey of 14,069 newborn infants. I. Incidence of chromosome abnormalities. *Clin. Genet.* 8, 223–243.
- HARMSTON N & LENHARD B (2013) Chromatin and epigenetic features of long-range gene regulation. *Nucleic Acids Res.* 15, 7185–7199.
- HILLIER LW, et al. (2005) Generation and annotation of the DNA sequences of humans chromosomes 2 and 4. *Nature* 434, 724–731.
- HRUZ T, LAULE O, SZABO G, WESSENDORP F, BLEULER S, OERTLE L, WIDMAYER P, GRUIJSEM W & ZIMMERMANN P (2008) Genevestigator v3: A reference expression database for the meta-analysis of transcriptomes. *Adv. Bioinform.* 2008:420747, doi:10.1155/2008/420747.
- IJDO JW, et al. (1991) Origin of human chromosome 2: an ancestral telomere-telomere fusion. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 88, 9051–9055.
- LIN WL & YAN J (2008) Endings in the middle: Current knowledge of interstitial telomeric sequences. *Mutation Res.* 658, 95–110.
- MCKINLAY GARDNER RJ, SUTHERLAND GR & SHAFFER LG (2012) Robertsonian translocations. In: *Chromosome abnormalities and genetic counseling*. New York: Oxford University Press, pp. 140–154.
- MELIKH AV & KHRENNIKOV A (2017) Quantum-like model of partially directed evolution. *Progr. Biophys. Mol. Biol.*, doi: 10.1016/j.phiomolbio.2016.12.005.
- MIGA KH (2016) Chromosome-specific centromere sequences provide an estimate of the ancestral chromosome 2 fusion event in hominin genomes. *J. Hered.* 108, 45–52, doi:10.1093/jhered/esw039.
- OBAYASHI T, OKAMURA Y, ITO S, TADAKA S, MOTOIKE IN & KINOSHITA K (2013) COXPRESdb: A database of comparative gene coexpression networks of eleven species for mammals. *Nucleic Acids Res.* 41 (Database issue), D1014–1420, doi: 10.1093/nar/gks1014.
- SONG J, LI X, et al. (2016) A family with Robertsonian translocation: a potential mechanism of speciation in humans. *Mol. Cytogen.* 9:48, doi:10.1186/s13039-016-0255-7.
- STANKIEWICZ P (2016) One pedigree we all may have come from – did Adam and Eve have the chromosome 2 fusion? *Mol. Cytogenet.* 9:72.
- TANAKA H, BEAM MJ & CARUANA K (2014) The presence of telomere fusion in sporadic colon cancer independently of disease stage, TP53/KRAS mutation status, mean telomere length, and telomerase activity. *Neoplasia* 16, 814–823.
- TERBORG P (2008a) Evidence for the design of life: Part 1. Genetic Redundancy. *J. Creation* 22, 79–84.
- TERBORG P (2008b) Evidence for the design of life: Part 2. Baranomes. *J. Creation* 22, 68–76.
- TERBORG P (2009) Evidence for the design of life: Part 3. An introduction to variation-inducing genetic elements. *J. Creation* 23, 99–106.
- TERBORG P (2010) An illusion of common descent. *J. Creation* 24, 122–127.
- TOMKINS JG & BERGMAN J (2011) The chromosome 2 fusion model of human evolution. Part 2: Re-analysis of the genomic data. *J. Creation* 25, 111–117.
- TOMKINS JG (2013) Alleged human chromosome 2 “fusion site” encodes an active DNA binding domain inside a complex and highly expressed gene – negating fusion. *Answers Res. J.* 6, 367–375. <https://assets.answersingenesis.org/doc/articles/pdf-versions/arj/v6/human-chromosome-fusion.pdf>
- TSIPOURI V, SCHUELER MG, HU S, NIS Comparative Sequencing Program, DUTRA A, PAK E, RIETHMAN H, & GREEN ED (2008) Comparative sequence analyses reveal sites of ancestral chromosomal fusions in the Indian muntjac genome. *Genome Biol.* 9, R155, doi:10.1186/gb-2008-9-10-r155.
- VENTURA M, CATACCHIO CR, SAJJADIAN S, VIVES L, SUDMANT PH, MARQUES-BONET T, GRAVES TA, WILSON RK & EICHLER EE (2012) The evolution of African great ape subtelomeric heterochromatin and the fusion of human chromosome 2. *Genome Res.* 22, 1036–1049.
- YUNIS JJ & PRAKASH O (1982) The origin of man: a chromosomal pictorial legacy. *Science* 215, 1525–1530.
- ZENTNER GE, TESAR PJ & SCACHERI PC (2011) Epigenetic signatures distinguish multiple classes of enhancers with distinct cellular functions. *Genome Res.* 21, 1273–1283.

Anschrift des Verfassers:

Peer Terborg, Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn;

E-Mail: sg@wort-und-wissen.de

Salzlagerstätten: War das Mittelmeer einst ausgetrocknet?

Im Untergrund des Mittelmeeres befinden sich gigantische Salzvorkommen. Sie bildeten sich einst – so stand 40 Jahre lang fest – durch Austrocknung des Mittelmeeres, in bis über 2000 Meter tiefen Becken und dort in flachem Wasser und an der Erdoberfläche. Diese „Tatsache“ ist ins Wanken geraten. Vielmehr deuten Indizien darauf hin, dass die Salzablagerungen in tieferem Wasser gebildet wurden. Mit dieser Erkenntnis sind aber die Bedingungen und Prozesse zur Entstehung der Salzvorkommen nach wie vor nicht gelöst. Die angenommene Sedimentationszeit mächtiger Steinsalz-Körper ist im Rahmen des konventionellen Langzeit-Altersmodells ausgenommen kurz – die unterstellte Sedimentationsrate aber dennoch klein und zu hinterfragen.

Michael Kotulla



Abb. 1 *Das Mittelmeer war eine Wüste.* Das populäre Buch von Kenneth J. Hsü (1984) über „die einstmalige Austrocknung des Mittelmeeres“ – präsentiert als Tatsache.

Wüste Mittelmeer

Das Mittelmeer war eine Wüste. Mit diesem Buchtitel präsentierte Kenneth J. Hsü (1984, engl. Ausgabe 1983; Abb. 1) der breiten Öffentlichkeit die Entdeckung gigantischer Salzvorkommen im Untergrund des Mittelmeeres und ihre Entstehung durch Austrocknung. Die Entdeckung, so Hsü (1984, 7), „fand weit mehr Echo als andere, wichtigere, aber weniger erregende Taten der Wissenschaft.“ Das Mittelmeer – abgeschnürt, ausgetrocknet und geflutet, über einen „ungeheuren“ Wasserfall bei Gibraltar (S. 122). So liest sich verkürzt eine katastrophisch anmutende Episode des Mittelmeeres und seiner Becken. Sie hat Eingang gefunden in Lehrbücher, und sie hat als Gegenstand zahlreicher TV-Dokumentationen auch in Deutschland Bekanntheit erlangt.

Die systematische, wissenschaftliche Erforschung des Untergrundes des Mittelmeeres begann mit dem Einsatz des Bohrschiffes *Glomar Challenger* (Abb. 2). Bis heute sind durch vier Tiefsee-Bohrkampagnen Salzgesteine (Evaporite*) erbohrt worden (Abb. 3): DSDP*-Expeditionen 13 (1970) und 42A (1975) sowie ODP*-Expeditionen 107 (1990) und 161 (1999).

Das Vorkommen von Salzgesteinen im Untergrund war aufgrund domartiger Strukturen in See-seismischen Profilen bereits in den 1960er-Jahren vermutet worden (vgl. Abb. 6). Umfang und stratigraphische* Stellung aber

waren vollkommen unklar. Ausschlaggebend für das präsentierte Erklärungsmodell zur Entstehung der Salzgesteine war im Wesentlichen die DSDP-Bohrkampagne 13 in 1970, bei welcher Hsü und William B. F. RYAN gemeinsam die wissenschaftliche Leitung innehatten. RYAN (2009) schätzt den mittelmeerischen Salzgiganten auf ein Volumen von > 1 Million km^3 .¹

Zwingender Beweis

Die durch die Tiefbohrungen gewonnenen Evaporit-Proben wurden mineralogisch, petrographisch, sedimentologisch und geochemisch untersucht. Es war die Gesamtheit der mit den Evaporit-Proben verbundenen Untersuchungen, die den „zwingenden Beweis“ („conclusive evidence“) erbrachten, so Hsü (1972, 386), dass ihre Ablagerung in flachem Wasser oder an der Erdoberfläche (subaerisch) erfolgt war. Als maßgebliche Befunde werden u. a. genannt (diverse Publikationen; Aufstellung teilweise nach HARDIE & LOWENSTEIN 2004):

a) Anhydrit (CaSO_4 , Calciumsulfat*), knollenartig oder als sog. „Hühnerdraht“-Variante² – Formen, die von Sebkhas (Salzmarschen) bekannt sind und diesen zugeschrieben werden, also Bildungen an der Erdoberfläche.³

b) Kubische Halit*-Kristalle (NaCl) – Formen, die von Salzpflanzen bekannt sind und diesen zugeschrieben werden (subaerisch).⁴

Hinweis zu den Anmerkungen:

Die Anmerkungen enthalten Belegzitate und weitere Informationen; sie können als Zusatzmaterial zum Artikel unter www.si-journal.de/jg24/heft1/mittelmeer.pdf heruntergeladen werden.

c) „Stromatolithische“ Lamination – interpretiert als Algen-Stromatolith („Mattenstein“), ein unter der Beteiligung von Algen im Gezeitenbereich gebildetes organisches Sediment.⁵

d) Das „Stieraugen“-Muster der Verteilung der Evaporite im Balearen-Becken (Abb. 4) – eine für Salzpflanzen charakteristische Verteilung (im Idealfall konzentrisch): Chloride im Zentrum, umgeben von einem inneren Ring aus Sulfaten und einem äußeren Ring aus Karbonaten.⁶

e) Ein vertikaler Riss (5 cm) in einer Siltstein-Lage – als Riss infolge Austrocknung an der Oberfläche (Trockenriss) interpretiert.⁷

f) Das Fehlen von Strömungsstrukturen und Turbiditen (Ablagerungen von Trübeströmen), Anzeichen für subaquatische Beckenablagerungen – als Bestätigung einer Austrocknung.⁸

g) Canyons im Schelf- und Hangbereich des mittelmeeerischen Beckens (Nil, Golfe du Lion) – als Bildungen von Flüssen interpretiert (Tiefenerosion, subaerisch), nach einer Absenkung des Wasserspiegels von 1500 m und mehr (bis zur Austrocknung).⁹

Sherlock Holmes als Wegweiser

„Es ist eine alte Maxime von mir, dass immer dann, wenn man das Unmögliche ausgeschlossen hat, das, was zurückbleibt, die Wahrheit sein muss“ (Arthur Conan DOYLE: *Die verlorene Adelskrone*).

Mit diesem Zitat von Sherlock Holmes endet der wissenschaftliche Expeditionsbericht von Hsü et al. (1973b) über die Entstehung der Mittelmeer-Evaporite: In diesem Bericht hatten sie „einen Fall für eine Ablagerung in einem tiefen Becken“, „einen Fall gegen eine Ablagerung in tiefen Wasser“ und „einen Fall für Salina- oder Playa-Ablagerungen“ (terrestrische flache Salzseen oder -pfannen) konstruiert: Das Ergebnis war das „Modell eines ausgetrockneten tiefen Beckens“.¹⁰

Das „Unmögliche“ und die „Wahrheit“ – kombinieren wie ein Meisterdetektiv?

Mit anderen Worten (Hsü 1984, 186): Unter Vorgabe von zwei entscheidenden Faktoren – Tiefe des Beckens und Tiefe des Wassers – sind unter Verwendung der Adjektive „tief“ und „flach“ drei mögliche (Bildungs-) Alternativen vorgegeben: 1) tiefes Becken, tiefes Wasser; 2) flaches Becken, flaches Wasser und 3) tiefes Becken, flaches Wasser.¹¹ Unter Anwendung des Grundsatzes von Sherlock Holmes hatten Hsü et al. (1973b) die Alternativen (1) und (2) als „unmöglich“ ausgeschlossen – der geologischen

Kompakt

Das „ausgetrocknete Mittelmeer“, die „Wüste Mittelmeer“, ist wohl Fiktion. – Zur Erklärung der Entstehung der bis zu 1 Kilometer und mehr mächtigen, obermiozänen Salzgesteine im Untergrund des Mittelmeeres hatten Hsü et al. (1973a/b) ein „Austrocknungsmodell“ vorgeschlagen. Neuere Überprüfungen des ursprünglichen Probenmaterials, das durch Tiefsee-Bohrkampagnen gewonnen worden war, können ein einstmals ausgetrocknetes Mittelmeer nicht bestätigen. Die Idee der „Austrocknung des Mittelmeeres“ war zu einem Paradigma geworden, das über Jahrzehnte gepflegt wurde. Der Öffentlichkeit wurde das Erklärungsmodell als Tatsache präsentiert.

Wie die Mittelmeer-Salzgesteine entstanden sind, ist nach wie vor unklar. Die Frage nach der Herkunft der hochkonzentrierten Salzsolen wird nicht gestellt, a priori gilt Verdunstung (Wasserentzug) als der primäre (Konzentrations-) Prozess. Salzsolen können aber auch von extern zugeführt werden (z. B. aus dem Untergrund; Modell Rotes Meer). Dieser Prozess ist – was Salzlagerstätten insgesamt anbelangt – bisher kaum verfolgt und wenig erforscht worden.

In einem Szenario der „externen Zufuhr“ und unter der Annahme einer hohen primären Produktionsrate (z. B. für Halit) wird auch die Sedimentationsrate entsprechend hoch und die Bildungszeit entsprechend niedrig ausfallen. Demzufolge ist die der Entstehung der Halit-führenden Sedimentfolge zugeschriebene Minimum-Dauer von weniger als 10 000 Jahren kein (realer) Schwellenwert. Unter Zugrundelegung einer höheren Sedimentationsrate reduziert sich dieser Wert ggf. um Größenordnungen.



Daten wegen (!) –, also verblieb „als Wahrheit“ Alternative (3), Austrocknung eingeschlossen.¹² Die Alternative, z. B. am Flachbecken-Modell festzuhalten, hätte bedeutet, eine beckenweite Absenkung von etwa 2000 m in weniger als 10 000 Jahren zu postulieren – für Hsü et al. (1973b, 1208) „unmöglich“.

Mittelmeer – mehrfach ausgetrocknet und geflutet

Nach Hsü et al. (1973a) trocknete das Mittelmeer nicht nur einmal aus. Vielmehr postulieren sie „acht oder zehn marine Einbrüche“¹³, die jeweils ein Mehrfaches von dem Wasservolumen des Mittelmeeres lieferten. Das mehrfache Nachfüllen war zwingend notwendig, um nach ihrem Austrocknungs- bzw. Evaporationsmodell die ausgewiesene Halit-Mächtigkeit aufzubauen,

Abb. 2 Bohrschiff D/V *Glomar Challenger*. Das Bohrschiff stand von 1968–1983 im Dienst des Tiefsee-Expeditionsprogramms „Deep Sea Drilling Program“ (DSDP, deepseadrilling.org). „Glomar“ ist eine Verkürzung von „Global Marine“. Die wohl bekanntesten Expeditionen sind „Mittelatlantischer Rücken“ (Theorie der Ozeanbodenspreizung) sowie „Mittelmeer“ (Theorie der Austrocknung). Foto: Wikimedia Commons (gemeinfrei).

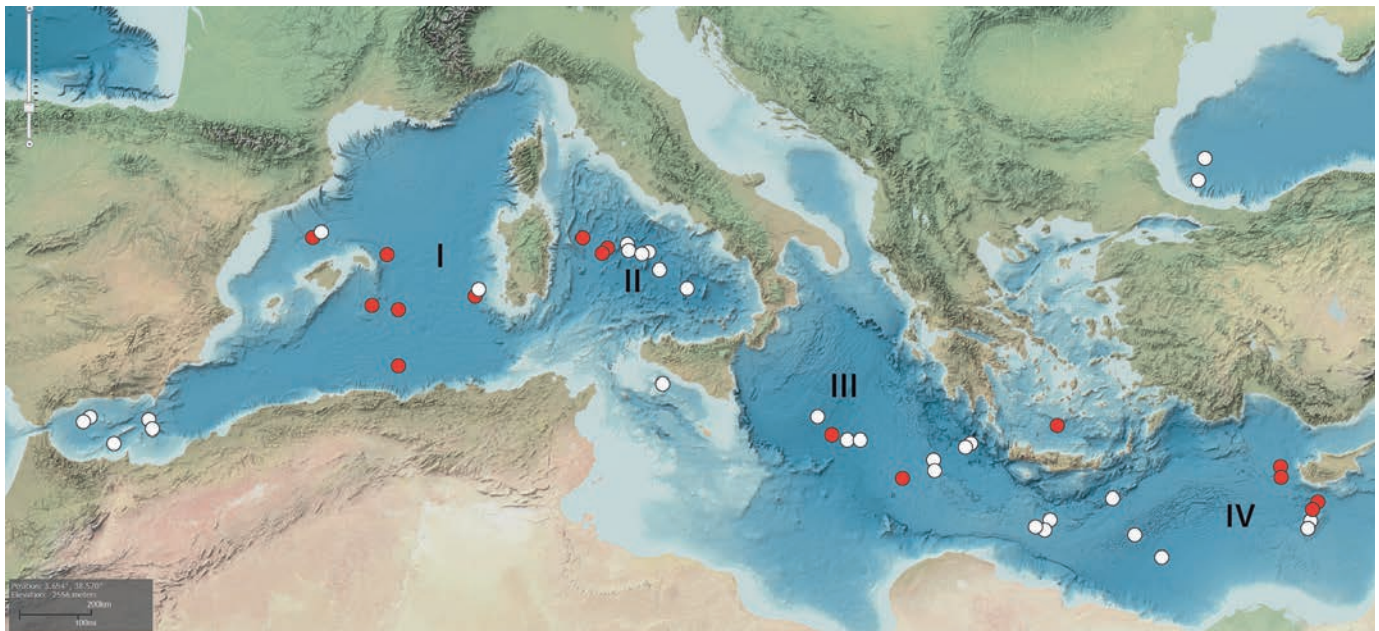


Abb. 3 Bathymetrische und Relief-Karte des Mittelmeeres mit Tiefsee-Bohrlokalitäten der DSDP- und ODP-Expeditionen. Rote Kreise markieren Bohrlokalitäten, an welchen Evaporite gewonnen wurden. Die größeren Tiefseebecken (dunkleren Bereiche) sind: I: Balearen-Becken, II: Tyrrenisches Becken, III: Ionisches Becken, IV: Levante-Becken (Beckengliederung nach Hsü 1984). Bild: <http://ngdc.noaa.gov>; Einfügungen durch den Verfasser.

wie ihre Rechnung – auf Basis heutiger Größen – zeigt:

Das Mittelmeer ohne Schwarzes Meer hat ein Wasservolumen von $3,7 \times 10^6 \text{ km}^3$; bei einem jährlichen Netto-Wasserverlust von $3,3 \times 10^3 \text{ km}^3$ (Verdunstung zzgl. Niederschlag und Fluss-Eintrag) wäre das Mittelmeer – wenn die Straße von Gibraltar heute geschlossen werden würde – in etwa 1000 Jahren ausgetrocknet. Bei einer angenommenen mittleren Tiefe von 1500 m würde ein etwa 20 m mächtiger Halit-Körper entstehen¹⁴; ist nur ein Drittel der Fläche betroffen (Tiefseebecken), beträgt die Mächtigkeit 60 m. Die ausgewiesenen Halit-Körper aber sind teilweise zwischen 2 und 3 km mächtig, demzufolge bedarf es mindestens eines 30-fachen Wasservolumens des Mittelmeeres (entspricht einer Wassersäule von 45 km).

Die Flutung des Mittelmeeres erfolgte durch Eintritt (Überlauf) atlantischer Wasser über ein „Tor“ bei Gibraltar (heute: Straße von Gibraltar). Für das jeweilige Nachfüllen, auch für die finale Flut („the Final Deluge“), nehmen Hsü et al. (1973b, 1219) eine Dauer von möglicherweise weniger als 1000 Jahren an.¹⁵

Den mehrfachen Wechsel von Austrocknung und Flutung schreiben sie – bedingt durch den Schwellencharakter des Tores – globalen Meeresspiegelschwankungen zu¹⁶; die finale Flut sei möglicherweise durch Krustenbewegungen verursacht gewesen (Hsü et al. 1973a, 243).

Überprüfung und Neubewertung der Daten

Eine Überprüfung des gewonnenen Kernmaterials (Expedition 13 und 42A) – der Daten – erfolgte zunächst durch HARDIE & LOWENSTEIN (2004). Sie schließen, dass die von Hsü (1972,

386) präsentierten „beweiskräftigen Indizien“ für eine Ablagerung in Flachwasser oder unter Oberflächenbedingungen (subaerisch) fragwürdig sind. Einige der Erscheinungen deuteten vielmehr auf tieferes Wasser hin, andere wiederum seien schlicht nicht einzuordnen (mit Bezug zu den Positionen a–e oben):

Knollen- und „Hühnerdraht“-Anhydrit (a) können auch unter anderen Bedingungen gebildet werden und seien auf keinen Fall eindeutige Indikatoren für eine Sebkha-Entstehung. Die Halit-Aggregate (b) zeigen Charakteristika subaquatischer Anhäufungen (Kumulate*), des mechanischen Absetzens von Präzipitaten. Die Halit-Proben seien nicht in ausgetrockneten Salzpflanzen oder flachen Soleseebecken abgelagert worden, sondern akkumulierten in einem beständigen Solekörper, der in einer Wassersäule Zehner, Hunderte oder Tausende Meter tief gelegen haben kann. In „stromatolithischen“ Laminen (c) konnten Überreste von Cyanobakterien nicht gefunden werden; eine Zersetzung bzw. Auflösung seit Bergung der Kerne sei aber nicht auszuschließen.

Die Autoren diskutieren auch die Möglichkeit der Resedimentation, also die Bildung der Laminen durch umgelagertes Material. Die Verteilung der Evaporite nach dem „Stieraugen“-Muster (d) ist nicht auf „Flachwasser-Verdunstungspflanzen“ beschränkt, sondern kann auch in einem tiefen Solenkörper entstehen, der von flachen Schelfbereichen umgeben ist. Der Riss (e) zerreißt siltigen Sandstein und Halit, nicht Tonstein. Er zeigt nicht die charakteristische Vertikalstruktur subaerischer Schrumpfrisse. Von weiteren „Trockenrissen“, insbesondere in Tonsteinen, sei nicht berichtet worden. Das Einzel-Vorkommen sei kein eindeutiges Indiz für einen an der Erdoberfläche entstandenen Trockenriss.

Eine nochmalige, vollumfängliche Überprüfung des Kernmaterials, das in Bremen¹⁷ eingelagert ist, vollzogen LUGLI et al. (2015) auf Basis moderner sedimentologischer und petrographischer Analyse. Sie ordnen die Proben der vier Expeditionen mehrheitlich den Einheiten 3 und 2 zu; nur die Proben der Tiefbohr-Lokalität 378a (nördlich Kreta, Abb. 3) weisen sie Einheit 1 zu (siehe Kasten, Tab. 1). Sie folgern, dass die obersten Einheiten hauptsächlich aus klastischen* und voll-subaquatischen Ablagerungen bestehen. Es seien keine eindeutigen Indizien für Flachwasser- oder gar Sebkhä-Ablagerungen erkennbar. Dies deute darauf hin, dass es in der letzten Phase der „Salinitätskrise des Mittelmeeres“ (s. Kasten) nicht zu einer Austrocknung gekommen sei, sondern dass die Ablagerung unter permanenter Wasserbedeckung stattfand. Hier einige ausgewählte Einzelergebnisse (z. T. mit Bezug zu den Positionen a–e oben):

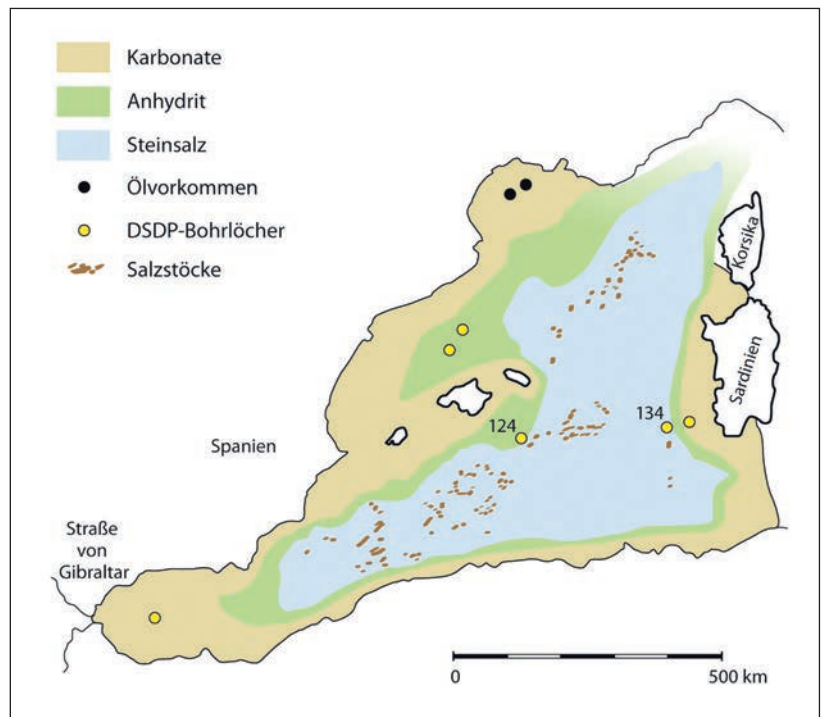
Die einzigen Proben primären (unveränderten) Halits (b) werden als subaquatische Ablagerung in einem relativ tiefen Wasser interpretiert (Abb. 5E–G; Kern 134, Abb. 4); im Wechsel mit Silt/Sand-Lagen, deren Entstehung auf Gravitationsströme (s. u.) zurückgeführt wird. Der „Trockenriss“ (e), der sich in die Halit-Lagen fortsetzt, wird als später, postsedimentärer Bruch gedeutet; es lägen keine Anzeichen für eine subaerische Exposition, also Austrocknung vor (Abb. 5B–D).

Keine „Wüste Mittelmeer“: Daten neu evaluiert – Indizien für Austrocknung fehlen.

Ein Großteil der Gipsproben wird als „lamina- rer Gips“ beschrieben; dieser Gips-Typ, mit und ohne Knollen, war zuvor als Sebkhä-Ablagerung betrachtet worden¹⁸. Im Wesentlichen handelt es sich um einen Wechsel von primären Gips-Kumulaten mit klastischen Lagen, die in dieser Assoziation hier als subaquatische Ablagerungen in einem relativ tiefen Wasser interpretiert werden; die Knollen seien Neubildungen (diagenetisch).

ROVERI et al. (2014b, 774) stellen fest, dass das Vorkommen resedimentierter Evaporite (klastische Lagen, s. o.) in den DSDP/ODP-Bohrkernen dem von Hsü et al. (1973a) reklamierten Fehlen von Strömungsstrukturen und Turbiditen widerspreche¹⁹ (Pos. f oben).²⁰

Zu den obermiozänen Canyons zeigen ROVERI et al. (2014b) auf (Pos. g oben), dass eine große Ähnlichkeit zwischen subaerischen und submarinen Drainage-Mustern und Kanälen bestehe und auch unter heutigen Bedingungen signifikante submarine Erosion und Sedimenttransport in submarinen Canyons geschehe – also eine subaerische Exposition nicht notwendigerweise gegeben sein müsse.



Bildungszeiten und Zeitskalen

Hsü et al. (1973a; b)²¹ betten die Evaporit-führenden Ablagerungen ein in den (damals) für das Messinium vorgegebenen Zeitrahmen von 1,5 Millionen [radiometrischen]²² Jahren; Grundlage ist das konventionelle, radiometrisch begründete Langzeit-Altersmodell (vgl. KOTULLA 2016). Eine summarische (reine) Bildungs- bzw. Sedimentationsdauer für die Mittelmeer-Evaporite nennen sie nicht. Ihrer Modellvorstellung zufolge (~10 Zyklen Austrocknung/Auffüllung; je 1000 Jahre) kann eine Größe von etwa 20 000 [Modell-] Jahren abgeleitet werden.

Der aktuellen chronostratigraphischen Tabelle, deren neogene Serien und weitere stratigraphische Einheiten geochronologisch mit der zykostratigraphischen Methode feinkalibriert sind, kann für das Messinium eine Dauer von

Abb. 4 Balearen-Becken. Bohr-Lokalitäten und Interpretation der Verbreitung der Evaporite (hier inklusive Karbonate); nach dem Evaporit-Ausfällungsmodell (vom Beckenrand zur Beckenmitte, schüsselförmig): Karbonat-Anhydrit-Steinsalz (nebeneinander und übereinander). Nach Hsü (1984), seine Abb. 37 (S. 163), Grafik: Frank MEYER.

Glossar

Calciumsulfat: Häufige Formen sind Anhydrit (CaSO_4) und Gips ($\text{Ca}[\text{SO}_4] \cdot 2\text{H}_2\text{O}$).

DSDP: Deep Sea Drilling Project (1968–1983); erstes internationales, wissenschaftliches Tiefsee-Bohrprojekt (mit 96 Expeditionen).

Evaporite: Salzgesteine; hier Chloridgesteine, hauptsächlich aus den Mineralen Halit und Sylvit (KCl) aufgebaut, und Sulfatgesteine, hauptsächlich aus Calciumsulfat-Mineralen aufgebaut.

Halit: Steinsalz (NaCl); bezeichnet sowohl das Mineral als auch das vorwiegend aus Halit-Mineralen bestehende Gestein.

Halit-Kumulit: Übersetzung des engl.

Begriffs „halite cumulate“; meint hier das durch Anhäufung (Akkumulation) von Halit-Kristallen bzw. -Aggregaten (Kumulaten) und Verfestigung entstandene Gestein.

klastisch: Aus den Trümmern anderer Gesteine bestehend.

Kumulate: Hier Anhäufungen (kontinuierlicher „Regen“) von ausgeschiedenen Halit- oder Gips-Kristallen bzw. Aggregaten.

ODP: Ocean Drilling Program (1985–2003); DSDP-Nachfolgeprogramm (110 Expeditionen).

Salzgesteine (Salz-): siehe Evaporite.
stratigraphisch: Hier die relative Altersfolge der Schichtgesteine betreffend.

rund 2 und für das „obere Messinium“ („Evaporit-Fazies“) eine Dauer von rund 0,7 Millionen [radiometrische] Jahre entnommen werden (Tab. 1, Kasten). Für die mächtige „Halit-Einheit“ wird ein Zeit-Fenster von rund 50 000 [radiometrischen] Jahren – implizit mit Kalenderjahren gleichgesetzt – bereitgestellt.

Die Halit-führenden Sedimentkörper auf Sizilien erreichen Mächtigkeiten von bis zu 1000 m (CIESM 2008). Im Halit-Körper von Realmonte (Südsizilien) haben MANZI et al. (2012) in einem Abschnitt mit einer zyklischen Folge 120 Zyklen vermessen (Ø Dicke 15 cm). Unter der Annahme, dass es sich um Jahresschichtung (Warvierung) handelt und eine Extrapolation auf den gesamten Halit-führenden Körper von 400 m zulässig ist, ermitteln sie überschlägig rund 2500 Zyklen (-Einheiten) – entsprechend rund 2500 [Warven-] Jahre.

Die Sedimentationsrate von 15 cm/[Warven-] Jahr sei vergleichbar mit Raten, die SCHREIBER & HSÜ (1980, 93) für moderne Salinas (s. o.)

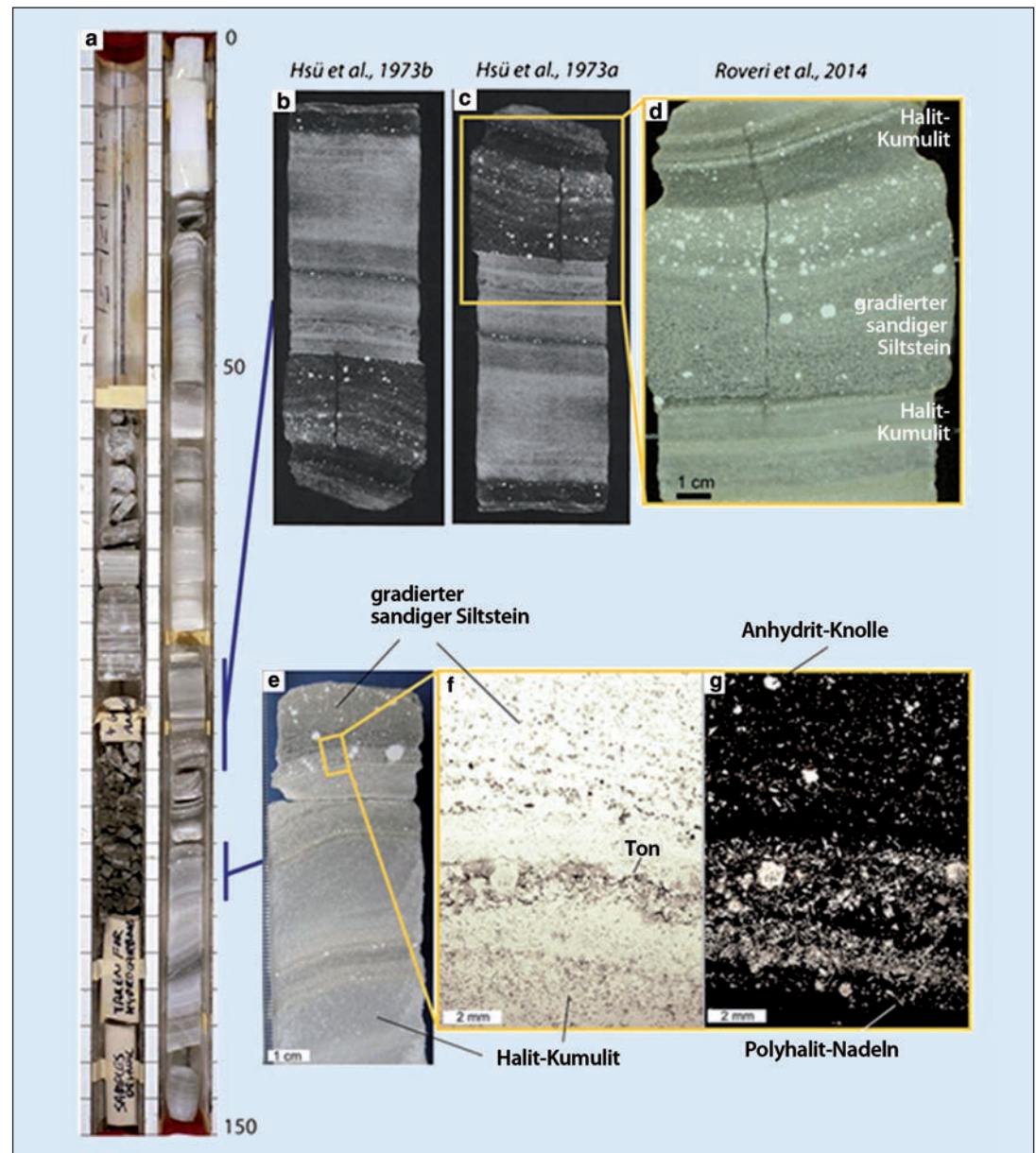
errechnet hatten – 10 cm/Jahr (im Original: 10–100 m/1000 Jahre). Bereits in CIESM (2008, 20) ist aufgrund dieser mutmaßlichen Rate gefolgert worden, dass daraus eine Minimum-Dauer von weniger als 10 000 Jahren für die gesamte „Halit-Einheit“ geschätzt werden könnte – ein unter diesen Bedingungen sich „sehr schnell akkumulierendes Salz“. ²³ Diese Minimum-Dauer basiert allerdings auf der Annahme einer jahreszeitlichen Steuerung, die von den Autoren nicht verifiziert werden kann. ²⁴

Evaporite und Präzipitation

Evaporite (Salzgesteine) entstehen per definitionem durch solare Verdunstung (Evaporation) bzw. Eindunstung (saliner) wässriger Lösungen (mitunter großer Salzwasserkörper); die konzentrierten Salzsolen bilden sich an oder nahe der Erdoberfläche. Der solargesteuerte Konzentrationsprozess beruht auf Wasserentzug;

Abb. 5 Halit-Sedimentologie und -Petrographie, Tiefbohr-Lokalität 134 (s. Abb. 3).

a Kernabschnitt 10, neu fotografiert 1984.
b Riss in einer klastischen Lage; von Hsü et al. (1973b, 1973a) als Trockenriss interpretiert.
d Neuer Abschnitt der Oberfläche des Gegenstückes; der Riss setzt sich über und unter der klastischen Lage in Halit fort – und wird als nach der Sedimentation entstandener, mit klarem Halit verfüllter Bruch angesehen.
e Kernausschnitt mit gradierem sandigen Siltstein (oben) und Halit-Kumulit* (unten). Die klastische Lage besteht aus Körnern von korrodierten Halit-Würfeln, planktonischen Foraminiferen, Quarz, Feldspat und Glaukonit.
f Dünnschliff des markierten Bereiches; Gradierung (oben) und feinkörnige, würfelige Halit-Kristalle (unten).
g Unter polarisiertem Licht; zusätzlich sind kleine Anhydrit-Knollen (post-sedimentär, diagenetisch) sowie Polyhalit-Nadeln³⁷ erkennbar. Diskussion siehe Textteil. Nachdruck von Fig. 4 aus LUGU et al. (2015) mit Erlaubnis von Elsevier. Übersetzung durch den Verfasser; Abbildungsbeschreibung verändert/gekürzt.



dabei werden bei Erreichen bestimmter physikochemischer Bedingungen (Saturationsgrad etc.) Salzminerale (hier Chloride und Sulfate) abgeschieden²⁵ bzw. ausgefällt (Präzipitation) (vgl. WARREN 2016).

Diese Definition ist einschränkend; sie kann sogar irreführend sein. Denn einer Präzipitation von Salzmineralen muss nicht notwendigerweise eine Verdunstung vorausgegangen sein. In diesem Sinne wäre die Verwendung eines beschreibenden Begriffs wie „Präzipitit“ (precipitite)²⁶ anstelle Evaporit angezeigt.

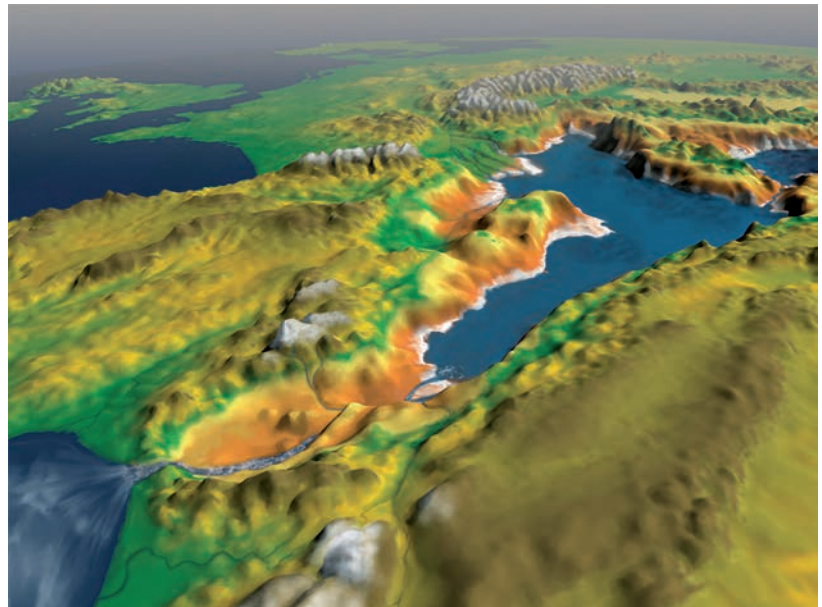
Es gibt zwar zahlreiche Laboratoriumsbefunde und Naturbeobachtungen kleinskaliger Evaporit-Vorkommen, nirgendwo auf der Erde aber sind heute die Voraussetzungen bzw. Bedingungen für die Bildung großskaliger Evaporit-Vorkommen wie das des Mittelmeeres erfüllt. Dass bei der Entstehung der Mittelmeer-Evaporite ein simpler Evaporations-Mechanismus gewirkt haben soll, ist mit Blick auf die bekannten Halit-führenden Sedimentfolgen (z.B. Realmonte, Abb. 8)²⁷ und Halit-Kernproben unwahrscheinlich.

Für eine großskalige Halit-Produktion und -Sedimentation ist vielmehr anzunehmen, dass die (hochkonzentrierten) Salzwasser nicht primär aus Meerwasser (Mutter-Salzsole) gebildet wurden, sondern von anderen Quellen herrührten. Rahmenbedingung und Prozess wären demnach grundsätzlich andere: nicht Entzug von Wasser (Evaporation), sondern Zufuhr von teilweise hochkonzentriertem Salzwasser (Salzsolen). Und auch die Grundfrage wäre eine andere: Woher kommen die Salzsolen?

Eine Zufuhr von Solen könnte aus dem Untergrund erfolgt sein: Einerseits in Verbindung mit intensiver, magmatisch intrusiver oder submarin vulkanischer Aktivität, z.B. hydrothermale Wasser oder zirkulierende Wasser in Verbindung mit Gangsystemen; andererseits in Verbindung mit Störungssystemen. Der Mittelmeerraum war geodynamisch hochaktiv, sowohl tektonisch als auch magmatisch. Als weitere Quelle kommt z.B. frisches Meerwasser infrage.

Für die kambrischen Ara-Evaporite im Südoman nehmen MATTES & CONWAY MORRIS (1990, 630) an, dass meteorische (Niederschlags-), hydrothermale und vulkanogene Wasser signifikant zu einer Salzsole beigetragen haben können; zumal das Ablagerungsbecken durch Störungssysteme begrenzt war. HOVLAND et al. (2006) schlagen vor, dass sich signifikante Halit-Anreicherungen unter hydrothermalen Bedingungen haben bilden können (Beispiel Rotes Meer).

Ein weiterer Aspekt ist das Verhalten von Evaporit-Mineralen oder -Aggregaten. Sie können ebenso transportiert, umgelagert und akkumuliert (sedimentiert) werden wie andere Bestandteile, die Ton- und Kalksteine, aber auch



Silt- und Sandsteine aufbauen. Der Transport kann über Trübe- (Dichte-) und Masseströme (werden teilweise unter Gravitationsströme zusammengefasst) oder in Suspension erfolgen. Auch unter den Mittelmeer-Kernproben finden sich Evaporit-Ablagerungen mit Sedimentationsstrukturen (LUGLI et al. 2015) wie Gradierung (normal, revers), Kreuzschichtung und Rippelmarken²⁸; sie werden als klastische Evaporite bezeichnet. Sie zeugen von kurzen Sedimentationsereignissen, wahrscheinlich Minuten- oder Stunden-Ereignissen.

Denkbar ist, dass nicht nur diese klastisch-evaporitischen Ablagerungen rasch erfolgten, sondern auch die (primären) Salzablagerungen (Abb. 5), die am Meeresboden abgesetzten Präzipitate aus den hoch-konzentrierten Salzsolen. Vielleicht lag in hochproduktiven Phasen die durchschnittliche Sedimentationsrate in der Größenordnung von Zentimetern pro Stunde – vergleichbar mit Schneeakkumulationen extrem starker und anhaltender Schneefallereignisse; das ist allerdings spekulativ.²⁹ Insofern könnte die reine Bildungs- bzw. Sedimentationsdauer der „Halit-Einheit“ – verglichen mit den o.g. Schätzwerten von einigen Tausend oder Zehntausend Jahren – auch deutlich niedriger ausfallen.

Die Megaflut

Nach Hsü et al. (1973b) endet die Evaporit-Sedimentation in den Becken des Mittelmeeres gleichzeitig mit der finalen Öffnung der Straße von Gibraltar und einer finalen, moderaten Flut (s.o.).

Neuere Untersuchungen des Untergrundes der Straße von Gibraltar veranlassen GARCIA-CASTELLANOS et al. (2009), für den „finalen“ Eintritt atlantischer Wasser in das mutmaßlich leere (ausgetrocknete) Mittelmeer einen katastro-

Abb. 7 Einbruch des Atlantiks in das Mittelmeerbecken, künstlerische Darstellung. Nach Vorstellungen von GARCIA-CASTELLANOS (2009); siehe Textteil. Grafik: Roger PIBERNAT, Wikimedia Commons (CC BY-SA 3.0).

Evaporit-Folgen der Mittelmeer-Region: Stratigraphie

Die Evaporit-führenden Sedimentfolgen der Mittelmeer-Region werden in die Messinium-Stufe (Obermiozän) gestellt; sie charakterisieren in der klassischen Typ-Region Sizilien den oberen Teil der Stufe, die „Evaporit-Fazies“. Es gibt an keinem Land-basierten Ort ein durchgängiges Profil der Sedimentfolge. Eine weitreichende Korrelation der Oberflächen-aufschlüsse ist unsicher; die Vorkommen in Algerien, Spanien, Italien, Griechenland und Zypern sind physisch voneinander getrennt. Die schematische Land-basierte Modellgliederung besteht aus drei Einheiten (Tab. 1). Die Land-basierte „Rand“- und „Becken-Fazies“

kann aufgrund der wenigen Daten nicht verlässlich mit der „Becken-Fazies“ des mittelmeeerischen Untergrundes korreliert werden. Es wird vermutet, dass der Halit-führende Körper der Einheit 2 mit MU, der mobilen Einheit, korreliert; hinsichtlich einer Korrelation der darunter- und darüberliegenden geschichteten Gesteinskörper bestehen unterschiedliche Vorstellungen (Einheit 3, Top der Einheit 2 – UU?, Einheit 1, Basis der Einheit 2 – LU?) (s. Abb. 6). Im östlichen Teil des Mittelmeeres ist im Untergrund nur die Einheit MU ausgebildet; sie vertritt möglicherweise zusätzlich die Einheiten UU und LU. In Sizilien werden

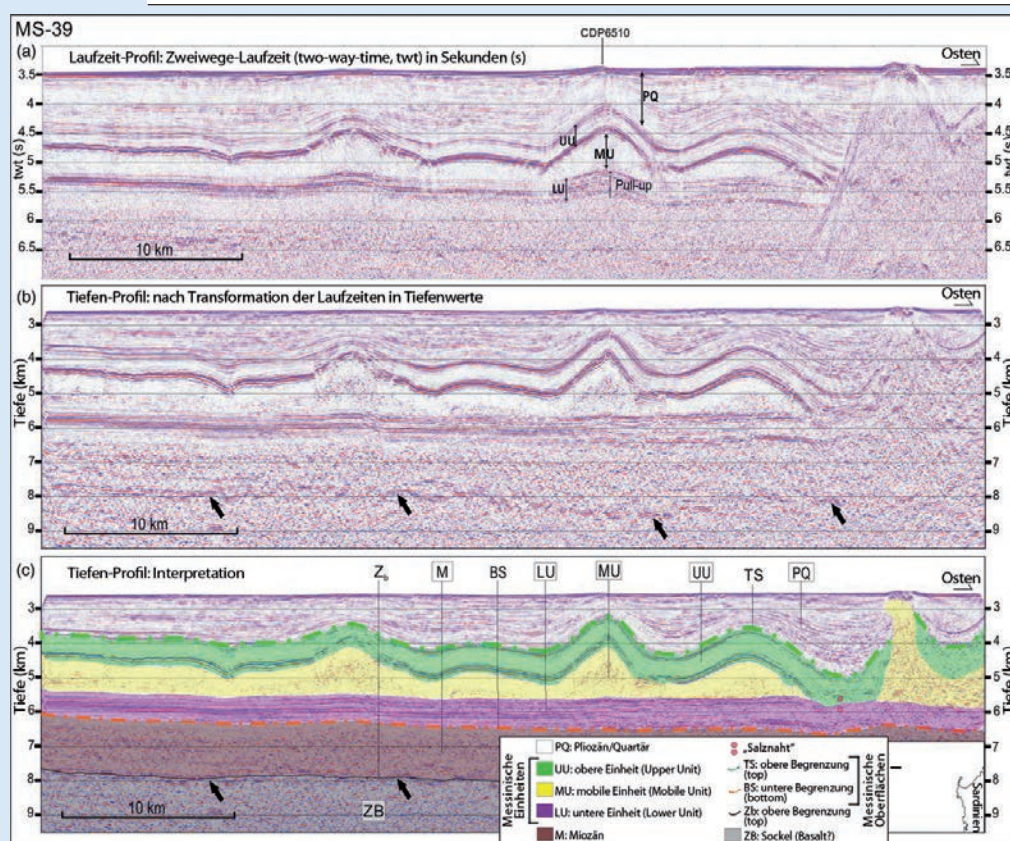
die Evaporit-führenden Sedimentfolgen von der Tripoli-Formation (Messinium-Stufe) unter- und von der Trubi-Formation (Pliozän) überlagert.

Weit mehr verbreitet als der rein deskriptive Begriff „Evaporit-Fazies“ (Tab. 1) ist der Begriff „Messinische Salinitätskrise“ (Messinian salinity crisis, MSC). Salinitätskrise bezieht sich auf eine „abnorme Zunahme des Meeressalzgehaltes, sodass das Leben der im Meer heimischen Organismen bedroht ist“ (Hsü 1984, 196), wird demnach definiert als ökologische Krise (ROVERI et al. 2014, 52).

Tab. 1 Chronostratigraphie der oberen Messinium-Stufe, Obermiozän. Vereinfacht nach ROVERI et al. (2014a) und CIESM (2008). Schematische Land-basierte Mittelmeer-Modellgliederung der „Evaporit-Fazies“ (B) und Versuch einer Korrelation mit seismischen Einheiten des Untergrundes der Mittelmeerbecken.³⁸
Mra: Millionen radiometrische Jahre, jeweils Basis der Einheiten. Zur Seismik s. Abb. 6 (unten). Der untere Teil der Messinium-Stufe (A) wird hier nicht weiter differenziert. Zur Chronostratigraphie siehe KOTULLA (2016). Die Fein-Segmentierung des radiometrischen Altersrahmens erfolgt konventionell mit der zyklustratigraphischen Methode (siehe KOTULLA 2015).

Serie	Stufe	Land-basierte Mittelmeer-Modellgliederung Einheit	Bezeichnung; typische Gesteine	Mächtigkeit [m]	Seis- mik	Alter [Mra]
Pliozän	Zancleum					5,33
Miozän	Messinium	3	„Obere Evaporit-Einheit“: Wechsel von Gips und Mergel; teilweise nur Klastika	10er-1000	UU?	5,55
		2	„Halit-Einheit“: resedimentierte Evaporite und Klastika Halit-führender Körper resedimentierte Evaporite und Klastika	bis 1000	UU? MU LU?	5,60
		1	„Untere Evaporit-Einheit“: Selenit, Ton- und Dolomitsteine	10-150	LU?	5,97
		A				7,25
	Tortonium					

Abb. 6 Seismisches Profil (MS-39) des Untergrundes des Mittelmeeres etwa 200-250 km W Sardinien (siehe Linie der kleinen Karte rechts unten). Aus: DAL CIN et al. (2016), ihre Fig. 3; freundliche Freistellung (<http://creativecommons.org/licenses/by/3.0>); Anpassungen (Übersetzungen) durch den Verfasser.
Die dreiteilige Grafik ist systematisch aufgebaut: Laufzeiten-Profil (a), Tiefen-Profil (b) und stratigraphische/geologische Interpretation (c). Die Mobilität der Einheit MU (mobile unit) zeigt sich z. B. an Aufwölbungen (Domen)³⁹, bei denen sogar der Untergrund (LU) emporgezogen wurde (pull-up) – besser in (a) als in (b) zu sehen – oder durch ihr Fehlen („Naht“ UU/LU). Die reflektionsarme, „transparente“ Einheit MU wird als Salzkörper interpretiert; die Mächtigkeit im Untergrund des Balearen-Beckens wird auf 900-950 m beziffert. Die starke Reflexion in etwa 8 km Tiefe (schwarze Pfeile) wird als Oberfläche (Zb) eines basaltischen Untergrundes (ZB) gedeutet. (b) und (c) sind zweifach überhöht.



phischen Einbruch anzunehmen (Abb. 7). Durch die Auswertung (Interpretation) von seismischen Profilen und Ergebnissen von Tiefbohrungen hatten sie einen 200 km langen Kanal mit über 250 m tiefen Einschnitten am Boden beidseits der Straße von Gibraltar und weiter westlich ins

Mittelmeer hinein rekonstruieren können.³⁰ Die Seebodenmorphologie weist auf ein extremes Erosionsereignis hin sowie auf die Ausbildung einer Art Rampe.

Die aufgrund dieser Gegebenheiten durchgeführten Modellrechnungen ergeben maximale

Wasseraustritte, die um eine Größenordnung höher sind (Abflussrate: $10^8 \text{ m}^3/\text{s}$) als bei der Lake-Missoula-Flut³¹; die maximale Strömungsgeschwindigkeit wird mit etwa 140 km/h angegeben und die „Eintiefungsrate“ (Tiefenerosion) mit über 0,4 m pro Tag. „(...) unsere Resultate lassen darauf schließen, dass 90 % des Wassers in einer kurzen Periode zwischen einigen Monaten und zwei Jahren transferiert wurde. Diese extreme, schlagartige Flut mag Spitzenwerte des Seespiegelanstieges des Mittelmeeres um mehr als zehn Meter pro Tag bedingt haben“ (S. 778).

Diese wahrscheinliche Megaflut bedarf nicht einer Seespiegel-Differenz (Atlantik zu Mittelmeer) von über 2000 m und mehr bzw. eines ausgetrockneten Mittelmeeres. Eine Differenz von wenigen 100 m mag eine ebenso hohe Abflussrate erzeugt und ebenso erosiv gewirkt haben. Eine Absenkung des Meeresspiegels im Mittelmeer kann auch von Krustenbewegungen verursacht gewesen sein und muss nicht notwendigerweise einem Wasserentzug durch Verdunstung zugeschrieben werden (s.u.). Die neue Verbindung Atlantik-Mittelmeer über die Straße von Gibraltar ist primär Krustenbewegungen zuzuschreiben.

Vorläufiges Fazit und Ausblick

Das „Modell eines ausgetrockneten tiefen Beckens“ zur Entstehung der Mittelmeer-Evaporite war – trotz anfänglicher Widerstände³² –, wie von HsÜ (1972) erhofft³³, zu einem Paradigma geworden³⁴, zu einem Referenz-Standard für die Entstehung gigantischer Salzvorkommen. Dabei ist das Modell später in Teilen noch modifiziert worden (vgl. RYAN 2009). Der Öffentlichkeit wurde die Austrocknung des Mittelmeeres als Tatsache präsentiert (HsÜ 1984): „Das Mittelmeer war eine Wüste.“ Oder konkret: „Doch die Tatsache, dass das Mittelmeer einmal ausgetrocknet war (...)“ (S. 184).

Schwerwiegende Einwände sind zuerst von HARDIE & LOWENSTEIN (2004) vorgebracht worden; danach sind vermehrt differenzierende Arbeiten publiziert worden, kürzlich z.B. von ROVERI et al. (2014b). Schließlich haben LUGLI et al. (2015) das verfügbare Kernmaterial, das insgesamt mengenmäßig gering und fragmentarisch ist, vollumfänglich überprüft und neu bewertet: Demnach gibt es keine Indizien für ein ausgetrocknetes Mittelmeer.³⁵

Damit ist die Entstehung der Mittelmeer-Evaporite, insbesondere der Halite, keinesfalls abschließend geklärt. Die Frage nach der Herkunft der hochkonzentrierten Salzsolen wird nicht gestellt, a priori gilt Verdunstung (Wasserentzug) als der primäre (Konzentrations-) Prozess.



Mächtige, durch Sedimentation akkumulierte Halit-Körper lassen sich durch diesen eingeschränkten Prozess mit geringer Magnitude (im Ergebnis geringe Halit-Produktion) jedoch nicht erklären. Mit der Alternative „externe Zufuhr“ sind höhere Magnituden (im Ergebnis sehr hohe Halit-Produktion) denk- und erzielbar. Implizit ist damit eine geringere (reine) Bildungs- bzw. Sedimentationsdauer verbunden. Diese Alternative aber ist bisher nicht in Betracht gezogen worden.

HARDIE & LOWENSTEIN (2004, 460) stellen infrage, ob das Mittelmeer-Becken während des Miozäns in Realität ein tiefes Becken war.³⁶ Die heutige Verteilung der Evaporite im Mittelmeerraum (unter Einbeziehung der Land-basierten Vorkommen) umfasst eine vertikale Reichweite von fast 5 km. Diese vertikalen tektonischen Bewegungen werden von einigen Bearbeitern in das Plio-Pleistozän gestellt, d.h. es besteht durchaus die Möglichkeit, dass durch nachmiozäne tektonische Bewegungen der Boden des Mittelmeeres um bis zu 2,5 km abgesenkt wurde – unter diesen Voraussetzungen also ein eher flaches als tiefes Becken war. Auch müsse in Betracht gezogen werden, dass das (Alt-)Mittelmeer möglicherweise aus einem Komplex kleinerer struktureller Becken bestand, die jeweils ihre eigene unterschiedliche tektonische und hydrologische Entwicklung vollzogen. Des Weiteren ist nicht sicher, ob die seismischen Interpretationen korrekt sind. Erst mit Kernmaterial der gesamten Evaporit-Folge des mittelmeerischen Untergrundes könnte die Sedimentationsgeschichte enträtselt werden.

Neue Tiefbohr-Kampagne vorgeschlagen

In ROVERI et al. (2014a, 48ff) werden, wohl stellvertretend für einen Großteil der Gemeinschaft, die die Mittelmeer-Evaporite und die „Salini-

Abb. 8 Wechsel von hauptsächlich Kali- und Steinsalz, Salzbergwerk Realmonte, Sizilien. Foto: Italkali S. P. A. (freundl. Zurverfügungstellung). Höhe bis zur Decke etwa 5 m. In Realmonte ist die Halit-führende Folge (bezogen auf Bohrung PE EMS 39) etwa 400 m mächtig (290-680 m Tiefe unter dem Meeresspiegel), im mittleren Teil treten Kalisalze auf (MANZI et al. 2012).

tätskrise“ erforscht, die fundamentalen offenen Fragen (bzw. aktuellen Mängel) aufgeführt:

- i) Mangel an stratigraphischer Kontrolle – insbesondere die verlässliche Korrelation der Land-basierten und untermeerischen Sedimentfolgen;
- ii) Mangel an Informationen zur verlässlichen Abschätzung der einstmaligen Meeresspiegelstände und Wassertiefen;
- iii) Mangel des Verständnisses des Ablagerungsmilieus – mit Bezug auf zahlreiche Detailspekte (Anmerkung: grundsätzlich ist die Entstehung der Salzgesteine nicht geklärt);
- iv) Unkenntnis über einen möglichen Einfluss auf das globale Klima.

Den Mittelmeer-Salzvorkommen auf den Grund gehen – nicht anbohren, sondern durchbohren.

Zur möglichen Klärung dieser Komplexe ist von einem Teil der Gemeinschaft die Durchführung einer erneuten Tiefsee-Bohrkampagne – im Rahmen von IODP – vorgeschlagen worden. Mit der Vorschlagsnummer 857 und unter dem Kurztitel „DREAM: Mittelmeer-Salzgigant“ befindet sich das gewünschte Vorhaben seit Oktober 2014 im Bearbeitungsstatus „in Klärung“ (<http://www.iodp.org/proposals/active-proposals;ergänzt durch 857B>). IODP (International Ocean Discovery Program) verfügt mit den Forschungsbohrschiffen *Chikyu* und *JOIDES Resolution* über die Ressourcen, die Evaporite in Wassertiefen von über 2000 m nicht nur anzubohren, sondern vollkommen zu durchteufen und durchgängig Kerne zu gewinnen.

Nachwort

Hsü (1984, 1985) endet seinen Epilog in dem Buch *Das Mittelmeer war eine Wüste* mit einer Voraussage: „Neue Schülergenerationen werden mit der Schulweisheit aufwachsen, die Austrocknung des Mittelmeeres vor etlichen Jahrmillionen sei so gewiss wie das Amen in der Kirche.“ Das könnte durchaus schon eingetroffen sein. Ein Dementi in puncto Austrocknung oder eine Korrektur in puncto *Tatsachendarstellung* ist dem Verfasser nicht bekannt.

Dank

Dr. Reinhard JUNKER und Dr. Martin ERNST danke ich für die Durchsicht des Manuskripts und wertvolle Anregungen und Hinweise, Frank MEYER für die graphischen Arbeiten, die auch Änderungen und Ergänzungen eines Teils des Bildmaterials umfassen.

Literatur

- CIESM (2008) Executive Summary. In: BRIAND F (Ed.) The Messinian Salinity Crisis from mega-deposits to microbiology – A consensus report. CIESM Workshop Monographs 33, 7–28.
- DAL CIN M, DEL BEN A, MOCNIK A, ACCAINO F, GELETTI R, WARDELL N, ZGUR F & CAMERLENGHI A (2016) Seismic imaging of Late Miocene (Messinian) evaporites from Western Mediterranean back-arc basins. *Petroleum Geoscience* 22, 297–308.
- GARCIA-CASTELLANOS D, ESTRADA F, JIMÉNEZ-MUNT I, GORINI C, FERNÁNDEZ M, VERGÉS J & DE VICENTE R (2009) Catastrophic flood of the Mediterranean after the Messinian salinity crisis. *Nature* 462, 778–782.
- HARDIE LA & LOWENSTEIN TK (2004) Did the Mediterranean Sea dry out during the Miocene? A reassessment of the evaporite evidence from DSDP Legs 13 and 42A cores. *Journal of Sedimentary Research* 74, 453–461.
- HOVLAND M, RUESLÄTTEN HG, JOHNSEN HK, KVAMME B & KUZNETSOVA T (2006) Salt formation associated with sub-surface boiling and supercritical water. *Marine and Petroleum Geology* 23, 855–869.
- HSÜ KJ (1972) Origin of Saline Giants: a critical review after the discovery of the Mediterranean evaporite. *Earth Science Reviews* 8, 371–396.
- HSÜ KJ, CITA MB & RYAN WBF (1973a) Late Miocene Desiccation of the Mediterranean. *Nature* 242, 240–244.
- HSÜ KJ, CITA MB & RYAN WBF (1973b) The origin of the Mediterranean evaporites. In: RYAN WBF, HSÜ KJ et al. Initial Reports of the Deep Sea Drilling Project, Vol. XIII, Washington, 1203–1231.
- HSÜ KJ (1984) *Das Mittelmeer war eine Wüste*. München.
- KOTULLA M (2015) Sedimentfolgen und ihre Interpretation: Zyklusstratigraphie und das Milankovich-Zyklus-Syndrom. W+W Special Paper G-15-1, Baierbronn; <http://www.wort-und-wissen.de/artikel.html>.
- KOTULLA M (2016) Erdgeschichte als Tatsache. *Studium Integrale Journal* 23, 83–93.
- LUGLI S, MANZI V, ROVERI M & SCHREIBER BC (2015) The deep record of the Messinian salinity crisis: Evidence of a non-desiccated Mediterranean Sea. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* 433, 201–218.
- MANZI V, GENNARI R, LUGLI S, ROVERI M, SCAFFETTA N & SCHREIBER C (2012) High-frequency cyclicity in the Mediterranean Messinian evaporites: evidence for solar-lunar climate forcing. *Journal of Sedimentary Research* 82, 991–1005.
- MATTES BW & CONWAY MORRIS S (1990) Carbonate/evaporite deposition in the Late Precambrium – Early Cambrian Ara Formation of Southern Oman. In: ROBERTSON AHF, SEARLE MP & RIES AC (eds.) *The Geology and Tectonics of the Oman region*. Geological Society Special Publication 49, 617–636.
- ROVERI M, FLECKER R, KRIJGSMAN W, LOFI J, LUGLI S, MANZI V, SIERRO FJ, BERTINI A, CAMERLENGHI A, DE LANGE G, GOVERS R, HILGEN FJ, HÜBSCHER C, MEIJER PT & STOICA M (2014a) The Messinian Salinity Crisis: Past and future of a great challenge for marine sciences. *Maine Geology* 352, 25–58.
- ROVERI M, MANZI V, BERGAMASCO A, FALCIERI FM, GENNARI R, LUGLI S & SCHREIBER BC (2014b) Dense shelf water cascading and Messinian canyons: a new scenario for the Mediterranean Salinity Crisis. *American Journal of Science* 314, 751–784.
- RYAN WBF (2009) Decoding the Mediterranean salinity crisis. *Sedimentology* 56, 95–136.
- SCHREIBER BC & HSÜ KJ (1980) Evaporites. In: HOBSON GD (ed.) *Developments in Petroleum Geology*, vol. 2, 87–138.
- WARREN JK (2016) *Evaporites: A geological compendium*. 2. Auflage, Cham Heidelberg.

Anschrift des Verfassers:

Michael Kotulla, Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn; E-Mail: kotulla@wort-und-wissen.de

Die Entstehung des Mondes – noch immer eine schwere Geburt

Unser Erdmond ist eine Ausnahmeerscheinung in unserem Planetensystem, hat er doch als Trabant eines Planeten ungewöhnliche Eigenschaften. Verschiedenste Modelle einer möglichen Entstehungsgeschichte wurden durchgespielt, ohne bisher zu einem stimmigen Gesamtbild geführt zu haben. Eine aktuelle Veröffentlichung nimmt eine alte Idee auf, nämlich die von multiplen Impakt-Vorgängen, die erfreulicherweise den anzusetzenden Parameterraum erheblich erweitert. Im Ernstfall sollten Ergebnisse von Simulationen an der Chemie des Mondes überprüfbar sein.

Norbert Pailer

Historie

Die Entstehung des Mondes wird seit Jahrhunderten diskutiert und ein Ende scheint nicht absehbar: Mit ungewöhnlichen Eigenschaften umkreist er einsam unsere Erde, die sich nicht ohne weiteres in ein geschlossenes Modell einfügen. Seine Gezeitenkräfte gehören zwar zum Strandurlaub, und in Kinderliedern darf er nicht fehlen. Ihm widmen sich gar spezielle Kalender. Dennoch entzieht sich seine Entstehung einem geschlossenen Bild. Hauptproblem ist seine ungewöhnliche Größe, seine chemische und isotopische Zusammensetzung. Vier grundlegende Ansätze wurden untersucht, ohne eine umfassende Stimmigkeit erreicht zu haben:

1. Eine rasant rotierende Erde könnte sich in ihrer Frühzeit von ihm gelöst haben (DARWIN 1878).

2. Die junge Erde hat ihn eingefangen (SEE 1909).

3. Beide Himmelskörper sind zufällig nebeneinander entstanden (VON WEIZSÄCKER 1944).

4. Vor 4,5 Milliarden Jahren könnte die Kollision eines marsgroßen Körpers den Mond in Form von Ejekta (Auswürfen) ausgelöst haben, die sich anschließend aus der Trümmerwolke zu einem Körper, unserem Erdmond, zusammenfanden (HARTMANN & DAVIS 1975).

Obwohl er nur einen kosmischen Steinwurf weit von uns entfernt ist, ist seine Entstehungsgeschichte noch immer unklar.

Bisher bevorzugte Lösung

Ein gutes Entstehungsmodell zu entwickeln, ist nicht einfach, muss es doch nicht nur physikalisch realistisch sein, sondern auch mit den Eigenschaften des Mondes beziehungsweise des Erde-Mond-Systems vereinbar sein und diese möglichst weitgehend und widerspruchsfrei erklären:

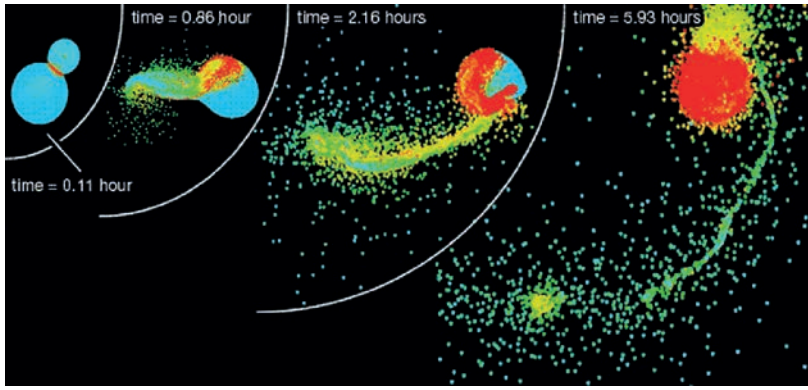


Abb. 1 Simulation eines zentralen Impact-Vorgangs eines marsgroßen Objekts mit der Proto-Erde, der Ausbildung einer Staubwolke bis hin zur Ausprägung eines Objekts, dem Ur-Mond. (Aus CANUP 2004, mit freundlicher Genehmigung)

- Die durchschnittliche Dichte des Mondes ist mit $3,3 \text{ g/cm}^3$ deutlich geringer als die der Erde mit $5,5 \text{ g/cm}^3$.
- Der Mond hat im Vergleich zur Erde ein großes Defizit an leicht flüchtigen Elementen und daraus zusammengesetzten Stoffen, z.B. Wasser, sowie an Eisen.
- Die isotopische Zusammensetzung der Gesteine der Erdkruste und der Mondoberfläche ist nahezu identisch, im Gegensatz zum Rest des Sonnensystems.
- Der Drehimpuls des Erde-Mond-Systems ist ungewöhnlich hoch.
- Der Mond dreht sich im gleichen Drehsinn genauso schnell um sich selbst wie um die Erde. Er hat also eine an seine Umlaufbewegung gebundene Rotation und zeigt der Erde immer dieselbe Seite.

Die vierte oben genannte Theorie ist die bislang führende Mondentstehungstheorie und passt am ehesten zur Planetenentstehungstheorie, da nach dem betreffenden Modell statistisch gesehen größere Objekte gegen Ende der Planetenentstehung als Impact-Körper zur Verfügung standen. Der „chemische Fingerabdruck“ des hypothetischen Impact-Körpers mit dem Namen Theia sollte sich deutlich auf dem Mond zeigen, denn marsgroße Objekte sollten in größerer Sonnener Entfernung eine etwas andere chemische Zusammensetzung als die Erde haben. Und diese sollte sich – das zeigen Berechnungen – auch auf dem Mond andeuten.

Numerische Analysen simulierten, wie die Kollision eines einfallenden, marsgroßen Planeten-Embryos mit der Proto-Erde eine heiße, massive, schnell rotierende Staubscheibe um die Erde bildete, aus der unser Mond kondensiert sein sollte. Das Modell war simpel und simulierte die Bildung des Mondes grob in seinen

bekannten globalen Parametern nach hohem Drehmoment, geringem Eisengehalt, großer Masse und wenig leichtflüchtigen Elementen, und das alles in einem Impact-Vorgang.

Das Kollisionsszenario ist bisher die plausibelste aller „Kreißsaaltheorien“ zum Ursprung des Mondes. Sie erklärt ziemlich genau, weshalb die Mond-Erde-Kombi ein Unikat im Sonnensystem ist. Abb. 1 zeigt die simulierte Entwicklung eines großen Einschlags mit der Proto-Erde bis hin zur Ausbildung eines Objekts in einer Erdumlaufbahn, des Ur-Mondes.

Doch abgesehen von kleineren Schwächen hatte sie bislang einen entscheidenden Makel: Chemiker und Geologen fanden keine Spuren von Theia im Mondgestein. Diese müssten aber vorhanden sein, denn praktisch alle Modellrechnungen zur Geburt des Mondes gehen davon aus, dass der Mond nicht nur zu großen Teilen aus zertrümmertem Erdmantel bestehen müsse, sondern vor allem auch aus Theia. Einschlags-Simulationen zeigen, dass die Projektilmasse mehr als 70 % der der Mondentstehung vorlaufenden Staubscheibe entsprechen sollte (CANUP 2004). Deshalb geben

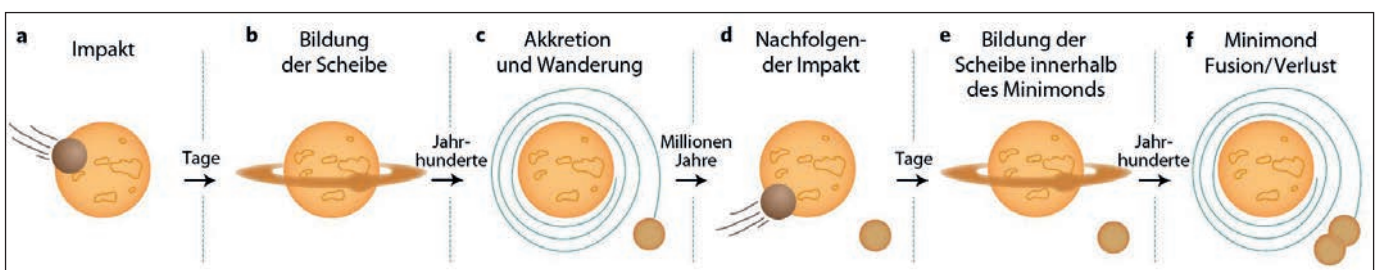
- der Projektil-Massenbeitrag zum Aufbau des Mondes
 - die hochpräzise vermessene Isotopen-Zusammensetzung
 - der Gesamtdrehimpuls des Erde-Mond-Systems
- immer wieder Anlass für neue Diskussionen.

Ausweitung des Parameterraumes

Jüngstes Beispiel sind Arbeiten des Teams um Raluca RUFU vom Weizmann-Institut in Rehovot, Israel, die eine alte Idee neu aufleben lassen. Als Alternative zu bisherigen Szenarien wurde eine ganze Sequenz von Einschlägen auf der jungen Erde modelliert (RUFU et al. 2017). Mit einer Serie von Einschlagsobjekten ist natürlich auch der zur Verfügung stehende Parameterraum erheblich erweitert – und die Anpassung eines Entstehungsmodells an die vorliegenden Gegebenheiten erleichtert.

In einer aufwändigen Simulationsreihe von knapp 800 Durchläufen sind unterschiedliche Massen von Einschlagskörpern (Variationsbreite um Faktor 10), unterschiedlichste Einschlag-

Abb. 2 Schematische Darstellung der Mondentstehung mittels eines mehrfachen Einschlags-szenarios:
a Mond- bis marsgroße Körper schlagen auf der noch jungen Erde ein.
b Ejekta formen eine Staubscheibe um die Erde.
c Durch Gezeitenkräfte kommt es zur Akkretion kleiner Objekte, die „Moonlets“ (kleine Monde) formen, welche nach außen wandern.
d Es ereignen sich weitere Einschläge.
e Die Vorgänge b und c schließen sich an.
d+e: Vor der nächsten Kollision erreichen die Moonlets entferntere Bahnen und machen Platz für weitere Kollisionen.
f Akkretion der Moonlets zur Ausformung des Ur-Mondes. (Aus RUFU et al. 2017, mit freundlicher Genehmigung)

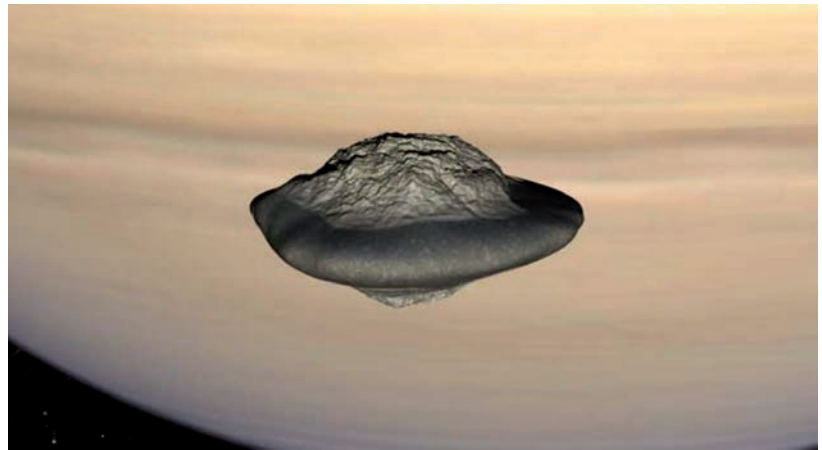
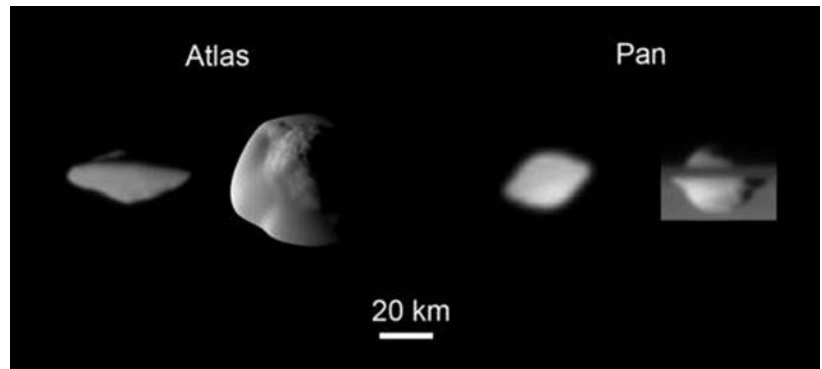


winkel, verschiedene Geschwindigkeiten etc. variiert worden, um eine passende Staubwolke um die Proto-Erde zu erzeugen, aus der sich dann per Akkretion (Anwachsen) kleinere Monde bilden sollten. Alle Simulationen fanden in einer Bahnebene statt. Durch gravitative Wechselwirkung wandern dann diese Objekte weiter nach außen und machen so Platz für eine durch einen weiteren Einschlag erzeugte Staubwolke. Dort sollte Ähnliches passieren, sodass am Ende mehrere, durch weitere Einschläge erzeugte Partnerobjekte sich um die Erde kreisend einfinden und durch Akkretion zusammenwachsen. Der Vorgang ist schematisch in Abb. 2 dargestellt.

Jenseits der Computer-Simulationen

Computer-Simulationen sind für die junge Generation ein nicht zu überbietendes, hilfreiches Instrumentarium für die Erstellung physikalischer Modelle. Aber sie verleiten auch zu Spielereien mit freien Parametern, die so lange variiert werden, bis das Ergebnis „passt“. Das Ergebnis sind daher oft Modelle mit großer „Maschenweite“, d.h. mit großer Ungenauigkeit. Gleichzeitig fördern Computer mit ihren Simulationsmöglichkeiten und wegen der exakten Zahlen, die sie ausgeben, den Glauben an die Realitätsnähe solcher Modellierungen. Auf Knopfdruck spucken diese Wundermaschinen simulierte Wirbelstürme und Steuererklärungen aus. Hier muss wegen der Gefahr der Verselbständigung aufgepasst werden.

Daher nutzen Astrophysiker den Weltraum zusätzlich gerne als kostenloses Labor für eine Überprüfung der „Hardware“ extremer Verhältnisse. Das ist das Beste, was Physik leisten kann! So hat die NASA zusammen mit der ESA die letzte der großen Planetenmissionen, *Cassini-Huygens* und *Huygens*, der Erkundung des Saturn, seines komplexen Staubringes und seiner Monde gewidmet. Nicht zuletzt hat man erwartet, im Ringsystem die Akkretion von Staubeilchen zu größeren Objekten beobachten zu können (quasi Simulation einer Art „Planetenentstehung“). So wiesen z.B. gewisse Wellenstrukturen im sogenannten F-Ring auf kleinere Objekte hin, die im Ringsystem gebildet und eingebettet wurden. Die dabei in den Wellenbergen entstandenen, bis zu 20 Kilometer großen Gebilde sind aber keine festen Körper, sondern eher lockere Ansammlungen von Ringmaterial. Viele von ihnen werden bei weiteren Passagen vom Mond Prometheus wieder auseinandergerissen. Aber manche überstehen die Vorübergänge und klumpen fester zusammen. Die langlebigeren Objekte sind offenbar so dicht



gepackt, dass sie immerhin von ihrer schwachen Eigenschwerkraft zusammengehalten werden. Dadurch können sie weitere Ringpartikel an sich ziehen und noch größer werden. Diese Fähigkeit hängt aber grundsätzlich davon ab, ob der Ort der Objekte außerhalb oder innerhalb der sog. Roche-Grenze liegt. Diese wurde erstmals vom französischen Astronomen und Mathematiker Eduard Albert ROCHE (1820–1883) beschrieben und gibt an, bei welchem Abstand ein im Umlauf befindliches Objekt von den Gezeitenkräften des größeren Mutterkörpers auseinandergerissen wird, wenn diese stärker als die Eigenschwerkraft des kleineren Objekts werden.

Die Saturnmonde Atlas und Pan

Unser einfaches Bild von der prinzipiellen Entstehung (fester) Körper im Weltraum besteht darin, dass sich Planeten aus den Materieresten eines Sterns – aus dessen Müllkippe, protoplanetare Scheibe genannt – durch Wirbelbildung und Akkretion von Teilchen bilden (können). Bei der Bildung von Monden stellt man sich die Vorgänge im Wesentlichen analog vor. Allerdings soll der Erdmond eine Ausnahme in dem Sinne sein, als hier (durch einen Impakt-Vorgang) zuerst eine zirkumpolare Staubscheibe etabliert werden musste.

Trotz der großen Anzahl von rund 170 Monden von > 10 km und $< 2\,000$ km Durchmesser in unserem Planetensystem (ohne Monde von

Abb. 3 Oben: Die Saturnmonde Atlas und Pan mit ihrer Aufdickung im Bereich des jeweiligen Äquators als „Fliegende Untertassen“ (http://kuffner-sterne.at/im_brennp/archiv2007/Saturnmonde.php)
Unten: Computersimulation des Mondes Atlas (© CEA/ANIMEA; <http://www.space.com/4711-flying-saucers-saturn-explained.html>)

Pluto und Monde um Planetoiden) kann die Akkretion von Staubteilchen zu einem Mond offensichtlich nur an zwei Objekten andeutungsweise festgestellt werden. Das Vorzeigebeispiel ist der Saturnmond Atlas (PAILER & KRABBE 2016, S. 158), der hier zur Demonstration eingeführt werden soll. Abb. 3 zeigt ihn mit seinem feinkörnigen Äquatorwulst zusammen mit dem Mond Pan.

Der Mond Atlas ist ungefähr 46 x 38 x 19 km groß. Die Höhe des (gebildeten) Äquatorwulstes misst zwischen drei und fünf Kilometer. Er sieht aus wie ein feinkörniger Kieshaufen. Sollte also im Saturnstaubring eine Art Mondbildungsprozess vor unserer planetaren Haustüre stattfinden, so ist das nur am Mond Atlas und eventuell bei Pan angedeutet. Bei anderen Monden (Schäfermonden) geht man davon aus, dass sie neben der Bereinigung ihrer Bahn unter dem Bombardement von Staubringteilchen als Quelle für den Ersatz für Staubverluste im Ringsystem selbst dienen. Wegen ihrer Kleinheit lässt sich allerdings ihr Einfluss nicht so leicht quantifizieren.

Sollte allerdings der Saturnstaubring Trümmer eines ehemals großen Mondes sein, dann wäre der „Kern“ von Atlas möglicherweise der größere Rest dieses Vorgangs, der dann Staubteilchen auf diesem (festen) Kern aufsammlte.

Ob der Ansatz multipler Einschlagsprozesse uns der wirklichen Entstehungsgeschichte näherbringt, bleibt offen.

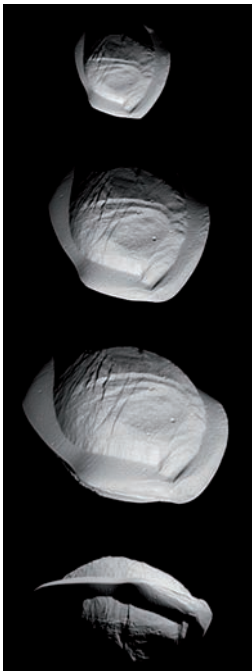


Abb. 4 Detaillierteste Aufnahmen vom Saturnmond Pan aufgenommen im März 2017 von der Saturnsonde Cassini-Huygens (NASA/JPL-Caltech/Space Science Institute)

Carolyn PORCO, Leiterin des Cassini-Huygens-Imaging-Teams, stellte fest, dass beide Monde leicht porös erscheinen. Zusätzlich legen Computer-Simulationen nahe, dass eine Hälfte oder vielleicht auch zwei Drittel der Monde aus Ringmaterial aufgebaut sind und der dichtere Kern aus der möglichen Zertrümmerung des erwähnten ehemals großen Mondes stammt. Dieser bereits vorhandene Kern sollte dann Staub aus dem Ringsystem aufgesammelt und zu der angedeuteten, äquatornahen Aufdickung geführt haben (CHOI 2007). Abb. 4 zeigt die aktuellsten und detailliertesten Aufnahmen des Mondes Pan von Cassini-Huygens vom März 2017 aus verschiedenen Perspektiven, die das angesprochene Bild bestätigen. Ein visueller Abgleich mit der in Abb. 3 gezeigten Simulation zeigt eine bemerkenswerte Übereinstimmung – allerdings nun mit viel größerem Detail.

Möglicherweise lässt sich das Szenario der Mehrfacheinschläge auf der Erde zur Erdmondbildung künftig überprüfen: Bei einem einzigen Impaktvorgang wird von einer nahezu homogenen Akkretionsscheibe ausgegangen und damit lassen sich Einzelmessungen der Chemie auf den

gesamten Mond übertragen. Wenn der Erdtrabant allerdings durch Akkretion von mehreren Mini-Monden entstanden ist, könnte dort nach Bereichen mit unterschiedlichen geochemischen Eigenschaften gesucht werden. Anhand dieser chemischen Signaturen ließe sich beispielsweise das Alter des Materials ablesen. Die verschiedenen Bereiche würden somit wie Puzzlestücke verraten, wie der Mond einst entstand – oder eben die Diskussion um eine weitere interessante Variante bereichern.

Fazit

Aus Gründen der Flexibilität einer Modellierung ist der Ansatz eines multiplen Einschlagsszenarios auf der Erde durchaus erfolgsversprechend, auch wenn er die Modellierung nicht gerade vereinfacht. Aber dafür gibt es ja Computer.

Bedauerlicherweise haben in-situ-Beobachtungen im Saturnstaubring mit Hilfe von Cassini-Huygens keine eindeutigen Einsichten bezüglich der hypothetischen Akkretionsprozesse fester Körper gebracht.

Ob nun allerdings die willkommene Erweiterung des durch multiple Einschlagsprozesse erhaltenen Parameterraumes – und damit die Möglichkeiten der Anpassung – uns der wirklichen Entstehungsgeschichte näherbringt, bleibt offen. Sie wird aber einen Möglichkeitsrahmen abstecken, womit immerhin die Modellierung einen Schritt weiter wäre. Modelle sind eben nur „Ideen mit Hochschulbildung“. Gleichzeitig wird an anderer Stelle auch an der single-impact Theorie weiter gearbeitet (WYATT et al. 2016).

Literatur

- CANUP RM (2004) Simulations of a late lunar forming impact. *Icarus* 168, 433-465.
- CHOI CQ (2007) 'Flying saucers' around Saturn explained. <http://www.space.com/4711-flying-saucers-saturn-explained.html>
- DARWIN GH (1878) On the precession of a viscous spheroid. *Nature* 18, 580-582.
- HARTMANN WK & DAVIS DR (1975) Satellite-sized planetesimals and lunar origin. *Icarus* 24, 504-515.
- PAILER N & KRABBE A (2016) Der vermessene Kosmos. Ursprungsfragen kritisch betrachtet. Holzgerlingen, 2. erweiterte Auflage.
- RUFU R, AHARONSON O & PERETS HB (2017) A multiple-impact origin for the Moon. *Nature Geoscience*. doi:10.1038/ngeo2866
- SEE TJJ (1909) Origin of the lunar terrestrial system by capture, with further considerations on the theory of satellites and on the physical cause which has determined the directions of the rotations of the planets about their axes. *Astronomische Nachrichten* 181, 365-386.
- VON WEIZSÄCKER CF (1944) Über die Entstehung des Planetensystems. *Zeitschrift für Astrophysik* 22, 319-355.
- WYATT BM, PETZ JM, et al. (2016) Creating an isotopically similar earth-moon system with correct angular momentum from a giant impact. arXiv:1611.02769

Antiwasserstoff und die Herkunft der Materie im Urknallmodell

Präzise Experimente an Antimaterie erlauben einen detaillierten Einblick in die Symmetrieeigenschaften der Elementarteilchen. Mit diesen Messungen können zum einen die Vorhersagen des Standardmodells getestet werden. Andererseits hofft man, einen plausiblen Mechanismus zur Materieerzeugung kurz nach dem Urknall zu finden, was bisher nicht zufriedenstellend gelingt.

Tobias Holder

Seit mehr als 80 Jahren ist bekannt, dass jeder Baustein der Materie einen fast identischen Gegenpart hat, dessen elektrische Ladung das umkehrte Vorzeichen hat („Anti-“). So gibt es nicht nur Protonen, sondern auch Antiprotonen, genauso Myonen und Antimyonen usw. Das Antiteilchen des Elektrons wurde als Erstes entdeckt und heißt aus historischen Gründen Positron. Eine wichtige Eigenschaft der Materie-Antimaterie-Partner ist, dass sie sich bei einer Kollision jeweils gegenseitig vernichten (annihilieren) und in Strahlung umwandeln (Abb. 1). Diese Eigenschaft wird zum Beispiel bei der Positronen-Emissions-Tomographie (PET) in der Medizin verwendet, um Molekülkonzentrationen präzise zu vermessen.

Eine äußerst wichtige Frage in der Untersuchung von Materie und Antimaterie ist, ob sich beide Antipartner, Teilchen und Antiteilchen, abgesehen vom Vorzeichen der elektrischen Ladung wirklich komplett gleichen. Historisch gesehen war dies eine wichtige Frage, denn es ist bei weitem nicht selbstverständlich, dass ein Proton zum Beispiel genau dieselbe Masse wie ein Antiproton haben soll. Inzwischen ist bekannt und auch theoretisch verstanden, dass die Antipartner tatsächlich dieselben Massen haben. Dies ist eine Folge des gemeinsamen Mechanismus der Masseerzeugung (Higgs-Mechanismus) (BARNES 2010). Im Falle einer solchen perfekten Übereinstimmung spricht man von einer Symmetrie, die zwischen den Elementarteilchen gilt. Im Laufe der Zeit wurden viele Symmetrien zwischen Antipartnern festgestellt und mit immer höherer Präzision experimentell verifiziert. Dies ist aus zweierlei Gründen bis heute ein aktives Forschungsgebiet.

Zum einen ist es auch im Lichte der modernen Physik nicht selbstverständlich, dass Symmetrien vorliegen: Eine Symmetrie wird in der Natur nur dann realisiert, wenn es überhaupt keine Möglichkeit gibt, durch eine Symmetriebrechung auch nur ein kleines bisschen Energie zu gewinnen. Die Erfahrung zeigt, dass Symmetrien in der Natur häufig gebrochen werden, v.a. wenn es sich um komplizierte Symmetrien handelt.

Ein bekanntes Beispiel für solch eine spontane Symmetriebrechung ist der Stabmagnet, wie er z.B. in einer Kompassnadel benutzt wird. Das Magnetfeld, das der Stabmagnet besitzt, wird dadurch erzeugt, dass die magnetischen Momente der Elektronen in den Eisenatomen spontan in dieselbe Richtung zeigen und so ohne Einfluss von außen die Rotationssymmetrie im Raum zerstören (Abb. 2).

Symmetrien und Materieerzeugung

Die Symmetrie zwischen Materie und Antimaterie hat viele Facetten, die Partner müssen sich nicht nur im Betrag der Ladung, der Masse und des Drehimpulses gleichen, sondern zusätzlich auch noch mit denselben Wahrscheinlichkeiten in jeweils leichtere Teilchen zerfallen. Es ist daher nicht überraschend, dass Antipartner sich doch nicht in allen Eigenschaften exakt gleichen. Im Folgenden soll der Fokus auf den Symmetrieeigenschaften unter Invertierung der Ladung (C), Spiegelung im Raum (P) und Umkehr der Zeitachse (T) liegen. Hierbei mag die experimentelle Realisierung einer Symmetrieeoperation wie Zeitumkehr schwer durchführbar erscheinen, man kann solche exotischen Fälle aber tatsächlich auf etwas so Einfaches wie zum Beispiel ein Magnetfeld zurückführen.

In einigen bahnbrechenden Experimenten in den 1960er-Jahren wurde nachgewiesen, dass die schwache Kernkraft sowohl die C-, P- als auch T-Symmetrie verletzt, und auch Kombinationen

Elementarteilchen sind nicht asymmetrisch genug.

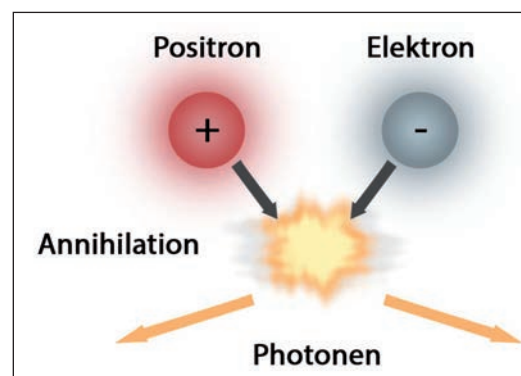


Abb. 1 Antipartner und ihre Zerstrahlung. Das Elektron kann beim Zusammenstoß mit seinem Antiteilchen (dem Positron) ausgelöscht werden, wobei die Energie in Licht umgewandelt wird.

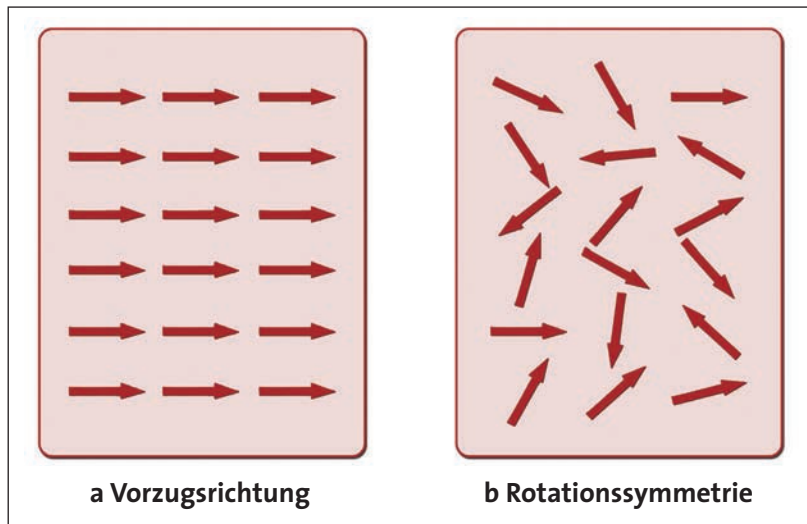


Abb. 2 Der Ferromagnet als Beispiel für Symmetriebrechung. **a** zeigt den magnetisierten Zustand, bei dem die magnetischen Momente der Elektronen im Material in eine Vorzugsrichtung zeigen und so ein makroskopisches Magnetfeld erzeugen. In Zustand **b** ist diese Ordnung aufgehoben und keine Richtung ist ausgezeichnet: Makroskopisch liegt Rotationssymmetrie in alle Richtungen vor. Der Übergang von Zustand **b** zu **a** erfolgt unterhalb einer charakteristischen Temperatur.

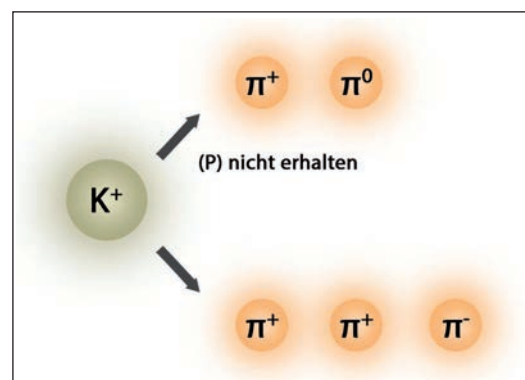
wie die CP-Symmetrie. Allein für die Kombination von allen drei Symmetrien (CPT) ist bislang keine Symmetriebrechung nachgewiesen worden. Die Signifikanz dieses Befundes kann nur schwerlich überschätzt werden, da die gesamte moderne Elementarteilchenphysik auf der CPT-Symmetrie aufbaut.

In Abb. 3 ist der zuerst gefundene, P-verletzende Zerfall eines Kaons in Pionen abgebildet. Da in unserem Universum die P-Symmetrie gebrochen ist, erhält man einen nichtidentischen Zustand, wenn alle beteiligten Partner durch ihre Spiegelbilder (P) ersetzt werden. Im Experiment macht sich das dahingehend bemerkbar, dass ein geladenes Kaon in zwei Pionen zerfallen kann, ein sonst verbotener Prozess.

Solche seltenen Zerfallskanäle sind der zweite wichtige Grund, warum die Untersuchung von Unterschieden zwischen Materie und Antimaterie auch noch heute von Bedeutung ist: Ausgehend von den experimentell beobachteten Symmetriebrechungen wurde in den vergangenen Jahrzehnten versucht, dieses Verhalten im Standardmodell der Kosmologie (Urknallmodell) zu berücksichtigen und damit die Herkunft des sogenannten Materieüberschusses zu erklären. „Materieüberschuss“ bedeutet hierbei schlicht, dass das Universum überhaupt Materie enthält.

Die eigentliche Problemstellung ist denkbar einfach: Wenn sich Materie und Antimaterie tatsächlich komplett analog verhielten, so wür-

Abb. 3 P-Verletzung beim Zerfall des K^+ . Da Kaonen (K) und Pionen (π) dieselben Eigenschaften unter Raumspiegelung P besitzen, darf eigentlich nur der untere Zerfallskanal auftreten, bei dem die Zahl der Teilchen ungerade bleibt ($1 \rightarrow 3$). Da für die schwache Kernkraft aber die P-Symmetrie gebrochen ist, kann selten auch ein Zerfall in zwei Pionen auftreten.



de sich kurz nach der anfänglichen Singularität (Urknall) die gleiche Menge von Materie und Antimaterie bilden. Zur heutigen Zeit müssten dann Regionen im Weltraum gefunden werden, in denen Sterne, Planeten und ganze Galaxien aus Antimaterie bestehen würden. In der Folge gäbe es dann auch Stellen, an denen sich Materie und Antimaterie treffen und mit charakteristischer Strahlung gegenseitig auslöschen. Da das beobachtbare Universum aber nachweislich keine solchen Regionen aufweist und darum keine Ansammlungen von Antimaterie besitzt, wird eine Symmetrieverletzung als Ursache stark favorisiert. Allerdings müssen zur Erzeugung eines Materieüberschusses im frühen Universum einige Randbedingungen erfüllt werden, insbesondere ist hierzu eine CP-Verletzung zwingend notwendig (RIOTTO 1998).

Notwendigkeit weiterer Mechanismen

Auch wenn in unserem Universum in der Tat die CP-Symmetrie gebrochen ist, so gilt es in der Zwischenzeit als gesichert, dass die Materieerzeugung mithilfe der bereits bekannten Asymmetrien nicht plausibel ist (TRÜB 2006). Die Hindernisse für eine erfolgreiche Erklärung des Materieüberschusses betreffen dabei allesamt Einzelheiten der Zerfallskanäle: Die bekannten Symmetrieverletzungen sind schlicht zu klein, um die im Standardmodell erforderlichen Materiemengen der Elemente Wasserstoff, Helium und Lithium zu produzieren.

In neueren Experimenten sucht man deshalb gezielt nach weiteren symmetrieverletzenden Zerfällen. Ein topaktuelles Beispiel hierfür sind die Messungen der LHCb-Kollaboration am CERN in Genf, die im Januar dieses Jahres veröffentlicht wurden (LHCb collaboration 2017). Darin wird zum ersten Mal eine CP-Verletzung bei Zerfällen von Elementarteilchen bestehend aus drei Quarks dokumentiert.

Eine andere Stoßrichtung ist die Suche nach einer Verletzung der kombinierten Symmetrie CPT. Ein positives Ergebnis hätte geradezu monumentale Konsequenzen für die Teilchenphysik, die Relativitätstheorie und das sehr frühe Universum.

Jüngst gelangte ein derartiges Experiment an Antiwasserstoff in den Fokus der Öffentlichkeit (AHMADI et al. 2017). Das Autorenkollektiv am CERN vermaß dabei äußerst präzise die Spektrallinien von Antiwasserstoff im Vergleich zu denen von Wasserstoff. Die technischen Schwierigkeiten, die es hierbei zu überwinden gilt, sind enorm. Der Antiwasserstoff muss aus zuvor produzierten und abgebremsten Antiprotonen und Positronen zusammengesetzt werden

und dann als elektrisch neutrales Atom lange genug eingeschlossen werden, um eine akkurate Messung zu ermöglichen. In dem neuen Experiment gelang dies viel besser als noch vor wenigen Jahren. Andererseits war ebenso wie in allen vorhergehenden Experimenten in den Emissionslinien des Antiwasserstoffs kein Unterschied zum Wasserstoff erkennbar, woraus die Autoren eine Erhaltung der CPT-Symmetrie mit einer relativen Präzision von mindestens 2×10^{-10} schlussfolgern.

Die Suche nach Symmetriebrechung wird mit Sicherheit auch in den nächsten Jahren spannend bleiben. Von Seiten der Theorie besteht großes Interesse daran, endlich Hinweise auf neue Physik zu finden, und experimentell hat die Charakterisierung der bestehenden Symmetriebrechungen eine hohe Priorität. Für den

Moment bleibt aber die Aussage des Standardmodells bestehen, dass die Materieentstehung in einem Urknallszenario nach wie vor nicht zufriedenstellend erklärt werden kann.

Literatur

- BARNES KJ (2010) Group theory for the standard model of particle physics and beyond. CRC Press.
- RIOTTO A (1998) Theories of baryogenesis. In: GAVA E et al. (eds) Proc. Summer School in High-energy Physics and Cosmology. World Scientific, S. 326–436.
- TRÜB P (2006) Der Ursprung der Baryonenasymmetrie. Ein ungelöstes Rätsel am Schnittpunkt von Kosmologie und Teilchenphysik. Stud. Integr. J. 13, 78–85.
- LHCb collaboration (2017). Measurement of matter-antimatter differences in beauty baryon decays. Nature Physics 13, 1745–2481.
- AHMADI M et al. (2017) Observation of the 1S–2S transition in trapped antihydrogen. Nature 541, 506–510.

Ant-Man als Plant-Man

Ameisen als Pflanzenzüchter

Wahrscheinlich hat jeder schon einmal über die erstaunlichen Leistungen von Blattschneiderameisen oder Termiten bei deren professionellen Pilzzucht gestaunt. Ameisen auf den Fidschi-Inseln haben sich offensichtlich sogar an die Pflanzenzucht gewagt – Landwirte unter den Insekten!

Hans-Bertram Braun

Im Reich des Lebens gibt es bei weitem nicht nur Einzelkämpfer. DARWINS „Survival of the fittest“ – das Überleben der Best-Angepassten – legt zwar nahe, dass ein unbarmherziger Kampf um Ressourcen das Verhältnis der Arten zueinander bestimmen sollte. Aber so wenig ein solches Verhalten unser Zusammenleben als Menschen fördert und von uns als erstrebenswert angesehen wird, so sind auch im Tier- und Pflanzenreich Zusammenarbeit zum gegenseitigen Nutzen bzw. in gegenseitiger Abhängigkeit weit verbreitet. Beispiele für solche Symbiosen sind immer wieder verblüffend und scheinen in jedem Komplexitätsgrad zu existieren. Schon so vermeintlich einfache Organismen wie Amöben verspeisen ihre Nahrung, nämlich Bakterien, nicht nur, sondern behalten sich lebende Vorräte zurück, um sie in ihre Sporen als Amöben-Dauerformen mitzunehmen, zur Aussaat und Vermehrung beim Neustart nach Mangelzeiten (BROCK et al. 2011). Tiefseekrabben züchten sich Bakterien auf ihren Mundwerkzeugen, indem sie diese im warmen und für sie nährstoffreichen Wasser von Tiefseeschloten schwenken (THURBER et al. 2011). Tiefseefische halten sich eigene lichtproduzierende Bakterien in an- und ausknipsbaren „Taschenlampen“. Fälschlich

so genannte Faultiere züchten mit Hilfe von Motten auf komplexe Art bestimmte Algen als Nahrungsergänzung in ihrem Fell, wobei sie auch riskante Verhaltensweisen in Kauf nehmen, um diese Zucht aufrecht zu erhalten (PAULI et al. 2014). Und schließlich seien als weitere Beispiele die Blattschneiderameisen und Termiten genannt, die ganz bestimmte Pilzsarten als ausschließliche Nahrung züchten, die sie teilweise dann noch gezielt mit Strahlenpilzen (antibiotika-produzierenden Bakterien) vor Infektionen beschützen. Komplexeste soziale Verhaltensweisen, aufwändige Bauten und biologische Anpassungen werden betrieben, um symbiotische Lebensweisen zu ermöglichen. So ist es eigentlich erstaunlich, dass zum Beispiel die Pilzzucht mindestens 9 Mal konvergent, das heißt unabhängig voneinander, evolutiv entstanden sein soll (in Ameisen, Termiten und 7 Mal in Ambrosiakäfern, von den Champignon-züchtenden Menschen ganz zu schweigen, MUELLER et al. 2005).

Ameisen pflanzen Epiphyten ein

Guillaume CHOMICKI, ein Biologe der Universität München, verbrachte viele Stunden am

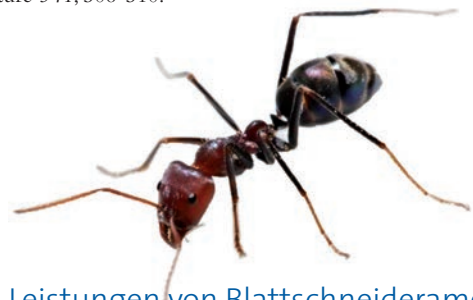


Abb. 1 Der „Ameisen-Gärtner“ *Philidris nagasau*. (Nach <http://www.morningtucker.com/2016/11/ant-discovery-stuns-scientists/>)

Abb. 2 Zwei Domatien des Epiphyten *Squamellaria*. (© Guillaume CHOMICKI; <https://guillaumechomicki.wordpress.com/research/>; mit freundlicher Genehmigung)



Seil hängend in Bäumen auf verschiedenen Fidschi-Inseln, um ein neues faszinierendes Beispiel der Zusammenarbeit zwischen Tier- und Pflanzenreich zu dokumentieren. Seine Untersuchungen zeigen eindrucksvoll, dass Ameisen der Art *Philidris nagasau* (Abb. 1, 3) gezielt und ausschließlich genau sechs bestimmte *Squamellaria*-Arten vermehren, die ihnen wiederum neben Zuckersekreten in Nektarien (Abb. 3, Mitte) vor allem Schutzräume (speziell gebildete Hohlräume, Domatien; Abb. 2) für ihre Ameisenkolonien bereitstellen. Squamellarien sind epiphytische Pflanzen, also Pflanzen, die aufsitzend auf Bäumen wachsen, jedoch im Gegensatz zu z.B. Misteln dabei nicht das Leitungssystem des Baumes anzapfen und deshalb eher Probleme haben, an genügend Nährstoffe zu kommen. Das trifft besonders auf die Zeit der „Aussaat“ zu, die denn auch direkt von den Ameisen übernommen wird.

Die Ameisen ernten noch nicht ganz reife Samen, indem sie diese aus den Früchten herauschneiden und sie in Risse und Spalten in der Rinde platzieren. Sie beziehen die jungen Keimlinge anschließend in ihre regelmäßigen Patrouillengänge ein. Die Ameisen tun das alles, obwohl die Samen keine Ölkörperchen besitzen, wie sie von anderen Pflanzensamen bekannt sind. Solche Samen mit einem Ölkörperchen werden eher ungeplant durch Ameisen verbreitet, indem diese die Samen in ihre Nester bringen; die Ölkörperchen werden dort verzehrt und der Restsame dann wieder aus dem Nest geworfen. Der Transport und das Setzen der Samen werden also im hier beobachteten Fall nicht unmittelbar belohnt, der Sämann muss sich nach der Saat erst einmal in Geduld üben. Allerdings nicht zu lange, denn die Domatien werden sehr früh gebildet:

Schon wenn die neuen Epiphytenpflänzchen gerade einmal zwei Zentimeter groß sind, bilden sie einen kugeligen Unterbau mit Höhlung aus, der dann regelmäßig von Ameisen besucht wird. Große Domatien, die von der Königin bewohnt werden, können später mehr als 30 cm lang sein.

Indem er den Ameisen mit ^{15}N -Isotop angereicherte Nahrung anbot, konnte CHOMICKI zeigen, dass die Besuche der Ameisen nicht nur dem Schutz der Keimlinge dienen, sondern dass die Pflänzchen aktiv gedüngt werden, wahrscheinlich, indem die Ameisen die Domatien als Toilettenhäuschen nutzen (CHOMICKI & RENNER 2016). *Philidris nagasau* ist in der Lage, die Samen der sechs oben erwähnten *Squamellaria*-Arten wahrscheinlich am Geruch aus Samen vieler anderer angebotener Arten herauszufinden. Es scheint sich wirklich um eine obligate, also ausschließliche Symbiose zwischen Ameise und Epiphyt zu handeln, denn alle untersuchten Domatien der 6 *Squamellaria*-Arten wurden ausschließlich von *Philidris nagasau* bewohnt und die Ameisenart wurde nur auf diesen 6 Arten gefunden.

Die Verbreitung von Epiphyten mittels Einpflanzen und Versorgung durch Ameisen soll fünf Mal unabhängig entstanden sein.

Interessanterweise gibt es durchaus auch andere *Philidris*-Ameisenarten auf denselben Bäumen, die aber andere *Squamellaria*-Arten bewohnen. In diesen Fällen sind allerdings nicht alle Domatien bewohnt und die Ameisen bauen teilweise auch Nester an anderen Orten und nicht nur in Domatien. Deren Kolonien sind



relativ klein, alle Individuen leben zusammen mit der Königin in einem einzigen Nest. Eine *Philidris nagasau*-Kolonie dagegen kann sich über mehrere Bäume erstrecken, die durch sich berührende Äste verbunden sind. Die Kolonie besteht dann aus mehreren Dutzend Epiphyten, deren Domatien alle von Ameisen konstant bewohnt oder mindestens regelmäßig besucht werden und die durch Ameisenstraßen verbunden sind. Eine einzige Königin herrscht über diese große Kolonie.

Anhand genetischer Untersuchungen und der Konstruktion „molekularer Uhren“ legt CHOMICKI den Zeitpunkt der Entstehung dieser speziellen Form von obligater Landwirtschaft auf 3 Millionen Jahre vor unserer Zeit fest. Zu dieser Zeit hätten sowohl die Epiphyten eine spezielle Form eines Fußes entwickelt, mit dem sie sich aus der Rinde herauschieben können, bevor sie das Domatium ausbilden, als auch die Ameisen zeitgleich andere Arten des Nestbaus verlernt, wobei beide Ereignisse zusammen zu der obligaten Symbiose beigetragen haben sollen. Laut seiner genetischen Untersuchungen soll die Verbreitung von Epiphyten durch Ameisen fünf Mal unabhängig evolutiv entstanden sein (konvergent).

Bewertung

CHOMICKI und seine Co-Autorin Susanne RENNER beschreiben das ihres Wissens erste Beispiel einer obligaten Zucht von Pflanzen durch Ameisen, ein eindrucksvolles Zusammenspiel von Tier- und Pflanzenarten zum gegenseitigen Nutzen. Die Beschreibung dieser Symbiose allein genügt schon, um uns zum Staunen zu bringen. Wie so oft beschränken sich die Autoren allerdings nicht auf die Beschreibung des Ist-Zustandes, sondern versuchen sich daran, seine Herkunft auf naturalistischer Basis zu verstehen. Und dann wird's kompliziert. Es wird nämlich nicht wirklich ersichtlich, warum *Philidris nagasau* so eine enge und ausschließliche Kooperation mit bestimmten *Squamellaria*-Arten eingegangen ist, da es sich als Ameise offensichtlich auch weniger streng mit Epiphyten auf denselben Bäumen

leben lässt. Domatien sind zwar nützlich als Behausungen, gleichzeitig auch nicht unersetzlich, wie man an den nicht-obligat symbiontischen Ameisenarten sehen kann. Obwohl sie größere Kolonien bildet, hat *Philidris nagasau* selbst im Verlauf von angenommenen drei Millionen Jahren seine Vetterarten offensichtlich keineswegs verdrängt. Daher ist es schwer vorstellbar und wahrscheinlich nicht nachweisbar, welche spezifischen Selektionsdrücke einen evolutiven Vorteil, „fitness“, begünstigt haben sollten, der in solch äußerst komplexen Verhaltensweisen und Wechselwirkungen zwischen Insekt und Pflanze besteht. Ganz abgesehen davon, dass das ganze komplexe Zusammenspiel erst einmal parallel in Ameise und Pflanze entstehen muss (genetisch fixiert), um potenziell einen Vorteil unter selektivem Druck bieten zu können. Symbiose entwickelt „sich“ ja nicht, weil sie nützlich ist (obwohl das einsehbar erscheint), sondern der Naturalismus diktiert, dass nichts, was existiert zweckgerichtet, sondern immer nur vollkommen zufällig (ohne Zielrichtung) entstand und dann ausgelesen wurde. Nach CHOMICKI ist Pflanzenzucht in Ameisen sogar fünf Mal unabhängig voneinander entstanden! Wenn die Entstehung einer solch komplexen Symbiose einen nicht ins Zweifeln darüber bringt, ob der Naturalismus wirklich eine hinreichende Erklärung für die Vielfalt des Lebens liefern kann, wird einen dann eine fünf Mal unabhängige Entstehung vielleicht ins Fragen bringen?

Literatur

- BROCK DA, DOUGLA TE, QUELLER DC & STRASSMANN JE (2011) Primitive agriculture in a social amoeba, *Nature* 469, 393–396 doi:10.1038/nature09668
- CHOMICKI G & RENNER SS (2016) Obligate plant farming by a specialized ant. *Nature Plants*, doi: 10.1038/nplants.2016.181
- MUELLER UG, GERARDO NM, AANEN DK, SIX DL & SCHULTZ TR (2005) The evolution of agriculture in insects, *Ann. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 36, 563–595. doi: 10.1146/annurev.ecolsys.36.102003.152626
- PAULI JN et al. (2014) A syndrome of mutualism reinforces the lifestyle of a sloth. *Proc. R. Soc.* 281B, 20133006.
- THURBER AR, JONES WJ & SCHNABEL K (2011) Dancing for food in the deep sea: Bacterial farming by a new species of Yeti crab, *PLoS ONE* 6, doi:10.1371/journal.pone.0026243

Abb. 3 Der „Gärtner“ *Philidris nagasau* krabbelt auf der Borke, Mitte: Extraflorale Nektarien, rechts: junge Pflänzchen von *Squamellaria*. (© Guillaume CHOMICKI; mit freundlicher Genehmigung)



Giraffenartige – Genom und Körperbau

Das Erbgut von Giraffen und Okapi zeigt im Vergleich zu anderen Säugetieren auffällige Besonderheiten, die vor allem mit ihrer besonderen Statur, der Ausbildung des Skeletts, dem Herz-Kreislaufsystem, dem Stoffwechsel und dem Nervensystem in Zusammenhang stehen. Bei vielen der entsprechenden Gene handelt es sich um Regulationsgene, d. h. sie sind beim Werden und Aufrechterhalten des Organismus von großer Bedeutung. Auf molekularer Ebene spiegelt sich also die Besonderheit in der Ontogenese und der Lebensweise der Giraffenartigen wider. Einblicke in deren Phylogenese aber werden durch die bisherigen Befunde nicht erhellt.

Harald Binder

Abb. 1 Giraffe (*Giraffa camelopardalis*), Melbourne Zoo, Australien. (GFDL 1.2)

Gegenwärtig kennen wir als Vertreter der Giraffenartigen (Giraffidae) neben den neun beschriebenen Giraffen-Unterarten nur noch das Okapi (*Okapi johnstoni*), das auch Waldgiraffe genannt wird (Abb. 2).

Einzigtiger Körperbau

Der einzigartige Körperbau der Giraffen mit den langen Beinen und dem charakteristischen langen Hals, der zu einer Körperhöhe von bis zu fast 6 Metern beiträgt, erfordert ganz besondere physiologische Leistungen. Das Herz-Kreislaufsystem muss im Körper einen bestimmten Blutdruck aufrechterhalten. Die Pumpleistung des Herzens muss sicherstellen, dass das Gehirn, das aufgrund des charakteristisch langen Halses ca. 2 m höher als das Herz gelagert ist, zuverlässig

mit Blut versorgt wird. Die Blutgefäße in den Beinen müssen gewährleisten, dass das Blut auch bei dem enormen Blutdruck ordnungsgemäß transportiert und verteilt wird. Die Skelettmuskulatur muss den langen Hals mit dem Kopf auch bei schneller Fortbewegung in aufrechter Position stabilisieren. Wenn die Giraffe den Kopf zum Trinken auf den Boden beugt, darf der Blutdruck darin nicht zu hoch ansteigen. Das sind nur einige der auffälligsten Charakteristika, die gegeben sein müssen, damit die Giraffen mit ihrem besonderen Körperbau lebensfähig sind. Das Okapi, das Säugetier, das die größte Ähnlichkeit mit den Giraffen aufweist und heute der einzige weitere Vertreter der Giraffenartigen ist, zeigt im Vergleich zu den Giraffen einen unspektakulären Körperbau.

Gegenwärtig werden 9 Unterarten bei den Giraffen (*Giraffa camelopardalis*, Abb. 1) unter-

schieden, und zwar aufgrund ihrer Fellzeichnung. In einer populationsgenetischen Studie hatten BROWN et al. (2007) mindestens sechs eindeutige Linien verschiedener Giraffen aufgezeigt und anhand ihrer Daten mindestens 11 genetisch unterscheidbare Populationen ausgewiesen.

AGARA et al. (2016) haben das Genom zweier Masai-Giraffen (*Giraffa camelopardalis tippelskirchi*) und eines Okapis (Fötus von *Okapi johnstoni*) bestimmt und in vergleichenden Untersuchungen nach den genetischen Grundlagen der besonderen Körperleistungen der Giraffen gesucht. Zunächst stellten die Autoren die beiden Genome mit den 19 030 Genen des Rindes (*Bos taurus*) zusammen (Alignment¹), um entsprechende (homologe) Gene in den neuen Sequenzen in Giraffen und Okapi zu identifizieren. So konnten 17 210 homologe Gene im Giraffengenom und 17 048 beim Okapi dokumentiert werden. Das ermittelte Erbgut der Giraffen enthält 2,9 Gb (Milliarden Basen); das des Okapi 3,3 Gb. Fast ein Fünftel (19,4 %) der Proteine in Giraffe und Okapi sind identisch und beide unterscheiden sich in fast gleicher Weise vom Rind (etwas mehr als 9 % der Proteine sind identisch).

Besonderheiten des Erbguts

Durch vergleichende Analysen mit Genen aus weiteren Organismen konnten 70 Gene bestimmt werden, die mit den physiologischen Besonderheiten der Giraffen im Zusammenhang stehen. Nahezu die Hälfte dieser Gene nimmt zentrale Positionen in der Hierarchie der Regulationsgene (z.B. Homeobox-Gene) ein. Somit lässt sich z.B. auf der genetischen Regulationsebene nachvollziehen, dass im Skelett des Giraffenhalses nicht mehr Wirbel, sondern wie bei anderen Säugetieren auch sieben Wirbel ausgebildet werden, allerdings sind sie hier sehr viel länger. Auffällige Änderungen in Regulationsgenen finden sich auch in solchen, die den Herz-Kreislauf-Bereich betreffen.

Auffällig ist folgender Befund: In der Regel sind die Gene, die bei Säugetieren die Entwicklung und Physiologie regulieren, hoch konserviert, d.h. es liegen im Vergleich verschiedener Arten nur sehr wenige Veränderungen vor. AGABA et al. (2016) fanden im Giraffengenom jedoch deutliche Abweichungen.

2/3 der Gene, bei denen im Vergleich mit anderen Säugetieren besondere Unterschiede festgestellt wurden, spielen eine bedeutende Rolle in der Regulation der Skelettausbildung, der Entwicklung des Herz-Kreislaufsystems, des Nervensystems oder der Physiologie.

Die Autoren dieser Studie interpretieren die Daten in einem evolutionären Zusammenhang und können dafür einige ähnliche genetische



Änderungen bei Okapi und Giraffe im Vergleich zu anderen Säugetieren anführen. Allerdings sagt die Korrespondenz der genetischen Veränderungen mit den körperlichen Besonderheiten bei den Giraffidae nichts darüber aus, wie sie zustande gekommen sein könnten. Das Kamel, das für Säuger einen verhältnismäßig langen Hals besitzt (und daher im wissenschaftlichen Namen der Giraffen – *Giraffa camelopardalis* – verwendet wurde), zeigt in keinem der 70 bei den Giraffen auffälligen Gene eine entsprechende Besonderheit. Die Okapis dagegen teilen einige der genetischen Veränderungen (was eine evolutionäre Interpretation stützt). Die bei Giraffen und Okapi dokumentierten genetischen Unterschiede zu anderen Säugetieren sind vor dem Hintergrund

Abb. 2 Das Okapi (*Okapia johnstoni*) wird manchmal auch als Waldgiraffe bezeichnet. (Foto: © michael lueckett, fotolia.com)

Die bei Giraffen und Okapi dokumentierten genetischen Unterschiede zu anderen Säugetieren isolieren die Giraffenartigen; das ist mit einem Grundtypkonzept verträglich.

der biologischen Besonderheit der Giraffen zwar verständlich, sie isolieren jedoch gleichzeitig die Giraffenartigen und das ist besser mit einem Grundtypkonzept verträglich.

AGABA et al. äußern abschließend die Hoffnung, dass die spezifischen Veränderungen im Genom von Giraffen durch moderne gentechnische Methoden (gene editing) in Modellorganismen nachvollzogen und bestätigt werden könnten, um so vielleicht dazu beizutragen, dass Herz-Kreislauf-Probleme oder Bluthochdruck auch beim Menschen besser behandelt werden können.

Es steht allerdings zu befürchten, dass bei diesen Gedanken die Komplexität von Organismen bezüglich ihrer Genome stark vereinfacht wird und sich die Erfahrung bestätigt, dass Lebewesen jeweils für sich sehr passend und gut konstruiert zu sein scheinen; mit der Konsequenz, dass isolierte Besonderheiten nicht ohne weiteres auf andere Organismen übertragbar sind. Die 70 von AGABA et al. als besonders ausgewiesenen Gene der Giraffe zeigen, dass durch vergleichende Genomik aufgezeigt werden kann, dass der Genotyp gut zum Phänotyp passt und diesen verständlich machen kann. Die Behauptung, dass dies durch entsprechende Anpassung zustande gekommen

sei, passt zwar zu gängigen evolutionären Erklärungsansätzen, ist aber in diesem Fall bisher keineswegs belegt.

Die Kenntnis der Nukleotidsequenz eines Genoms ist bei weitem nicht ausreichend, um Ontogenese und die Physiologie eines Organismus zu verstehen. Daher liefern genetische Vergleiche höchstens Hinweise auf hypothetische evolutionäre Prozesse.

Anmerkung

¹ Die heute gängigen Sequenzierungstechniken liefern Fragmente des Genoms, die zu Vergleichszwecken anhand bekannter Genomsequenzen zusammengestellt und dann mit Methoden der Bioinformatik untersucht und interpretiert werden können.

Literatur

AGABA M, ISHENGOMA E, et al. (2016) Giraffe genome sequence reveals clues to its unique morphology and physiology. Nat. Comm. doi: 10.1038/ncomms11519
BROWN DM, BRENNEMAN RA, et al. (2007) Extensive population genetic structure in the giraffe. BMC Biol. 5, 57, doi: 10.1186/1741-7007-5-57

Kurzflügler als „Ameisenkäfer“ – eine erstaunliche Konvergenz

Mindestens 12 Mal unabhängig ist eine ausgefeilte Strategie mancher Kurzflügler-Käfer entstanden. Diese Käfer sehen aus wie Ameisen und riechen und verhalten sich wie Ameisen, um unerkannt in Nestern von Wanderameisen auf Beutezug gehen zu können. Da „Design“ als Erklärungsform aufgrund weltanschaulicher Vorentscheidungen ausgeschlossen wird, gerät man bei evolutionären Erklärungsversuchen in Zirkelschlüsse.

Reinhard Junker

Konvergenz – Überraschung oder Selbstverständlichkeit?

Ist es eine Überraschung, dass Merkmale oder Fähigkeiten von Lebewesen mehrfach unabhängig – *konvergent* – entstehen? Aus einer Designer-Perspektive ist ein zahlreiches Auftreten von Konvergenzen durchaus zu erwarten. Denn ein Designer kann planen, die Zukunft gedanklich vorwegnehmen und entsprechende Schritte einleiten, um ein Ziel zu erreichen. Es ist nicht überraschend, wenn er sich dabei öfter ähnlicher Mittel bedient. Natürliche Selektion kann das alles nicht, denn sie ist genauso zukunftsblind

wie die Mutationen, die ihr das Rohmaterial liefern. Daher haben Evolutionstheoretiker, für die das Wechselspiel von Mutation und Selektion der hauptsächliche Motor des Artenwandels ist, allen Grund sich zu wundern, wenn Konvergenzen auftreten, besonders wenn es sich um Komplexmerkmale handelt und wenn sie sich häufen.

Und sie wundern sich tatsächlich häufig. Denn wenn man zwei Mal oder gar mehrfach denselben Punkt erreicht, ohne ihn je angesteuert zu haben, stellt sich die Frage, ob es doch eine unerkannte Strategie oder Steuerung gibt. Evolutionstheoretiker verweisen hierzu bei Kon-

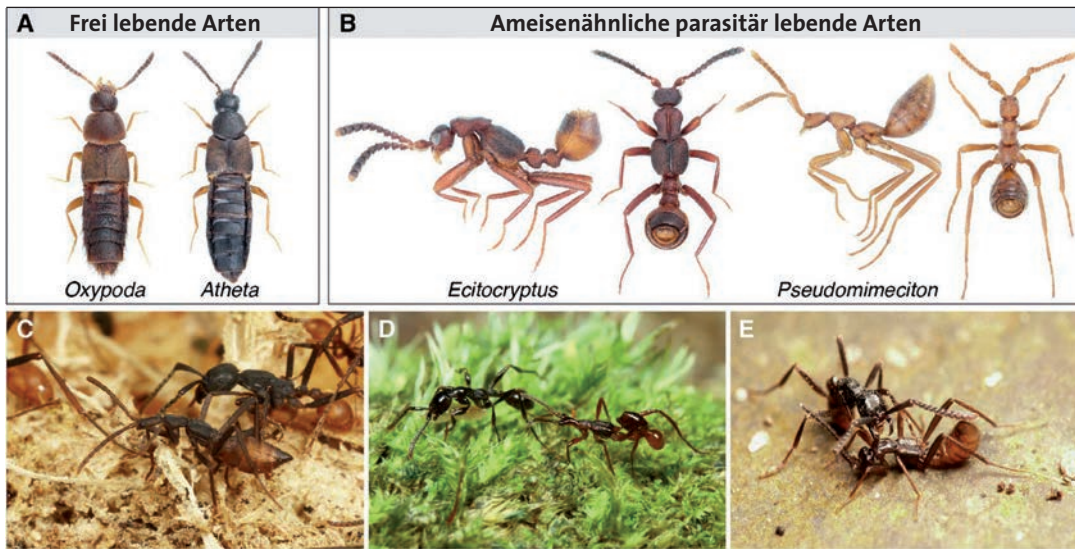


Abb. 1 **A** Freilebende Kurzflügler-Arten mit „normaler“ Anatomie.
B „Ameisenkäfer“-Arten, die sozialparasitisch leben (wie im Text beschrieben).
C-E Parasitisch lebende Arten mit den Wirtsameisen: *Ecitophya* mit dem Wirt *Eciton* (aus Peru), *Aenictoteras* mit dem Wirt *Aenictus* (aus Malaysia) und *Beyeria* mit dem Wirt *Neivamyrmex* (aus Ecuador), von links. (AUS MARUYAMA & PARKER 2016, mit freundlicher Genehmigung)

Natürliche Selektion ist genauso zukunftsblind wie die Mutationen, die ihr das Rohmaterial liefern.

vergenzen auf gleiche Selektionsdrücke, Präadaptation (Vor Anpassungen) oder auf konstruktive Zwänge. Damit ist gemeint, dass evolutive Veränderungen immer an den bereits vorhandenen Konstruktionen ansetzen müssen und daher nur *umbauen* können. Die Vorkonstruktionen erlauben „Umbauten“ nur in bestimmte Richtungen – setzen also Konstruktionszwänge.

Als Ameise getarnt auf Beutezug

Alle drei Faktoren – Selektionsdrücke, Präadaptation und Konstruktionszwänge – können aber nicht als Ursachen für Veränderungen gelten, sondern nur als Begleiterscheinungen. In vielen Fällen ist nicht einmal klar, warum sie als Rahmenbedingungen eine kanalisierende Wirkung haben sollen. Das trifft insbesondere bei Verhaltenskonvergenzen zu. Ein besonders eindrucksvolles Beispiel einer Konvergenz eines ausgefallenen Verhaltens untersuchten MARUYAMA & PARKER (2017) bei parasitisch lebenden kleinen Käfern (vgl. die Zusammenfassung bei PENNISI 2016). Mindestens 12 Mal unabhängig sollen Kurzflügler-Käfer aus der Unterfamilie der Aleocharinae die Fähigkeit erworben haben, in Nester von Wanderameisen eindringen und dort auf Beutezug gehen zu können; dabei vergreifen sie sich auch an der Brut der Ameisen. Das hört sich auf den ersten Blick vielleicht einfacher an, als es ist. Doch um gegen Wanderameisen ankommen zu können, muss man sich einiges einfallen lassen. Nicht umsonst werden diese Ameisen auch als Heeresameisen bezeichnet (engl. „army ants“). Denn sie sind darauf spezialisiert, in ganzen Gruppen auszuschwärmen und auch Eindringlinge zu attackieren.

Um hier überhaupt eine Chance zu haben, in die Nester zu gelangen und dort eine Zeitlang verbleiben zu können, müssen ungebetene Besucher sich tarnen. Den Kurzflüglern gelingt dies dadurch, dass sie den „Käfer-Look“ gegen ein ameisenartiges Aussehen getauscht haben: Sie besitzen eine verengte Taille, verlängerte Beine, Antennen mit ameisenartigen Ellenbogengelenken und andere Besonderheiten im Körperbau. Aber das genügt nicht: Die flohgroßen Käfer müssen auch durch ihr Verhalten – z.B. einen ameisenartigen Gang – und durch ihren Geruch vortäuschen, dass sie Artgenossen der Ameisen

Die Kurzflügler haben den „Käfer-Look“ gegen ein ameisenartiges Aussehen getauscht.

sein. Damit gelingt es ihnen, ungestört ihre Raubzüge in den Ameisennestern durchzuführen. Als Präadaptation dafür betrachten die Forscher den Besitz einer Drüse am Ende des Hinterleibs, durch die unangenehm riechende Stoffe gegen Angreifer abgegeben werden können. Doch einige der parasitisch lebenden Käfer besitzen neue Drüsen und neue Funktionen, was so wenig wie die veränderte Morphologie und das veränderte Verhalten als Folge einer Präadaptation gewertet werden kann.

In jahrelanger mühevoller Forschungsarbeit gelang es MARUYAMA & PARKER (2017), eine größere Anzahl verschiedener Arten dieser sozialparasitisch lebenden Käfer und ihrer nichtparasitischen Verwandten zu sammeln und genetisch zu untersuchen. Dabei fanden sie das höchst erstaunliche Ergebnis, dass die „Ameisenkäfer“-Arten so unsystematisch vorkommen, dass ihr Aussehen und Verhalten mindestens 12 Mal unabhängig entstanden sein muss, wahrscheinlich noch sehr viel öfter. Dabei ist jede unabhängige „Ameisenkäfer“-Linie auf eine bestimmte geo-

graphische Region beschränkt und auf eine bestimmte Wanderameisen-Art spezialisiert.

Zukunftsblind zum selben „Ziel“

Man könnte nun annehmen, dass der gemeinsame Vorfahr vor noch nicht allzu langer Zeit gelebt hat und dass aufgrund der noch nahen genetischen Verwandtschaft ein gemeinsames Potenzial zum „Ameisen-Look“ in diesem Vorfahren vorhanden war und in verschiedenen Linien abgerufen werden konnte. Doch die genetischen Daten weisen unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen darauf hin, dass der gemeinsame Vorfahr bereits vor 105 Millionen Jahren gelebt hat. Außerdem habe sich das außergewöhnliche Aussehen und Verhalten der Käfer erst sehr spät – Dutzende von Millionen Jahren nach der Aufspaltung in die verschiedenen Linien – entwickelt und wurde somit nicht auf der Basis eines gemeinsamen genetischen Potenzials abgerufen. Evolutionstheoretisch muss man daher annehmen, dass die Nachahmung im Bau und Verhalten nicht nur jeweils unabhängig ausgeprägt wurde, sondern im Wesentlichen vielfach unabhängig ganz neu entstand.

Dass dieser Befund sehr unerwartet ist, geht aus den Worten von PENNISI (2016) hervor (in Übersetzung): „Man mag denken, dass die Anpassungen dieser Kurzflügler, wie sie nun bekannt sind, eine unwahrscheinliche Meisterleistung

Zeigt sich hier die „Virtuosität der Evolution“ und starrt einem „die Kraft der Evolution – der natürlichen Selektion“ in die Augen?

der Evolution bedeuten, *die niemals wiederholt wurde*. Doch damit würde man falsch liegen, ...“ (Hervorhebung nicht im Original). Die Überraschung ist verständlich, da Evolution wie erwähnt ein zukunftsblinder Prozess ist. Daher kann man festhalten: Das Auftreten komplexer Konvergenzen widerspricht einer Entstehung auf natürlich-evolutivem Wege.

Doch MARUYAMA & PARKER (2017) drehen den Spieß um: Aus der vielfachen Konvergenz folgern sie kurzerhand, es gebe in der Kurzflügler-Linie der Aleocharinae eine inhärente Fähigkeit zum Erwerb des ameisenartigen Körperbaus und Verhaltens. Daten zum Beleg dafür legen sie allerdings nicht vor, vielmehr ist

die stillschweigende Voraussetzung von Evolution leitend für ihre Argumentation. Denn nur wenn man Evolution *voraussetzt*, kann man die Konvergenzen nachträglich als „vorhersehbar“ behaupten. Doch wären diese Konvergenzen keinesfalls vorhergesagt worden, wenn man sie nicht kennen würde! Die Vorhersage war eine andere: Wenn überhaupt, kann sich ein solches System nur einmal evolutiv herausbilden (s.o.g. Zitat von PENNISI).

Zirkelschlüsse statt Ergebnisoffenheit

Dass hier (wie allgemein auch sonst) nur *einer* von zwei grundsätzlich möglichen Deutungsansätzen verfolgt wird – nämlich der naturalistische –, wird auch durch Äußerungen zweier Wissenschaftler unterstrichen, die PENNISI am Schluss der Zusammenfassung zitiert. Diese Forscher legen – ohne weitere Begründung – das kreative Potenzial, das sich in der Flexibilität der Gestalt und des Verhaltens der Käfer zeigt, in die Evolution: Es zeige sich die „Virtuosität der Evolution“ einmal mehr (ELDREDGE) und „man spürt, wie einem die Kraft der Evolution – der natürlichen Selektion – in deine Augen starrt“ (KRONAUER). Selektion ist zwar ein Thema der Arbeit von MARUYAMA & PARKER (2017), aber ohne dass auch nur ansatzweise erklärt wird, wie Selektion im Einzelnen zur Herausbildung der Ameisenkäfer beigetragen haben soll. Die Charakterisierungen von ELDREDGE und KRONAUER sind Glaubensbekenntnisse über die Kraft natürlicher Prozesse, für die es keine empirischen Belege gibt. Die vorliegenden Indizien passen dagegen viel besser zu einem Design-Ansatz. Wenn dieser jedoch von vornherein als Erklärungsform ausgeschlossen wird, gerät man bei den Erklärungsversuchen in Zirkelschlüsse und ist damit nicht ergebnisoffen unterwegs auf der Suche nach der plausibelsten Antwort.

Literatur

- MARUYAMA M & PARKER J (2017) Deep-time parallel evolution of myrmecoid syndrome in rove beetle symbionts of army ants. *Curr. Biol.*, <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2017.02.030>. (bioRxiv preprint first posted online Sep. 20, 2016; doi: <http://dx.doi.org/10.1101/076315>.)
- PENNISI E (2016) A new evolutionary classic. *Science* 354, 813.

Neuer Canyon am Oroville-Staudamm – Ausgebrochener Wasserstrom verursacht schnelle Erosion

Für das Phänomen der Erosion liegen neue Beobachtungsdaten vor: Der Wasserstrom, der seitlich aus der beschädigten Überlaufrinne des Oroville-Staudamms (Kalifornien) ausgebrochen war, ließ binnen Tagen einen beachtlichen Canyon entstehen. Das Geschehen im Februar dieses Jahres ist u. a. durch zahlreiche Foto- und Filmaufnahmen gut dokumentiert.

Michael Kotulla

Erst nachdem der Wasserstand im Oroville-Staudamm nachhaltig unter die 850-Fuß-Zielmarke¹ gesenkt werden konnte, war der Wasserfluss am Kontroll-Überlauf gestoppt worden. Die Gischt hatte über Tage die Sicht behindert (Abb. 3 und 5), nun war aber das Ausmaß der Erosion offenbar (Abb. 1): Die betonierte Abflussrinne war im unteren Mittelteil zerstört und weggerissen. Neben der künstlichen Rinne war ein Canyon entstanden, einige Zehner Meter tief und einige Hundert Meter lang (Abb. 6). Und am Fuße des neuen Canyons, im Flussbett des Feather River, hatten sich schätzungsweise 1 Million Tonnen Schutt angehäuft.

Abb. 1 (oben) Oroville-Staudamm, nachdem der Abfluss gestoppt wurde. Übersichtsaufnahme; von rechts nach links: Staumauer (Höhe 235 m), am Fuß Feather River; die zerstörte Überlaufrinne, daneben (rechts) der neugeschaffene Canyon, am Fuß das Schuttfeld; Notfall-Überlauf mit neu befestigtem Wehr. (Foto/Credit: Dale Kolke/California Department of Water Resources; 27. 2. 2017)

Die grauen Brocken im Flussbett, kantig und zum Teil metergroß, sind von dem schießenden Wasser regelrecht aus dem Felsverband herausgemeißelt und abgesprengt worden (Abb. 7). Bei dem Fels handelt es sich um metamorphisierte vulkanische Gesteine² (im frischen Zustand

Abb. 2 Erodierter Überlaufrinne, Schrägsicht. **a** 7. 2. 2017, **b** 9. 2. 2017 nach Testläufen. Rückschreitende Erosion (gelbe Pfeile); die Front hat sich nicht verändert (schwarze Pfeile). (Foto/Credit: Kelly M. Grow/California Department of Water Resources)

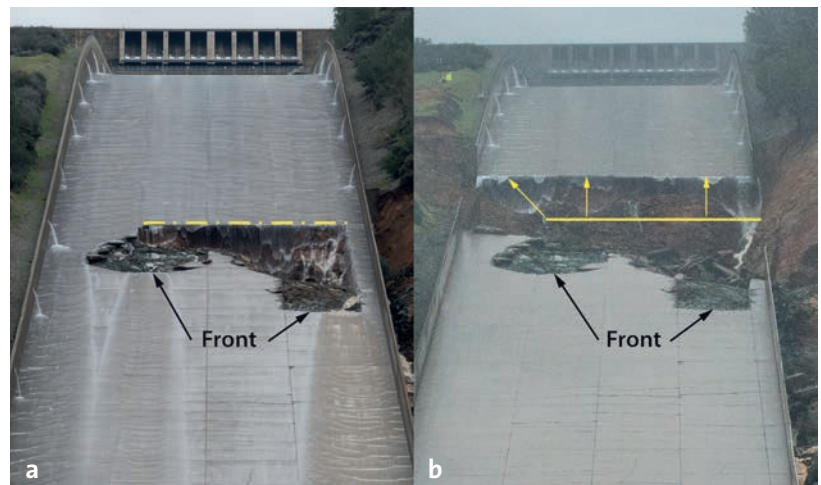




Abb. 3 Fortsetzung der Flutung, 9. 2. 2017, nachmittags. Die Überlauf Rinne wird „aufgegeben“. Der oberflächennahe Untergrund neben der Rinne wird zerrieben und färbt das Wasser orangebraun. (Foto/Credit: Kelly M. Grow/California Department of Water Resources)



Abb. 4 Gravierende Erosion am Notfall-Überlauf (Markierung). Es besteht das Risiko einer Unterspülung und des Bruchs des Wehrs. Weiter unten: weggespülte Straße und Entstehung eines Abflusskanals. (Foto/Credit: Kelly M. Grow/California Department of Water Resources)



Abb. 5 Situation am 15. 2. 2017. Der Abflussstrom hat sich bereits in den frischen, harten Felsuntergrund eingeschnitten; die Gischt ist nicht mehr orangebraun gefärbt. Links der Abflussweg unterhalb des Notfall-Wehrs; die graue Farbe deutet an, dass auch hier die Erosion bereits im frischen Felsuntergrund wirkte. (Foto/Credit: Dale KOLKE/California Department of Water Resources)

graue Farbe), deren oberer Teil (thermisch?) verändert, alteriert, und weniger resistent ist (orangebraune Farbe). Dieses alterierte Gestein ist im Vergleich zum frischen Fels weitestgehend aufgerieben worden (orangebraune Gischt, Abb. 3; vgl. weiße Gischt in Abb. 5).

Zu Beginn der Krise war befürchtet worden, dass die anfangs im Mittelteil beschädigte Überlauf Rinne (Abb. 2a) durch den Wirkmechanismus der rückschreitenden Erosion weiter nach oben hin „weggefressen“ werden würde und gar die Staumauer angegriffen werden könnte. In der Tat geschah dies auch zunächst noch (Abb. 2b), dann aber scheint sich die Energie im eingegengten Strömungsquerschnitt neben der Überflus Rinne konzentriert und dort für die massive Einschnidung gesorgt zu haben.

Den Entscheidungsträgern blieb keine Wahl (s.u.). Sie mussten die Zerstörung der betonierten Abfluss Rinne in Kauf nehmen, denn es war abzusehen, dass im neuen Abfluss neben der Abfluss Rinne „kontrolliert“ tiefenerodiert wurde, also keine Flächenerosion bzw. ein weiteres seitliches Ausbrechen in Richtung der Staumauer zu befürchten war.

Die initiale Ursache der Beschädigung – dass das schießende Wasser Angriffspunkte zur Zerstörung der Betonrinne hatte – und auch Umfang und Wirkmechanismen der Erosion werden von Ingenieuren und Geologen eingehend untersucht werden. Hier sind entsprechende Sach- und Fachpublikationen zu erwarten.

Die maximale Fluss- bzw. Abflussrate in dem Felseinschnitt – $2800 \text{ m}^3/\text{s}$ (über 4 Tage), reduziert um den Anteil, der über die Schussrinne abfloss – ist vergleichbar mit kleineren isländischen Gletscherläufen (isl.: *jökulhlaup*) mit Raten von 10^3 bis $10^4 \text{ m}^3/\text{s}$ und um Größenordnungen niedriger als eine Megaflut mit Raten von $\geq 10^6 \text{ m}^3/\text{s}$ (vgl. BAKER 2013, KOTULLA 2014).

Beobachtungsdaten stehen im Kontrast zur Vorstellung, Fluss-Canyons bildeten sich in langen Zeiträumen.

Dieses Ereignis beobachteter Erosion bietet die seltene Gelegenheit, die Bildung eines Canyons zu analysieren und Modelle zu testen, die für die Rekonstruktion großskaliger Bildungen der Vergangenheit angewendet werden. Denn nach wie vor ist die Vorstellung weit verbreitet, dass sich tief eingeschnittene Fluss-Canyons (z. B. Grand Canyon) durch moderate Ströme nur langsam bildeten, in geologischen Zeiträumen, denen teilweise Millionen Jahre zugewiesen werden; im Kontrast hierzu aber stehen Beobachtungsdaten, die vielmehr hochenergetische und rasche Erosionsereignisse nahelegen (ausführliche Diskussion siehe ERNST 2010).³

Der Oroville-Staudamm

Der 1968 fertiggestellte Oroville-Staudamm im Norden Kaliforniens am Rande der Sierra Nevada, etwa 200 km NNO San Francisco, dient hauptsächlich der Versorgung mit Wasser. Das Rückhaltevermögen beträgt etwa 4 km³ Wasser. Der Kontroll-Überlauf (control spillway) ist ein Einlassbauwerk mit einer nachgelagerten Schussrinne, die knapp 1 km lang und etwa 50 m breit ist und über 200 Höhenmeter tief zum Feather River hinabführt; dabei erreichen die Abflussströme Geschwindigkeiten von bis zu 80 km/h. Der seitlich (NW) angelegte Notfall-Überlauf (emergency spillway) ist lediglich ein Wehr; der Überlaufweg zum Fluss ist ein entsprechend breiter, steiler Hang.

Die Krise im Februar 2017 – Chronologie der Ereignisse⁴

Am 7. Februar war ein unregelmäßiges Fließverhalten im mittleren Teil der Überlaufrinne festgestellt worden; eine Unterbrechung zeigte die Ursache: Die betonierte Rinne war über Zehner Meter gravierend beschädigt, es klaffte ein großes Loch, das Abflusswasser war bereits seitlich nach rechts (SO) ausgebrochen (Abb. 2a). Die herausgebrochenen Betonteile waren bereits weggespült. Es wurden sofort Notmaßnahmen eingeleitet, u. a. die zusätzliche Befestigung des Wehrs am Notfall-Überlauf sowie die Durchführung von Testläufen am Kontroll-Überlauf zur Abschätzung der zerstörerischen Wirkung durch die Erosion (Abb. 2b). In Befürchtung einer Zuspitzung der Lage – der Seespiegel war 30 Fuß über die Zielmarke von 850 Fuß gestiegen und weitere starke Zuflüsse wurden in den nächsten 48 Stunden erwartet – wurde am 9. Februar der Kontroll-Überlauf wieder dauerhaft geöffnet (Abb. 3), zunächst mit einem Volumen von 1120, dann 1820 und schließlich 1540 m³/s. Tatsächlich stieg der Seespiegel durch enorme Zuflüsse auf ein Niveau von über 901 Fuß (275 m; Nacht vom 11. zum 12. Februar). Dies führte zu einem Austritt (Überfall) des aufgestauten Seewassers am Wehr des Notfall-Überlaufs; erstmals in der Geschichte des Staudamms. Die Erosion am Notfall-Überlauf allerdings wirkte schneller und einschneidender als angenommen; es wurde noch am 12. Februar eine Pflicht-Evakuierung des Oroville-Gebietes (etwa 200.000 Einwohner) veranlasst. Gleichzeitig wurde die Ausflussrate auf 2800 m³/s gesteigert, und in der Nacht vom 12. auf den 13. Februar wurde damit schließlich der Überfall am Wehr des Notfall-Überlaufs gestoppt. Die Schäden dort waren gravierend (Abb. 4); rechtzeitig war eine wahrscheinliche



Abb. 6 Der neue Canyon aus einer anderen Perspektive; 27. 2. 2017. (Foto/Credit: Dale Kolke/California Department of Water Resources)

Unterspülung und ein möglicher Bruch des Wehrs verhindert worden. Am 14. Februar wurde die Pflicht-Evakuierung aufgehoben. Aufgrund eines stetigen Falls des Seespiegels konnte auch der Abfluss am Kontroll-Überlauf stufenweise reduziert werden (16. und 18. Februar), für den Zeitraum 23. bis 27. Februar auf 1400 m³/s. Nach dem 24. Februar sank der Seespiegel unter die Zielmarke von 850 Fuß. Am 27. Februar schließlich – nach 18 Tagen – wurde der Abfluss bis auf Weiteres für eine Bestandsaufnahme sowie Auf- und Reparaturarbeiten gestoppt (Abb. 7).

Anmerkungen

¹ 1 Fuß = ca. 0,305 m.

² Gesteine des Smartville-Komplexes. Nach der geologischen Karte des Department of Water Resources vom 2. 8. 2003, Plate G, Appendix A, Signatur „Js“: u. a. metamorphisierte Vulkanite; nach der geologischen Karte des Chico Quadrangle, Map No. 7A, Sheet 1, Signatur „mv“: vulkanische Gesteine.

³ Siehe auch „Entstehung von Canyons“: DVD-Rei-

Abb. 7 Der Tag danach – Geologen beginnen ihre Untersuchungen; 28. 2. 2017. Die unebene, unregelmäßige Oberfläche des blaugrauen vulkanischen Gesteins zeugt von einer „absprengenden“, erosiven Wirkung. (Foto/Credit: Brian BAER/California Department of Water Resources)



- he defacto, Folge 2. (<http://www.wort-und-wissen.de/index2.php?artikel=medienstelle/dvd/defacto2.html>)
- ⁴ Nach einem Bericht des California Department of Water Resources: „Lake Oroville Spillway Incident: Timeline of Major Events February 4–25“; Zugriff 7. März 2017. (<http://www.water.ca.gov/oroville-spillway/index.cfm>)

Literatur

- BAKER VR (2013) Global late quaternary fluvial paleohydrology: With special emphasis on paleofloods and megafloods. In: SHRODER JF (ed.) Treatise on Geomorphology, Vol. 9, 511–527.
- ERNST M (2010) Bildung eines Canyons in nur 3 Tagen. Stud. Integr. J. 17, 88–92.
- KOTULLA M (2014) Megafluten. Stud. Integr. J. 21, 4–11.

Dino-Federn in Bernstein?

Ein neuer Bernsteinfund sorgt für Furore: Erstmals wurden federähnliche Strukturen zusammen mit Knochenstrukturen *in Bernstein* entdeckt. Die Zuordnung des eingeschlossenen Schwanzwirbelsäulenfragments zu einem Dinosaurier aus der Gruppe der Coelurosaurier erscheint allerdings nicht gesichert. Der Federaufbau entspricht keiner bekannten Federstruktur und passt nicht gut zum derzeit favorisierten Federentstehungsmodell. Mit 99 Millionen radiometrischen Jahren (mittlere Kreide) ist der Fund viel zu jung, um Auskunft über eine hypothetische Evolution von Federn zu geben, da bereits der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* und andere Gattungen aus dem Oberjura und der Unterkreide moderne Federn besaßen.

Reinhard Junker

Bernstein-Einschlüsse (Inklusen) bieten faszinierende Einblicke in die frühere Lebewelt. Ungezählte Insekten, Spinnentiere, Pflanzenteile, Mikroorganismen und in selteneren Fällen sogar Frösche, kleine Echsen oder Federn sind dadurch erhalten. Nun wurde erstmals ein kurzer Abschnitt (ca. 36 mm) eines (Dinosaurier-?) Schwanzes, an dem sich Wirbel abzeichnen, in einem Bernstein beschrieben (XING et al. 2016a); das Stück wurde auf einem Bernsteinmarkt in Myanmar erworben und stammt aus einer der dortigen Bernsteinminen. Das Besondere an dieser Inkluse: Der Schwanz ist nicht nur von Wirbeln durchzogen; an seiner Oberfläche ist auch ein Besatz von federähnlichen Anhängen erhalten. Damit wurden erstmals federähnliche Strukturen *zusammen mit Knochen in Bernstein* entdeckt. Außerdem bietet der Fund Einblicke in die räumliche Anordnung der fiederigen Strukturen. Auch in dieser Hinsicht ist der detailreiche Fund aus Schichten der mittleren Kreide Myanmars, die radiometrisch auf 99 Millionen Jahre datiert werden, interessant.

Bei den zahlreichen bisher beschriebenen Dinosaurierfossilien mit flaumartiger Körperbedeckung sind wegen schlechter Erhaltung die Details der Körperanhänge oft nicht genau rekonstruierbar, außerdem handelt es sich dabei um Kompressionsfossilien, d. h. deren Überreste sind zusammengedrückt und quasi nur 2-dimensional erhalten.

Aufgrund von wenigen und wenig spezifischen Merkmalen der erkennbaren Wirbel wa-

gen die Autoren eine Zuordnung des Fossils zu den Coelurosauriern („Hohlschwanzechsen“); die abgeleitete geringe Größe interpretieren sie als Hinweis auf ein Jugendstadium. XING et al. vermuten, dass das Tier spatzengroß war; wie groß es in ausgewachsenem Zustand war, ist schwer abzuschätzen. Coelurosaurier sind eine größere Gruppe unter den Dinosauriern; sie werden in zahlreiche Untergruppen unterteilt, zu denen auch die Deinonychosauriden gehören, die als nächstverwandte mit den Vögeln gelten (sie werden von den meisten Forschern als Schwestergruppe der Vögel angesehen). Auch die Tyrannosauriden gehören zu den Coelurosauriern; diese Gruppe ist also sehr vielseitig. Eine präzisere Zuordnung zu einer Familie innerhalb der Coelurosaurier ist nicht möglich.

Aus Größe und Form der Wirbel des erhaltenen Bruchstücks schließen die Autoren, dass das Tier mindestens 15, wahrscheinlich über 25 Wirbel besaß. Zum Vergleich: Der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* besaß 23 Schwanzwirbel, der Urvogel *Jeholornis* bis zu 27 (ZHOU & ZHANG 2003); deren Schwänze waren daher als Fiederschwänze ausgebildet. Die Autoren halten es aufgrund morphologischer Details der Wirbel allerdings für unwahrscheinlich, dass der Fund zu solchen Fiederschwanz-Vögeln gestellt werden könnte. (Heutige Vögel besitzen einen Fächerschwanz, der an einem Pygostyl – einigen verwachsenen Schwanzwirbeln – ansetzt; das trifft auch auf die meisten fossilen Vögel aus der Kreide zu.)

Details des Fossils

Das Schwanzfragment ist an beiden Seiten dicht mit Reihen von wenige Millimeter langen Federn besetzt (Abb. 1). Sporadisch sind Weichgewebe, vermutlich Muskeln, Bänder und Haut, erkennbar.

Die Federn wurden mikroskopisch analysiert sowie einer computertomographischen Untersuchung unterzogen und weisen einen Aufbau auf, der in dieser Form bisher nicht bekannt war. Ein Schaft ist nur undeutlich ausgebildet, im Durchmesser kaum verschieden von den Federästen; die Federäste sind wechselständig (alternierend) und nur an der Basis fast gegenständig, zur Spitze hin ist die Verzweigung fast dichotom (gabelig) (Abb. 2). Die ebenfalls gut erhaltenen, ca. 0,1 mm langen Federstrahlen sitzen nicht nur an den Ästen, sondern in gleicher Ausprägung auch an der Rachis; das kennt man bei heutigen Federn nur von der Basis des Schafts.

Die Autoren erwähnen mehrmals auch Follikel; das ist der in die Körperhülle eingesenkte Bereich der Federn. Eine nähere Beschreibung findet sich dazu nicht in ihrer Arbeit; auch aus den Abbildungen geht nicht hervor, woran deren Existenz erkennbar ist.

Ist die Bezeichnung „Feder“ für die fiederigen Strukturen gerechtfertigt? Es hat sich eingebürgert, jeglichen Körperbesatz von Dinosauriern als Federn oder Vorfedern zu bezeichnen. In vielen Fällen ist das nicht gerechtfertigt, sondern ausschließlich evolutionstheoretisch motiviert, wonach Vögel von Dinosauriern abstammen. Einfache Körperanhänge von Dinosauriern wiederum als Belege für diese populäre These zu verwenden, stellt einen Zirkelschluss dar.

Die Kriterien für eine Federnatur sind – wenn überhaupt – nur zu einem kleinen Teil erfüllt.

Die Federn des von XING et al. (2016a) beschriebenen Bernsteinfundes sind allerdings deutlich komplexer strukturiert als alle bekannten flaumartigen Strukturen bei Kompressionsfossilien. Denn immerhin gibt es zwei Ordnungen von Verzweigungen, wenn auch nicht in einer Ausgestaltung wie bei eindeutig flächigen Federn. CHUONG et al. (2003) definieren Federn als komplexe Integumentanhänge, die hierarchisch verzweigt sind, aus Rachis, Federästen und Federstrahlen bestehen, aus einem Follikel heraus wachsen und besondere biochemische, morphologische und entwicklungsbiologische Eigenschaften besitzen. Die neu beschriebenen Bernsteinfedern erfüllen diese Kriterien nur zu einem kleinen Teil oder es ist unsicher, ob die



Kriterien erfüllt sind. Klar ist, dass die Federn nicht flugtauglich waren. Über ihre Funktion kann nur spekuliert werden und die Funktion dürfte ohne Kenntnis des ganzen Tieres nicht bestimmbar sein.

Abb. 1 In Bernstein erhaltenes mutmaßliches Schwanzfragment mit Befiederung. (Aus XING et al. 2016a, mit freundlicher Genehmigung)

Dinosaurier oder Vogel?

XING et al. (2016, 3) stellen fest, dass nur zwei Wirbelkörper gut zu erkennen seien, da das erhaltene Weichgewebe so hoch verdichtet ist, dass es nur schwer von den weiteren Skelettelementen unterscheidbar ist. Daher blieben viele diagnostische Details der Knochen unklar. Der Schluss auf die Existenz von acht oder neun Wirbeln im erhaltenen Bernsteinstück erscheint daher unsicher und die Extrapolation auf die Existenz von wahrscheinlich mehr als 25 Wirbeln steht somit auf schwachem Fundament.

Dass die Form der Wirbel auf einen Theropoden (Raubdinosaurier) hinweise, begründen die Autoren mit dem Nachweis einer bauchseitigen Kerbe auf dem Centrum (Wirbelzentrum) der Wirbelkörper, was typisch für Theropoden sei; im online-Zusatzmaterial merken die Autoren allerdings an, dass nicht ausgeschlossen werden könne, dass eine solche Kerbe auch bei *Archaeopteryx* und *Jeholornis* ausgebildet war. Auch die sehr geringe Größe des Tieres ist für einen Theropoden ungewöhnlich. Die Bestimmung des Fossils als Coelurosaurier-Theropode kann daher nicht als sicher gelten.

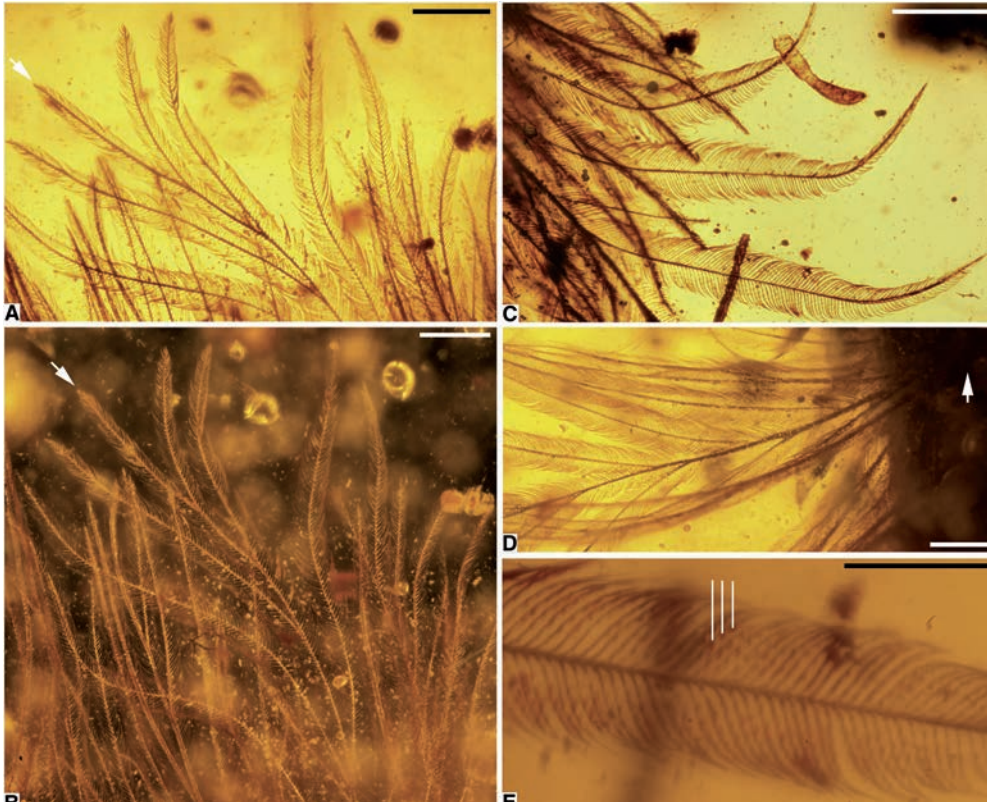


Abb. 2 Details der Federn.
(Aus XING et al. 2016a, mit
freundlicher Genehmigung)

Was trägt der Fund zur Klärung der Entstehung von Vogelfedern bei? XING et al. (2016a) ordnen die Federstruktur des neuen Fundes in das derzeit favorisierte Federentstehungsmodell von PRUM (1999) ein (vergl. den Artikel ab S. 4 in dieser Ausgabe). Die Struktur der beschriebenen „Schwanzfedern“ passt aber zunächst einmal zu keiner der dort hypothetisch angenommenen Formen; die Autoren ordnen sie in die Nähe von Stadium IIIB dieses Modells ein (vgl. Abb. 3 auf S. 8 dieser Ausgabe). Dieses Stadium ist durch Ausbildung von Federästen und Federstrahlen gekennzeichnet. Die Autoren sehen die Bernsteinfedern als Beleg dafür, dass zuerst Federstrahlen entstanden sind, bevor die Federn flächig wurden. Allerdings sind die Federn wie beschrieben einzigartig ausgebildet und passen nicht in jeder Hinsicht in PRUMS Modell, sie stehen eher im Zwischenbereich der als Alternativen beschriebenen hypothetischen Stadien IIIA und IIIB. XING et al. (2016a, 7) halten es daher für möglich, dass es sich um eine spezialisierte Federform handelt, die außerhalb der Federevolutionslinie steht.

Der Fund ist geologisch viel zu jung, um einen Beitrag zur Aufklärung der Entstehung von Federn leisten zu können.

Die Bedeutung des neuen Fundes für Hypothesen zur Entstehung von Vogelfedern muss aber ohnehin als sehr gering eingestuft werden. Denn der Fund ist nach gängiger zeitlicher Ein-

ordnung ca. 60 Millionen Jahre (radiometrisch) jünger als die älteste Gattung, die unzweifelhaft flächige Federn heutiger Bauart besaß (*Anchiornis*), und ca. 50 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) jünger als *Archaeopteryx*, dessen Federn von Federn heutiger Vögel kaum zu unterscheiden sind. Aus der Unterkreide sind ab etwa 130 MrJ mit den sogenannten Gegenvögeln (Enantiornithes) und den Ornithurae („Vogelschwänze“) Dutzende von Vogelgattungen mit „fertigen“ Federn bekannt. Daher kann dem auf 99 MrJ datierten Bernsteinfund kaum eine Bedeutung für die Federevolution zugemessen werden. Darstellungen in der Wissenschaftspresse, wonach der Fund zeige, dass der Federschaft später entstand als die feinsten Federhärchen, sind daher fehl am Platz.

Problematisch ist auch, dass nur ein kleines Bruchstück erhalten ist, das zudem vermutlich von einem noch nicht ausgewachsenen Tier stammt. Rekonstruktionen eines ganzen Tieres, wie sie in Pressemeldungen verbreitet werden, sind nicht seriös. Hatte das Tier vielleicht an anderen Körperstellen „moderne“ Federn, wie sie bei einer anderen Gattung aus denselben Schichten gefunden wurden (XING et al. 2016b)? Wie waren die Federn beim ausgewachsenen Tier ausgebildet? Angesichts der Existenz verschiedenster Mosaikformen ist auch die Frage angebracht, ob es sich wirklich um einen Dinosaurier handelt. Acht oder neun Schwanzwirbel sind zu wenig, um auf den Körperbau und die Befiederung des ganzen Tieres schließen zu können.

Literatur

- CHUONG CM, WU P, ZHANG FC, XU X, YU M, WIDELITZ RB, JIANG TX & HOU L (2003) Adaptation to the sky: Defining the feather with integument fossils from Mesozoic China and experimental evidence from molecular laboratories. *J. Exp. Zool.* 298B, 42–56.
- PRUM RO (1999) Development and evolutionary origin of feathers. *J. Exp. Zool.* 285, 291–306.
- XING L, MCKELLAR RC, et al. (2016a) A feathered dinosaur tail with primitive plumage trapped in mid-Cretaceous amber. *Curr. Biol.* 26, 1–9.
- XING L, MCKELLAR RC, et al. (2016b) Mummified precocial bird wings in mid-Cretaceous Burmese amber. *Nat. Comm.* 7:12089, doi: 10.1038/ncomms12089.
- ZHOU Z & ZHANG F (2003) *Jeholornis* compared to *Archaeopteryx*, with a new understanding of the earliest avian evolution. *Naturwissenschaften* 90, 220–225.

Mischwesen: Chimäre Mensch-Tier-Föten

Anmerkungen und Einschätzung zu aktuellen Forschungen

Harald Binder

Seit den frühen 1980er-Jahren sind embryonale Stammzellen isolier- und im Labor handhabbar. Stammzellen zeichnen sich dadurch aus, dass sie in einem nicht spezialisierten, sondern toti- bzw. pluripotenten Zustand vorliegen. Das bedeutet, dass sie noch nicht differenziert sind, aber ein hohes Potenzial zur Differenzierung in sich tragen. Stammzellen können sich, bevor sie sich in spezielle Körperzellen differenzieren, prinzipiell unaufhörlich vermehren.

Inzwischen stehen verschiedene Methoden zur Verfügung, um Stammzellen zu erzeugen. Menschliche Stammzellen, aber auch solche anderer Organismen, werden häufig aus somatischen Zellen (Körperzellen) durch „Umprogrammierung“ hergestellt; man bezeichnet sie als „induzierte Stammzellen“. Dabei werden differenzierte Körperzellen durch Zugabe bestimmter Faktoren (Proteine Oct-4, Sox-2, das sind Transkriptionsfaktoren) in den Status von Stammzellen zurückversetzt. Dadurch erhält man idealerweise sog. „pluripotente Stammzellen“. Diese unterscheiden sich von totipotenten Stammzellen dadurch, dass aus ihnen zwar keine kompletten Organismen entstehen können, sehr wohl aber im Prinzip alle Zelltypen des Körpers, einschließlich Geschlechtszellen (dagegen kann aus totipotenten Stammzellen ein kompletter Organismus erzeugt werden, weil sie auch extraembryonales Gewebe produzieren können, z.B. die Plazenta).

Im Labor von J. C. I. BELMONTE am Salk Institute in La Jolla, USA, werden seit Jahren verschiedene Methoden zur Erzeugung von Stammzellen genutzt, u.a. auch in der Absicht, therapeutische Ziele in der Humanmedizin zu erreichen.

In einer aktuellen Arbeit beschreiben WU et al. (2017) Versuche, mit Hilfe von pluripotenten Stammzellen aus verschiedenen Organismen Chimären zu erzeugen, also Mischwesen aus verschiedenen Arten. So konnten die Autoren zeigen, dass man Stammzellen von Ratten in Blastozysten¹ von Mäusen einbringen kann und daraus chimäre Föten entstehen, also Mäuse, die auch Rattengewebe ausbilden. In diesen Föten befinden sich also

Zellen, die Erbinformation von Mäusen enthalten, und gleichzeitig auch Gewebe, das aus Rattenzellen besteht – Zellen mit Rattengenom.

Dieses Verfahren wurde so ausgebaut, dass die Forscher im Mäuseembryo die Entwicklung bestimmter Organe (z.B. der Bauchspeicheldrüse) genetisch ausgeschaltet haben (knock-out) und stattdessen in dem chimären Ratte-Maus-Embryo ein Rattenorgan in der Maus gebildet wurde. Dieses Organ ist zwar im Vergleich zum normalen Rattenorgan kleiner, enthält aber die typischen Merkmale von Rattengewebe. Dieses konnte dann operativ aus der Ratte-Maus-Chimäre entnommen und erfolgreich in entsprechend erkrankte Ratten transplantiert werden (wo die Bauchspeicheldrüse dann Insulin produzierte). Für Naturwissenschaftler ist das Faszinierende an diesen Versuchen die Möglichkeit, Neues zu lernen über die grundlegenden Prozesse bei der frühen Entwicklung von Organismen.

Es ist naheliegend, vergleichbare Konzepte zur Herstellung menschlicher Organe zu prüfen. Dazu haben WU et al. zunächst versucht, Ratte-Schwein-Chimären zu erzeugen, indem sie Stammzellen aus Ratten in Schweineblastozysten einbrachten. Diese Versuche waren bisher jedoch nicht erfolgreich, d.h. in den sich entwickelnden Schweineembryonen konnten keine Rattenzellen nachgewiesen werden. Das legt die Vermutung nahe, dass die Entwicklung dieser beiden Tiere solche Unterschiede aufweist, dass es auf dem versuchten Weg nicht zur Bildung von Mischwesen kommt; Ratte und Schwein scheinen zu unterschiedlich zu sein. Als die Autoren aber menschliche Stammzellen in Blastozysten von Schweinen einführten, erhielten sie chimäre Föten, die entwicklungsfähig waren (wenn auch nicht so gut wie die Ratte-Maus-Föten). Es ist nach diesen vorläufigen Erkenntnissen grundsätzlich möglich, in Schweinen menschliches Gewebe wachsen zu lassen. Der genaue Status dieser Chimären ist bisher nicht geklärt, aber die Aussicht, humane Transplantationsorgane auf diesem Wege zu gewinnen, erscheint als aussichtsreich (wenn auch das Ziel noch unabsehbar weit entfernt ist).

Solche Mischwesen sind durch klassische Kreuzung nicht zu gewinnen, die Keimzellen (Ei- und Samenzellen) sind nicht kompatibel.

Solche Mischwesen sind durch klassische Kreuzung nicht zu gewinnen, die Keimzellen (Ei- und Samenzellen) sind nicht kompatibel. In den Chimären liegen in den verschiedenen Geweben auch entsprechend unterschiedliche Genome vor; es handelt sich also um Wesen mit uneinheitlichem Erbgut. Die bisher nicht erfolgreichen Versuche, Ratte-Schwein-Chimären zu erzeugen, und auch die Beobachtung, dass die Mensch-Schwein-Chimären einen weniger starken Mischwesen-Charakter zeigten als die Ratte-Maus-Chimären, deuten an, dass es auch technisch nicht einfach ist, Artgrenzen bei dieser Art von Experimenten zu überschreiten. Die von Wu et al. beschriebenen Experimente bestätigen die bisherigen Erfahrungen von stabilen Grenzen zwischen „Arten“, die auch als Grundtypen beschrieben wurden.

Wie ist die Erzeugung solcher Mensch-Tier-Chimären ethisch zu bewerten?

Nach geltendem Recht (Embryonenschutzgesetz) ist die Erzeugung von Mensch-Tier-Chimären in Deutschland – zumindest derzeit – nicht legal. In einer Gesellschaft aber, in der die Gesundheit und Vitalität bis in ein immer höheres Alter als hochrangige Ziele erachtet werden und die bereit ist, dafür einen sehr hohen Preis zu bezahlen, muss man davon ausgehen, dass Forschung dieser Art – wenn auch von kontroversen Diskussionen begleitet – vorangetrieben werden wird. (Auch wenn derzeit nicht annähernd abgeschätzt werden kann, ob eine Anwendung z. B. zur Gewinnung menschlicher Organe zur Transplantation jemals möglich sein wird.)

Eine Verletzung der Würde des Menschen wird in den aktuellen Diskussionen angeführt. Dies trifft zwar die emotionale Befindlichkeit eines großen Teils der Öffentlichkeit, ist rational allerdings auf der Basis des vorherrschenden naturalistischen Weltbildes nur schwer zu begründen. Danach ist der Mensch alleine aufgrund der natürlichen Gegebenheiten vollständig und umfassend zu verstehen und es gibt im Grunde keine wesentlichen Unterschiede zwischen Mensch und anderen Lebewesen. Nach dem vorherrschenden Denk- und Erklärungsschema der Evolution haben Mensch und andere Lebewesen letztlich einen gemeinsamen Vorfahren. Bei Zugrundelegung dieses Menschenbildes ist es eigentlich konsequent, diese Forschung zu fördern und Funktionalität und Qualität menschlichen Lebens um (fast) jeden Preis zu erhalten und zu verbessern.

Bei Berücksichtigung biblischer Aussagen – die in unserer Kultur den Wurzelboden der Werteordnung bil-

den – muss man dagegen zunächst festhalten, dass dort die Würde des Menschen an seiner Gottesebenbildlichkeit festgemacht wird. Der Mensch wird dort nicht als das am höchste entwickelte Lebewesen gezeichnet, sondern als besonderes Geschöpf Gottes, ihm ähnlich. Gott unterstellt die Tiere ausdrücklich dem Menschen. In der Thora, im Gesetz Moses, ist die Vermischung verschiedener Arten ausdrücklich untersagt.

In den Bemühungen zur (Bio-)Ethik zeigt sich, dass philosophische Überlegungen auf humanistischer Basis bisher wenig erfolgreich darin waren, klare Orientierung in drängenden Fragen zu liefern. Exemplarisch zeigen sich die Probleme in der Stellungnahme des Deutschen Ethikrats: „Mensch-Tier-Mischwesen in der Forschung“ (aus dem Jahr 2011). Die drei dort ausgewählten exemplarischen Bereiche konnten von dem Gremium nur teilweise einhellig bewertet werden; es ist dort ein Sondervotum aufgeführt (S. 125 ff.).

Philosophische Überlegungen auf humanistischer Basis waren bisher wenig erfolgreich darin, klare Orientierung in drängenden Fragen zu liefern.

Aus der Sicht des Autors ist es zu wünschen, dass die verhältnismäßig restriktive Gesetzgebung in Deutschland in der Frage der Erzeugung von Mensch-Tier-Chimären nicht aufgeweicht, sondern – auch im Blick auf die Forschung – eine Grenzziehung beibehalten wird und dies verboten bleibt. Wir sollten als Gesellschaft in der Forschungspolitik alternative Ansätze anregen und fördern.

Ein nüchterner Blick macht allerdings skeptisch, ob dies angesichts des Welt- und Menschenbildes in unserer Gesellschaft realistisch ist. Mit Mensch-Tier-Chimären sind große Hoffnungen zur Steigerung und Maximierung menschlicher Lebensqualität verknüpft. Die Vorstellung, dass menschliches Leben durch Tod begrenzt ist, ist ein Skandalon, das Menschen versuchen – auch unter Nutzung dieses Mittels – zu überwinden.

Anmerkungen

¹ Blastozysten stellen in der Embryonalentwicklung von Säugern das Stadium dar, das auf das Morulastadium folgt. Der humane Embryo nistet sich als Blastozyste in der Gebärmutter ein.

Quellen

- Deutscher Ethikrat (2011) Mensch-Tier-Mischwesen in der Forschung. www.ethikrat.org/dateien/pdf/stellungnahme-mensch-tier-mischwesen-in-der-forschung.pdf (Zugriff 2. 2. 2017)
- Wu J et al. (2017) Interspecies chimerism with mammalian pluripotent stem cells. *Cell* 168, 473–486.

Streiflichter

Ameisen-Design ist anders

Ameisen sind nicht nur fleißig und stark, sie sind auch flexibel. Wenn die Last selbst den kraftstrotzenden Sechsheinern zu schwer zum Tragen wird, schalten sie auf Rückwärtsgang und „Allradmodus“ um.

Ameisen sind stark! Das sieht man auch am Artnamen der Wüstenameise *Cataglyphis fortis*, die von Neurobiologen der Universität Ulm in den lebensfeindlichen tunesischen Salztonebenen untersucht wurde. Weil sie bis zum Zehnfachen ihres eigenen Körpergewichts tragen können, kommen sie eher selten in Verlegenheit beim Abtransport von Nahrung. Falls die Kraft für das Tragen nicht mehr ausreicht, gehen sie erstmal auf Schieben über, und nur im Extremfall verlegen sie sich aufs Ziehen, wobei sie natürlich mit dem Hinterteil voran laufen müssen. Die Ulmer Wissenschaftler untersuchten, wie die Ameisen das Rückwärtslaufen bewerkstelligen und auch, wie sie sich dabei orientieren, da ja Fühler und Augen in die falsche Richtung orientiert sind.

An Ameisenstraßen im Haus kann jeder selbst beobachten, dass die Eindringlinge sich an nur schwer entfernbaren Geruchsspuren (Pheromonen) orientieren. Bei der Nahrungssuche in der Wüste scheint das bei *Cataglyphis* nicht der Fall zu sein. Vielmehr fanden die Wissenschaftler heraus, dass sich die schnellen und tagaktiven Wüstenameisen am Landschaftspanorama orientieren und den Stand der Sonne und den Polarisationsgrad des Lichtes als Kompass nutzen. So finden sie gleichermaßen zielstrebig zum Nest zurück, unabhängig davon, ob sie vorwärts oder rückwärts unterwegs sind. Als besonders erstaunlich stellte sich heraus, dass die Wüstenameisen zusätzlich einen Schrittzähler nutzen, dessen Vektor-Auswertung vielfach komplizierter sein muss als die der gerade so beliebten Fitness-„wearables“, insbesondere wenn



Abb. 1 Die Wüstenameise *Cataglyphis fortis* ist eine Meisterin in Navigation. (Foto: R. WEHNER, aus Nature 411, 752, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

sich die Ameisen mit unkoordiniert erscheinenden Schrittfolgen im Rückwärtsgang bewegen.

Normalerweise sind beim Vorwärtslaufen immer das Vorder- und Hinterbein einer Seite und das Mittelbein der gegenüberliegenden Seite neuronal gekoppelt. Auf diese Weise ist eine schnelle Fortbewegung möglich. Das ändert sich auch beim Tragen von Lasten im Vorwärtsgang nur wenig, und auch im Rückwärtsgang können Ameisen im Prinzip noch „tripod“ laufen (Videos zu den verschiedenen Fortbewegungsarten: <http://datadryad.org/resource/doi:10.5061/dryad.7k82t>). Wenn es dann beim Rückwärts-Schleppen aber wirklich schwer wird, wird das Schrittmuster unregelmäßig. Die verschiedenen Beine zeigen unterschiedliche Schrittlängen und -frequenzen, wobei entgegen der Erwartung beides nicht gegenläufig korreliert. Die schiebenden Vorderbeine machen die kleinsten Schritte, die vorangehenden Hinterbeine die längsten. Die Dreibein-Koppelung wird aufgehoben und jedes Bein wird separat angesteuert, wobei zu meist fünf der sechs Beine Kontakt zum Boden halten. So schaffen es die Ameisen, auch schwerste Lasten zum Nest zu transportieren.

In diesem Punkt ist das Design der Ameisen offensichtlich anders als unser technisches, wo z. B. bei

Traktoren gerade, wenn es schwer wird, die Differenzialsperre eingelegt wird, um über Achsen zu koppeln, während die Ameisen in dieser Situation *entkoppeln*. Vielleicht sollte man den Ratschlag aus den Sprüchen der Bibel „geh zur Ameise, Fauler, sieh an ihr Tun und lerne von ihr“ einmal in Bezug auf das Ameisendesign verstehen: Eventuell ergeben sich durch die Bionik neue Ideen für technische Lösungen zur Arbeitserleichterung. [PFEFFER SE, WAHL VL & WITTLINGER M (2016) How to find home backwards? Locomotion and inter-leg coordination during rearward walking of *Cataglyphis fortis* desert ants. J. Exp. Biol. 219, 2110-2118 • PFEFFER SE & WITTLINGER M (2016) How to find home backwards? Navigation during rearward homing of *Cataglyphis fortis* desert ants. J. Exp. Biol. 219, 2119-2126] H.-B. Braun

Programmierte Anpassungsfähigkeit bei Killifischen?

Flexibilität ist ein typisches Merkmal von Lebewesen, ohne die sie in wechselnden Lebensumständen gar nicht lebensfähig wären. Immer mehr Befunde deuten darauf hin, dass Lebewesen ein programmiertes Potenzial von Anpassungsmöglichkeiten besitzen, das ihrer Art hilft, bei Umweltstress zu überleben. Zum einen besitzen Lebewesen Plastizität; damit sind Fähigkeiten



Abb. 1 Killifisch *Fundulus heteroclitus* (<http://www2.dnr.cornell.edu/cek7/nyfish/Cyprinodontidae/mummichog.html>)

gemeint, die Lebewesen als Antwort auf besondere Umweltreize abrufen können, ohne dass das Erbgut dabei verändert wird (Beispiel: verdickte Hornhaut bei mechanischer Beanspruchung). Diese Änderungen werden typischerweise nicht an die Nachkommen weitergegeben (außer bei epigenetischer Vererbung, die einige Generationen lang möglich ist; vererbt wird allerdings das Potenzial zur individuellen Anpassung).

Lebewesen können aber auch im Laufe einiger Generationen neue Fähigkeiten durch vererbte genetische Veränderungen (Mutationen) entwickeln. Bekannte Beispiele sind Antibiotikaresistenzen. Die neuen Fähigkeiten erfordern dabei keine grundlegenden Innovationen, sondern beruhen auf der Komplexität (inklusive Redundanz) vorhandener Stoffwechselwege. Sie sind oft innerhalb weniger Generationen verfügbar, was darauf hindeutet, dass ein gewisses Potenzial an Mutationen ausgelöst werden kann, das sich bei starken Umweltveränderungen günstig auswirken kann. Diese Änderungen könnten in einem weiten Sinne als Vorprogrammierung verstanden und interpretiert werden.

Ein Beispiel dieser Art untersuchten REID und Mitarbeiter (2016) beim Killifisch (*Fundulus heteroclitus*). Diese Fischart lebt an der Atlantikküste Nordamerikas in einem an vielen Stellen durch Dioxine, Schwermetalle und andere (giftige) Chemikalien stark kontaminierten und somit verschmutzten Lebensraum. Die vorherrschenden Konzentrationen sind für viele Wasserorganismen tödlich, aber einige Killifisch-Populationen haben sie überlebt, sie vertragen eine bis zu ca. 8000-fache Konzentration von

schädlichen Stoffen im Vergleich zu ihren Artgenossen, die den Giftstoffen nicht ausgesetzt sind.

Genetische Untersuchungen an 384 Exemplaren aus sauberen und verschmutzten Gewässern offenbarten eine interessante Kombination von Befunden und Veränderungen:

1. Die Fische in nicht verseuchten Gewässern haben große Populationen und große genetische Vielfalt.
2. Die in verseuchten Gewässern lebenden Fische besitzen eine geringere genetische Vielfalt. Das ist nicht überraschend und lässt sich dadurch erklären, dass ihre Population zwischenzeitlich stark dezimiert wurde und dadurch nur ein Teil der früheren Vielfalt erhalten blieb.
3. Bei den betreffenden Tieren treten Verlustmutationen von Komponenten des Signalwegs des AHR-Rezeptors (aryl hydrocarbon receptor) auf. Diese Verluste sind insofern vorteilhaft, als an diese Rezeptoren unter anderem Dioxine und Phenylverbindungen andocken. Damit wird gewissermaßen eine Einbruchsstelle für tödliche Veränderungen eliminiert.
4. Allerdings wird der AHR-Rezeptor auch für Signalwege benötigt, die den Hormon- und Sauerstoffhaushalt, den Zellzyklus und das Immunsystem regulieren. Doch einige Mutationen ermöglichen die Kompensation für das Fehlen der stillgelegten Gene durch andere Stoffwechselwege – eine Art „Umgehungsstraße“. Ein Backup ist somit durch wenige Veränderungen möglich.

Es zeigt sich also, dass eine Kombination aus anfänglicher großer genetischer Vielfalt, Verlust und Kompensation das Überleben ermöglichen. TOBLER & CULUMBER (2016) kommentieren (in Übersetzung):

„Bereits bestehende genetische Variation erleichterte eine schnelle Anpassung an giftbelastete Umgebungen dadurch, dass vorhandene vorteilhafte genetische Varianten rekrutiert wurden, sodass eventuelle Zeitverzögerungen vermieden werden können, die auftreten könnten, wenn evolutive Antworten von neu auftretenden günstigen Mutationen abhängig wären.“

Ein weiterer Befund scheint darauf hinzuweisen, dass die Änderungen in gewisser Weise vorprogrammiert sind: Die Killifische mussten sich zwar in unterschiedlichen Regionen völlig unabhängig voneinander an die Verschmutzungen anpassen, aber dennoch sind die einzelnen Populationen auf genetischer Ebene erstaunlich ähnlich. Bei ganz zufälligen Änderungen ist das nicht zu erwarten. Eine Programmierung kann zwar naturwissenschaftlich nicht bewiesen werden, aber die Befunde sind damit besser verträglich als mit einem reinen Zufallsszenario. Die Schnelligkeit der Veränderungen führen die Wissenschaftler darauf zurück, dass der variable Anteil in den Fischgenomen besonders hoch ist; ein Umstand, der auch bei pestizidresistenten Insekten bekannt ist (ALBAT 2016). Das Beispiel zeigt, dass Resistenzen keine neuen Proteine oder Stoffwechselwege benötigen, sondern dass sogar Verluste zum Überleben beitragen können.

[ALBAT D (2016) Fischige Anpassungskünstler. http://www.wissenschaft.de/leben-umwelt/biologie/-/journal_content/56/12054/14988471/Fischige-Anpassungsk%C3%BCnstler/ • REID NM, PROESTOU DA, et al. (2016) The genomic landscape of rapid repeated evolutionary adaptation to toxic pollution in wild fish. *Science* 354, 1305-1308; doi: 10.1126/science.aah4993 • TOBLER M & CULUMBER ZW (2016) Swimming in polluted waters. *Science* 354, 1232-1233, doi: 10.1126/science.aal3211] R. Junker

■ Von Fischen zu Vierbeinern? Neues von *Acanthostega*

Der sogenannte „Spitzpanzer“ – *Acanthostega* (Abb. 1) – aus dem Oberdevon spielt eine prominente Rolle in evolutionären Hypothesen zur Entstehung der Tetrapoden (Vierbeiner) ausgehend von Fischen.

Denn er lebte zwar wie Fische ausschließlich im Wasser, besaß aber Finger und damit ein typisches Vierbeiner-Merkmal.

Eine detaillierte Neu-Untersuchung von 200 fossilen *Acanthostega*-Knochen und 14 Schädel-Fossilien dieser Gattung zeigte nun, dass es sich dabei fast ausnahmslos um Jungtiere handelt (SANCHEZ et al. 2016; vgl. FRÖBISCH 2016). Das macht die Beurteilung der Lebensweise der ausgewachsenen Formen schwieriger, als sie ohnehin schon war. Die neuen Befunde sprechen dafür, dass die Tiere im Jugendstadium nicht in der Lage waren, an Land zu kriechen. Die Funde stammen von mindestens 20 Individuen und befinden sich alle in einem kleinen Areal der Britta-Dal-Formation des Oberdevons Ostgrönlands; SANCHEZ et al. (2016) vermuten, dass sie gemeinsam bei einer Dürre nach einer Schichtflut verendet sind.

Anders als in populärwissenschaftlichen Darstellungen behauptet, ist das aber keine neue Erkenntnis. Denn schon bisher deuteten viele anatomische Merkmale darauf hin, dass *Acanthostega* ausschließlich wasserlebend war – trotz des Besitzes von acht Fingern, eine ungewöhnliche Merkmalskombination (vgl. zusammenfassende Darstellung bei JUNKER 2004). Gründe dafür waren u.a.: Die Bezahlung gleicht insgesamt zeitgenössischen Fleischflosser-Fischen und keinem Tetrapoden, der Schädel ist mit dem Schultergürtel relativ fest verbunden, *Acanthostega* ähnelt im Kiemenskelett kiemenenatmenden Lungenfischen, die Wirbelsäule ist von vorne bis hinten auffallend gleichförmig, ähnlich wie bei Fischen wie dem Quastenflosser *Eusthenopteron*, eine Verbindung Becken-Wirbelsäule bestand vermutlich nur durch Bänder; die Hüfte konnte dadurch kaum das Körpergewicht tragen; insgesamt wirken die Extremitäten eher als Paddel denn als Füße (CLACK 2002, 122-127; vgl. Zusammenfassung bei JUNKER 2004). CLACK (2002, 124) stellt als Gesamteindruck fest: Fast alle Merkmale von *Acanthostega* legen ein ausschließliches Wasserleben nahe. Die relativ starren Extremitäten waren vermutlich gut geeignet, um

mit kräftigen Paddelstößen plötzlich aus der Ufervegetation Beute zu erhaschen. Vermutlich lebte *Acanthostega* in vegetationsreichen Uferzonen, in denen eine tetrapodenartige Extremität passend war. Wie alle anderen oberdevonischen Tetrapoden ist auch *Acanthostega* ausschließlich zusammen mit Fischen fossil überliefert (CLACK 2002, 110).

Dass es sich um Jungtiere handelt, schließen die Forscher daraus, dass das Oberarmskelett der Tiere noch nicht verknöchert war. Außerdem zeigte eine Untersuchung der inneren Feinstruktur der Knochen mit einem Röntgensynchrotron, dass die Tiere zwar schon sechs Jahre alt und älter waren, ihre Beinknochen aber noch keine Anzeichen für eine Verlangsamung des Wachstums zeigten – ebenfalls ein Hinweis darauf, dass die Tiere noch nicht ausgewachsen waren. Ein knorpeliger Oberarmknochen wäre für die Bewegung an Land ungeeignet gewesen. SANCHEZ et al. (2016) stellten weiter fest, dass es zwei Größenklassen gab, möglicherweise bedingt durch Entwicklungsplastizität (d.h. unterschiedliche Ausprägungen werden durch verschiedene Umweltreize ausgelöst).

Dass *Acanthostega* wasserlebend war, ist also nicht das Überraschende, wohl aber, dass es sich bei den (nur) in Grönland gefundenen Fossilien um Jungtiere handelt. Damit ist unklar, wie die erwachsenen Tiere

ausgesehen haben, welche Rolle sie bei der Entstehung der Vierbeiner gespielt haben könnten und ob sie vielleicht doch auch an Land leben konnten. Die neuen Befunde stellen bisherige Hypothesen in Frage, wonach vermutet worden war, dass die Larven der ersten Tetrapoden die ersten Landgänger waren. Dazu waren die *Acanthostega*-Jungtiere jedenfalls kaum in der Lage.

Zur Frage nach der Evolution der Vierbeiner steuern die neuen Befunde nichts Wesentliches bei, das nicht schon bekannt war. Es bleibt dabei, dass einzelne Merkmale markant verändert im Vergleich zu potentiellen Vorläufern auftauchen (z.B. im Bereich des Hirnschädels oder der Besitz von Fingern). Das Handgelenk von *Acanthostega* war späteren Tetrapoden sehr unähnlich (CLACK 2002, 137). Neben Merkmalen, in denen *Acanthostega* abgeleitet ist als das berühmte *Ichthyostega* (CARROLL 1992, 60), gibt es auch Eigenschaften, bei denen das Umgekehrte zutrifft. Die Wangen und das Schädeldach sind bei *Acanthostega* und *Ichthyostega* fest verbunden, im Gegensatz sowohl zu den möglichen Fisch-Vorfahren als auch zu anderen frühen Tetrapoden (CARROLL 1992, 60). Das heißt, evolutionär gesehen wäre hier ein Zickzackkurs gefahren worden. CARROLL (1992, 60) bemerkt: Verschiedene Spezialisierungen schließen die Möglichkeit einer direkten Vorfah-



Abb. 1 Modell von *Acanthostega* (Staatliches Museum für Naturkunde in Stuttgart, CC BY-SA 3.0)



Abb. 1 Kot einer kleinen Antilope (links) und Same von *Ceratocaryum argenteum* sowie der Dungkäfer *Epirinus flagellatus*. (Aus MIDGLEY et al. 2015, mit freundlicher Genehmigung)

renschafft für spätere Tetrapoden aus. Interessant ist auch die Einschätzung von SANCHEZ zur Bedeutung der neuen Erkenntnisse: „Unsere Studie gibt uns nur einen allerersten Einblick in die Lebensweise eines frühen Tetrapoden. ... Wir wollen nun auch die Lebensgeschichte anderer früher Vierbeiner untersuchen. Möglicherweise stoßen wir dabei auf Erkenntnisse, die unser Lehrbuchwissen völlig verändern“ (<http://www.scinexx.de/wissen-aktuell-20592-2016-09-08.html>). [CARROLL RL (1992) The primary radiation of terrestrial vertebrates. Annu. Rev. Earth Planet. Sci. 20, 45-84 • CLACK JA (2002) Gaining ground. The origin and evolution of Tetrapods. Bloomington and Indianapolis: Indiana University Press • FRÖBISCH NB (2016) Evolution: Teenage tetrapods. Nature 537, 311-312 • JUNKER R (2004) Vom Fisch zum Vierbeiner – eine neue Sicht zu einem berühmten Übergang. Teil 2: *Ichthyostega*, *Acanthostega* und andere Tetrapoden des höheren Oberdevons. Stud. Integr. J. 11, 59-66 • SANCHEZ S, TAFFOREAU P, CLACK JA & AHLBERG PE (2016) Life history of the stem tetrapod *Acanthostega* revealed by synchrotron microtomography. Nature 537, 408-411] R. Junker

■ Pflanze betrügt Mistkäfer

Dass in der Natur getrickst und getäuscht wird, ist nichts Neues. Das Aussehen vieler Tiere ist darauf ausgelegt, ihre Umgebung möglichst gut nachzuahmen, um darin zu „verschwinden“. Diese als Mimese bezeichnete Strategie findet man sowohl bei Räubern als auch bei Beutetieren – etwa bei der laubähnlich gemusterten Gabunvipere oder bei Stabheuschrecken. Von Mimikry spricht man hingegen, wenn eine Spezies einer zweiten sehr ähnlich sieht, um andere Tiere zu täuschen. Ein Paradebeispiel hierfür ist die ungiftige Dreiecksnatter, deren far-

benfrohes Muster der gefährlichen Korallenschlange zum Verwechseln ähnlich sieht.

Mimikry findet sich jedoch nicht nur bei Tieren, sondern auch bei manchen Pflanzen. Die Blüte der Hummelragwurz sieht ihrem namensgebenden Insekt so ähnlich, dass männliche Hummeln versuchen, sie zu begatten. Dabei nehmen sie Pollen auf und ersparen der Pflanze somit die kostspielige Nektarproduktion.

Südafrikanische Forscher entdeckten kürzlich ein neues Beispiel für pflanzliche Mimikry (MIDGLEY et al. 2015). Ihnen fielen die eigentümlichen Nüsse auf, die ein einheimischer Strauch (*Ceratocaryum argenteum*) bildet. Verwandte Sträucher verbreiten ihre Nüsse mithilfe kleiner Nagetiere, die diese sammeln und vergraben. Die Nüsse von *C. argenteum* sind jedoch deutlich größer als die seiner Verwandten und haben außerdem einen penetranten Geruch. Diese Beobachtung brachte die Forscher auf die Idee, dass die Verbreitung in diesem Fall durch Mistkäfer geschehen könnte.

Und tatsächlich: Beobachtungen zeigten, dass die dort heimischen Nager die harten Samen verschmähen. Der Mistkäfer *Epirinus flagellatus* schien die Nüsse aber mit dem Kot einer kleinen Antilope zu verwechseln (vgl. Abb. 1) und rollte sie weg, um sie unterirdisch zu lagern. Das ist nicht verwunderlich, da die kugelförmigen, braunen *C. argenteum*-Nüsse den Ausscheidungen der Bontebok-Antilope recht ähnlich sehen. Eine chemische Analyse der von den Nüssen abgegebenen Duftstoffe offenbarte überdies deutliche Überlappungen mit denen der Fäkalien.

Damit wäre dies das bislang eindeutigste Beispiel für pflanzliche

Mimikry bei der Samenverbreitung. Interessant ist, dass der Käfer sowohl visuell als auch olfaktorisch (durch Geruch) getäuscht wird. Den Betrug merkt er wahrscheinlich erst, wenn er versucht, seine Eier in die vermeintliche Kotkugel abzulegen – diese ist dafür viel zu hart. Der Pflanze gelingt es so, ihre Samen zu verbreiten, ohne sie dem Risiko des Gefressenwerdens auszusetzen. Sehr wichtig ist für sie auch, dass der Mistkäfer die Nüsse im Sand vergräbt. In einer Gegend, die häufig von Feuer heimgesucht wird, sind die Samen im Erdreich sicher und können überleben, auch wenn die Mutterpflanze verbrennt.

Die Pflanze schlägt also zwei Fliegen mit einer Klappe. Und zeigt einmal mehr, was für ausgeklügelte Fälschungen es in der Natur gibt.

[REECE JB et al. (2016) Campbell Biologie, 10. Auflage. Pearson Deutschland GmbH, Hallbergmoos • MIDGLEY JJ, WHITE JDM, JOHNSON SD & BRONNER GN (2015) Faecal mimicry by seeds ensures dispersal by dung beetles. Nature Plants 1(10):15141. doi:10.1038/nplants.2015.141] D. Vedder

■ Kletternde Leuchtblume: Seltsamer Geruch führt zur Bestäubung

Leuchterblumen (Ceropegieae) verdanken ihren deutschen Namen ihrer besonderen Blütenform. Die Kelchblätter sind an der Basis verwachsen, die fünf Kronblätter sind typischerweise an ihrer Spitze ebenfalls verwachsen, wodurch manche Blüten Laternen ähnlich sehen (Abb. 1). Zumindest die Blüten einiger *Ceropegia*-Arten fungieren blütenökologisch als Fallen, d.h. Insekten werden angelockt und zumindest zeitweise festgehalten (s. auch KUTZELNIGG 2011). Natürlich sind die Leuchterblumen auf den Kanarischen Inseln, in Afrika, auf Madagaskar, auf der Arabischen Halbinsel, in Indien, China und bis zu den Philippinen, Neuguinea und Australien verbreitet, in Europa können einige gezüchtete Arten erworben werden.

HEIDUK et al. (2016) haben Einzelheiten des Täuschungsmanövers bei der in Südafrika heimischen kletternden Leuchterpflanze (*Ceropegia sandersonii*, Abb. 1) untersucht. Nach



Abb. 1 Kletternde Leuchterblume (*Ceropegia sandersonii*) (CC BY 2.5)

den Beobachtungen der Autoren gehören winzige Fliegen der Gattung *Desmometopa* (Familie *Milichiidae*) zu den hauptsächlichen Bestäubern von *C. sandersonii*. *Desmometopa*-Arten leben kleptoparasitisch, d. h. sie leben auf Kosten anderer Lebewesen, indem sie sich an deren Beute bedienen, um sich selbst zu ernähren (kleptein, gr. stehlen). Die Fliegen nehmen die Lymphflüssigkeit und andere Ausscheidungen z. B. von frischen Beutetieren von Spinnen auf. Diese Beutetiere verbreiten offensichtlich spezifische flüchtige Mischungen von Duftstoffen, welche die *Desmometopa*-Fliegen sehr effizient und rasch anlocken.

Desmometopa-Arten zeigen eine ausgesprochene Vorliebe für Honigbienen. Daher stellten HEIDUK und Mitarbeiter für ihre Studie die Hypothese auf, dass die Blüte von *C. sandersonii* den Duftcocktail von extrem gestressten bzw. frisch getöteten Honigbienen imitieren könnte und diesen wirkungsvoll als Lockstoff

für die potenziellen Bestäuber einsetzt. Zunächst entwarfen die Autoren eine spezielle Versuchsanordnung, um einzelne Honigbienen in Stress zu versetzen und die von ihnen abgegebenen flüchtigen Stoffe gaschromatographisch bestimmen zu können. Die Abgabe dieser Stoffe erfolgt durch Drüsen im Bereich des Stachelapparats, die Nasonov- und Mandibeldrüsen. Ebenso wurde die Zusammensetzung der von der *C. sandersonii*-Blüte freigesetzten Duftstoffe untersucht. Mit Hilfe von elektro-physiologischen Messungen an den Fliegenantennen konnten HEIDUK et al. nachweisen, dass die Stoffzusammensetzungen auffällige Ähnlichkeiten zeigten und dass sich die Tiere durch beide Duftcocktails anlocken ließen. Vier Einzelkomponenten der in beiden Quellen auftretenden Stoffgemische, die jeweils in den Fliegenantennen registriert wurden, wurden nachfolgend anhand synthetischer Stoffe auf ihre Wirkung untersucht. Bei den vier Stoffen handelt es sich

um Geraniol, 2-Heptanon, 2-Nonanol und (E)-2-Octen-1-yl-acetat. Eine Mischung dieser vier Stoffe war für die Fliegen hoch attraktiv.

Im Fall der Anlockung und Täuschung von *Desmometopa*-Fliegen durch *C. sandersonii*-Blüten liegt eine besonders komplexe Kommunikation durch chemische Stoffe vor: Die Blüte imitiert den Geruch sterbender Honigbienen, einer bevorzugten Nahrungsquelle der kleptoparasitischen Fliege, lockt diese dadurch an und provoziert dadurch ihre Befruchtung. Ein wirksames, aber auch aufwändiges Täuschungsmanöver, dessen Ursprung mit vielen Fragen behaftet ist.

[HEIDUK A, BRAKE I, TSCHIRNHAUS M, GÖHL M, JÜRGENS A, JOHNSON SD, MEVE U & DÖTTERL S (2016) *Ceropegia sandersonii* mimics attacked honeybees to attract kleptoparasitic flies for pollination. *Curr. Biol.* 26, 1-7. • KUTZELNIGG H (2011) An der Nase herumgeführt. *Stud. Integr. J.* 18, 89-93.] H. Binder

■ Wiesen-Bocksbart mit optimalem Fallschirm

Jedes Kind kennt die Pusteblume (Löwenzahn *Taraxacum officinale*) und hat seinen Spaß mit den hübschen Fallschirmchen. Von den einzelnen Früchten – sog. Achänen – geht ein Stiel ab, an dessen oberen Ende Hunderte unverzweigte Haare sitzen; alles zusammen bildet den flugtauglichen Schirm. Viele Korbblütler besitzen solche Schirmchenflieger; sie kommen aber auch beim nicht näher verwandten Baldrian (*Valeriana*) und bei der Spornblume (*Centranthus*) vor. Sie wurden also mehrfach „erfunden“ – oder nur einmal und dann mehrmals verwirklicht.

Solche Schirmchen gibt es bei den Korbblütlern in unterschiedlichen Ausstattungen. Die üppigsten „Modelle“ sind beim Bocksbart (*Tragopogon*) ausgebildet. Von dieser Gattung gibt es auch einige Arten in der heimischen Flora. Bei uns häufig anzutreffen ist der Wiesen-Bocksbart (*Tragopogon pratensis*), der in fröhlichen Wiesen durch sehr große Blütenkörbchen auffällt.

Die kegelförmigen Schirmchen des Wiesen-Bocksbarts wurden kürzlich genauer untersucht. Dessen Früchte sind nämlich 10–20 mal so schwer wie die Früchte des Löwenzahns und damit zu schwer, um durch einen Schirm aus einfachen Haaren nennenswert weit transportiert werden zu können. Schwerere Früchte

besitzen denn – sofern sie durch Wind verbreitet werden – häufig Tragflächen wie die Früchte von Linde und Esche oder die Propeller des Ahorns.

Doch der Bocksbart kann seine schwere Fracht genauso effektiv durch den Wind verbreiten wie der Löwenzahn. Das schafft er dadurch, dass zum einen seine aus Bündeln hohler Fasern bestehenden Haare gefiedert sind – das ist bei manchen anderen Korbblütlern wie den Kratzdisteln auch der Fall –, zum anderen durch ein Verweben der benachbarten Fiederhärchen; das ist das Besondere beim Bocksbart (Abb. 1). Auf diese Weise wird der Fallschirm derart in Form gehalten, dass er größer und tragfähiger werden kann. Mit bis zu 40 mm Durchmesser gehören die Schirmchen des Bocksbarts zu den größten des Pflanzenreichs.

Eine Forschergruppe (CASSEAU et al. 2015) wollte es noch genauer wissen und untersuchte die Aerodynamik der Schirmchen. Die Wissenschaftler konnten zeigen, dass engmaschige Netze zwar den Luftwiderstand erhöhen und damit ein weiteres Fliegen ermöglichen könnten, jedoch ausgeprägte Luftwirbel erzeugen, die das Schirmchen aus der Bahn werfen können. Ist das Netz dagegen grobmaschiger, bleibt die Strömung zwar ruhig und ermöglicht eine stabile Flugbahn, doch sinken die Schirmchen aufgrund des geringeren Luftwiderstands schnell

zu Boden. Die maximale Reichweite bei gleichzeitiger Flugstabilität wird durch einen Kompromiss erreicht: Das Gewebe aus den Pflanzenfasern darf weder zu dicht noch zu grob sein – so wird das Optimum erreicht. Die Struktur der Schirmchen des Wiesen-Bocksbarts liegt tatsächlich ziemlich genau am Optimum.

Interessant ist auch noch folgende Beobachtung: Die randständigen Früchte sind fast doppelt so schwer wie die Früchte in der Mitte. Wahrscheinlich hängt das mit zwei unterschiedlichen Verbreitungsstrategien zusammen. Die schwereren Früchte können nicht so weit fliegen und landen in der Nähe der Mutterpflanze. Da sie besser keimfähig sind als kleinere Früchte, haben sie dennoch gute Chancen, zu neuen Pflanzen auszuwachsen. Die leichteren Früchte können dagegen mit dem Wind über größere Strecken transportiert werden und ermöglichen es der Pflanze auf diese Weise eher, neue Lebensräume zu besiedeln.

Dass es nicht trivial ist, einen optimalen Schirmchenbau zu erreichen, merken die Forscher am Schluss ihrer Arbeit indirekt an, indem sie schreiben, dass das Design des Bocksbart-Fallschirms als Vorbild zur Erprobung neuer Materialien für die Konstruktion von Fallschirmen dienen könnte. Die Herausforderung bestehe darin, geeignetes Material zu entwickeln, das die erforderliche Durchlässigkeit besitzt. Schon ein Nachbau erfordert also einiges an Überlegung und Planung.

Mehr als Optimierung? Ob die feinen Strukturen der Bocksbart-Schirmchen durch evolutionäre Optimierungsprozesse entstehen können, ist schwer zu beurteilen. Die Autoren sprechen zwar mehrmals davon, dass die speziellen Strukturen der Schirmchen evolviert seien, doch thematisieren sie die zugrundeliegenden Prozesse nicht, sondern beschreiben nur den Istzustand, also den heute verwirklichten Bau. Auffällig häufig verwenden sie eine teleologische Sprache, als ob Evolution Ziele verfolge. Zum Beispiel schreiben sie, dass verschiedene Designs evolviert seien, um eine größere Fracht tragen zu können (S. 12), oder dass der Fallschirm evol-



Abb. 1 Schirmchen des Wiesen-Bocksbarts (*Tragopogon pratensis*). (Foto: W. BORLINGHAUS)



Abb. 1 Island-Ponys (pixabay)

viert sei, um einen Luftwiderstand mit interessanten Eigenschaften zu erzeugen (S. 15). Angesichts der Feinheiten im Bau des Schirmchens (Abb. 1) ist es jedoch keineswegs ausgemacht, dass die *Grundstruktur* durch den Darwin'schen Versuch- und-Irrtum-Mechanismus entstanden ist. Klar ist nur, dass wir es mit einer ausgesprochen zweckmäßigen und für den gewünschten Zweck optimalen Struktur zu tun haben, bei der verschiedene Aspekte genau aufeinander abgestimmt sind.

[CASSEAU V, DE CROON G, IZZO D & PANDOLFI C (2015) Morphologic and aerodynamic considerations regarding the plumed seeds of *Tragopogon pratensis* and their implications for seed dispersal. PLoS ONE 10(5): e0125040. doi:10.1371/journal.pone.0125040] R. Junker

■ Islandponys – ursprünglich von den britischen Inseln?

Manche Pferde sind in der Lage, von den typischen Gangarten Schritt, Trab und Galopp abweichende Fortbewegungsarten umzusetzen. Dabei werden die vier Beine in jeweils

unterschiedlicher Reihenfolge und Kombination für die Vorwärtsbewegung eingesetzt. Tölt (Passgang) als besondere und vergleichsweise bequem zu reitende Gangart der Islandpferde ist ein bekanntes Beispiel.

Die Bewegungskoordination der Extremitäten bei Säugetieren beruht auf einer musterbildenden Verknüpfung von Neuronen in der Wirbelsäule. Das entsprechende neuronale Netzwerk löst die Kopplung der Bewegung sowie den Einsatz der entsprechenden Muskulatur aus. ANDERSSON et al. (2012) konnten zeigen, dass eine Mutation an einem Gen mit der Bezeichnung *DMRT3* mit einer veränderten Fortbewegung bei Pferden zusammenfällt. Weiter beschreiben die Autoren, dass bei Mäusen das *DMRT3*-Gen in bestimmten Neuronen des Rückenmarks ausgeprägt wird. Mäuse, bei denen *DMRT3* zerstört ist (*Dmrt3*-Null-Mäuse) leiden unter gestörter Koordination ihrer Bein- und Fortbewegung.

Die Mutation im *DMRT3*-Gen – ein Stopp-Codon verursacht ein verkürztes Genprodukt – scheint in der Züchtung der Islandpferde mit

ihrem charakteristischen Repertoire an Gangarten von ausschlaggebender Bedeutung gewesen zu sein.

Basierend auf den genannten Erkenntnissen (ANDERSSON et al. 2012) haben PROMEROVA et al. (2014) die Genome von 4396 Pferden aus 141 Zuchtlinien auf die entsprechende genetische Veränderung hin untersucht und gefunden, dass das entsprechende Allel weltweit und besonders in der Zucht von Rennpferden auftritt. Jüngst haben WUTKE et al. (2016) dieser genetischen Besonderheit in Fossilien von Islandponys aus dem mittelalterlichen England nachgespürt. In 90 untersuchten alten Pferdeproben fanden sie das veränderte Allel in zwei englischen Pferden von 850–900 n. Chr. und in 10 von 13 Pferden auf Island aus dem 9. bis 11. Jahrhundert n. Chr. In allen weiteren europäischen, inklusive skandinavischen Proben fand sich das entsprechende Allel nicht. Die Verteilung des in den Proben von 6000 v. Chr. (Bronzezeit) bis ins 11. Jahrhundert gefundenen Allels macht es aus Sicht der Autoren wahrscheinlich, dass die sogenannten

„Island“-Pferde ursprünglich aus Großbritannien stammen. Vermutlich haben Nordländer (Wikinger) den Vorteil der besonderen Gangart der auf den britischen Inseln vorgefundenen Pferde bemerkt und diese nach Island mitgenommen und dort weitergezüchtet. Die Autoren halten es für sehr wahrscheinlich, dass die Islandpferde mit ihrem charakteristischen Passgang (Tölt) nach dem Import von den britischen Inseln durch die Handelsaktivitäten der Wikinger nach Europa und bis nach Asien Verbreitung fanden. Eine unabhängige Mutation in Asien halten die Autoren für sehr unwahrscheinlich.

Es ist interessant, wie historische Erkenntnisse kombiniert mit verhaltensbiologischen Daten und modernen molekularbiologischen Methoden genutzt werden können, um interessante Fragen anzugehen und zu beantworten. Die Veränderungen im Erbgut von Lebewesen im Verlauf der Generationen, also die Variabilität des Genoms, zeigt sich hier in einem markanten Merkmal von Pferden. Die gewonnenen Erkenntnisse über diese Zusammenhänge machen indirekt die Gangart der Islandponys – die ja an Fossilien nicht direkt

beobachtbar ist – zugänglich und ermöglichen so Schlussfolgerungen über vergangene Entwicklungen. Dabei belegt die Anzahl der Autoren wie auch die zurückhaltenden Formulierungen der Autoren bei den Schlussfolgerungen die Komplexität von Untersuchungen dieser Art.

[ANDERSSON LS, LARHAMMAR M, et al. (2012) Mutations in *DMRT3* affect locomotion in horses and spinal circuit function in mice. *Nature* 488, 642-646 • PROMEROVA M, ANDERSSON LS, et al. (2014) Worldwide frequency distribution of the “gait keeper” mutation in the *DMRT3* gene. *Anim. Genet.* 45, 274-282 • WUTKE S, ANDERSSON L, et al. (2016) The origin of ambling horses. *Curr. Biol.* 26, R698-R700.] H. Binder

■ Seeanemonen und die Haarzellen aus dem Gleichgewichtsorgan von Wirbeltieren

Unsere Fähigkeit zu hören ist eng an die Funktion von sogenannten Haarzellen geknüpft. Diese in der Schnecke (Cochlea) des Innenohrs lokalisierten Zellen spielen sowohl beim Hören als auch beim Gleichgewichtssinn eine zentrale Rolle. Sie können als Mechanorezeptoren

mechanische Reize wie Druckdifferenzen oder Flüssigkeitsströmungen in Nervenimpulse umwandeln.

Solche Haarzellen nutzen auch Seeanemonen (Actiniaria). Trotz des botanischen Namens handelt es sich dabei um im Meer lebende, meist sesshafte (hemisessile) Tiere; systematisch gehören sie zu den Blumentieren (Anthozoa). Bei den Seeanemonen befinden sich die Haarzellen an ihren Tentakeln, um Wasserbewegungen z.B. von Beutetieren wahrzunehmen. Im Gegensatz zu Mensch und Wirbeltieren können Seeanemonen beschädigte Haarzellen reparieren.

An den Haarzellen befinden sich Bündel von Härchen (Stereovilli), die an ihrem oberen Ende durch ein Aktinfilament (Aktin ist ein Strukturprotein) miteinander verknüpft und damit gekoppelt sind (Tip-Links). Für die Reizauslösung müssen die Haarbündel mechanisch gekrümmt werden, d.h. die Härchen müssen koordiniert ausgelenkt werden. Die Verknüpfungen der Stereovilli können auf natürliche Weise und im Experiment gekappt werden, wobei die Funktion der Reizwahrnehmung zerstört wird. Das kann z.B. durch Verringerung der Konzentration von Kalziumionen (Ca^{2+}) oder im menschlichen Ohr durch laute Musik geschehen. Bei Wirbeltieren und Menschen sind solche Schädigungen erfahrungsgemäß irreparabel, d.h. die entstandene Schädigung bleibt bestehen.

In der Arbeitsgruppe von Glen WATSON an der University of Louisiana in Lafayette werden die Abläufe in den Haarzellen schon seit längerem untersucht. Die Forscher konnten bereits vor Jahren zeigen, dass Seeanemonen geschädigte Haarzellen reparieren können und dass dabei ein Cocktail von „Reparaturproteinen“ in den Schleim, der die Tentakeln umgibt, ausgeschüttet wird. Einige der beteiligten Proteine konnten charakterisiert und ihre Wirksamkeit bei der Reparatur nachgewiesen werden (TANG & WATSON 2015).

Jetzt haben TANG et al. (2016) Haarzellen aus dem Innenohr von Mäusen isoliert und im Labor kultiviert. Sie konnten zeigen, dass eine experimentelle Schädigung der



Abb. 1 Seeanemone *Nematostella vectensis* in einer Petrischale. Aus dieser Art wurde das im Text behandelte Protein isoliert. (CC BY-SA 3.0)

Haarzellen durch Behandlung mit Reparaturproteinen aus Seeanemonen rückgängig gemacht werden konnte. Dabei wurde in den Experimenten an den isolierten Zellen nicht die Wiederherstellung ihrer neuronalen Funktion demonstriert, aber es wurde gezeigt, dass sich die reparierten Zellen biochemisch wie normale Haarzellen verhalten. Weiter konnten die Autoren durch vergleichende Untersuchungen in Datenbanken zeigen, dass im Proteom der Maus (*Mus musculus*) für alle 37 Proteine aus dem Reparaturcocktail von Seeanemonen entsprechende Proteine (Homologe) vorkommen.

Die Autoren betonen wiederholt, dass die bei der Reparatur ablaufenden molekularen Prozesse ungeheuer komplex und bisher erst ansatzweise verstanden seien. Sie äußern die vorsichtige Hoffnung, dass man vielleicht durch weitere Forschung Wege finden könnte, wie krankhafte Schädigungen an menschlichen Haarzellen repariert werden könnten. In ihren jüngsten Erkenntnissen sehen die Autoren Hinweise darauf, dass im Verlauf der Evolution zumindest manche Teilschritte zur Reparatur von Schädigungen an Haarbündeln konserviert worden sind. Eine derartige Interpretation der molekularbiologischen Daten ist zwar durchaus üblich, aber keineswegs zwingend, man könnte auf der Basis eines biblischen Weltbildes auch darüber nachdenken, die bisherigen Erkenntnisse im Sinne einer Degeneration ursprünglicher komplexer Systeme zu betrachten. Den Autor dieser Zeilen lassen diese faszinierenden Erkenntnisse staunen über die komplexen molekularen Mechanismen, die in Lebewesen ablaufen, vor allem aber darüber, wie kunstvoll das alles konzipiert ist.

[TANG P-C & WATSON GM (2015) Proteomic identification of hair cell repair proteins in the model sea anemone *Nematostella vectensis*. Hearing Res. 327, 245-256. • TANG P-C, MÜLLER SMITH K & WATSON GM (2015) Repair of traumatized mammalian hair cells via sea anemone repair proteins. J. Exp. Biol. 219, 2265-2270.] H. Binder

■ Biotechnisch veränderte (semisynthetische) Organismen mit unnatürlichen Nukleinsäure-Bausteinen

Im Labor von Floyd E. ROMESBERG am Scripps Research Institute in La Jolla, Californien, USA synthetisieren Mitarbeiter Nukleotide (Bausteine des Erbmoleküls DNA) mit nicht natürlichen Nukleobasen mit dem Ziel, mit solchen Bausteinen den genetischen Code zu erweitern. Die Erbinformation soll im DNA-Makromolekül also nicht nur durch die vier etablierten H-Heterocyclen Adenin (A), Cytosin (C), Guanin (G) und Thymin (T) bzw. deren Basenpaare in der DNA-Doppelhelix (A-T und C-G) repräsentiert werden. Mit chemischen Varianten soll der Code modifiziert und erweitert werden.

Solche nicht natürlichen DNA-Bausteine werden von mehreren Arbeitsgruppen im Labor mit verschiedenen Zielsetzungen synthetisiert. Ist ein entsprechendes Basenpaar hergestellt, dann gilt es in einem nächsten Schritt, die Basenpaareigenschaften zu bestimmen und diese mit den Daten der natürlichen Basenpaare zu vergleichen. Um dem Ziel näher zu kommen, diese Basenpaare auch in biologischen Systemen zu nutzen, können dann die Bausteine in DNA-Sequenzen eingebaut und anschließend die Eigenschaften

der so veränderten Doppelhelix untersucht werden. Ein sehr kritischer Schritt ist dann der Versuch, im Reagenzglas (in vitro) zu testen, ob derart modifizierte DNA-Stränge in Transkriptions- und Translationsprozessen genutzt werden können (also bei der Übersetzung in Proteine).

MALYSHEW et al. (2014) haben erstmals demonstriert, dass DNA mit einem nicht natürlichen Basenpaar in biotechnisch modifizierten *E. coli*-Bakterien akzeptiert und beim Wachstum in der Kultur auch die synthetischen DNA-Basen an der entsprechenden Position eingebaut werden und erhalten bleiben. Um dies zu ermöglichen, hatten die Autoren die *E. coli*-Bakterien derart modifiziert, dass Transportproteine aus Algen in die Zellmembran integriert wurden. Diese stellten sicher, dass die nicht natürlichen Nukleotide, die als Triphosphate dem Medium zugegeben worden waren, ins Innere der Bakterienzelle gelangen und dort verfügbar sind. Das nicht natürliche Basenpaar wurde bei der Vermehrung der *E. coli*-Zellen nicht durch DNA-Reparaturmechanismen herausgeschnitten und entfernt, sondern das erweiterte genetische Alphabet wurde einigermaßen zuverlässig bei der Zellteilung vervielfältigt und weitergegeben. Die Organismen, die einen solchen erweiterten genetischen Code enthalten und nutzen,

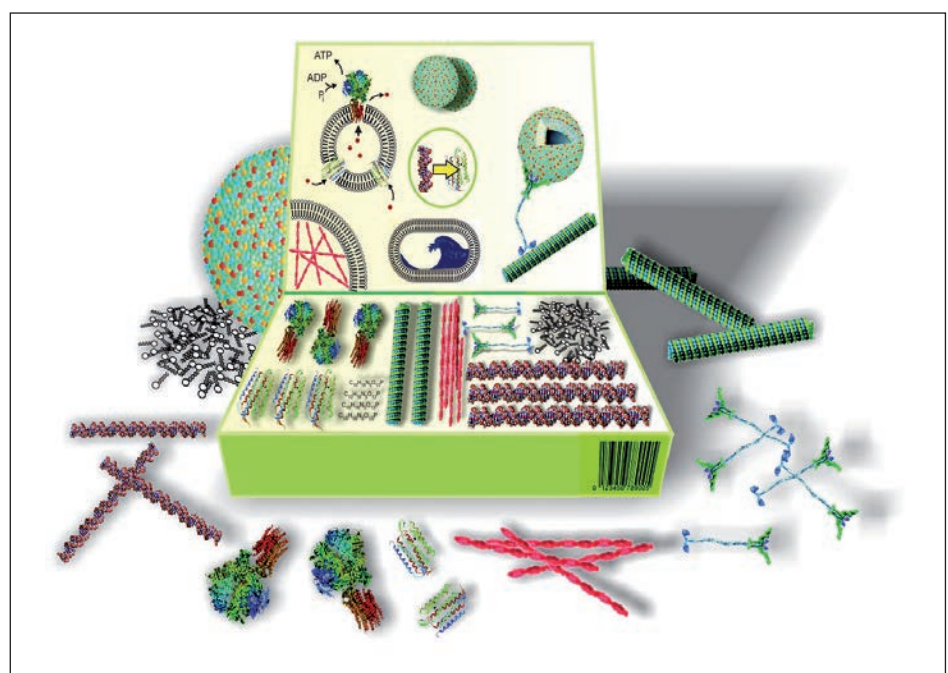


Abb. 1 Baukasten der synthetischen Biologie.
(© Jakob SCHWEIZER, MPI für Biochemie)

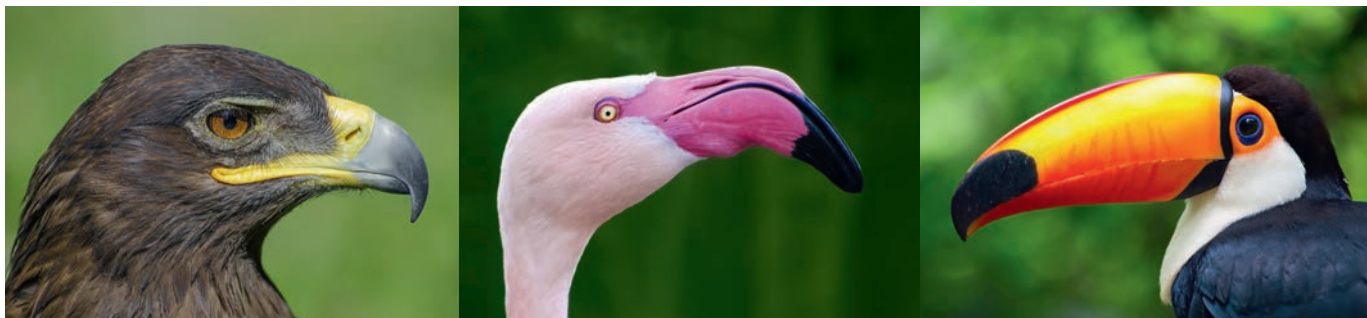


Abb. 1 Verschiedene Schnabelformen bei heutigen Vögeln; von links: Adler, Flamingo, Tukan. Nach einer aktuellen Studie entstanden verschiedenste Schnabeltypen in sehr kurzer Zeit. (fotolia.com)

bezeichnen MALYSHEW et al. (2014) als semisynthetische Organismen.

Dieser Prototyp einer Zelle, die in der Lage ist, einen erweiterten genetischen Code zu nutzen, hatte aber gravierende Begrenzungen. Die entsprechende *E.coli*-Kultur wuchs nur sehr langsam; die Zeit für die Verdoppelung der Zellen war im Vergleich zum ursprünglichen Stamm doppelt so hoch. Das nicht natürliche Basenpaar wurde unter verschiedenen Kulturbedingungen abgebaut – vermutlich aufgrund von Enzymen (Phosphatasen). Schließlich konnten die Bakterienzellen selbst unter optimalen Kulturbedingungen im Verlauf ihrer Vermehrung die genetische Modifikation nicht erhalten.

Um diese grundlegenden Hindernisse zu beseitigen und semisynthetische Mikroorganismen mit einem erweiterten genetischen Code zu kultivieren, veränderte die Arbeitsgruppe ihre Experimente (ZHANG 2017).

Die Autoren experimentierten mit Veränderungen des Transportproteins, das sich als zelltoxisch erwiesen hatte, und mit dessen gentechnischer Integration in *E. coli*. Weiter prüften sie auch alternative unnatürliche Basenpaare. Um zu verhindern, dass das bakterielle Immunsystem (Cas9) die veränderten Sequenzbereiche eliminiert, musste empirisch ermittelt werden, unter welchen Bedingungen dies möglich ist.

Schließlich erhielten ZHANG et al. (2017) einen semisynthetischen Mikroorganismus, der stabiles Wachstum zeigte und dabei synthetische Nukleotidtriphosphate in die Zellen aufnahm. In den Bakterienzellen wurden diese stabil in die Nukleinsäure eingebaut und bildeten

dort nicht natürliche Basenpaare, und zwar in vielen verschiedenen Sequenzumgebungen. So konnten die Autoren genetisch veränderte *E. coli* kultivieren, die in ihrem Erbgut sechs verschiedene DNA-Bausteine enthielten und somit drei Basenpaare bilden können. Diese könnten zukünftig, so die Hoffnung der Autoren, als Plattformen dienen, um experimentell den genetischen Code zu erweitern.

Unter technischen Gesichtspunkten ist das ein hochinteressantes Ergebnis, das vielfältige Möglichkeiten eröffnet. Betrachtet man jedoch die Mühe und den enormen Aufwand, der betrieben werden musste, um Bakterienzellen dazu zu bringen, die entsprechenden Veränderungen zu tolerieren und tatsächlich auch – zumindest im Rahmen der bisherigen experimentellen Überprüfung – stabil weiterzugeben, dann könnte dies auch ein Hinweis darauf sein, dass die Art und Weise, wie die Erbinformation im Erbgut abgespeichert ist, nicht so ohne weiteres ausgedehnt und „verbessert“ werden kann.

Wenn sich der Aufbau der DNA mit dem entsprechenden genetischen Code, der sich praktisch in allen Lebewesen etabliert hat, nur mit großem Aufwand manipulieren lässt, dann eröffnet das Fragen um den möglichen Ursprung dieser molekularen Strukturen. Sind es vielleicht doch Konstrukte, d.h. könnten sie letztlich geistigen Ursprungs sein? Jedenfalls sind die natürlichen Konstrukte auffällig robust und selbst mit modernsten Methoden bisher nicht nachhaltig zu modifizieren.

[MALYSHEW DA, DHAMI K, LAVERGNE T, CHEN T, DAI N, FOSTER JM, CORREA JR. IR & ROMESBERG FE (2014) A semi-synthetic organism with an expanded genetic alphabet. *Nature* 509, 385-388 • ZHANG Y, LAMB BM, FELDMAN AW,

ZHOU AX, LAVERGNE T, LI L & ROMESBERG FE (2017) A semisynthetic organism engineered for the stable expansion of the genetic alphabet. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* doi:10.1073/pnas.1616443114.] H. Binder

■ Anfangs explosiv – dann nur noch Fine-Tuning: Vielfalt der Vogelschnäbel

Die heute existierenden Vogelordnungen (Neornithes) erscheinen im Fossilbericht plötzlich in großer Vielfalt in den ältesten Schichten des Tertiärs. Wie bei vielen anderen Tier- und Pflanzengruppen ist von einer explosiven Entfaltung oder Radiation die Rede. In den letzten Jahren wurde zwar immer wieder über Funde von Vertretern der Neornithes auch in der Oberkreide berichtet, doch ändern diese nichts daran, dass die Vielfalt der Vogelbaupläne – gemessen an den Fossilfunden – nach der berühmten Kreide-Tertiär-Grenze abrupt und in einem geologisch kurzen Zeitraum zunimmt. Ein gemeinsamer Vorfahr ist nicht bekannt und der Fossilbericht gibt über die Anfänge der Neornithes fast keine Auskunft (ZHOU 2004, 456, 467). Vergleichend-biologische Studien der heutigen Vogelordnungen bestätigen dieses Bild: Cladogramme (Ähnlichkeitsbäume) lassen sich auf der Ebene der Ordnungen kaum auflösen (vgl. z.B. THOMAS 2015). Sie gleichen daher in den unteren Teilen eher einem Busch als einen Baum.

Eine solche vergleichende Studie führen COONEY et al. (2017) anhand von 3D-Scans von Schnäbeln von 2028 heutigen Vogelarten aus 194 Familien durch, die im Natural History Museum Tring (England) und im Manchester Museum archiviert sind und einen Großteil des Systems

der Vögel abdecken. Das charakteristische Merkmal des Vogel-schnabels ist für seine faszinierende Vielfalt von Gestaltungen bekannt. Die unterschiedlichen Schnabelformen ermöglichen den Vögeln, sehr verschiedene Nahrungsquellen zu nutzen. Durch die Kombination der Ergebnisse der Untersuchungen der Schnabelformen mit neueren DNA-basierten Cladogrammen ergab sich, dass die Vielfalt der Schnäbel sehr schnell in der mutmaßlichen evolutionären Geschichte aufgetreten ist, also innerhalb kurzer Zeit stark zunahm. Evolutionstheoretisch folgt daraus, dass ein extrem schneller evolutiver Wandel angenommen werden muss – die Autoren sprechen von „früher schneller Quanten-Evolution“ (COONEY et al. 2017, 345), das bedeutet eine anfänglich sehr schnelle Divergenz (Aufspaltung und Verschiedenwerden) in neue Formen und Funktionen. Von wenigen Ausnahmen abgesehen änderten sich die Schnabelformen nach der Anfangsdivergenz nur noch relativ geringfügig in der Art eines Fine-Tunings und durch ökologische Anpassungen (vgl. BHULLAR 2017).

Fossilfunde wurden in die Untersuchung nicht einbezogen. BHULLAR (2017) weist aber darauf hin, dass der Fossilbericht den Befund von COONEY et al. unterstützt, dass eine große Vielfalt von Schnabelformen nach der Kreide-Tertiär-Grenze rasch präsent war, ja dass es anfangs noch weitere Schnabelformen gab, die heute nicht mehr vertreten sind. Die Gründe für dieses Muster mutmaßlicher evolutionärer Sprünge und anschließender Stabilität seien nicht bekannt.

Mikroevolution, Makroevolution und Schöpfung. Die Autoren stellen fest, dass es einen qualitativen Unterschied zwischen Mikroevolution (z.B. Fine-Tuning) und Makroevolution (neuartige Baupläne oder Bauplan-Elemente) gibt. Sie schreiben: „Auf welche Weise mikroevolutive Prozesse addiert werden, um die Ausweitung der gestaltlichen Vielfalt über viel größere evolutionäre Zeiträume hinweg zu formen, ist unklar“ (COONEY et al. 2017, 344). Und weiter: „Untersuchungen an kleineren (evolutiven) Zweigen

haben Einsichten in die Rolle der natürlichen Auslese als verändernde Kraft ermöglicht, sie können aber nicht den Prozess erhellen, der die Vielfalt und Diskontinuitäten von Radiationen über längere evolutionäre Zeiträume formt“ (ebd.). Das entspricht vielen ähnlich lautenden Einschätzungen zum Unterschied von Mikro- und Makroevolution.

Das Muster der Entfaltung der Schnabelformen kann bei Zugrundelegung eines Schöpfungsansatzes mit programmierter Variabilität gut erklärt und eingeordnet werden. Dass innerhalb einer Formengruppe eine große Vielfalt relativ plötzlich auftaucht und Cladogramme an der Basis kaum auflösbar sind bzw. anfangs sehr enge Verzweigungen beinhalten, könnte als Indiz dafür gewertet werden, dass es gar keine Abstammung der größeren Einheiten gab, sondern dass diese in fertiger Form durch Schöpfungsakte ins Dasein kamen und sich anschließend ein anfangs bereits angelegtes Potenzial an Ausprägungs- und Spezialisierungsmöglichkeiten entfaltet hat.

Für die biblische Schöpfungslehre bleibt jedoch die Frage offen, warum zum einen Vögel heutiger Grundtypen fossil weitgehend erst ab dem unteren Tertiär überliefert sind, aber auch, weshalb Vögel, die im älteren geologischen System der Kreide fossil überliefert sind, andere

Baupläne besitzen als die tertiären und heute lebenden Vögel.

[BHULLAR BAS (2017) Catastrophe triggers diversification. *Nature* 542, 304-305 • COONEY CR, BRIGHT JA et al. (2017) Mega-evolutionary dynamics of the adaptive radiation of birds. *Nature* 542, 344-347 • ZHOU Z (2004) The origin and early evolution of birds: discoveries, disputes and perspectives from the fossil record. *Naturwissenschaften* 91, 455-471 • THOMAS GH (2015) An avian explosion. *Nature* 526, 516-517] R. Junker

■ **Urvogel *Confuciusornis* unerwartet „modern“**

Die Vogelgattung *Confuciusornis* gehört nach dem berühmten oberjurassischen „Urvogel“ *Archaeopteryx* zu den stratigraphisch ältesten Vögeln. Im Jahr 1995 wurden gut erhaltene fossile Exemplare dieser Gattung in großer Zahl in Süßwasserablagerungen der unteren Kreide im Nordosten Chinas gefunden. Während manche Merkmale (z.B. Becken, Finger, Schädel mit zwei Schläfenfenstern) als „ursprünglich“ eingestuft werden, besaß *Confuciusornis* – anders als *Archaeopteryx* und viele andere „Urvögel“ – einen Hornschnabel und eine Reihe weiterer „fortschrittlicher“ Merkmale. So hatte er keinen langen, reptilienähnlichen Schwanz, sondern wie heutige Vögel ein Pygostyl (mehrere verschmolzene Schwanzwirbel), an dem die Schwanzfedern



Abb.1 Von *Confuciusornis sanctus* sind zahlreiche Skelette fossil erhalten. (Eduard Solà, CC BY-SA 3.0)

fächerförmig ansitzen. Bei einigen Exemplaren ist auf dem Brustbein ein niedriger Kiel in der hinteren Hälfte zu erkennen; das Rabenbein ist ähnlich wie bei heutigen Vögeln lang und strebenförmig. Wie bei heutigen Vögeln dürften Ellbogen- und Handwurzelgelenk mechanisch gekoppelt gewesen sein, was ebenso wie das gut ausgebildete Federkleid mit asymmetrischen Flugfedern für eine Fähigkeit zu aktivem Flug spricht.

Die Lebensweise und die Art der Flugfähigkeit von *Confuciusornis* wurden dennoch kontrovers diskutiert (WANG et al. 2011, 1229). PETERS & JI (1998) hielten den Konfuzius-Vogel wegen der großen Schwingen für einen ausdauernden Segler; ob *Confuciusornis* klettern konnte, war bisher ebenfalls umstritten (z.B. FEDUCCIA 2001, 143; CHIAPPE et al. 1999, 1). NUDDS & DYKE (2010) hatten eine Studie veröffentlicht, wonach die Schäfte der Federn von *Confuciusornis* zu schwach für eine Tauglichkeit zu aktivem Flug gewesen seien, doch ihre Schlussfolgerungen wurden wegen methodischer Fehler zurückgewiesen (PAUL 2010; LONGRICH et al. 2012; LINGHAM-SOLIAR 2015).

Neue Einsichten zu diesen Fragen und weitere Erkenntnisse über die Flug- und Kletterfähigkeit brachten nun Untersuchungen mit Laser-unterstützter Fluoreszenzmikroskopie (FALK et al. 2016). Damit konnten bisher unbekannte Details der Weichteil Anatomie (Bänder, Muskeln, Sehnen) sichtbar gemacht werden. Sie zeigen, dass *Confuciusornis* „moderner“ gebaut war als bisher angenommen. Die Autoren stellen fest, dass *Confuciusornis* „eine Reihe relativ moderner Weichgewebe-Strukturen besaß, die fortschrittlicher waren, als erwartet werden konnte“ (FALK et al. 2016, 6). Außerdem konnten gut entwickelte und widerstandsfähige Flughäute (Pro- und Postpatagium an Innen- und Außenseite der Flügel) nachgewiesen werden, was laut FALK et al. enormen Auftrieb ermöglicht haben müsse und zusammen mit den robusten Federschäften für die

Fähigkeit zum aktiven Flug spreche. Die Autoren schließen unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen, dass das Flughautsystem früh entstand und ein gemeinsames Merkmal (Synapomorphie) aller Vögel sein könnte (FALK et al. 2016, 8).

Auch zur Flügelform konnten neue Erkenntnisse gewonnen werden; diese sei einzigartig gewesen, folgern FALK et al. aus dem erhaltenen Federkleid. Die Breite des Flügels unterstreiche einen anderen Flugstil als bisher angenommen und sei typisch für Vögel, die in einem dicht bewachsenen Lebensraum vorkommen und daher ein hohes Maß an Manövrierfähigkeit benötigen, oder auch für Segler. Sie schließen aus der Flügelstreckung (aspect ratio), dass *Confuciusornis* in seinem Lebensraum eher Manövrierfähigkeit als Geschwindigkeit benötigte.

Netzförmige Schuppen auf den Beinen, kräftige Fingerpolster und stark gebogene Klauen an den Zehen unterstützen nach FALK et al. nachhaltig die Rekonstruktion als baumlebender Vogel. Die netzförmigen Schuppen sind mehr abgerundet als schildförmig, was die Flexibilität der Zehen verbessert.

Aus den neuen Befunden schließen die Forscher insgesamt, dass *Confuciusornis* Kurzstrecken gut fliegen konnte und dass dieser Urvogel viele relativ „fortschrittliche“ („advanced“) vogeltypische anatomische Merkmale besaß. Insgesamt war der Konfuzius-Vogel also keinesfalls primitiv, weshalb die Autoren evolutionstheoretisch mutmaßen, dass seine modernen Merkmale viel früher als bisher angenommen entstanden sein müssten; ältere Gesteinsschichten könnten vielleicht entsprechende Antworten über Vorstufen bringen.

Erst kürzlich waren bei einem anderen Vogel aus Schichten der Unterkreide ebenfalls Weichteilmerkmale identifiziert worden, die als überraschend modern charakterisiert wurden und für eine sehr gute Flugfähigkeit sprechen (NAVALÓN et al. 2015), so dass auch in diesem Fall eine Revision bezüglich der Flugfähigkeit vorgenommen wurde: Die

Gegenvögel, zu welchen der Fund gerechnet wird, werden nun als gute Flieger angesehen.

Diese Befunde und Interpretationen sind letztlich aber nicht überraschend. Der Besitz asymmetrischer Federn wie bei *Confuciusornis* und anderen Vögeln aus Kreideschichten macht nur Sinn, wenn die betreffenden Arten flugfähig wären; dafür aber benötigen sie zugleich auch eine ausgefeilte passende Weichteil Anatomie. Flugfähigkeit erfordert einen Komplex von Merkmalen und Fähigkeiten – vom geeigneten „Baumaterial“ für die Federn bis zum Verhalten mit den dafür erforderlichen Gehirnleistungen und Rückkopplungsmechanismen. Eine schrittweise Entstehung einer Grundausstattung ist hier kaum denkbar. Die neuen Daten zu *Confuciusornis* bestätigen diese Sicht.

[CHIAPPE LM, JI SA, JI Q & NORELL MA (1999) Anatomy and systematics of the Confuciusornithidae (Theropoda, Aves) from the late Mesozoic of northeastern China. Bull. Amer. Mus. Nat. Hist. 242, 1-89 • FALK AR, KAYE TG, ZHOU Z & BURNHAM DA (2016) Laser fluorescence illuminates the soft tissue and life habits of the Early Cretaceous bird *Confuciusornis*. PLoS ONE 11(12): e0167284. doi:10.1371/journal.pone.0167284 • FEDUCCIA A (2001) The problem of bird origins and early avian evolution. J. Ornithol. 142 Sonderheft 1, 139-147 • HOU L, ZHOU Z, GU Y & ZHANG H (1995a) *Confuciusornis sanctus*, a new late Jurassic sauriurine bird from China. Chinese Sci. Bull. 40, 1545-1551 • HOU L, ZHOU Z, MARTIN LD & FEDUCCIA A (1995b) A beaked bird from the Jurassic of China. Nature 377, 616-618 • LINGHAM-SOLIAR T (2014) Feather structure, biomechanics and biomimetics: the incredible lightness of being. J. Ornithol. 155, 323-336 • LONGRICH NR, VINTHER J, MENG Q, LI Q & RUSSELL AP (2012) Primitive wing feather arrangement in *Archaeopteryx lithographica* and *Anchiornis huxleyi*. Curr. Biol. 22, 2262-2267 • 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 • PAUL GS (2010) Comment on „Narrow Primary Feather Rachises in *Confuciusornis* and *Archaeopteryx* Suggest Poor Flight Ability“. Science 330, 320b • PETERS D & JI Q (1998) The diapsid temporal construction of the Chinese fossil bird *Confuciusornis*. Senckenbergiana lethaea 78, 153-155 • WANG X, NUDDS RL & DYKE GJ (2011) The primary feather lengths of early birds with respect to avian wing shape evolution. J. Evol. Biol. 24, 1226-1231] R. Junker

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 (074 42) 8 10 06 · Fax (074 42) 8 10 08 · email sg@wort-und-wissen.de

