

STUDIUM INTEGRALE

Radiokarbon- Datierung



Erbgut Mensch
und Schimpanse



Neues aus dem
Holozän



Neuer
Archaeopteryx

Frühe Homininen

Sammelband über neueste Ergebnisse aus der Urmenschenforschung

Michael Brandt
Frühe Homininen.
Eine Bestandsaufnahme anhand
fossiler und archäologischer Zeugnisse.
Studium Integrale Special.
DIN A 4, Paperback, farbig, 204 Seiten,
117 Abbildungen, 10 Tabellen,
ISBN 3-978-7751-5848-0
24,95 EUR [D]/25,70 EUR [A]/37,50 CHF.

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

Frühe Homininen sind ein Brennpunkt evolutionsbiologischer Forschung. Dabei geht es um die zentrale Frage, ob der hypothetische Übergang von affenartigen Formen zum Menschen plausibel gemacht werden kann. In diesem Band werden zu verschiedenen Aspekten der frühen Homininen aktuelle Forschungsergebnisse vorgestellt und diskutiert.

Anhand neuester Fossil- und Werkzeugfunde wird in zehn Einzelbeiträgen gezeigt, dass nach aktueller Kenntnis eine deutliche Grenze zwischen eindeutig menschlichen und nichtmenschlichen Homininen begründet vertreten werden kann.

Der Autor beschäftigt sich seit etwa 30 Jahren mit der menschlichen Urgeschichte und mit Evolutionskritik.



Erhältlich auch bei:

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



Über den Laacher-See-Vulkan ist kürzlich heftig debattiert worden. Füllt sich im Untergrund eine Magmakammer und könnte der Vulkan wieder ausbrechen? Die neuen Messergebnisse können nicht eindeutig interpretiert werden. – Wann eigentlich ereignete sich der letzte und bislang einzige Ausbruch des Laacher-See-Vulkans? Michael KOTULLA berichtet in dieser Ausgabe von einem Fund von Baumstämmen, fünf Kilometer östlich des Laacher Sees (40 km südlich Bonn), die von den Auswurfprodukten der Laacher-See-Eruption meterhoch verschüttet wurden. Damit bot sich die Gelegenheit, den Versuch zu unternehmen, ein Datum der Eruption mit der Radiokarbon-Methode zu bestimmen. Die nun vorliegenden Ergebnisse der Radiokarbon-Konzentrationen von zwei Proben eines Baumstamms und

die daraus herkömmlicherweise abgeleiteten Radiokarbon-Alter stimmen mit bisherigen Veröffentlichungen überein: um 11.050 konventionelle bzw. um 12.900 kalibrierte Radiokarbon-Jahre vor heute (Bezugsjahr 1950). Aber können die kalibrierten Radiokarbon-Alter mit realem Alter gleichgesetzt werden? Die Radiokarbon-Zeitskala ist in ihrem jüngeren Abschnitt mit langen Baumringchronologien geeicht (kalibriert). Eine dieser aus vielen Bäumen zusammengesetzten Baumringchronologien reicht den Bearbeitern zufolge ununterbrochen von der Gegenwart bis etwa 12.500 Jahre zurück. Die Analyse der Konstruktion dieser langen Baumringchronologien macht allerdings deutlich, dass die Dendrochronologen für Alter vor dem ersten vorchristlichen Jahrtausend keinen Nachweis für die Gültigkeit ihrer Chronologien erbracht haben: Sie sind nicht extern bestätigt. Sie sind nicht ausschließlich mit der dendrochronologischen Methode (Kreuzdatierung) konstruiert, sondern durchweg direkt oder indirekt auf der Basis von Radiokarbon-Vordatierungen (Quasi-Zirkelschluss). Und sie sind nicht reproduzierbar, da die Rohdaten und Konstruktionsdaten nicht publiziert sind. Unter diesen Umständen und Voraussetzungen ist das reale Alter des verschütteten Baumstamms mit der derzeitigen Praxis der Eichung der Radiokarbon-Methode – so folgert KOTULLA – nicht bestimmbar.

Dieses Beispiel zeigt, dass Extrapolationen in die Vergangenheit schwierig sind und mit mehr oder weniger weitreichenden Annahmen behaftet sein können. Im Rahmen des Evolutions-Langzeitmodells wird bei der Frage der Herkunft des Menschen viel weiter in die Vergangenheit „gerechnet“. Während man lange Zeit vor allem Fossilfunde auswerten konnte, um mögliche Antworten zu entwickeln und zu bewerten, spielen seit einigen Jahrzehnten zunehmend genetische Ähnlichkeiten eine große Rolle. Wohl jeder an Ursprungsfragen Interessierte kennt hierzu die Zahl von 98-99 % Ähnlichkeit im Erbgut von Schimpanse und Mensch. Diese Zahl ist schon über 40 Jahre alt, häufig popularisiert worden und recht suggestiv. Muss eine so weitreichende Ähnlichkeit nicht notwendigerweise zur Schlussfolgerung führen, dass Mensch und Schimpanse gemeinsame Vorfahren haben? Manche Forscher waren ein Stück weit skeptisch, weil die anscheinend geringen genetischen Unterschiede nicht so recht zu den deutlichen gestaltlichen und sonstigen Unterschieden zu passen schienen. Zudem beruhte die Zahl 98-99 % nur auf einem Teil des Erbguts, der bis vor gut einer Dekade alleine einem Vergleich bei verschiedenen Arten zugänglich war. Mittlerweile stehen jedoch neue und genauere Analysemethoden zur Verfügung. Sie offenbaren deutlich andere Zahlen. Peer TERBORG zeichnet die Entwicklung in der Forschung bis zum aktuellen Stand des heutigen Wissens nach. Aufgrund heute vorliegender Daten legen sich andere Schlussfolgerungen nahe: Sind die tatsächlich enormen genetischen Unterschiede überhaupt durch evolutionäre Prozesse überbrückbar? Noch schwieriger rekonstruierbar sind mutmaßliche Abläufe in der Vergangenheit, wenn Indizien aus der Genetik zu ungenau sind und im Wesentlichen ausschließlich fossile Zeugnisse bewertet werden müssen. Im sechsten und letzten Teil der Serie über Vogelfedern und Vogelflug behandelt Reinhard JUNKER die Frage nach der Testbarkeit von Theorien. Wie können Feder- und Flugentstehungshypothesen mit Mitteln der Naturwissenschaft überhaupt getestet und ggf. widerlegt werden? Schließlich ist völlig ausgeschlossen, die hypothetischen Vorgänge experimentell nachzustellen. In der Praxis wird aus diesem Grund bei historischen Rekonstruktionen nicht mit Falsifizierung gearbeitet, sondern nach bestätigenden Befunden gesucht. Das kann aber nur funktionieren, wenn alle Antwortoptionen zugelassen werden, für die Indizien vorliegen. In der zusammenfassenden Darstellung der Ergebnisse zeigt der Autor, dass es gute Gründe für die Option Schöpfung gibt. Wird diese kategorisch ausgeschlossen, kann es durchaus sein, dass man an der „falschen Stelle“ sucht.

Auch viele weitere Beiträge dieser Ausgabe liefern Indizien für einen Schöpfer, seien es neue Entdeckung über einen unerwartet effizienten Energiestoffwechsel bei vermeintlich primitiven Mikroorganismen, Hygienemaßnahmen bei Ameisen zur Eindämmung der Ausbreitung von Krankheitserregern, komplexe Einrichtungen bei Fossilien, die heutigen Formen entsprechen, oder eine neu entdeckte Rolle von Introns (bestimmten Abschnitten von Genen), die eine vielseitige Verwendung des Erbguts erkennen lassen, um nur einige Beispiele zu nennen.

Für eine spannende Entdeckungsreise durch die vorliegende Ausgabe ist also gesorgt.

Ihre Redaktion **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL**

■ IMPRESSUM

Herausgeber

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

Redaktion

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

Korrespondenzadresse

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

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

Produktion

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

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen

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

Alle Rechte vorbehalten.

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

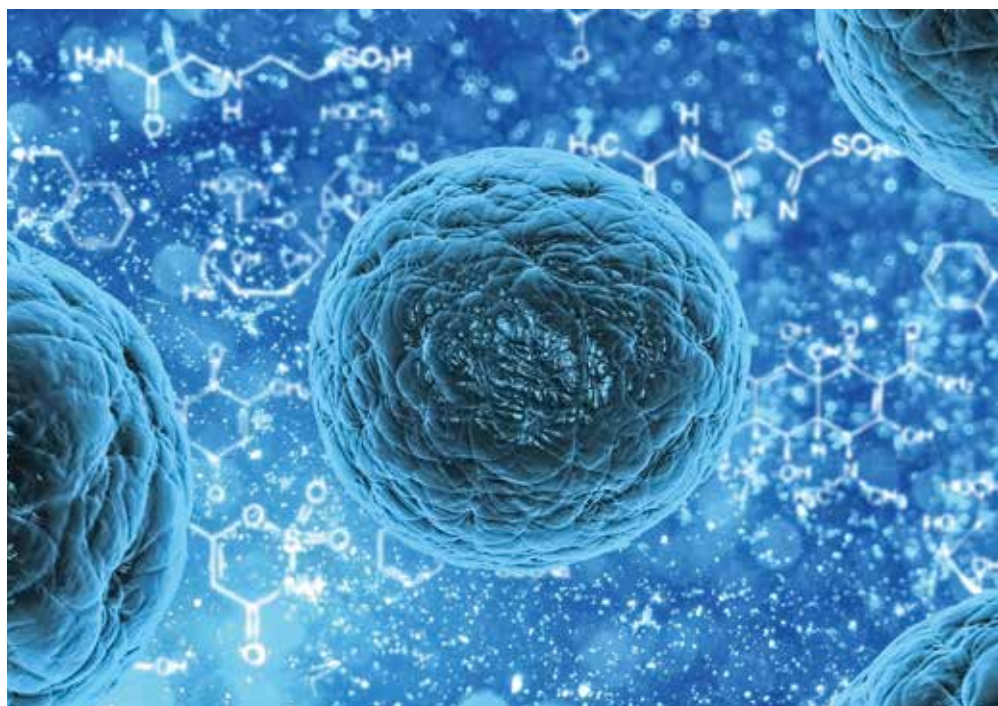
■ TITELBILD

Der Laacher See steht im Mittelpunkt einer
Untersuchung über Radiokarbon-Datierung,
über die Michael KOTULLA ab S. 19 berichtet.

(Foto: Pixabay)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

P. Terborg	Das Erbgut von Mensch und Schimpanse. Wie groß ist die genetische Verwandtschaft wirklich?	4
R. Junker	Vogelfedern und Vogelflug. 6. Testbarkeit von Flügentstehungstheorien und Fazit: Vogelfedern und Vogelflug als Indizien für Schöpfung	11
M. Kotulla	Ausbruch des Laacher-See-Vulkans. Zwei neue Radio- karbon-Alter eines verschütteten Baumes	19
B. Schmidtgal	Mikroorganismen als Energiekünstler. Der Energiehaushalt anaerober Mikroorganismen ist weder primitiv noch ineffizient	27

■ REZENSION

W. Lindemann	Wer sprach das erste Wort? (Martin Kuckenbug)	64
--------------	---	----



■ KURZBEITRÄGE

H.-B. Braun	Rücksichtsvolle Ameisen	35
H. Binder	Überraschung in Bernstein: Schlüpfende Florfliegenlarven	37
P. Terborg	Überraschende genetische Engpässe. Hinweis auf eine globale Dezimierung der Tierwelt?	39
M. Kotulla	Neues aus dem Holozän	43
N. Pailer	Das kurze Leben des Saturnrings	46
R. Junker	Neuigkeiten über alte Vögel	47
B. Schmidtgall	Neu entdeckte Rolle von Introns. Molekularer „Abfall“ erweist sich erneut als funktional	50
B. Schmidtgall	Entstehung von Urzellen – Rätsel endlich gelöst?	52

■ STREIFLICHTER

Mit oder ohne Streifen – Evolution oder präexistente Vielfalt?	56
Überraschender Fund in Bernstein: Larve eines Fächerflüglers	57
<i>Archaeopteryx albersdoerferi</i> – ein weiterentwickelter Urvogel?	58
Ursuppe richtig gemischt? Große Sicherheit bei unklarer Faktenlage	59
Spinne: ein Säugetier!	
Tandems nur für Spezialisten	60
Können Pflanzen hören?	61
Trilobiten bestätigen die „kambrische Explosion“	62
Tausendfüßer in Bernstein – erstaunlich ähnlich den heute lebenden	63



Das Erbgut von Mensch und Schimpanse

Wie groß ist die genetische Verwandtschaft wirklich?

Eines der populärsten Argumente für eine Abstammung des Menschen von affenartigen Vorfahren sind die Ähnlichkeiten im Erbgut von Mensch und Schimpanse. Die Zahl von ca. 99 % Gemeinsamkeiten wurde oft zitiert. Neuere, genauere Analysemethoden offenbaren jedoch deutlich andere Zahlen.

Peer Terborg

Einleitung und Rückblick

Im Jahr 2005 wurde der erste Entwurf des Genoms des Schimpansen abgeschlossen und die Ergebnisse in der renommierten britischen Wissenschaftszeitschrift *Nature* veröffentlicht. Sehr bald nach dem Entschlüsseln des Genoms des Schimpansen wurde dessen Sequenz mit der des Menschen verglichen. Nach dieser Veröffentlichung, die den Vergleich beider Genome präsentierte, schien es nicht mehr als 2 % Sequenzdifferenz zwischen den beiden Arten zu geben:

„Da wir mehr als 98 % unserer DNA und fast alle unsere Gene teilen, sind Schimpansen der beste Ausgangspunkt, um nicht die Gemeinsamkeiten, sondern die winzigen Unterschiede zu untersuchen, die uns ausmachen“ (GUNTER & DHAND 2005).

Dieses Ergebnis kam nicht unerwartet. Denn schon lange davor gab es bereits einen wissenschaftlichen Konsens, den wir auch in den

Medien wiederfinden, dass nämlich über 98 % unserer DNA-Sequenzen auch im Schimpansen angetroffen werden. Die nun möglich gewordene vergleichende Genom-Analyse war die Bestätigung. Aber ist dies wirklich so?

Vor etwa 50 Jahren entwickelten Dave E. KOHNE und Roy J. BRITTEN eine Methode, um DNA-Unterschiede zwischen Arten zu messen (BRITTEN 2002). Die Methode benutzte die Eigenschaft des DNA-Moleküls, Doppelstränge zu bilden. Je besser zwei DNA-Sequenzen sich paarweise zusammenlagern können, desto schwerer lassen sie sich bei Temperaturerhöhung wieder trennen. Die Trennung zweier DNA-Stränge bezeichnet man als das Schmelzen der Doppelhelix und man kann die Temperatur, bei der dies geschieht, sehr genau feststellen. Je besser die beiden DNA-Stränge zueinander passen, desto höher der Schmelzpunkt. Denn je mehr Basen (sozusagen die Buchstaben) der zwei verschiedenen DNA-Stränge sich paaren, desto stärker wird die Bindung zwischen den Strängen und desto

mehr Energie kostet es, sie zu trennen. Seit den Siebzigerjahren des vorigen Jahrhunderts wird der Schmelzpunkt der DNA-Stränge gemessen, um das Ausmaß der Homologie (Ähnlichkeit) zwischen den DNA-Sequenzen, die von zwei verschiedenen Organismen stammen, festzustellen. Mit dieser Methode wurde der Unterschied zwischen den DNA-Sequenzen von Mensch und Schimpanse auf 1,76 % bestimmt. Diese Zahl bestätigte mehr oder weniger den Unterschied, den man zwischen Hämoglobin und Myoglobin gefunden hatte, die sowohl im Menschen als auch im Schimpansen vorkommen (KING & WILSON 1975). Im Laufe der weiteren Forschung wurden jedoch Ergebnisse veröffentlicht, wonach unsere DNA immer mehr jener des Schimpansen zu gleichen schien. Eines der hervorragenden Institute im Bereich der vergleichenden DNA-Forschung ist das Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig. Im Jahre 2002 bestimmte eine dort tätige Arbeitsgruppe den genetischen Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse mit nur 1,2 %. Dieser winzige Unterschied wurde abermals in einer Ausgabe von *Nature* im Jahr 2003 betont (PÄÄBO 2003). Im selben Jahr meldete eine Gruppe von Evolutionsbiologen, dass der genetische Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse sogar nur 0,6 % betrage (WILDMAN et al. 2003). Die Evolutionsbiologen Scott PAGE und Morris GOODMAN gingen noch weiter und veröffentlichten eine Abhandlung, in der sie vorschlugen, Mensch und Schimpanse als zwei Mitglieder derselben Art aufzufassen (PAGE & GOODMAN 2001). Danach aber wurde die Next-Generation-Sequenzierung entwickelt und leitete damit eine Wende ein.

Im Jahre 2002 verglich Roy J. BRITTEN erneut eine große Menge DNA-Sequenzen des Menschen mit den Sequenzen des Schimpansen. Dieses Mal benutzte er die modernsten biologischen Techniken der direkten DNA-Sequenzierung, die mittlerweile völlig automatisiert worden waren. Die neuen Ergebnisse waren eindeutig. BRITTEN (2002) schrieb Folgendes in der amerikanischen Zeitschrift *Proceedings of the National Academy of Science*:

„Die Folgerung, dass wir 98,5 % unserer DNA-Sequenzen mit dem Schimpansen gemein haben, ist wahrscheinlich nicht richtig. [...] Eine bessere Einschätzung dürfte sein, dass 95 % der Nukleotiden der DNA des Menschen und Schimpansen ähnlich sind. Der Unterschied durch Basen-Substituten ist 1,4 % und es gibt noch einen zusätzlichen Unterschied von 3,4 % wegen des Vorkommens von Indels.“

Die Methode, die KOHNE und BRITTEN in den Siebzigerjahren des vergangenen Jahrhunderts anwandten, war nicht empfindlich genug, um Indels* (Insertionen und Deletionen, also Einschübe und Verluste) ausfindig zu machen.

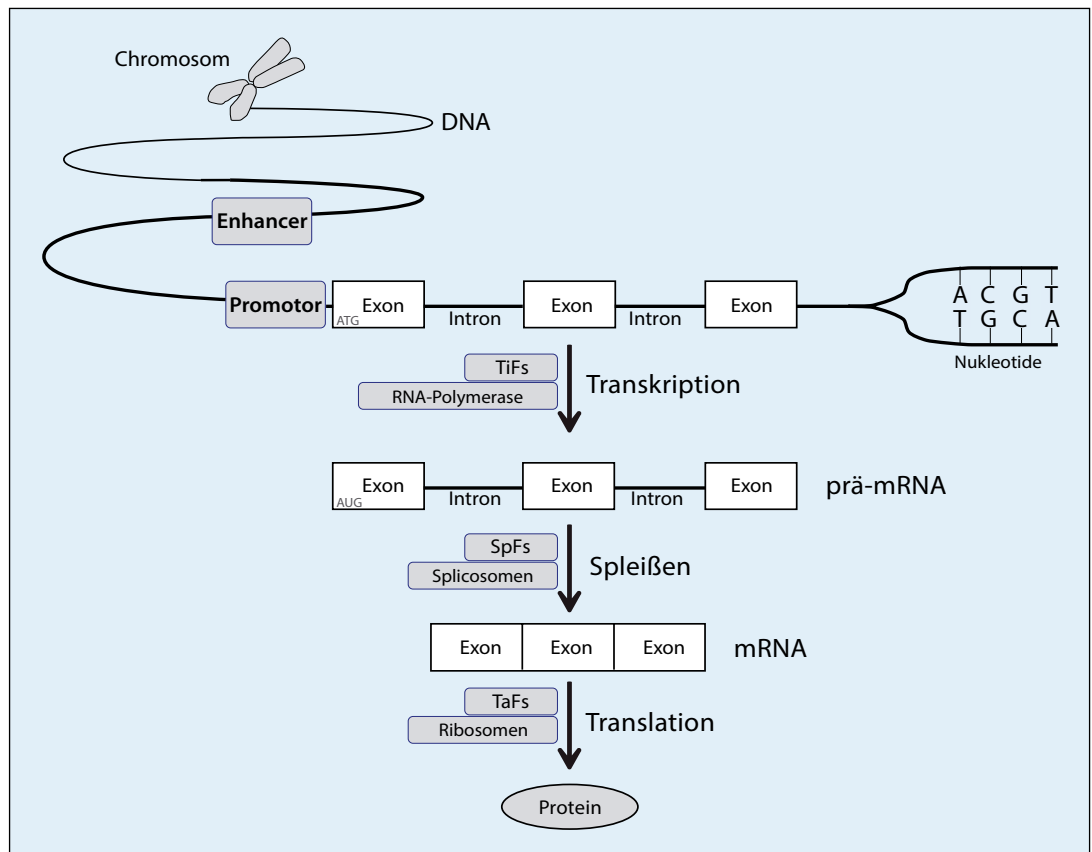
Kompakt

Um sich ein Bild von der Verwandtschaft verschiedener Organismen zu machen, können in unserer heutigen genetischen Ära Genome* direkt verglichen werden. Bezüglich des Erbguts von Mensch und Schimpanse herrscht jedoch nach wie vor erhebliche Unklarheit, insbesondere darüber, ob die beiden Genome nahezu identisch sind oder nicht. Diese Situation rührt daher, dass die Genome tatsächlich verschieden sind und man zuerst festlegen muss, was miteinander sinnvoll verglichen werden könnte. In den letzten zwei Jahrzehnten wurden viele vergleichende Genomstudien durchgeführt, die sich alle mit verschiedenen Aspekten des Genoms von Mensch und Schimpanse beschäftigten. Dies hat zu mehreren unterschiedlichen Prozentangaben bezüglich der Unterschiede geführt, die von weniger als 1 % Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse bis hin zu 6,4 % reichen. Um diese Unterschiede zu erklären, wird eine Literaturübersicht gegeben und auf die verschiedenen Prozentangaben eingegangen. Die Daten zeigen, dass die 1 %-Differenz unhaltbar ist, während die neuesten Studien zeigen, dass die zwei Genome zu etwa 16 % unterschiedlich sind.

Indels sind einzigartige DNA-Abschnitte, die man entweder nur im Menschen oder nur im Schimpansen antrifft (vgl. Abb. 2). Durch das Vorhandensein von Indels in den Protein-codierenden* DNA-Sequenzen werden sehr unterschiedliche Proteine synthetisiert. Die kleinen DNA-Abschnitte können nämlich große Folgen haben, wenn sie in Aminosäureabfolgen übersetzt werden und auf diese Weise die räumliche Struktur der Proteine bestimmen. Indels können *in-frame*-* oder *out-of-frame*-* Mutationen hervorrufen. Wenn sie *out of frame* sind, wird das Genproduct (Protein) meistens zerstört. Sind sie *in frame*, wird nur die Struktur des codierten Proteins gestört. Wenn die Indels lang genug sind oder (zufällig) an den „falschen“ Stellen sitzen, können die Proteine sogar ganz anders funktionieren.

Mit der alten Methode konnten die Forscher die Indels nicht wahrnehmen, denn sie bilden gleichsam eine Schlinge (oder Schleife), die keinen Einfluss auf die Schmelztemperatur des doppelten DNA-Stranges hat. Die hochmodernen Techniken, mit denen man gegenwärtig DNA-Sequenzen Buchstabe um Buchstabe analysiert, detektieren solche zusätzlichen DNA-Abschnitte jedoch problemlos. Die Indels werden heutzutage als Folge von Mutationen aufgefasst, die erst nach der evolutiven Trennung der beiden Spezies Mensch und Schimpanse eintraten. Im Jahr 2011 wurden 584 *humanspezifische konservierte Indels* (kurz: hCONDEL) genauer untersucht. Diese Sequenzen mit einer mittleren Größe von 2.804 bp* werden in allen Primaten vorgefunden, fehlen aber vollständig im menschlichen Genom.¹ Sie befinden sich fast ausschließlich in nicht-codierenden Regionen, und zwar häufig in der Nähe von Genen, die an der Signalweiterleitung von Steroidhormonen und an der neuronalen Funktion beteiligt sind, wo sie als regulatorische Elemente für die Genexpression* dienen können. Sie werden als gewebespezifische Verstärker (engl: enhancer*) diskutiert, die den regulatorischen Veränderungen zugrunde

Abb. 1 Die biologische Information, die in der Reihenfolge der Nukleotide (ATCG) der DNA vorliegt, befindet sich auf den Chromosomen, die die Gene enthalten. In höheren Organismen werden Gene aus Exons und Introns gebildet. Exons enthalten den Funktionscode, während Introns bei der Transkription (Umschreibung) herausgeschnitten werden. Durch Kombination verschiedener Exons können unterschiedliche Proteine gebildet werden. Die Transformation der Information in der DNA zur Herstellung von Proteinen erfolgt in mehreren Schritten. Zunächst bereiten Transkriptionsfaktoren (TiFs), die an Promotor- und/oder Enhancer-Sequenzen binden, die Abstimmung auf die RNA-Polymerase vor, das Enzym, das das Gen in ein Prä-Messenger-RNA (prä-mRNA)-Molekül transkribiert. Anschließend werden die Introns durch Enzyme, die als Spleißfaktoren (SpFs) bezeichnet werden, herausgeschnitten, was zur Bildung der reifen Boten-RNA (mRNA) führt, die nur die Exons enthält. Im letzten Schritt wird die mRNA in ein Protein übersetzt, das von den Ribosomen, einem Proteinkomplex, durchgeführt wird.



liegen können, die für die evolutionäre Divergenz von Mensch und Schimpanse notwendig sind (McLEAN et al. 2011). Interessanterweise wurde etwa die Hälfte dieser hCONDELs bei archaischen Menschen (Neandertaler und Denisovaner*) nachgewiesen, was zeigt, dass sie aus dem Genom des heutigen Menschen verloren gegangen sind (CSEHATI et al. 2018).

Wenn man genetische Unterschiede zwischen den Arten feststellen möchte, müssen die Indels unbedingt berücksichtigt werden.

Wenn man genetische Unterschiede zwischen den Arten feststellen möchte, sollten die Indels unbedingt berücksichtigt werden. Mit der Entdeckung der Indels ist der genetische Unterschied zwischen Menschen und Schimpansen auf fast 5 % angestiegen. BRITTENS Korrektur wurde später von der populärwissenschaftlichen Zeitschrift *The New Scientist* übernommen (COGLAN 2002). Trotzdem blieb dieses Ergebnis nahezu unbeachtet. Drei Jahre nach der Veröffentlichung von BRITTENS Ergebnissen meldete jedoch auch *Science*, dass der Unterschied 5 % betrage, wenn man die Indels mit einbezieht (CULOTTA 2005). Dennoch wurde weiterhin behauptet, dass Mensch und Schimpanse/Bonobo nur 1,3 % unterschiedlich seien (PRÜFER et al. 2012), ein Prozentsatz, der dazu dient, die Abstammungsgeschichte zu popularisieren (WONG

2014). Eine detaillierte Literaturrecherche zeigt jedoch, dass seit BRITTENS Korrektur Hunderte vergleichende DNA-Analysen veröffentlicht worden sind, die bis heute alle von 1–2 % Unterschied berichten. Was könnten die Gründe für die Diskrepanz zwischen diesen Daten und jenen BRITTENS sein?

Der Prozentsatz von 1–2 % zirkuliert bereits mehr als 20 Jahre in der biologischen Fachliteratur, in Zeitungen und in öffentlichen und sozialen Medien bis zum heutigen Tag. Dennoch kann er nur weiter propagiert werden, indem man die Rohdaten der biologischen Analysen im Voraus einer Datenauslese unterwirft. Die Algorithmen, die angewandt werden, um die evolutionären Analysen durchzuführen, sind derart programmiert, dass sie Indels als genetische Unterschiede automatisch verwerfen. Dennoch belegte BRITTEN in 2002, dass Indels sogar den größten Teil der genetischen Unterschiede zwischen den Arten bilden. Vergleichende genetische Analysen sollen den Unterschied zwischen den Sequenzen von zwei oder mehr Organismen feststellen. Darum dürfen Indels hier keinesfalls fehlen. Diese Analysen zeigen allerdings, dass die hauptsächlichsten Unterschiede nicht im homologen Teil der Genome vorhanden sind. Wir müssen auf die Suche gehen nach dem Teil der Sequenzen des menschlichen Genoms, der nicht im Schimpansen-genom vorhanden ist. Und genau diesen Teil können wir auffindig machen mit einer direkten Sequenzabgleichung der beiden Genome.

Der wirkliche Unterschied

Die Entschlüsselung der ganzen Sequenz des menschlichen Genoms wurde 2004 fertiggestellt (International Human Genome Sequencing Consortium). Etwa zur gleichen Zeit standen auch die ersten Daten des Schimpansen-Genoms zur Verfügung. Einer der größten Vorteile der modernen genetischen Analysen ist, dass man die DNA-Sequenzen direkt, Buchstabe um Buchstabe, miteinander vergleichen kann. So kann man die Schimpansen-Chromosomen neben diejenigen des Menschen legen und dadurch genau feststellen, wo sich Unterschiede ergeben. Dadurch kann man einzigartige Gene und Sequenzen aufspüren. Das war zuvor nicht möglich. Im Jahre 2005 wurden die ersten ausführlichen quantitativen Studien veröffentlicht, in denen die zwei Genome Buchstabe um Buchstabe verglichen wurden. Es zeigte sich, dass von den 2,8 Milliarden DNA-Buchstaben – den Nukleotiden – der menschlichen DNA nur 2,4 Milliarden übereinstimmten mit denen des Schimpansen.² Das ist also ein absoluter, genetischer Unterschied von 15 %. Außerdem fand das Konsortium im menschlichen Genom Dutzende von einzigartigen Protein-codierenden Genen ohne Gegenstück im Schimpansen-Genom (The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium). Eine weitere Überraschung dieser vergleichenden Genom-Studien war, dass mindestens 17 Gene, die im Schimpansen funktionell sind, im Menschen durch Mutationen inaktiviert wurden (The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium). Das Genom des Schimpansen beherbergt beispielsweise ein Gen, das für das Protein *Caspase 12* codiert. Im *Caspase*-Gen des Menschen gibt es mehrere Mutationen, wodurch ein funktionelles Protein nicht synthetisiert werden kann. Die Genome besitzen offensichtlich Gene, die nicht gleichermaßen lebensnotwendig sind und leicht inaktiviert werden können. Das aktive *Caspase*-Protein startet normalerweise ein genetisches Apoptose-(Zelltod-)Programm, das

Zellen mit einer gestörten Kalzium-Homeostase auflöst und auf diese Weise das Entstehen von Alzheimer verhindern kann. Das funktionelle *Caspase*-Protein, das bei Schimpansen angetroffen wird, erklärt somit, weshalb Alzheimer nicht bei diesen Affen vorkommt. Anscheinend

Von den 2,8 Milliarden DNA-Buchstaben der menschlichen DNA stimmten nur 2,4 Milliarden mit denen des Schimpansen überein.

beeinträchtigt die Inaktivierung des *Caspase*-Gens nicht den Erfolg, mit dem der Mensch sich fortpflanzt. Der redundante Charakter von *Caspase 12* erklärt, warum das Gen defekt werden konnte. Die vergleichende Genom-Analyse aus dem Jahr 2005 zeigte außerdem defekte und inaktive Gene im Genom des Schimpansen. Diese Tatsache lässt im Rahmen evolutionstheoretischer Modellierungen auf eine erstaunliche Eigenschaft der mutmaßlichen Vorfahren beider Lebewesen schließen: Sie müssten genetisch viel reichhaltiger gewesen sein als die heutigen getrennten Arten. Anders gesagt: Der moderne Mensch und der heutige Schimpanse wären genetisch verarmte Organismen, wenn sie von einem gemeinsamen Vorfahren abstammen würden.

2006 erschien eine erweiterte Studie, in der alle Protein-codierenden Gene verglichen wurden, die man in beiden Organismen findet, sogenannte Homologe. Danach weist das Genom des Menschen mehr als 689 Gene auf, die beim Schimpansen nicht vorkommen, während Schimpansen 86 Gene besitzen, die den Menschen fehlen (DEMUTH 2006). Das sind viele, wenn man in Betracht zieht, dass das Genom des Menschen insgesamt etwa 21.000 Protein-codierende Gene umfasst. Zudem gibt es große Unterschiede bezüglich der absoluten Zahl der Gene, da von den gleichen Genen mehr oder weniger im Genom vorkommen können, die

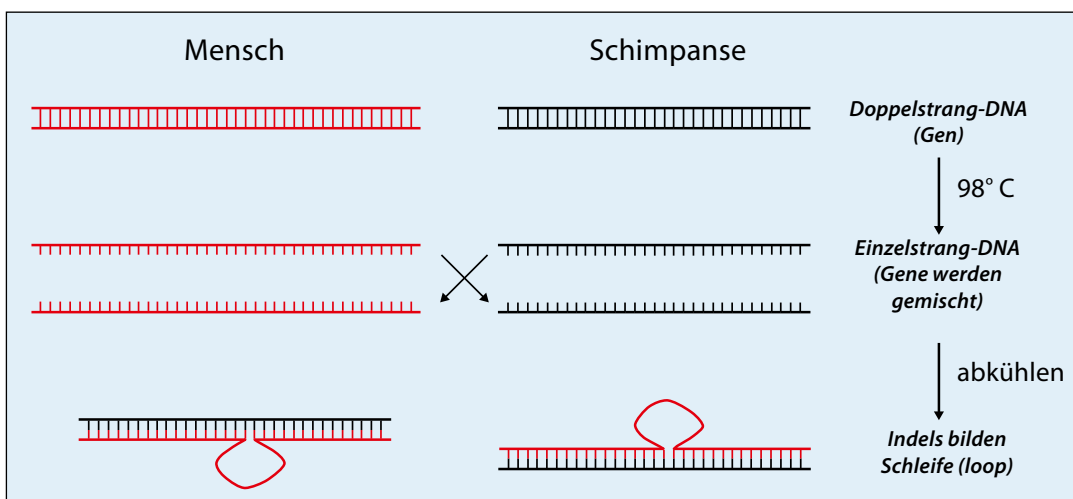


Abb. 2 Wenn zwei homologe Gensequenzen verschiedener Arten wie Mensch und Schimpanse geschmolzen und dann miteinander gemischt werden, bildet nur der komplementäre Teil der Sequenzen einen doppelten hybriden DNA-Strang. In der Abbildung ist die menschliche Sequenz durch das Indel* länger, das im Schimpansen nicht zu finden ist. Das Indel kann keinen Doppelstrang bilden und bildet eine Schleife (loop), eine DNA-Struktur, die mit den in den 1970er-Jahren verwendeten Techniken nicht erkannt werden konnte.

Glossar

BLASTN-Algorithmus mit Gap-Extension:

Sequenzierungssoftware. In der Bioinformatik ist BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) ein Algorithmus zum Vergleich von primären biologischen Sequenzinformationen, wie beispielsweise den Aminosäuresequenzen von Proteinen oder den Nukleotiden von DNA- und/oder RNA-Sequenzen. Der Gapped BLAST-Algorithmus ermöglicht es, Lücken (Indels) in die zurückgegebenen Ausrichtungen einzubringen. Das Zulassen von Lücken bedeutet, dass ähnliche Regionen nicht in mehrere Segmente zerlegt werden, und neigt dazu, biologische Zusammenhänge stärker zu reflektieren. Bei der Gap-Extension-Methode werden Indels als Differenzen ausgewiesen.

bp: Abkürzung für Basenpaar der DNA

Copy-number-variation (CNV): Das Phänomen, bei dem Abschnitte des Genoms wiederholt werden und die Anzahl der Wiederholungen im Genom zwischen den Individuen (hier: zwischen Menschen und Schimpansen) variiert.

Denisovaner: Ausgestorbene Frühmenschen aus Asien.

Enhancer: ein Stück DNA (50–1500 Basen), das dazu dient, Aktivatorproteine zu binden, um die Transkription eines bestimmten Gens zu erhöhen.

exprimieren: Das Ablesen und Nutzen von Genen.

Genom: das komplette Erbgut (DNA) eines Organismus.

HAR (human accelerated region): DNA-Sequenzen, die viele Änderungen (Mutationen) aufweisen im Vergleich mit den entsprechenden Genen des Schimpansen.

Genexpression: → exprimieren.

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

In frame Mutation: eine genetische Mutation, die durch Einfügen einer Anzahl von Nukleotiden in eine DNA-Sequenz verursacht wird, die durch drei teilbar ist. Das wird den Proteincode nicht stören.

lncRNA (long non-coding RNA): größeres, nicht-codierendes RNA-Molekül (>200 Nukleotide lang), das in Pflanzen und Tieren vorkommt. Diese RNA-Moleküle werden nicht in Proteine übersetzt und haben mehrere biologische Funktionen durch direkte Interaktionen mit DNA und/oder RNA.

MikroRNA (abgekürzt miRNA): ein kleines, nicht-codierendes RNA-Molekül (etwa 22 Nukleotide lang), das in Pflanzen, Tieren und einigen Viren vorkommt. Es fungiert als post-transkriptioneller Regulator der Genexpression.

Orphan-Gen: Gene, die nur in einer bestimmten Art vorkommen.

Out of frame Mutation: Eine genetische Mutation, die durch Einfügen einer Anzahl von Nukleotiden in eine DNA-Sequenz verursacht wird, die nicht durch drei teilbar ist. Das wird den Proteincode zerstören.

Promotor: Ein spezifisches Stück der DNA, das direkt dem Gen vorgelagert ist, welches die Transkription eines Gens initiiert.

Protein-codierende DNA-Sequenzen: Solche Sequenzen der DNA (bzw. Gene), die in Proteine übersetzt werden. Viele andere Sequenzen erfüllen verschiedenste regulatorische Aufgaben („nicht-codierende DNA“).

man als *copy-number-variations* (CNV)* bezeichnet. Werden die homologen Gene eins zu eins abgeglichen, findet man einen Unterschied von 6,4% (COHEN 2007). Es ist derzeit nicht bekannt, was diese CNV bedeuten. Obwohl sie zur genetischen Variabilität beitragen, vermutet man derzeit, dass sie bezüglich der phänotypischen Unterschiede zwischen Mensch und Schimpanse keine besondere Rolle spielen.

Im Jahr 2010 wurden die Y-Chromosomen von Mensch und Schimpanse neu sequenziert und genauer verglichen. Die genetischen und strukturellen Unterschiede der menschlichen MSY-Sequenz (d.h. die männliche spezifische Region) waren enorm. Verteilt über die gesamte menschliche MSY-Region gibt es 27 verschiedene Genfamilien (78 Gene), während Schimpansen nur 18 verschiedene haben (37 Gene). Im Y-Chromosom gibt es also *de novo*-Information, Gene, die nur im Menschen vorhanden sind und

die eine Rolle bei der Entwicklung der Hoden zu spielen scheinen (HUGHES et al. 2010). Die Autoren fassten ihre Ergebnisse wie folgt zusammen: „Der Unterschied im MSY-Gengehalt beim Schimpansen und beim Menschen ist eher vergleichbar mit dem Unterschied im autosomalen Gengehalt beim Huhn und beim Menschen, nach 310 Millionen Jahren Trennung.“

Die neuesten Analysen ermittelten 634 einzigartige *de novo*-Gene beim Menschen und 780 beim Schimpansen (RUIZ-ORERA 2015). Möglicherweise kann diesen sogenannten *Orphan-Genen** mehr Aussagekraft zugeschrieben werden, da sie den wirklichen Unterschied auf Protein-Ebene darstellen. Diese Gene (überwiegend lncRNA* und kleine Protein-Gene) werden vorwiegend im Gehirn exprimiert und gelten als neue und einzigartige genetische Informationen unbekannter Herkunft. Obwohl sich die potenzielle Funktion einiger dieser Gene aus ihrer Sequenz ableiten lässt, bleiben die Funktionen der meisten von ihnen unklar. Dies ist nicht zuletzt deshalb der Fall, weil sie nicht an Modell-Labortieren untersucht werden können, weil die Modellorganismen solche Gene nicht besitzen. Dennoch sind diese einzigartigen und artspezifischen Gene die Kandidatengene, um artspezifische Eigenschaften und Merkmale zu definieren. Und hier, im Bereich der Orphan-Gene, begegnen wir einer großen Überraschung der aktuellen Biologie: den Mikro-RNA-Genen*.

Neue Informationen kennzeichnen die Arten

Mit der überraschenden Entdeckung von Tausenden neuen Mikro-RNA-Genen erhielten die Forscher im Jahr 2007 schon einen kleinen Vorgeschmack der biologischen Revolution, die ihnen in diesem Bereich bevorstand. Diese Gene codieren für kurze RNA-Moleküle, die die Expression von Hunderten anderen Genen regulieren können. Diese erst kürzlich im Genom entdeckten RNA-Gene erweisen den qualitativen Unterschied zwischen Menschen und Schimpansen als noch größer als zuvor bekannt. Mit Hilfe der modernsten Techniken wurden sowohl beim Schimpansen als auch beim Menschen sogar völlig neue einzigartige RNA-Gen-Familien entdeckt. Die Gruppe um den holländischen Genom-Forscher Ronald PLASTERK beschrieb im Jahr 2006 447 neue, unbekannte Mikro-RNA-Gene, die nur im Gehirn von Primaten angetroffen wurden. Von diesen Genen waren 36 einmalig für den Menschen und 25 wurden nur im Schimpansen aufgefunden (BEREZIKOV et al. 2006, PONTING & LUNTER 2006). Seither hat sich die Anzahl der

Quelle	Anzahl bp analysiert	Anzahl bp aligned	Berichtete Ähnlichkeit	Tatsächliche Ähnlichkeit
King et al. 1976	„Single copy DNA“ (~5% des Genoms)	unbekannt*	98,24%	unbekannt*
Page & Goodman 2001	<10.000	unbekannt	99,6%	unbekannt
Britten 2002	846.016	779.132	95,2%	87%
Wildman et al. 2003	90.000 Exons in 97 Genen	unbekannt	99,4%	unbekannt
Chimp Sequence Consortium 2005	Ganzes Genom	2,4 Milliarden	95,8%	85%**
Tomkins 2017	555 Millionen	555 Millionen	84%	84%

Tab. 1 Zusammenfassung der in diesem Artikel erwähnten Arbeiten zum Vergleich der Genome von Mensch und Schimpanse. Soweit möglich wurden Zahlen anhand der in den Artikeln veröffentlichten Sequenzdaten ergänzt, um die wirklichen Ähnlichkeiten zu rekonstruieren. Nur wenn die Arbeiten alle Datensätze enthalten, ist eine genaue Überprüfung der Publikationen möglich.
bp = Basenpaare.
* Die Methode erlaubt keine Schätzung.
**Nur 2,4 Milliarden bp der Sequenzen des Schimpansen-Genoms wurden im 2,8-Milliarden-bp-Human-genom gefunden.

miRNAs beim Menschen vervielfacht (2555 wurden 2013 gemeldet).³ Voraussichtlich wird etwa ein Drittel von ihnen schließlich als echte miRNA validiert, wodurch sich die Informationslücke zwischen Mensch und Schimpanse weiter vergrößern wird.⁴ Schon diese Daten belegen, dass einmalige, einzigartige mikro-RNA-Gene die Genome von Mensch und Tier charakterisieren.

Darüber hinaus wurde noch eine Familie von Sequenzen angetroffen, die, bekannt als HARs*, das Genom des Menschen kennzeichnen. Die Abkürzung HAR steht für *human accelerated regions*. Es sind überwiegend RNA-Gene, die viele Änderungen (Mutationen) aufweisen im Vergleich mit den entsprechenden Genen des Schimpansen. Im menschlichen Genom gibt es mehr als 2700 solcher HARs. Oft haben sie sehr spezifische Merkmale. Das HAR1F-Gen wird z.B. nur in einem besonderen Typ Gehirnzellen, den *Cajal-Retzius-Zellen*, vorgefunden. Dort bestimmt das Gen, wie die sechs Schichten der Gehirnrinde während der embryonalen Entwicklung gefaltet werden müssen. Interessanterweise kommt das HAR1F-Gen nur bei den Primaten vor und ist nahezu *monomorph*. Das heißt, dass Schimpansen, Gorillas und Orang-Utans alle dieselbe Gen-Sequenz besitzen. Das HAR1F-Gen des Menschen aber unterscheidet sich auf 18 Positionen im Vergleich mit dem des Schimpansen. Außerdem sind diese Positionen mit den Unterschieden nicht zufällig betroffen. In der funktionellen RNA – für die dieses Gen codiert – bilden sie nämlich eine interne Schleife („loop“), welche durch eine Positionsbestimmung von jeweils zwei Nukleotiden, die wie ein winziger Reißverschluss wirken, stabilisiert wird (TERBORG & TRUMAN 2007). Diese Positionsbestimmung kann nicht graduell entstanden sein. Der Reißverschluss kann nur mittels einer paarweisen Positionierung gestaltet sein. Falls die Nukleotide nicht paarweise vorkommen, kann die Schlinge nicht stabilisiert werden. Eine instabile Schlinge würde vermutlich keinen reproduktiven Vorteil einbringen. Die HAR1F-Gene des Menschen besitzen quasi eine nicht-reduzierbare Komplexität. Sollte das HAR1F-

Gen schrittweise entstanden sein, so würde man nachweisen müssen, dass jede einzelne Mutation einen Vorteil ergibt und somit selektiert werden kann. Im Falle der HAR1F erscheint das als ein eher unwahrscheinlicher Vorgang.

Darüber hinaus zeigten Promotor*-Studien bei modernen Menschen und Schimpansen große Unterschiede. Es wurde festgestellt, dass nur 6.050 der 9.329 Promotor-Sequenzen ähnlich sind, während die Ähnlichkeit der übrigen Promotoren (35%) weniger als 90% betrug. Detaillierte Studien des Chromosoms 21 zeigten, dass die Promotoren der Schimpansengene oft sehr unterschiedlich reguliert waren im Vergleich zu den menschlichen Pendanten (DEYNEKO 2010). Zusätzliche Studien erweisen auch große Unterschiede zwischen der Promotor-Aktivität bei Mensch und Schimpanse, da bis zu 10% der Gene, die im Gehirn exprimiert* werden, bei den beiden Arten unterschiedlich exprimiert werden (HEISSIG 2005). Dies ist von Bedeutung, da es die Gehirnaktivität und die höheren kognitiven Funktionen beeinflusst.

16 % statt 1 %

Der genetische Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse ist nicht nur quantitativ, sondern es gibt einen echten qualitativen Unterschied in Form neuer genetischer Information. Dies wurde 2018 umso deutlicher, als der Genomforscher Jeffrey P. TOMKINS nochmals über 540 Millionen Basenpaare hochwertiger (zuverlässig sequenzierter) Schimpansen-DNA mit dem menschlichen Genom unter Verwendung des BLASTN-Algorithmus mit Gap-Extension* verglich. Er beobachtete eine Nukleotid-Identität von nur 84%, also eine Differenz von 16% (TOMKINS 2018). Die heutige Biologie konfrontiert uns mit völlig neuer, artenspezifischer biologischer Information und mit einer unerwarteten Meta-Informationsebene wie der RNA-Gene, die die Expression anderer biologischer Information regulieren. Mehrere hundert Protein-codierende Gene, lncRNA- und Mikro-RNA-Gene tragen dazu bei, dass

die Genome von Mensch und Schimpanse viel verschiedener sind als bisher angenommen. Die Unterschiede sind am gravierendsten auf der Ebene der Genregulation, da ein Drittel der Promotor-Regionen der homologen Gene sehr unterschiedlich sind. Das bedeutet, dass nicht die „Werkzeuge“, die Protein-codierenden Gene an sich, die phänotypischen Unterschiede zwischen den beiden Kreaturen bestimmen, sondern vielmehr die Art und Weise, wie diese Werkzeuge exprimiert werden. Darüber hinaus bilden eine große Menge von miRNA-Genen sowie die HAR-Sequenzen die genetischen Grundlagen der mentalen und kognitiven Unterschiede.

Der 1–2 %-Genom-Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse entspricht einem veralteten Wissensstand.

Die sequenzierten Genome der archaischen Menschen, Neandertaler und Denisovaner, sind dem modernen Menschen viel ähnlicher und unterscheiden sich stark vom Schimpansen. Die gemeinsame Abstammung des archaischen und modernen Menschen ist in der Regel leicht nachzuvollziehen, lässt aber die Schimpansen als Außengruppe zurück (O'Micks 2018). Die Daten des 21. Jahrhunderts zeigen, dass die genetische Kluft zwischen Mensch und Schimpanse sehr viel größer ist, als bisher angenommen und von den Medien popularisiert wurde. Wenn in den Medien noch immer propagiert wird, dass es einen nur 1–2%igen genetischen Unterschied zwischen Menschen und Schimpansen gibt, ist das ein veralteter Wissensstand, mit dem man zu Unrecht suggeriert, dass der Mensch nur ein höherentwickelter Affe sei.

Anmerkungen

- ¹ Man könnte sie als menschenpezifische Deletionen (Verluste) bezeichnen, aber diese Bezeichnung basiert auf der Annahme einer gemeinsamen Abstammung aller Primaten. Der Begriff „Deletion“ impliziert, dass die Sequenzen in der menschlichen Linie existierten und im Laufe der Zeit verloren gingen, was jedoch bereits eine evolutionstheoretische Interpretation ist.
- ² Mittlerweile weiß man, dass es etwas mehr als 3 Milliarden Bausteine sind.
- ³ <http://mirnablog.com/how-many-unique-mature-human-mirnas-are-there/>
- ⁴ In einer persönlichen Mitteilung gab David FROMM, ein Experte für menschliche miRNAs, bekannt, dass der funktionell validierte Satz von humanspezifischen miRNAs-Genen derzeit etwa 130 miRNA-Genfamilien umfasst. Die validierende Arbeit geht sehr langsam voran, da die funktionellen Studien sehr zeitaufwändig sind.

Quellen

- BEREZIKOV E et al. (2006) Diversity of microRNAs in human and chimpanzee brain. *Nature Genetics* 38, 1375–1377.
- BRITTEN RJ (2002) Divergence between samples of chimpanzee and human DNA sequences is 5%, counting indels. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 99, 13633–13635.
- COGHLAN A (2002) Human-chimp DNA trebled. *New Scientist* 2002, September 23.
- COHEN J (2007) Relative differences: The myth of 1%. *Science* 316, 1836.
- CSEHATI MF, MOOTER ME, PETERSON L, WICKS B, XIAO P, PAULEY M & GUDA C (2018) Motifome comparison between modern human, Neanderthal and Denisovan. *BMC Genomics*. 19, 472.
- CULOTTA E (2005) Chimp genome catalogs differences with humans. *Science* 309, 1468–1469.
- DEMUTH JP, DE BIE T, STAJICH JE, CRISTIANINI N & HAHN MW (2006) The evolution of Mammalian gene families. *PLoS ONE* 2006. 1(1): e85.
- DEYNEKO IV, KALYBAEVA YM, KEL AE & BLÖCKER H (2010) Human-chimpanzee promoter comparisons: property-conserved evolution? *Genomics* 96, 129–133.
- GUNTER C & DHAND R (2005) The chimp genome. *Nature* 437, 47.
- HEISSIG F, KRAUSE J, BRYK J, KHAITOVICH P, ENARD W & PÄÄBO S (2005) Functional analysis of human and chimpanzee promoters. *Genome Biol.* 6, R57.
- HUGHES JF et al. (2010) Chimpanzee and human Y chromosomes are remarkably divergent in structure and gene content. *Nature* 463, 536–539.
- International Human Genome Sequencing Consortium. Finishing the euchromatic sequence of the human genome. *Nature* 431, 931–945.
- KING MC & WILSON AC (1975) Evolution at two levels in humans and chimpanzees. *Science* 188, 107–116.
- MCLEAN CY, RENO PL et al. (2011) Human-specific loss of regulatory DNA and the evolution of human-specific traits. *Nature* 471, 216–219.
- O'MICKS J (2018) Baraminic analysis of archaic and modern human genomes. *J. Creation* 32, 82–87.
- PÄÄBO S (2003) The mosaic that is our genome. *Nature* 421, 409–412.
- PAGE SL & GOODMAN M (2001) Catarrhine phylogeny: noncoding DNA evidence for a diphyletic origin of the mangabeys and for a human-chimpanzee clade. *Mol. Phylogenet. Evol.* 18, 14–25.
- PONTING CP & LUNTER G (2006) Evolutionary biology: human brain gene wins genome race. *Nature* 442, 149–150.
- PRÜFER K et al. (2012) The bonobo genome compared with the chimpanzee and human genomes. *Nature* 486, 527–531.
- RUIZ-ORERA J, HERNANDEZ-RODRIGUEZ J et al. (2015) Origins of *de novo* genes in human and chimpanzee. *PLoS Genet* 11(12): e1005721.
- TERBORG P & TRUMAN R (2007) The HAR1F gene: a Darwinian paradox. *J. Creation* 21, 55–57.
- The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium. Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome. *Nature* 437, 69–87.
- TOMKINS JP (2018) Comparison of 18,000 *de novo* assembled chimpanzee contigs to the human genome yields average BLASTN alignment identities of 84%. *Answers Res. J.* 11, 205–209. www.answersingenesis.org/arj/v11/chimpanzee_contig.pdf
- WILDMAN DE et al. (2003) Implications of natural selection in shaping 99.4% nonsynonymous DNA identity between humans and chimpanzees: enlarging genus *Homo*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 100, 7181–7188.
- WONG K (2014) The 1 percent difference. Genome comparisons reveal the DNA that distinguishes *Homo sapiens* from its kin. *Sci. Am.* 311, 100.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Peer Terborg Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn; E-Mail: sg@wort-und-wissen.de



Vogelfedern und Vogelflug

6. Testbarkeit von Flugentstehungstheorien und Fazit: Vogelfedern und Vogelflug als Indizien für Schöpfung

Wie können Feder- und Flugentstehungshypothesen getestet und ggf. widerlegt werden? In der Praxis wird bei historischen Rekonstruktionen nicht mit Falsifizierung gearbeitet, sondern es wird nach bestätigenden Befunden gesucht. Das kann aber nur funktionieren, wenn alle Antwortoptionen zugelassen werden.

Reinhard Junker

Die bisherigen fünf Teile dieser Artikelserie handelten von Bau und Feinbau der Vogelfedern und ihrer Verankerung; Modelle zu ihrer Entstehung wurden erläutert und bewertet, fossile Funde vorgestellt, die Hinweise zur Entstehung von Federn geben könnten, und Flugentstehungstheorien besprochen. Es wurde gezeigt, dass alle vorgeschlagenen Modelle zur Entstehung des Vogelflugs vage sind, kaum die zahlreichen für Federn und Flug erforderlichen Details beachten, große Änderungsschritte beinhalten, die von einer selektierbaren Fortbewegungsweise zur nächsten überwunden werden müssten, und kaum testbar sind.

Bezüglich des letzten Punktes stellt sich die Frage, wie historische Hypothesen (Hypothesen über die erstmalige Entstehung) überhaupt getestet und ggf. falsifiziert werden können. Einige Autoren betrachten auf diesem Gebiet Falsifizierung (Versuche der Widerlegung) als

falschen Weg; vielmehr seien in historischen Fragen *bestätigende Befunde* gefragt. Solche methodischen Fragen werden überraschend selten in der biologischen Fachliteratur behandelt. Im Folgenden sollten zunächst Kriterien vorgestellt werden, anhand derer Feder- und Flugentstehungstheorien getestet werden. Danach wird der Frage nachgegangen, warum „Schöpfung“ als Erklärung eine – gemessen an den vorliegenden Daten – gut begründete Option ist.

Testbarkeit der Flugentstehungsmodelle

Verschiedene Autoren haben hin und wieder festgestellt, dass Theorien zur Entstehung des Vogelflugs nicht testbar seien. Beispielsweise äußern BURGERS & CHIAPPE 1999, 62), dass Erklärungen der Entstehung des Fluges auf Mutmaßungen

Kompakt

Ein Kennzeichen naturwissenschaftlicher Hypothesen ist ihre Testbarkeit, also die Möglichkeit, ihre Aussagen anhand empirischer* Daten (Beobachtungen) zu überprüfen. Wie aber kann empirisch geprüft werden, welche Vorgänge in der Natur in der Vergangenheit abgelaufen sind? Singuläre vergangene Ereignisse sind anders zu testen als regelhaft ablaufende Prozesse, die experimentell erforscht werden können. Direkte experimentelle Untersuchungen sind nicht möglich und es handelt sich nicht um gesetzmäßig beschreibbare Prozesse, die durch falsifizierende Befunde widerlegt werden könnten. Tatsächlich werden naturhistorische Rekonstruktionen weniger durch Falsifikationen konkurrierender Hypothesen als vielmehr durch bestätigende Befunde geprüft und es wird abgewogen, welche der konkurrierenden Hypothesen die meisten und überzeugendsten Befunde für sich verbuchen kann.

Dies ist auch der Fall bei der Bewertung von Hypothesen zur Entstehung des Vogelflugs. Hier stehen sich klassischerweise die Cursorial- und die Arborealhypothese gegenüber (Entstehung des Vogelflugs vom Boden oder von Bäumen aus), neuerdings auch Mischhypothesen aus diesen beiden Ansätzen. In der kontroversen Diskussion über diese Konkurrenten werden verschiedene Prüfkriterien angewendet: Stimmigkeit mit Fossilfunden, Stimmigkeit mit der Phylogenie, Stimmigkeit mit Kenntnissen über Evolutionsmechanismen; Plausibilisierungen kleinschrittiger, adaptiver Stadien. Es zeigt sich, dass diese Kriterien entweder nicht als Tests geeignet sind, weil sie zu vage sind und nicht den in Rede stehenden Vorgang testen, oder dass die vorgelegten Modelle den Test nicht bestehen. Häufig wird mit Kritik am Konkurrenten argumentiert, was aber ebenfalls nicht als Test für die bevorzugte Hypothese gelten kann.

Für die Flugentstehungshypothesen werden allerdings nur natürliche, blinde, nichtgeistige Naturprozesse, die gesetzmäßig oder regelhaft beschreibbar sind, sowie zufällige Randbedingungen zugelassen. Das Scheitern der Erklärungsversuche auf dieser Basis und eine Reihe typischer Design-Indizien können zum Anlass genommen werden, den grundlegend andersartigen Erklärungsansatz „Schöpfung“ zuzulassen. Für diesen Ansatz gibt es eine Reihe guter Gründe, die abschließend zusammengefasst werden.

beruhen und es unwahrscheinlich sei, dass sie jemals überprüft werden können.¹ Diesbezüglich kann man folgende Feststellung geradezu als Offenbarungseid lesen: „Unfortunately, we can never know how the different forms of animal flight began“ (OSTROM 1986, 81). Wenn dem wirklich so ist, dann bedeutet das auch, dass nicht klar ist, ob es überhaupt einen evolutiven Weg gab, auch wenn OSTROM das sicher nicht zum

Ausdruck bringen wollte. PADIAN (2001, 257, 260) nennt die Alternative zwischen Baum- und Cursorialtheorie* (vgl. JUNKER 2018a) eine „unlösbare Frage“, da die relevanten Vorgänge nicht fossil festgehalten werden könnten (vgl. PADIAN 2003, 452).² Beide Theorien seien größtenteils nicht testbar, aber sie seien auch nicht falsifiziert.

„Unfortunately, we can never know how the different forms of animal flight began.“

Was aber heißt hier überhaupt „testbar“? Und wie kann eine Hypothese zur Flugentstehung falsifiziert werden? Testkriterien, die im experimentellen Bereich Standard sind, kann man nicht anwenden, denn es gibt keine Gesetzmäßigkeiten, aus denen die Entstehung des Vogelflugs abgeleitet werden kann, die man überprüfen könnte. Daher sind alle Theorien zur Entstehung des Vogelflugs weit davon entfernt, experimentell testbar zu sein. Das liegt an der grundsätzlichen Schwierigkeit, dass wir es mit einem hypothetischen Vorgang in der Vergangenheit zu tun haben. Singuläre vergangene Ereignisse sind anders zu testen als regelhaft ablaufende Prozesse, die experimentell untersucht werden können.

Im Anschluss an BOCK (2000) ist es sinnvoll, zwischen nomologisch-deduktiven Erklärungen (N-DE) und historisch-narrativen Erklärungen (H-NE) zu unterscheiden (s. Glossar). Tatsächlich kann man nur notwendige *Randbedingungen* an der Empirie* testen, nicht den hypothetischen Vorgang selbst. Beispielsweise argumentiert PAUL (2002, 123), dass die Arborealtheorie (Abb. 1) unterstützt würde, wenn Vogelvorläufer gut ans Klettern angepasst waren. Die Ausbildung von symmetrischen distalen (körperfernen) Federn würde die Sturzflug-Hypothese stützen, während asymmetrische distale Federn die Gleitflug- oder Springer-Hypothese favorisieren würden. Hinweisen auf eine schwache Flugmuskulatur sprächen für die Gleitflug-Hypothese.³ Offensichtlich wären solche Indizien keine Belege für den eigentlichen hypothetischen Evolutionsvorgang des Flugerwerbs, denn sie sind nicht spezifisch für diese Hypothese.

Ein zweites Beispiel: SHIPMAN (1998, 189ff.) nennt als Testmöglichkeit dafür, dass Vogelvorfahren Baumbewohner waren, die Frage, ob es in ihrem Lebensraum Bäume gab und ob die Anatomie der betreffenden Arten ein Baumleben ermöglicht. (Damit verknüpft ist die oft schwierige Frage, ob die Einbettungssituation dem damaligen Lebensraum entspricht.) Auch das sind nur Tests auf *Randbedingungen* hypothetischer Szenarien – mehr nicht. In diesem Sinne äußern sich DECECCHI & LARSON (2011, 1), dass zwar keine dieser Theorien direkt getestet werden könne,

Glossar

Arborealtheorie: Hypothetische Entstehung des Vogelflugs von Bäumen aus. Über Sturzflug und Gleitflug zum Schlagflug (vgl. Abb. 1).

Cursorialtheorie: Hypothetische Entstehung des Vogelflugs ausgehend von schnellen Läufern; vom Boden in die Luft.

empirisch: auf Erfahrungen (hier: Naturbeobachtung) beruhend

Nomologisch-deduktive Erklärungen (N-DE): 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 und hängen nicht von der vergangenen Geschichte der

Objekte ab, die erklärt werden sollen. Mit N-DE sollen allgemeingültige Aussagen getroffen werden.

Historisch-narrative Erklärungen (H-NE): H-NE versuchen das vorhandene Belegmaterial durch ein mutmaßliches historisches Ablaufszenario (eine Erzählung, lat. *narratio*) zusammenzufügen, wobei solche Szenarien bekannten Gesetzmäßigkeiten nicht widersprechen dürfen. Die Plausibilität von historisch-narrativen Erklärungen hängt also auch davon ab, ob und wie sie nomologisch-deduktive Aspekte (N-DE) berücksichtigen und ob sie auf einer realistischen funktionellen und ökologischen Analyse des Erklärungsgegenstandes fußen. H-NE beschreiben einmalige Ereignisse und beinhalten keine allgemeingültigen Aussagen.

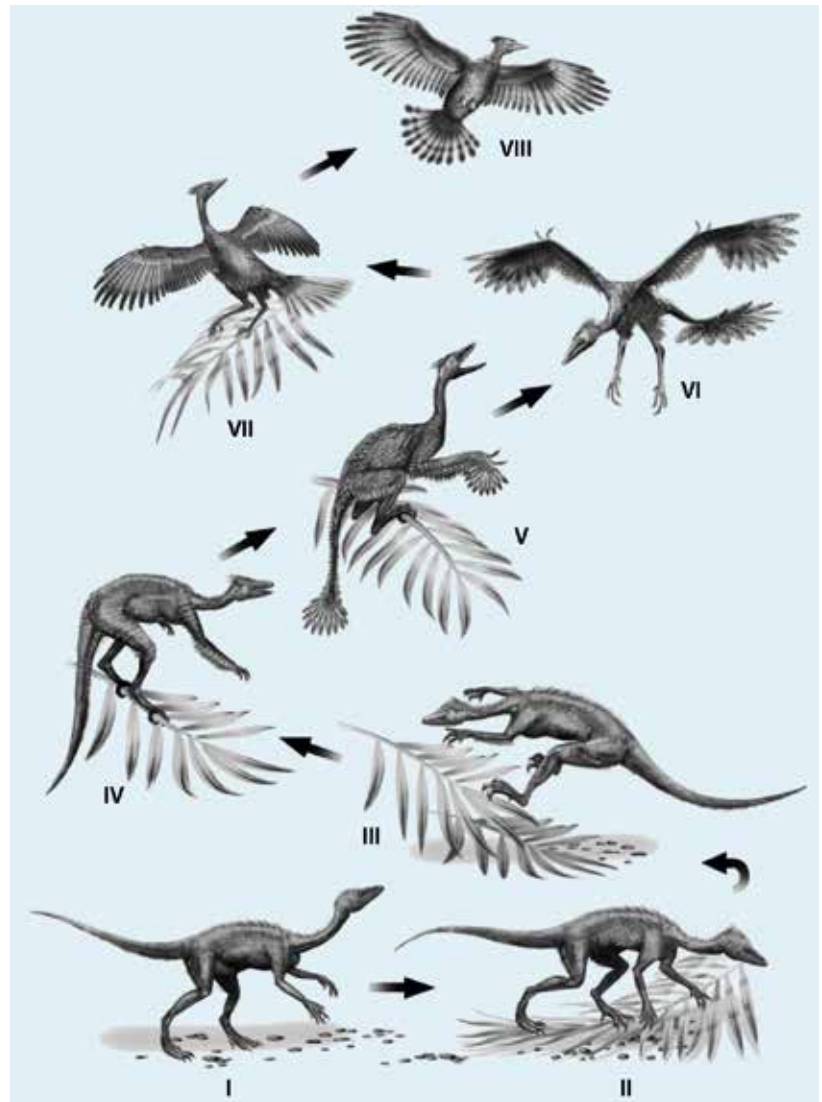
aber dass es möglich sei, eines der *Erfordernisse* für die Arborealtheorie zu überprüfen, nämlich ob es baumlebende Paraves-Gattungen gebe.⁴ Die lange Liste der Probleme der jeweiligen Modelle (vgl. JUNKER 2018a) hat aber gezeigt, dass selbst die *Erfordernisse* nicht als erfüllt gelten können. Und darüber hinaus sind auch die erforderlichen Randbedingungen oft kaum nachweisbar. Man denke beispielsweise an die Unsicherheiten über die Lebensweise von *Archaeopteryx* (Leben am Boden oder auf den Bäumen oder beides?⁵) oder auch an Unsicherheiten bezüglich der damaligen Umwelt.

Welche Tests müsste eine Evolutionshypothese als H-NE „bestehen“? Und wie könnte sie ggf. falsifiziert werden? In der Diskussion werden vor allem Stimmigkeit mit Fossilfunden, Stimmigkeit mit der Phylogenie sowie Kleinschrittigkeit und Selektierbarkeit genannt. Doch diese Kriterien sind entweder nicht als Tests geeignet oder die vorgelegten Modelle bestehen den Test nicht. Das soll im Folgenden gezeigt werden.

Stimmigkeit mit Fossilfunden

Mit diesem Kriterium ist gemeint, dass Fossilformen gefunden werden sollten, die zu den jeweiligen Theorien passen (MARTYNIUK 2012, 28). So verweisen Befürworter der Baumtheorie auf neuerdings entdeckte baumlebende Theropoden. Umgekehrt wurde früher deren Fehlen oft als Argument gegen die Arborealtheorie* ins Feld geführt (z.B. GAUTHIER & PADIAN 1985, 193⁶; PADIAN 2001, 264⁷), wobei zudem auf eher passende bodenlebende Vorläuferformen verwiesen wurde (z.B. PADIAN 2001, 265).⁸ Lange Zeit war dagegen nach Auffassung der meisten Paläontologen die Cursorialtheorie* aus dem Rennen, weil keine Theropoden bekannt waren, die eine Furkula (Gabelbein) oder deren mutmaßliche Vorläuferstruktur, das Schlüsselbein, besaßen haben (was sich mittlerweile geändert hat) (HALL & VICKARYOUS 2015, 443). Das Kriterium der Stimmigkeit mit Fossilfunden ist als vorläufiges Ausschlusskriterium durchaus brauchbar. Solange beispielsweise keine baumlebenden, jedoch viele bodenlebende Maniraptoren bekannt waren, bedeutete das mindestens einen Schwachpunkt für die Arborealtheorie.

Dieses Kriterium ist dennoch grundsätzlich weich, zum einen, da neue Funde die Situation schlagartig ändern können, aber vor allem, weil es nur einen notwendigen oder wünschenswerten Befund als Stütze für eine Hypothese beschreibt, jedoch nichts über den Vorgang selbst aussagt, der rekonstruiert werden soll. Wenn beispielsweise die Arborealtheorie zum Fossilbefund passen würde, wäre dies kein Beleg dafür, dass es einen



evolutionären Prozess von Baumleben zum Flug gegeben hat. Diese Hypothese wäre dann lediglich aufgrund des Fossilbefundes nicht von vornherein ausgeschlossen.

Stimmigkeit mit der Phylogenie

Wenn der Fossilbericht keine Entscheidung über konkurrierende Hypothesen ermöglicht (wie z.B. PADIAN 2011, 256 meint⁹), könnte als zweite Möglichkeit geprüft werden, ob die hypothetischen Schritte des Flugerwerbs zu den Cladogrammen (also den stammesgeschichtlichen Rekonstruktionen) passen (PADIAN 2001, 256; vgl. Abb. 2). Cladogramme werden – ohne Berücksichtigung der stratigraphischen Positionen der berücksichtigten Fossilien – auf der Basis der Verteilung der Merkmale in verschiedenen Taxa konstruiert: An ihnen kann (unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen) abgelesen werden, wann welche Merkmale entstanden sein müssten. Dies wird als Testmöglichkeit für die Flugentstehungstheorien genutzt. So wurde in der Vergangenheit als Einwand gegen die Arborealtheorie öfter genannt, dass sie nicht zur

Abb. 1 Sequenz von hypothetischen Phasen der Evolution des Fluges. I zweibeiniger bodenlebender Archosaurier; II Entwicklung von Anisodaktylie; III Springen auf unteren Ästen von Bäumen und Sträuchern; IV Ansitzen auf Ästen bei vollständiger Ausprägung der Anisodaktylie und Anfangsphase der Reduktion des Schwanzes; V, VI Entwicklung von symmetrischen Federn an den körperfernen Teilen des Schwanzes und der Vordergliedmaßen, zur Unterstützung des Brutverhaltens und des Gleitfluges; VII Bildung von asymmetrischen Federn an den Vorderbeinen und Verkürzung des Schwanzes; VIII Entstehung des aktiven Fluges. (Aus KUROCHKIN & BOGDANOVICH 2008, Zeichnung: O. OREKHOVA-SOKOLOVA, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

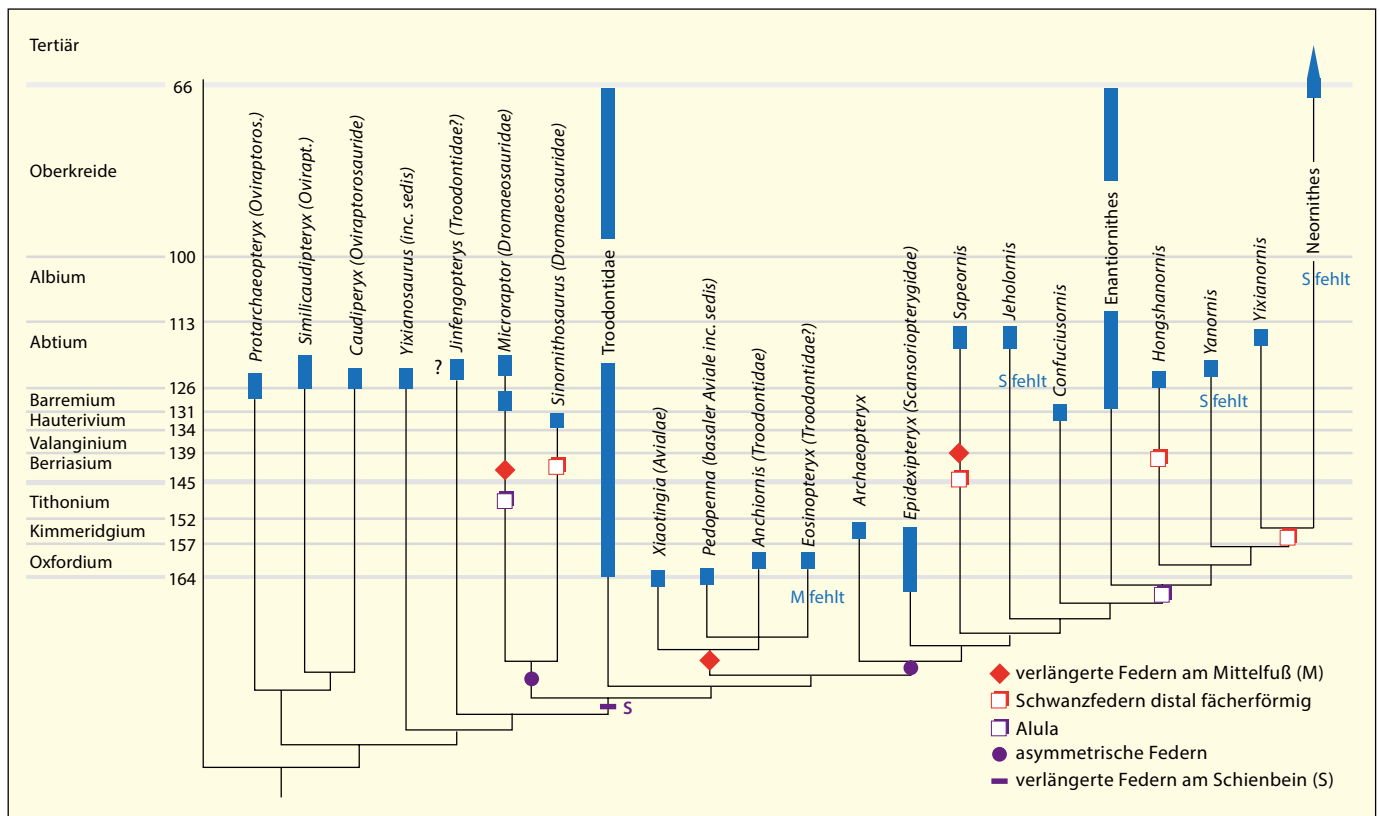


Abb. 2 Gattungen von Dinosauriern mit Konturfedern sowie von Kreide-Vögeln. Das Cladogramm wurde nach FOTH et al. (2014) so umgezeichnet, dass die stratigraphische Position der betreffenden Gattungen angegeben werden kann (dicke Balken), und zeigt das Fehlen einer Passung von Phylogenie (cladistischer Verzweigung) und fossiler Abfolge. Die Gattung *Sinornithosaurus* ist im Cladogramm zu Unrecht enthalten, da Konturfedern nicht nachgewiesen (und auch nicht wahrscheinlich) sind. Auch bei *Epidexipteryx* sind keine Konturfedern nachgewiesen; sie werden nur aufgrund indirekter Indizien vermutet; die Gattung besaß allerdings lange, bandartige Schwanzfedern. Die Zuordnung einiger Gattungen zu den Familien ist kontrovers. Es könnten mittlerweile noch weitere Gattungen aufgenommen werden, die das Gesamtbild nicht verändern würden.

Hinweis zu den Anmerkungen: Die Anmerkungen enthalten Belegzitate; sie können als Zusatzmaterial zum Artikel unter www.si-journal.de/jg26/heft1/feder-und-flug-6.pdf heruntergeladen werden.

Abfolge der für den Flug erforderlichen Merkmale in akzeptierten Phylogenien passe (z.B. GAUTHIER & PADIAN 1985¹⁰; PADIAN 2001, 255).

Dieses Kriterium ist jedoch ebenfalls vage und noch fragwürdiger als das Fossilien-Kriterium. Denn die Cladogramme ändern sich häufig mit neuen Funden und können daher nicht als hartes Testkriterium gelten. Außerdem sind die Cladogramme gerade im Bereich Theropoden / Urvogel mit Konvergenzen geradezu übersät (WITMER 1991, 460; PETERS 2002, 353; XU et al. 2009, 434; XU et al. 2010, 3975; TURNER et al. 2012, 137)¹¹; wenn aber auch relativ komplexe Merkmale mehrfach unabhängig entstehen können, kann deren Verteilung im Cladogramm keine klare Orientierung in Bezug auf eine Stimmigkeit mit der Phylogenie geben. Damit ist mit diesem Kriterium auch keine schlüssige Bewertung möglich.

Stimmigkeit mit Kenntnissen über Evolutionsmechanismen; kleinschrittige, adaptive Stadien

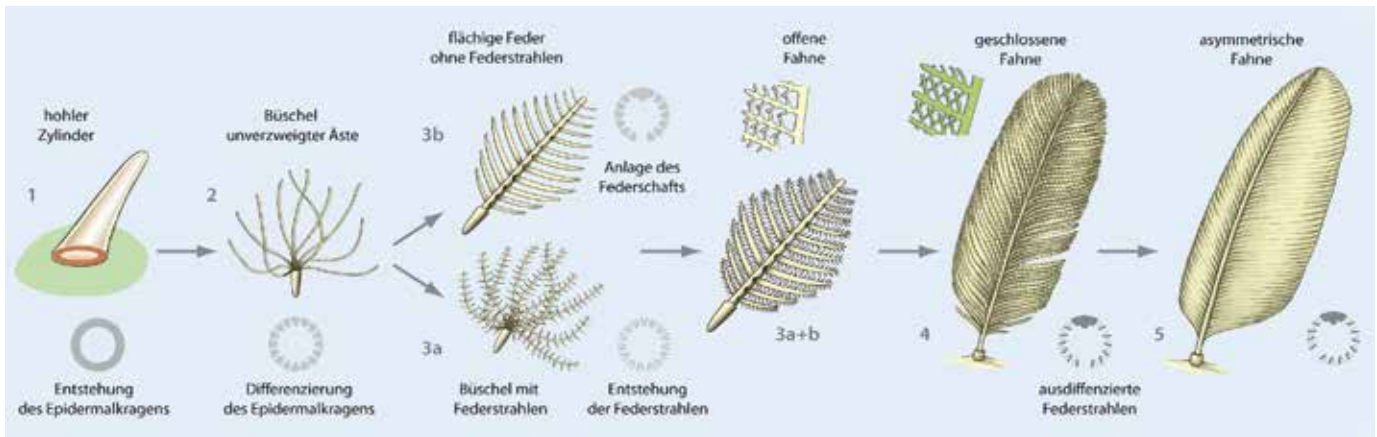
Plausible H-NE müssen möglichst kleine Schritte in einer hypothetischen Abfolge aufweisen, die durch bekannte evolutionäre Mechanismen (bekannte N-DE) bewältigt werden können (BOCK 2000). Die Kritik der einzelnen Modelle hat gezeigt, dass die Kleinschrittigkeit vielfach nicht gegeben ist und dass es bestenfalls unklar ist, wie die bekannten Evolutionsmechanismen die erforderlichen Schritte bewältigen könnten.

Man muss sich die Details vor Augen halten, die jeweils erforderlich sind, um einen nächsten selektionspositiven Schritt zu schaffen (vgl. JUNKER 2016). Das wird kaum gemacht. Bei vielen Szenarien werden zwar einige adaptive Stadien aneinandergereiht, diese sind aber oft durch enorme Sprünge getrennt (vgl. Abb. 3, 4). Es fehlen regelmäßig Detailbetrachtungen darüber, welche Änderungen von Stadium zu Stadium im Einzelnen erforderlich sind, um ein neues adaptives (selektierbares) Stadium erreichen zu können. So aber ist das Kriterium der Kleinschrittigkeit zur Prüfung evolutiver Szenarien viel zu ungenau bzw. die Szenarien erfüllen dieses Kriterium nicht. Beispiele dafür wurden bei der Kritik der einzelnen Modelle ausgeführt (JUNKER 2018a).

Als weitere Testmöglichkeit wird gelegentlich auch die Existenz oder das Fehlen heutiger Formen mit den in den jeweiligen Modellen postulierten Verhaltensweisen genannt, doch auch dieses Kriterium ist sehr weich (Näheres dazu im Online-Zusatz).

Sind Gegenargumente gegen ein Modell Argumente für seinen Konkurrenten?

In den Diskussionen Pro und Contra ArboREAL- und Cursorialtheorie wird für das jeweils favorisierte Modell häufig durch Kritik am Konkurrenten argumentiert. Wenn sich Alternativen gegenseitig ausschließen, ist dieses Verfahren zulässig. Doch in der Diskussion um die



Entstehungsweise des Vogelflugs ist das nicht der Fall. Die Tatsache, dass sehr stark mit den Schwächen konkurrierender Modelle argumentiert wird, ist gleichzeitig ein Indiz für die Schwäche *des jeweils bevorzugten* Modells. Einwände können zudem in der Summe so stark sein, dass alle Modelle extrem unplausibel werden und sich gegenseitig ausschließen. Genau diese Situation scheint bei Flugentstehungshypothesen zuzutreffen und liefert neben anderen Aspekten genügend Anlass, die grundsätzliche Alternative einer Schöpfung in Betracht zu ziehen.

Vogelfedern und Vogelflug als Indiz für Schöpfung

In den Ursprungsfragen der Biologie ist es seit DARWIN Standard, *grundsätzlich* nur Erklärungen zu diskutieren, die dem naturalistischen Paradigma verpflichtet sind. Das heißt: Zugelassen sind nur (rein) natürliche, blinde, nichtgeistige Naturprozesse, die gesetzmäßig oder regelhaft (ggf. durch statistische Gesetzmäßigkeiten) beschreibbar sind, sowie zufällige Randbedingungen. Erklärungen im Rahmen des Naturalismus können lediglich auf drei Faktoren Bezug nehmen: Naturgesetze, (statistisch qualifizierter!) Zufall und plausible Randbedingungen. Jedwede Form einer Schöpfung, d.h. eines zielorientierten Eingreifens, von Zwecksetzungen und von einer überlegten Wahl der eingesetzten Mittel wird nicht berücksichtigt (WIDENMEYER & JUNKER 2016). Die Diskussionen zu den Feder- und Flugentstehungsmodellen haben gezeigt, dass die Erklärungsversuche im Rahmen des Naturalismus bisher faktisch gescheitert sind, auch wenn das von den meisten Wissenschaftlern nicht so gesehen wird, was mit ihrer Festlegung auf den Naturalismus zusammenhängen dürfte. Die Begründungen für das bisherige Scheitern seien hier in Kurzform zusammengefasst:

- Die Federentstehungsmodelle (vergl. Abb.3) sind sehr vage und nehmen kaum Bezug auf die vielfältigen, detaillierten und miteinander verwo-

benen Anforderungen für die Flugtauglichkeit der Federn. Modelle, die nur fünf, sechs oder vielleicht acht Abschnitte einer hypothetischen Federevolution beschreiben, sind angesichts der Komplexität des zu erklärenden Gegenstandes völlig unrealistisch und viel zu einfach (JUNKER 2017a).

- Gegen alle diskutierten Vogelflug-Entstehungsmodelle gibt es eine Fülle von schwerwiegenden Einwänden, von denen die meisten schon für sich alleine das jeweilige Modell in Frage stellen (JUNKER 2018a).

- Selektionsdrücke, die eine evolutive Entstehung von Federn wahrscheinlich machen, konnten nicht plausibel gemacht werden; entsprechend gibt es keinen Konsens über die hypothetische Erstfunktion von Vogelfedern (JUNKER 2018b).

- Es sind keine regelhaften oder gar als Naturgesetze beschreibbaren biologischen Zusammenhänge bekannt, die – selbst in kleinen Schritten – eine natürliche Entstehung flugtauglicher Federn, des Vogelflugs und der damit zusammenhängenden Synorganisationen plausibel machen.

Im Rahmen des naturalistischen Ansatzes wird oft argumentiert, es handle sich nur um ein vorläufiges Nichtwissen oder um vorläufig noch offene Fragen bezüglich der Entstehungsvorgänge. Doch woher will man das wissen? Der Wissensfortschritt könnte die Situation genauso gut verschärfen und das ist in der Vergangenheit auch geschehen. So haben z.B. die neueren Forschungen zum Federfeinbau einen äußerst komplizierten Bau der Federn offenbart (LINGHAM-SOLIAR & MURUGAN 2013; LINGHAM-SOLIAR 2015; 2017; LAURENT et al. 2014; WANG & MEYERS 2017). (Zur Problematik der Argumentation mit Nichtwissen und zum Lückenargument siehe JUNKER 2015.)

Vor diesem Hintergrund kann man sagen: Die evolutionären Modelle zur Entstehung von Federn und Flug bleiben nur deshalb im Rennen, weil die grundsätzliche Alternative einer Schöpfung (s.o.) ausgeschlossen wird. Bestünde

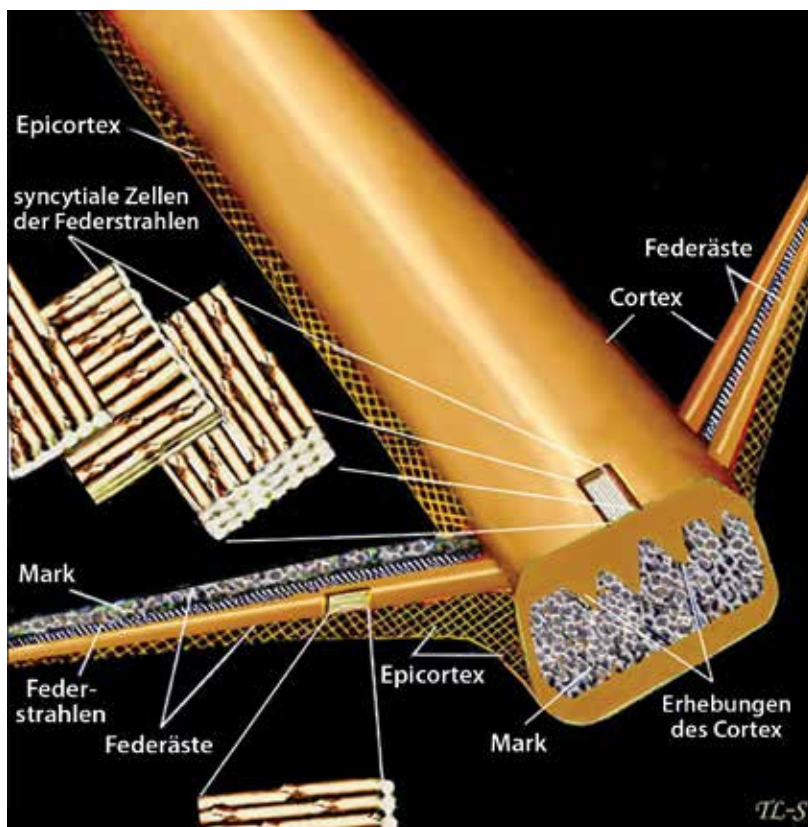
Abb.3 PRUMS Modell der Federentwicklung. Beachtet man die zahlreichen Details des Federfeinbaus und der Einbettung der Federn im Vogelkörper und ihre Beweglichkeit, wird deutlich, dass 5-6 Stadien viel zu weit auseinander sind, um durch bekannte evolutive Prozesse überwunden werden zu können. Näheres im Text. (1-3 zusammengestellt nach PRUM & BRUSH 2003 und PERRICHOT et al. 2008; 4-5 von Emily WILLOUGHBY, <https://emilywilloughby.com>)

Statt des grundsätzlichen Ausschlusses der Erklärungsoption Schöpfung müsste ein Vergleich der verschiedenen Ansätze durchgeführt werden.

Offenheit für die Option „Schöpfung“, müsste die Indizienlage im Rahmen eines *Vergleichs* zwischen Schöpfung und natürlicher Evolution bewertet werden und nicht alleine innerhalb des Naturalismus. Und bei diesem Vergleich hätte der Ansatz „Schöpfung“ folgende Argumente auf seiner Seite:

- Die ausgeprägte Synorganisation der Federstruktur samt Follikel, Federmuskeln, Sinnesorganen in der Haut und der anderen erforderlichen Einrichtungen ist ein klares Schöpfungsindiz. Denn es müssen viele Aspekte und Details über mehrere Ebenen hinweg aufeinander abgestimmt sein, damit Flugtauglichkeit gewährleistet ist.¹² Die bekannten natürlichen Mechanismen sind mit der dafür erforderlichen Koordination bei weitem überfordert.
- Die Flugtauglichkeit der Federn – so anspruchsvoll die Voraussetzungen dafür sind – ist aber nur eine notwendige und noch keine hinreichende Voraussetzung für die Flugfähigkeit. Dafür müssen *gleichzeitig* viele weitere morphologische Strukturen, ausgefeilte Steuerungen und angepasste Verhaltensweisen verwirklicht sein, die wiederum mit den Eigenschaften der Federn abgestimmt sein müssen. Dass dafür enormer planerischer und ingenieurstechnischer

Abb. 4 Komplexes, verschachteltes System von überkreuzten Keratinfasern in der Proteinmatrix im Federschaft und den Federästen in verschiedenen Lagen des Epicortex (seitliche Wände des Schafts). Die Fasern bilden eine ununterbrochene strukturelle Verbindung zwischen dem Cortex des Schafts und der Federstrahlen. (Nach LINGHAM-SOLIAR & MURUGAN 2013; Creative Commons Attribution License)



Aufwand betrieben werden muss, weiß jeder Flugzeugkonstrukteur.

- Die Flugentstehungshypothesen haben sich nachhaltig als unplausibel erwiesen (JUNKER 2018a).
- Abgesehen von der Frage nach den Mechanismen kann noch angeführt werden, dass es einen recht klaren Unterschied zwischen Gattungen mit Flaum und Gattungen mit echten (flächigen) flugtauglichen Federn gibt. Zudem erscheint eine Vielfalt verschiedenster Formen ziemlich plötzlich in einem relativ engen geologischen Zeitfenster.

Vom letzten Punkt abgesehen handelt es sich bei der Frage „Schöpfung oder natürlicher Mechanismus“ um sich gegenseitig ausschließende (also echte) Alternativen. Der Schöpfungsansatz geht im Gegensatz zum naturalistischen Ansatz der Evolution davon aus, dass rein natürliche, innerweltliche Prozesse für die Entstehung von Vogelfedern und Vogelflug nicht ausreichen, sondern dass ein geistiger Input wesentlich ist. Für sich gegenseitig ausschließende Sichtweisen gilt: Nachhaltiges Scheitern eines Ansatzes (hier: natürliche Evolution) trotz intensiver Lösungsbemühungen ist zugleich ein Argument für den Alternativansatz (hier: Schöpfung). Das gilt im Falle von Vogelfedern und Vogelflug umso mehr, als hier eine Fülle typischer Design-Indizien nachweisbar ist, die mit dem Fortschritt der Forschung kontinuierlich zugenommen hat. Während die Option „Schöpfung“ also klare Indizien für sich verbuchen kann, steht die Option „Natürliche Mechanismen“ mit ziemlich leeren Händen da. (Zur Definition von „Design-Indizien“ und zur Argumentation damit siehe WIDENMEYER & JUNKER [2016]. Diese grundsätzliche Thematik ist nicht Gegenstand dieses Artikels.)

Fazit

Die vorausgegangenen Folgen der Artikelserie „Vogelfedern und Vogelflug“ haben gezeigt, dass wesentliche Fragen zur Evolution von Vogelfedern und Vogelflug unbeantwortet sind. Anhand mehrerer Beispiele wurde gezeigt, dass die vorgeschlagenen Evolutionsszenarien zu vage sind und den Details dessen, was zu erklären ist, nicht gerecht werden. Die Entstehung der entscheidenden „evolutionären Neuheiten“ ist auch fossil nicht belegt, auch wenn es viele Mosaikformen mit unterschiedlichsten Merkmalskombinationen gibt. Im Einzelnen kann folgendes Fazit gezogen werden:

- Hypothesen zur Entstehung der Vogelfeder müssen deren komplexe Struktur und

Synorganisation berücksichtigen. Dabei ist zu berücksichtigen, dass Flugfähigkeit vielfache Wechselwirkung über verschiedene Ebenen hinweg erfordert. Evolutionäre Hypothesen, die diese Synorganisation nicht angemessen beachten, können nicht realistisch sein. So ist die an sich schon sehr komplexe Steuerung der Federbewegungen und ihre Regulation in die Koordination des Fluges eingebettet, wäre zugleich aber wirkungslos, wenn die Federn nicht geeignet strukturiert wären und keinen geeigneten Feinbau besäßen (vgl. Abb. 4). Oder es sei daran erinnert, dass für den Erwerb von Endothermie mehrere anspruchsvolle aufeinander abgestimmte Änderungen erforderlich sind.

- Federn sind gegenüber Reptilschuppen in mehrerer Hinsicht qualitativ andersartige Strukturen und mit diesen bis auf die ersten ontogenetischen Stadien nicht homolog. Ihre hypothetische evolutionäre Entstehung erfordert mehrere Innovationen.

Flugfähigkeit erfordert vielfache Wechselwirkung über verschiedene Ebenen hinweg, die evolutionäre Hypothesen angemessen berücksichtigen müssen.

- Das heute weitgehend als Standard akzeptierte Feder-Entstehungsmodell von PRUM (1999; Abb. 3) ist mit seinen nur fünf Schritten sehr oberflächlich und übergeht weitgehend die relevanten Fragen, welche Änderungen *im Einzelnen* von Schritt zu Schritt erforderlich sind und welche Selektionsdrücke diese Schritte begünstigt haben könnten.

- Eindeutige Vorstufen flächiger Federn sind fossil nicht belegt. Zwischen fädigen (und ggf. büscheligen und gering verzweigten) Strukturen und flächigen Federn liegt eine erhebliche morphologische Lücke. Ob man die verschiedenen Formen von Dino-Flaum als Federn bezeichnen kann, ist mindestens fragwürdig und auch eine Frage der Definition. Alle Körperanhänge von Dinosauriern als Federn zu bezeichnen, nur weil aus ihnen evolutiv die Vögel hervorgegangen sein sollen, ist dem Gegenstand nicht angemessen und offenkundig evolutionstheoretisch motiviert und führt zu Zirkelschlüssen. Dino-Flaum jedweder Ausprägung ist weit davon entfernt, einen nennenswerten Beitrag zur Flugfähigkeit zu leisten.

- Gattungen mit flächigen Federn (Konturfedern) sind fossil vor oder etwa gleichzeitig mit Gattungen mit fädigen oder büscheligen Hautanhängen überliefert. Ein Großteil der Gattungen, die Dino-Flaum besitzen und zu Vogelvorläufer-Gruppen gestellt werden, sind stratigraphisch deutlich jünger positioniert als die ältesten Gattungen mit völlig entwickelten,

Historisch-narrative Erklärung (H-NE) und Schöpfung

Walter Bock, der die hilfreiche Unterscheidung von N-DE (nomologisch-deduktive Erklärungen) und H-NE (historisch-narrative Erklärungen) in die wissenschaftstheoretische Diskussion in der Biologie eingeführt hat, ist der Auffassung, dass ein Schöpfungsansatz aus dem Konzert der konkurrierenden Ansätze herausfalle, weil darin kein Bezug auf N-DE genommen wird. Er schreibt (Bock 2007, 98): „Jede Erklärung historischer Ereignisse, die nicht auf relevanten N-DE basiert, ist nicht wissenschaftlich. Dazu gehören Ansätze wie wissenschaftlicher Kreationismus und intelligentes Design,....“ Damit abschließt Bock eine mögliche Erklärung grundsätzlich aus, unabhängig von vorliegenden Indizien, und verstößt damit gegen ein Grundprinzip von Wissenschaft, nämlich der Wahrheitsorientierung und Offenheit für verschiedene Antworttypen. Wie gezeigt, liegt überhaupt keine auch nur halbwegs brauchbare H-NE sowohl der Feder- als auch der Vogelflugentstehung vor, u. a. weil die vorgeschlagenen H-NE genau daran scheitern, dass sie nicht auf passenden N-DE basieren (was Bock ja einfordert) bzw. weil empirisch belegte N-DE gegen sie sprechen. Bock (2007, 99) schreibt: „Wenn es keine N-DE gibt oder wenn diese N-DE nicht gut belegt sind, dann liegt die betreffende H-NE außerhalb der Wissenschaft.“ Genau das trifft auf die naturalistisch-evolutionären Feder- und Flugentstehungshypothesen zu. Eine N-DE als Basis der H-NE fehlt. Während evolutionäre Hypothesen jedoch eine oder mehrere N-DE benötigen, beinhaltet der Schöpfungsansatz gerade, dass es eine N-DE nicht gibt, weil ein kreativer Vorgang zugrunde liegt und ein anderer Erklärungstyp benötigt wird. Und da unspezifizierte Schöpfung (Schöpfung als geistig gewirkter Vorgang) und natürliche Evolution sich ausschließende Alternativen sind, bedeutet das Fehlen einer N-DE einen Pluspunkt für den

Schöpfungsansatz. Die Forderung einer N-DE als Basis *für den Schöpfungsansatz* wäre ein logischer Widerspruch und somit eine unsinnige Forderung. Die Forderung nach einem Ausschluss dieses Ansatzes aus der Wissenschaft bedeutet daher nichts anderes als eine Festlegung auf den Naturalismus. Diese Festlegung kann aber durch nichts gerechtfertigt werden.

Wenn aber nur der naturalistische Erklärungsansatz und die damit verbundene naturalistische Weltsicht zugelassen werden, dann ist eine Verifizierung von Hypothesen durch bestätigende Befunde nicht viel wert. Denn wenn es bei H-NE darum geht, im Vergleich zu Konkurrenten die meisten bestätigenden Befunde vorweisen zu können, dann erfordert das eine echte Konkurrenz, nicht ein Rennen nur im Rahmen des einen der beiden grundsätzlichen möglichen Ansätze. Erst dann kann man untersuchen, welcher Konkurrent sozusagen die meisten Punkte holt. In einer Frage: Was ist eine Verifizierung durch bestätigende Befunde wert, wenn es nur eine grundsätzliche Hypothese gibt und nur deren Varianten diskutiert werden?

Wenn es nur einen Konkurrenten gibt, kann man nachvollziehen, dass DIETRICH-BISCHOFF (2014) schreibt, die neuen Befunde zur erstaunlich ausgeklügelten Feinstruktur von Federn könnten möglicherweise dazu beitragen, ein evolutionäres Rätsel, die Entstehung des Vogelflugs, zu lösen, oder dass LINGHAM-SOLIAR (2017, 6) meint, es sei klar, dass die außergewöhnliche Mikrostruktur der Wand des Schafts und der Äste über die Millionen Jahre der Vogelevolution perfektioniert worden sei. Zunächst aber zeigen die neuen Befunde, dass das Rätsel größer ist als je zuvor, denn die Federn erweisen sich als komplizierter gebaut als bisher bekannt. Und damit steigen auch die Anforderungen an eine Entstehungshypothese.

„modernen“ Federn (*Archaeopteryx*, *Anchiornis*). Die stratigraphische Abfolge der Gattungen mit Federn oder einfacheren Integumentstrukturen zeigt keine klare Tendenz, die evolutionäre Hypothesen bzw. Abfolgen stützen würde (JUNKER 2017b). Stratigraphisch erscheint eine erhebliche Vielfalt verschiedenster Formen und Baupläne in einem relativ engen Fenster (vgl. CZERKAS & YUAN 2002, 92).¹³

- Gegen alle Hypothesen zur Entstehung des Vogelflugs – Arborealtheorie, Cursorialtheorie,

WAIR-Ansatz (flügelunterstütztes Hochklettern) u. a. – wurden zahlreiche schwerwiegende Einwände formuliert. Selbst wenn einige diese Einwände eventuell entkräftet werden können, sprechen die Fülle und die Schwere der jeweiligen Einwände gegen alle diese Hypothesen. Die einzelnen Hypothesen punkten für sich vor allem durch Einwände gegen ihre(n) Konkurrenten und kaum durch stützende Befunde. Die Kontroverse ist bis heute nicht beendet. Da sie sich ausschließlich im Rahmen des naturalistischen Paradigmas bewegt, kann gefolgert werden, dass sich dieses Paradigma für die Erklärung des Vogelflugs bislang nicht bewährt hat (JUNKER 2018a).

- Die Selektionsdrücke, die die Entstehung von Vogelfedern begünstigt haben könnten, sind unklar. Es wurde eine Reihe verschiedener Vorschläge gemacht. Gegen alle Selektionshypothesen können schwerwiegende Einwände geltend gemacht werden (JUNKER 2018b).

Literatur

- BOCK WJ (2000) Explanations in a historical science. In: PETERS DS & WEINGARTEN M (Hg) *Organisms, Genes and Evolution*. Stuttgart, S. 33–42.
- BOCK WJ (2007) Explanations in evolutionary theory. *J. Zool. Syst. Evol. Res.* 45, 89–103.
- BURGERS P & CHIAPPE LM (1999) The wing of *Archaeopteryx* as a primary thrust generator. *Nature* 399, 60–62.
- CZERKAS SA & YUAN C (2002) An arboreal maniraptoran from northeast China. In: CZERKAS SJ (ed) *Feathered Dinosaurs and the Origin of Flight*. The Dinosaur Museum Journal 1. The Dinosaur Museum, Blanding, USA, pp 63–95.
- DECECCHI TA & LARSSON HCE (2011) Assessing arboreal adaptations of bird antecedents: Testing the ecological setting of the origin of the avian flight stroke. *PLoS ONE* 6(8): e22292; doi:10.1371/journal.pone.0022292.
- DIETRICH-BISCHOFF V (2014) Wunderwerk Feder. *Die Vogelwarte* 52, 59.
- FOTH C, TISCHLINGER H & RAUHUT OWM (2014) New specimen of *Archaeopteryx* provides insights into the evolution of pennaceous feathers. *Nature* 511, 79–82.
- GAUTHIER JA & PADIAN JK (1985) Phylogenetic, functional, and aerodynamic analyses on the origin of birds and their flight. In: HECHT MK, OSTROM JH, VIOHL G & WELLNHOFER P (eds) *The beginnings of birds*. Eichstätt: Freunde Jura-Museums, pp 185–197.
- HALL BK & VICKARYOUS MK (2015) Merrythoughts of the past and present: revisiting the homology of the furcula. In: BININDA-EMONDS ORP, POWELL GL, JAMNICZKY HA, BAUER AM & THEODOR J (eds) *All Animals are Interesting: A Festschrift in Honour of Anthony P. Russell*. BIS Verlag, Oldenburg, pp 439–454.
- KUROCHKIN EN & BOGDANOVICH IA (2008) On the Origin of Avian Flight: Compromise and System Approaches. *Biol. Bull.* 35, 1–11.
- JUNKER R (2015) Das Design-Argument in der Biologie – ein Lückenbüßer? <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/a19/a19.pdf>
- JUNKER R (2016) Vogelfedern und Vogelflug. 1. Was Evolutionshypothesen erklären müssten. *Stud. Integr. J.* 23, 75–82.
- JUNKER R (2017a) Vogelfedern und Vogelflug. 2. Modelle zur Entstehung von Federn. *Stud. Integr. J.* 24, 4–11.
- JUNKER R (2017b) Vogelfedern und Vogelflug. 3. Belegen Fossilfunde eine Evolution? *Stud. Integr. J.* 24, 68–77.
- JUNKER R (2018a) Vogelfedern und Vogelflug. 4. Modelle zur Entstehung des Vogelflugs. *Stud. Integr. J.* 25, 20–27.
- JUNKER R (2018b) Vogelfedern und Vogelflug. 5. Selektion von Feder-Vorstufen – Schlüssel zur Erklärung der Entstehung von Federn? *Stud. Integr. J.* 25, 76–83.
- LAURENT CM, PALMER C, BOARDMAN RP, DYKE G & COOK RB (2014) Nanomechanical properties of bird feather rachises: exploring naturally occurring fibre reinforced laminar composites. *J. R. Soc. Interface* 11: 20140961; doi:10.1098/rsif.2014.0961
- LINGHAM-SOLIAR T (2015) Feather structure, biomechanics and biomimetics: the incredible lightness of being. *J. Ornithol.* 155, 323–336.
- LINGHAM-SOLIAR T (2017) Microstructural tissue-engineering in the rachis and barbs of bird feathers. *Sci. Rep.* 7:45162; doi:10.1038/srep45162.
- LINGHAM-SOLIAR T & MURUGAN N (2013) A new helical crossed-fibre structure of β -keratin in flight feathers and its biomechanical implications. *PLoS ONE* 8(6): e65849. doi:10.1371/journal.pone.0065849
- MARTYNIUK MP (2012) *A field guide to Mesozoic birds and other winged dinosaurs*. Vernon, NJ: Pan Aves.
- OSTROM JH (1986) The cursorial origin of avian flight. *Mem. Calif. Acad. Sci.* 8, 73–82.
- PADIAN K (2001) Stages in the origin of bird flight: Beyond the arboreal-cursorial dichotomy. In: GAUTHIER J & GALL LF (eds) *New Perspectives on the Origin and Early Evolution of Birds*. New Haven: Peabody Museum of Natural History, pp 255–272.
- PADIAN K (2003) Four-winged dinosaurs, bird precursors, or neither? *BioScience* 53, 450–452.
- PAUL GS (2002) *Dinosaurs of the air: The evolution and loss of flight in dinosaurs and birds*. Baltimore: John Hopkins University Press.
- PERRICHOT V, MARION L, NERAUDEAU D, VULLO R & TAF-FOREAU P (2008) The early evolution of feathers: fossil evidence from Cretaceous amber of France. *Proc. R. Soc.* 275B, 1197–1202.
- PETERS DS (2002a) Anagenesis of early birds reconsidered. *Senckenbergiana lethaea* 82, 347–354.
- PRUM RO (1999) Development and evolutionary origin of feathers. *J. Exp. Zool.* 285, 291–306.
- PRUM RO & BRUSH AH (2003) Zuerst kam die Feder. *Spektr. Wiss.* 10/03, 32–41.
- SHIPMAN P (1998) *Taking Wing: Archaeopteryx and the evolution of bird flight*. New York: Simon and Schuster.
- TURNER AH, MAKOVICKY PJ & NORELL MA (2012) A review of dromaeosaurid systematics and paravian phylogeny. *Bull. Amer. Mus. Nat. Hist.* 371, 206 pp.
- WANG B & MEYERS MA (2017) Light like a feather: A fibrous natural composite with a shape changing from round to square. *Adv. Sci.* 2017, 4, 1600360.
- WIDENMEYER M & JUNKER R (2016) Der Kern des Design-Arguments in der Biologie und warum die Kritiker daran scheitern. Internetpublikation, <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/a22/a22.pdf>
- WITMER L (1991) Perspectives on avian origins. In: SCHULTZE HP & TRUEB L (eds) *Origins of the higher groups of tetrapods*. Ithaca: Cornell University Press, pp 427–466.
- XU X, ZHAO Q, NORELL M, SULLIVAN C, HONE D, ERICKSON G, WANG XL, HAN FL & GUO Y (2009) A new feathered maniraptoran dinosaur fossil that fills a morphological gap in avian origin. *Chin. Sci. Bull.* 54, 430–435.
- XU X, MA QY, HU DY (2010) Pre-*Archaeopteryx* coelurosaurian dinosaurs and their implications for understanding avian origins. *Chinese Sci. Bull.* 55, 3971–3977.

Anschrift des Verfassers:

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

Ausbruch des Laacher-See-Vulkans

Zwei neue Radiokarbon-Alter eines verschütteten Baumes

Der Ausbruch des Laacher-See-Vulkans soll sich etwa vor 12.900 Jahren ereignet haben. Diese Jahreszahl leitet sich primär von einem kalibrierten Radiokarbon-Alter ab. – Was aber bedeuten so bezeichnete Alter? Können sie mit Kalenderjahren gleichgesetzt werden? Zwei aktuelle Radiokarbon-Bestimmungen eines unmittelbar vom Vulkanausbruch verschütteten Baumes bilden den Ausgangspunkt, um diese Fragen zu diskutieren.

Michael Kotulla

Laacher-See-Vulkan: explosiver Ausbruch

Der Laacher-See-Vulkan hat bei seinem explosiven Ausbruch am Ende der Eiszeit enorme Mengen an Bims, Asche und Gesteinsfragmenten gefördert (detaillierte Beschreibung siehe z.B. SCHMINCKE 2014). Im Nahbereich ist das Material hauptsächlich aus Tephrawolken* ausgefallen oder durch heiße Massenströme zur Ablagerung gekommen. Dabei ist örtlich eine spärliche Vegetation verschüttet und konserviert worden. Die Hauptphase des Ausbruchs dauerte wahrscheinlich nur wenige Tage. Seit mindestens 2000 Jahren werden die Tephraablagerungen – heute als Laacher-See-Tephra (LST) bezeichnet – abgebaut.

Verkohlte Baumstämme: Fund und Beprobung

Der Verfasser hat 2016 zwei verkohlte Baumstämme in einer Bimsabbaugrube am Ortsrand von Nickenich entdeckt, etwa 5 km östlich vom Ausbruchspunkt Laacher See (Abb. 2).

Die etwa 60 cm (Baumstamm 1) bzw. 90 cm (Baumstamm 2) langen und bis zu 20 cm breiten verkohlten Stammelemente sind von Aschen der mittleren Laacher-See-Tephra (LST) umschlossen

Abb. 1 Beschleuniger-Massenspektrometer des AMS-Laboratoriums des Horia Hulubei National Institute for Physics and Nuclear Engineering (IFIN-HH) in Rumänien. Mit dieser Anlage wurde für Probe NCK-1b (Holzkohle) die ^{14}C -Konzentration gemessen. Es handelt sich um einen 1MV-Tandetron-Beschleuniger. (Foto: © IFIN-HH, freundliche Zurverfügungstellung)

Dieser Artikel ist im Wesentlichen ein Extrakt des Special Papers *Verkohlte Baumstämme in Tephra-Ablagerungen des Laacher-See-Vulkans: Neue Radiokarbon-Bestimmungen und ihre Altersinterpretation* (KOTULLA 2019).

Kompakt

Die Radiokarbon-Methode ist eine weit verbreitete Methode zur Altersbestimmung archäologischer und quartärgeologischer Objekte. Hier werden zwei aktuelle Radiokarbon-Bestimmungen von einem Baum präsentiert, der beim Ausbruch des Laacher-See-Vulkans verschüttet wurde. Die Radiokarbon-Konzentrationen und die daraus herkömmlicherweise abgeleiteten Radiokarbon-Alter stimmen mit bisherigen Veröffentlichungen überein: um 11.050 konventionelle bzw. um 12.900 kalibrierte ^{14}C -Jahre (Proben Baumstamm 1).

Die Radiokarbon-Zeitskala ist im Skalenbereich 13.900 bis 0 kalibrierte ^{14}C -Jahre durch Baumringchronologien geeicht (kalibriert); für diesen Skalenbereich gilt kalibriertes ^{14}C -Jahr gleich Kalenderjahr (Realjahr). Es wird aufgezeigt, dass für den Skalenabschnitt > 3000 kalibrierte ^{14}C -Jahre (vor dem ersten vorchristlichen Jahrtausend) die Grundlage für solch eine Altersinterpretation fehlt. Unter anderem sind für diesen Abschnitt die Baumringchronologien nicht System-extern validiert. Sie sind nicht ausschließlich mit der dendrochronologischen Methode (Kreuzdatierung) konstruiert, sondern durchweg direkt oder indirekt auf der Basis von ^{14}C -Vordatierungen (Quasi-Zirkelschluss). Und sie sind nicht reproduzierbar, da die Rohdaten und Konstruktionsdaten nicht publiziert sind. Das *reale* Alter von Baumstamm 1 – das Datum der Verschüttung durch Laacher-See-Tephra – lässt sich deshalb mit dem derzeitigen Konzept der Dendrokalibration nicht bestimmen. Es ist nicht bekannt.



Abb. 2 Der Laacher See, etwa 40 km südlich Bonn. Blickrichtung etwa nach Süden, im Vordergrund der Lydia-Turm. Das wassergefüllte Loch entstand durch ein explosives vulkanisches Eruptionsereignis; die Hauptphase dauerte vermutlich nur wenige Tage. Der See ist etwa 2 km lang und bis zu 51 m tief. Foto: © Thilo PÖRLING, www.poerling-immobilien.de (freundl. Zurverfügungstellung).

Tab. 1 Altersinterpretation der Proben NCK-1 und Vergleich mit den Ergebnissen von BAALES et al. (2002); Erläuterung siehe Textteil. Poz, Poznań Radiocarbon Laboratory in Poznań, Polen; RoAMS, RoAMS-Laboratorium des Horia Hulubei National Institute for Physics and Nuclear Engineering (IFIN-HH) in Rumänien; Hd, damals ^{14}C -Laboratorium im Institut für Umweltphysik der Universität Heidelberg.

und von weiteren Lapilli*- und Aschenlagen der mittleren LST überlagert (Abb. 3); insgesamt ist die Abbauwand etwa 6 m hoch. Die aufrechte Position der Baumstämme lässt auf eine Einbettung an ihrem ursprünglichen Standort schließen. Allerdings sind die liegenden Abschnitte – untere LST und ehemalige Oberfläche mit Verwurzelungszone – nicht aufgeschlossen.

Pos.	Probe	Laborcode und -nummer	Baumringjahr/Position	Alter [konventionelle ^{14}C -Jahre BP $\pm 1 \sigma$]	Alter [kalibrierte ^{14}C -Jahre]		
					OxCal-Programm (IntCal13-Kurve, „95%-Spanne“)		IntCal13-Wertreihe
					BC	BP	BP
Kotulla (2019)							
1	NCK-1a	Poz-101138	nicht bestimmbar	10999 $\pm$ 60	11068-10778	13017-12727	12817,5
2	NCK-1b	RoAMS 696.93	nicht bestimmbar	10999 $\pm$ 68	11142-10845	13091-12794	13005
3	Mittelwert			11049			12920
Baales et al. (2002)							
4	Kruft 9	Hd-19098	1-20	11063 $\pm$ 30			
5	Kruft 9	Hd-19092	21-30	11066 $\pm$ 28			
6	Kruft 9	Hd-18622	31-40	11073 $\pm$ 33			
7	Kruft 9	Hd-19037	41-50	11075 $\pm$ 28			(eigener
8	Kruft 9	Hd-18438	äußerste	11065 $\pm$ 22			Ansatz:)
9	Mittelwert			11062 $\pm$ 11			12916

Von jedem Baumstamm ist eine kleinere Probenmenge für mögliche spätere Untersuchungen entnommen worden (Proben NCK-1 und NCK-2). Ein Teil des Probenmaterials von Baumstamm 1 wurde schließlich 2018 für Radiokarbon-Bestimmungen an zwei Laboratorien versendet (NCK-1a, NCK-1b). Die Beauftragung erfolgte im Namen und im Auftrag der Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V., Baiersbrunn.

Ergebnisse: Radiokarbon-Alter

Die Laboratorien weisen die Ergebnisse der Radiokarbon-Bestimmungen nicht in Form von Radiokarbon-Konzentrationen aus, sondern unmittelbar als konventionelle Radiokarbon-Alter (Herleitung siehe Kasten 1). Demnach beträgt das konventionelle Radiokarbon-Alter der Probe NCK-1a 10.999 $\pm$ 60 ^{14}C -Jahre BP und das der Probe NCK-1b 11.099 $\pm$ 68 ^{14}C -Jahre BP (Tab. 1, Pos. 1 und 2; BP, before present, vor heute mit Bezugsjahr 1950). Im Rahmen ihrer 1 σ -Unsicherheiten sind die konventionellen ^{14}C -Alter der Proben des verkohlten Baumstamms 1 nicht unterscheidbar.

Das kalibrierte ^{14}C -Alter kann unter Verwendung des Programms OxCal (BRONK RAMSEY 2017) ermittelt werden (zur Art und Weise der Kalibration* s.u.). Nach diesem Programm, mit dem Kalibrationsdatensatz von IntCal13 (REIMER et al. 2013a; IntCal, international calibration, s.u.), liegt das Alter bei Probe NCK-1a zwischen 13.017 und 12.727 und bei Probe NCK-1b zwischen 13.091 und 12.794 kalibrierten ^{14}C -Jahren BP (Tab. 1, Pos. 1 und 2). Das kalibrierte Alter wird bezogen auf den Ausgangswert mit einer Wahrscheinlichkeit von 95,4% in Form einer Altersspanne ausgewiesen. Das Programm OxCal bietet auch eine Visualisierung der Kalibration (Abb. 4).

Hinsichtlich der Fundsituation – von den Auswurfprodukten der Laacher-See-Eruption verschüttete, aufrecht stehende Baumstämme – bietet sich ein Vergleich mit den Arbeiten von

BAALES et al. (1998, 2002) an. BAALES et al. (1998) hatten 1996 bei Krufft, etwa 5 km südlich des Fundpunktes Nickenich, in einer Bimsabbau-grube aus der mittleren Laacher-See-Tephra verkohlte Bäume freigelegt und u. a. ^{14}C - und dendrochronologische Analysen veranlasst.

Neue Radiokarbon-Alter passen zu bisherigen Ergebnissen.

Der Vergleich zeigt, dass die relativen ^{14}C -Konzentrationen der verkohlten Baumstämme der Lokaltäten Krufft und Nickenich – hier ausgedrückt als konventionelle ^{14}C -Alter BP – im Rahmen ihrer 1σ -Unsicherheiten (Alter) nicht unterscheidbar sind (Tab. 1, Pos. 1–2 sowie 4–8). Dasselbe gilt auch für die kalibrierten ^{14}C -Alter bezogen auf die jeweiligen Mittelwerte: 12.920 und 12.916 kalibrierte ^{14}C -Jahre BP (Tab. 1, Pos. 3 und 9; ohne Unsicherheiten); zu der Kalibration von BAALES et al. (2002) siehe auch KOTULLA (2016). Insofern stimmen die Ergebnisse von KOTULLA (2019) und BAALES (2002) überein. Kalibrierte ^{14}C -Jahre in diesem Skalenbereich werden mit Kalenderjahren gleichgesetzt (s. u.). Folglich passen die Radiokarbon-Alter von KOTULLA (2019) auch zu dem ausgewiesenen Ausbruchdatum von etwa „12.900 Jahren vor heute“.

Diskussion

Kalibration der Radiokarbon-Zeitskala mit Baumringchronologien

Eine Kalibration der Radiokarbon-Zeitskala ist erforderlich, weil – so REIMER et al. 2013a – „atmosphärische ^{14}C -Konzentrationen mit der Zeit variieren“. Die von der Kalibrations-Arbeitsgruppe (IntCal Working Group) herausgegebene sog. atmosphärische Kalibrationskurve – aktuell IntCal13 – ist eine Zusammenstellung aus Datensätzen unterschiedlicher Herkunft. Die Datenbasis für den Skalenbereich 13.900 bis 0 kalibrierte ^{14}C -Jahre BP bilden Baumringe; sie gelten *bona fide* als Überlieferung des atmosphärischen CO_2 .

Das Proben- und Datenmaterial von Baumringchronologien (Dendrochronologien*) ist wie folgt zusammengestellt (siehe Kasten 2):

- Für den Skalenbereich 7150–1900 kalibrierte ^{14}C -Jahre BP: hauptsächlich Belfast-Eichenchronologie und Hohenheim-Eichenchronologie.
- Für den Skalenbereich 12.580–7150 kalibrierte ^{14}C -Jahre BP: Hohenheim-Eichenchronologie und Hohenheim-Kiefernchronologie.
- Für den Skalenbereich 13.900–12.580 kalibrierte ^{14}C -Jahre BP: „Radiokarbon-kalibrier-



te“ schwimmende, spätglaziale Kiefernchronologie (Deutschland und Schweiz).

Die jeweiligen Proben werden i. d. R. aus 10 oder 20 aufeinanderfolgenden Jahrringen einer Sequenz gebildet; sie sind einerseits dendrochronologisch absolut- oder „Radiokarbon-kalibriert“-datiert sowie andererseits ^{14}C -datiert (konventionell). Von diesen gelieferten und ausgewählten Rohdatensätzen (Wertepaare: kalibriertes Alter BP, ^{14}C -Alter BP $\pm 1\sigma$) wird eine statistisch geglättete Kalibrationskurve erzeugt, von dieser dann ein Kalibrationsdatensatz (Wertepaare wie oben) in Schritten von 5 oder 10 kalibrierten ^{14}C -Jahren.

Die Bearbeiter der Jahrringchronologien reklamieren – sofern die Chronologie vom Startpunkt bis zur Gegenwart mit dem dendrochronologischen Überbrückungsverfahren erstellt ist –, eine jahrgenaue, absolute Skala ohne jegliche Unsicherheit geschaffen zu haben.

Abb. 3 Reste eines verkohlten Baumstamms in Laacher-See-Tephra (LST), etwa 5 km östlich Laacher See (mittig); Bimsabbau-grube Nickenich. Die Abbauwand ist über 6 m hoch. Der untere Teil der Laacher-See-Tephra ist nicht aufgeschlossen, der obere Teil erodiert oder zuvor abgetragen. Der verkohlte, aufrecht stehende Baumstamm ist von feinkörnigen Aschen (sog. Hauptbritzbank) umschlossen. Die Probe NCK-1 stammt von diesem Baumstamm. Länge des Trekkingstocks: 95 cm. Foto: M. KOTULLA, 24. 9. 2016.

Glossar

Cal: Abkürzung für „calibrated“. Hier für „kalibrierte ^{14}C -Jahre“; sie werden von der Kalibrations-Arbeitsgruppe mit Kalenderjahren gleichgesetzt.

Dendrochronologie: Zusammengesetzt aus den griechischen Wörtern für Baum, Zeit und Lehre. Allgemein: Studium der chronologischen Sequenz jährlicher Wachstumsringe in Bäumen; konkret (als Altersbestimmungsmethode): die Konstruktion einer lückenlosen Chronologie mit Baumjahren (Jahrringkalender) von der Gegenwart bis möglichst weit zurück in die Vergangenheit. Baumringchronologie und Dendrochronologie werden synonym verwendet.

Jüngere Dryas: Eine Phase der klimostratigraphisch gegliederten, jüngeren Abschnitte des Quartärs in NW-Europa, stratigraphisch nach der relativen Kalt-/Warmphase Allerød (beide oberstes Pleistozän).

Kalibration: Eichung; hier Eichung der ^{14}C -Zeitskala.

Lapilli: Tephra-Komponenten mit einer Korngröße von 2–64 mm.

Radiokarbon: Auch Radiokohlenstoff, ^{14}C ; natürlich vorkommendes, radioaktives Isotop des Kohlenstoffs. Natürliche Häufigkeit (gegenwärtig): ^{14}C , $< 10^{-9}\%$, zum Vergleich: ^{12}C , 98,9%; ^{13}C , 1,1%.

Tephra: Pyroklastika; Auswurfprodukte einer explosiven vulkanischen Eruption; nach zunehmender Korngröße: Asche, Lapilli sowie Blöcke und Bomben.

Wiggle-Matching: An- oder Einpassung (Tuning) einer Radiokarbon-Mittelkurve (oder -Trendkurve) einer schwimmenden Chronologie auf die einer absolut datierten Standardchronologie (Absolutchronologie). Durch diese (interpretative) Synchronisation bzw. Korrelation wird die schwimmende Chronologie durch Verankerung mit der Standardchronologie datiert.

So schreiben z.B. FRIEDRICH et al. (2004): „Die absolut-datierte Baumringchronologie erstreckt sich nun bis 12.410 cal BP (10.461 BC). Folglich reicht die Baumring-basierte ^{14}C -Kalibration nun bis in die zentrale Jüngere Dryas* zurück.“ Diese Baumringchronologie (zusammengesetzt aus Hohenheim-Eichen- und Hohenheim-Kiefernchronologie) wird auch als Hohenheimer Jahrringkalender bezeichnet. Implizit wird die (konstruierte) Dendro-Zeitskala in

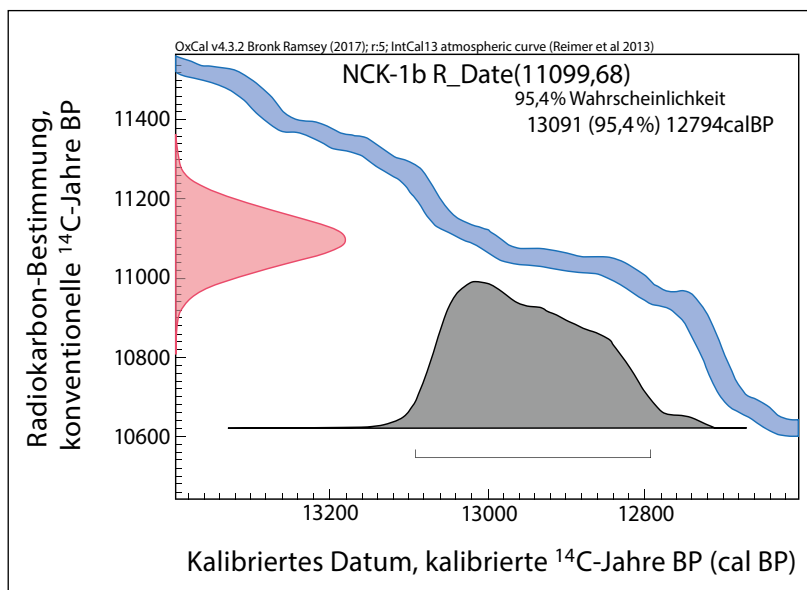


Abb. 4 Kalibration des konventionellen ^{14}C -Alters der Probe NCK-1b. Mit dem Programm OxCal (BRONK RAMSEY 2017) erfolgt unter Zugrundelegung der atmosphärischen Kalibrationskurve IntCal13 (lila mit blauem Rand; REIMER et al. 2013a) eine Umrechnung und graphische Darstellung. Hier: 11.099 ± 68 konventionelle ^{14}C -Jahre BP (Ausgangswert in Klammern neben „Date“ mit 1σ -Unsicherheit), dargestellt in vertikaler Achse (rot), zu einem kalibrierten Radiokarbon-Alter zwischen 13.091 und 12.794 kalibrierten ^{14}C -Jahren BP (horizontale Achse, grau; mit einer Wahrscheinlichkeit von 95,4% bezogen auf den Ausgangswert). Zur Methode der Kalibration siehe Textteil. BP, before present; vor heute, Bezugsjahr 1950.

Dendrojahren (hier 12.410) 1:1 auf eine Real-Zeitskala in Kalenderjahren projiziert und mit ihr gleichgesetzt; dadurch ist die Baumringkalibrierte ^{14}C -Zeitskala ebenfalls dieser Real-Zeitskala gleichgesetzt, mit Kalenderjahren als Einheit.

Konstruktion langer Baumringchronologien

Die Konstruktion langer Baumchronologien wird beispielhaft an zwei Grafiken dargelegt.

SCHMIDT (1981) unterscheidet „absolut datierte Chronologien“ (graue Balken in Abb. 5) und „schwimmende, konventionell ^{14}C -datierte Chronologien“ (weiße Balken). Das zeigt, dass die Baumindividuen unbekannten Alters ^{14}C -(vor)datiert und gegebenenfalls nach Bildung von Teilchronologien auf einer Dendro-Zeitskala entsprechend positioniert werden.

Die von BECKER (1982) erstellte „t-Eichenchronologie“ besteht sogar aus drei Teilen; Stand 1982 (Abb. 6):

1. Kalenderjahrgenau bis „2685 v. Chr.“: Kombination aus historischer Chronologie, ^{14}C -Vordatierungen und Synchronisationen deutscher Regionalchronologien untereinander.

2. Vier Radiokarbon-kalibrierte Teilchronologien von „2630 bis 7200 v. Chr.“: Korrelation mit der Borstenkiefernchronologie (s. Kasten 2) über Vergleiche der Radiokarbon-Mittelkurven (Wiggle-Matching*), „korrigierte Absolutalter bis 7200 v. Chr.“.

3. Konventionell ^{14}C -datierte Sequenzen von „8650 bis 8150 ^{14}C -Jahre v. h.“: ^{14}C -Vordatierungen, aufgrund der ^{14}C -Skala außerhalb der Borstenkiefernchronologie.

Lange Baumringchronologien sind durchweg Radiokarbon-vordatiert.

Demnach erfolgt eine Positionierung von Teilchronologien oder einzelnen Jahrring-Reihen jenseits der Standardchronologie (Skalenabschnitt vor 2685 BC) auf der Dendro-Zeitskala – jahrgenau oder grob – durch ^{14}C -Vordatierungen in Kombination mit Wiggle-Matching oder durch ^{14}C -Vordatierungen alleine. Darüber hinaus wird hier der maßgebliche Einfluss der Borstenkiefernchronologie auf die Hohenheim-Eichenchronologie deutlich.

Die Eichenchronologie wurde schließlich weiter zurück verlängert, indem die schwimmenden Teilchronologien mit der Standardchronologie dendrochronologisch verknüpft wurden. Zu Methoden der Dendrochronologie siehe Kasten 2.

Eine „Lücke“ in der irischen Belfast-Chronologie (BLC) bei Dendro-Skalenpunkt 948 BC wird mit einem englischen Chronologie-Segment überbrückt (BROWN et al. 1986). Diese Konstellation haben OSSOWSKI LARSSON & LARSSON (2012) mit den veröffentlichten Rohdatensätzen nachgebaut, insbesondere unter Einbeziehung weiterer Funde. Sie schließen, dass die originäre Verknüpfung falsch ist. Demnach handelt es sich nicht um eine überbrückte (geheilte) Lücke, sondern um einen Bruch in der Chronologie. Diese Unterbrechung macht die Belfast-Chronologie im Sinne eines absoluten, jahrgenaue Kalenders für den Skalenabschnitt vor (älter) 947 BC im Grunde genommen wertlos.

Die schwimmende, spätglaziale Kiefernchronologie (LGP) ist über eine Brückenkonstruktion mit der Hohenheim-Kiefernchronologie (PPC) verknüpft und damit zeitlich verankert (HUA et al. 2009). Die Verankerung mit der Methode des Wiggle-Matchings, der An- bzw. Einpassung (Tuning) von Radiokarbon-Mittelkurven, in Verbindung mit einer Brückenchronologie aus Kiefern in Tasmanien (südöstlich von Australien), ist allerdings in mehrfacher Weise fragwürdig. So sind z.B. mehrere Möglichkeiten der Ringbreiten-Synchronisation der vier tasmanischen Kiefern möglich.

REIMER et al. (2013b, 1934) führen erstmals konkrete methodische Anforderungen für den Fall auf, dass Proben bzw. Datensatz-Reihen der Dendrochronologen für die Kalibrationskurve berücksichtigt bzw. verwendet werden sollen. Zum Beispiel sei neben der „Etablierung absoluter Alter“ die „Konstruktion unabhängiger“ Lang-Chronologien ausschlaggebend. Sie schreiben u.a.: „Der entscheidende Beweis für eine absolut-datierte Dendrochronologie ist die externe Validierung durch unabhängig etablierte Jahrringchronologien mittels signifikanter Kreuzdatierung (...).“ Beispielhaft für solch erfolgreich erbrachte Nachweise werden die europäischen Eichenchronologien genannt, mit

1 | Theorie und Praxis der Radiokarbon-Altersbestimmung

Das (konventionelle) Radiokarbon-Alter errechnet sich aus folgendem, einfachen Term:

$$(\text{Term 1}) \quad t = -8033 \ln (A_{SN} / A_{ON}^*)$$

mit: t , Alter; A_{SN} , Aktivität der Probe (S = sample); A_{ON} , Aktivität des Standards (O = für Oxalsäure); tiefgestelltes N , normalisiert (bezogen auf $\delta^{13}C$); *, in 1950.

Nach STUIVER & POLLACH (1977, 356) setzt der Term voraus:

- „Die Verwendung der Halbwertszeit [von ^{14}C , MK] von 5568 a (mittlere Lebensdauer von 8033 a)“; Libby-Zerfallskonstante: $\lambda_L = 1/8033 \text{ a}^{-1}$.
- „Die Annahme der Konstanz des atmosphärischen ^{14}C -Gehalts während der Vergangenheit“.
- „Die Verwendung von Oxalsäure (direkt oder indirekt) als Standard“.
- Eine „Normalisierung der Isotopenfraktionierung aller Probenaktivitäten zur Basis von $\delta^{13}C = -25\text{‰}$ (relativ zum

$^{13}C/^{12}C$ -Verhältnis von PDB [Pee-Dee-Belemnit, MK]“. Anmerkungen: neuer Standard ist VPDB; $\delta^{13}C = (((^{13}C/^{12}C)_{\text{Probe}} / (^{13}C/^{12}C)_{\text{Standard}}) - 1) 1000 \text{‰}$.

– „Das Jahr 1950 ist automatisch das Basisjahr, mit Altersangaben in Jahre BP (d. h. heute [oder Gegenwart, MK] ist AD 1950).“

Die relative Aktivität beschreibt folgender Term:

$$(\text{Term 2}) \quad pMC = (A_{SN} / A_{ON}) 100 \%$$

mit: pMC, percent Modern Carbon (Prozent moderner Kohlenstoff); 100 pMC ist definiert als ^{14}C -Konzentration der Atmosphäre im Jahr 1950.

Die Beziehung normalisierte/nicht-normalisierte Aktivität ist wie folgt:

$$(\text{Term 3}) \quad A_{SN} = A_S (1 - (2 ((25 + \delta^{13}C) / 1000)))$$

mit: A_S , Aktivität Probe; $-25/1000$, postulierter Mittelwert terrestrischen Holzes; $\delta^{13}C$ (PDB), gemessener Wert der Probe.

Verweis auf PILCHER et al. (1984) und SPURK et al. (1998).

Diese Referenz-Beispiele erfüllen die Voraussetzung einer Unabhängigkeit (auch als tertiäre Replikation bezeichnet, s. Kasten 2) allerdings nicht. Die langen Eichenjahrring-Chronologien – Belfast, Hohenheim, Köln und Göttingen – sind unmittelbar oder mittelbar untereinander abgestimmt und bilden einen Chronologie-Komplex. LEUSCHNER (1992) schreibt: „Während die Hohenheim-, Belfast- und Köln-Serien in enger Kooperation aufgebaut wurden, wurde die Göttinger Torfeichenchronologie weitgehend unabhängig aufgebaut.“ So heißt es einige Jahre zuvor, dass die norddeutsche Torfeichenchronologie von Göttingen auf die süddeutsche Auwaldeichenchronologie von Göttingen synchronisiert wurde (LEUSCHNER & DELORME 1984). Letztere wiederum ist im Austausch mit der süddeutschen (Auwaldeichen-)Chronologie von Hohenheim

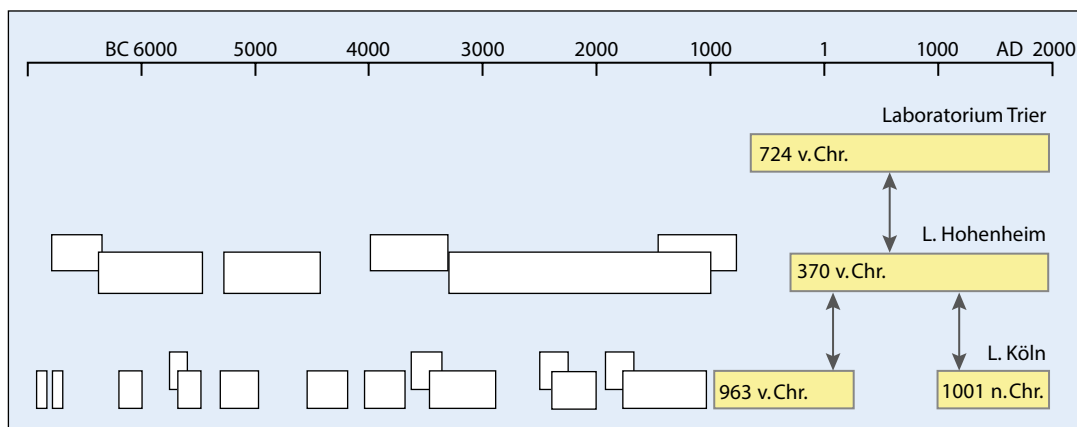
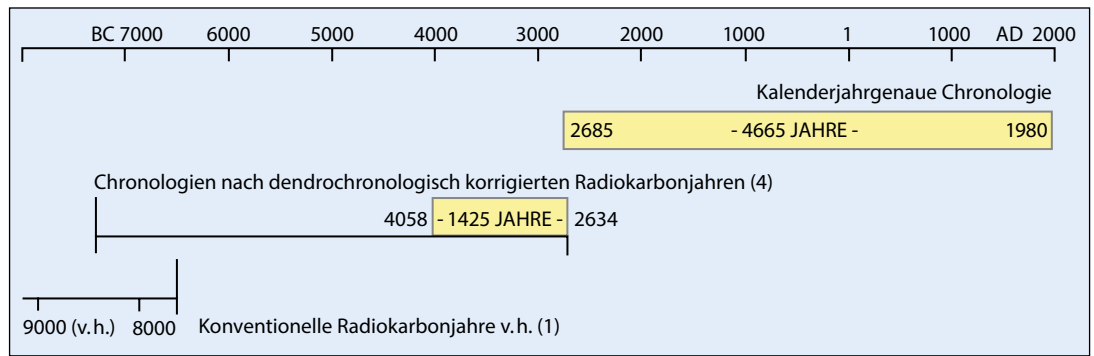


Abb. 5 Konstruktion der Eichen-Langchronologien der Laboratorien von Hohenheim und Köln mittels ^{14}C -Vordatierungen, Stand 1981. Nach SCHMIDT (1981), seine Abb. 2 (schematisch umgezeichnet). Legende (nach SCHMIDT 1981): Gelbe Balken: „Chronologien absolut datiert“; weiße Balken: „schwimmende Chronologien C^{14} datiert (konventionell)“; überlappende weiße Balken: „Chronologien zeitlich überlappend“; Pfeil: „Synchronlage“; L: Laboratorium.

Abb. 6 Konstruktion der Eichen-Langchronologie des Laboratoriums Hohenheim u. a. mittels ^{14}C -Vordatierungen, Stand 1982. Nach BECKER (1982), seine Abb. 6, unterer Teil (schematisch umgezeichnet). Beschriftung zu BECKERS Abb. 6 (S. 17): „Derzeitiger Stand der postglazialen Eichen-Jahrringchronologie in Südmitteleuropa. Die in Hohenheim erstellte Chronologie besteht aus einem kalendergenauen Teil (bis 2685 v. Chr.), vier Radiokarbonkalibrierten Teilchronologien (zwischen 2630 bis 7200 v. Chr.) sowie einer noch älteren Sequenz, die nach konventionellen ^{14}C -Alten von 8650 bis 8150 v. h. datiert.“ Anmerkung: Einzelelemente (oberer Teil der Originalabbildung) sind in dieser Abbildung des Verfassers nicht eingetragen.



entstanden (DELORME & LEUSCHNER 1983). Diese Aussagen zeigen beispielhaft, dass die Chronologien nicht unabhängig voneinander konstruiert wurden. Selbst nur eine einzige Abstimmung führt zu einer Abhängigkeit; einschränkende Aussagen wie „weitgehend unabhängig“ sind in diesem Sinne wertlos.

Es ist evident, dass Chronologien, die nicht unabhängig voneinander konstruiert wurden (bzw. werden), nicht zu einer gegenseitigen Validierung (Bestätigung) verwendet werden können (Zirkelschluss). Offenbar liegt bis dato keine extern validierte, absolut-datierte, lange Dendrochronologie vor.

Lange Baumringchronologien sind nicht wirklich validiert.

Zu den weiteren Anforderungen von REIMER et al. (2013b, 1934) und unter der Prämisse – Dendrochronologie als Wissenschaft – ist für den wissenschaftlich-methodischen Teil insbesondere festzuhalten:

1. Die von REIMER et al. (2013b) aufgestellten Anforderungen sind unzureichend. Die langen Dendrochronologien müssen nicht nur theoretisch und aussagegemäß nachvollziehbar, sondern auch praktisch überprüfbar sein. Sie müssen reproduzierbar sein. Zwar heißt es (S. 1934): „(...) für Proben der Kalibrationskurve ist es zwingend erforderlich, dass die Dendrochronologie gut erstellt und vollständig publiziert ist.“ Die dendrochronologischen Rohdaten und Konstruktionsdaten der Hohenheim-Chronologien sind bis dato aber nicht veröffentlicht. KUNIHOLM (2002, 67) bewertet nicht veröffentlichte Daten und Informationen wie folgt: „Wir müssen bedenken, dass unveröffentlichte Informationen nahezu wertlos sind.“

2. Es bedarf einer *wirklich* unabhängigen Validierung der langen Chronologien. Die sog. „externe Validierung“ im Sinne von REIMER et al. (2013b, s. o.) ist nicht System-extern, sondern System-intern. Eine unabhängige Validierung wäre z.B. durch Objekte bzw. Ereignisse bekannten Alters gegeben. Für die maßgeblichen langen Jahrringchronologien von West- und

Mitteleuropa ist eine unabhängige Validierung vor dem ersten vorchristlichen Jahrtausend – z.B. durch römische Bauwerke – gegenwärtig nicht gegeben.

3. Es liegt – insbesondere ab dem ersten vorchristlichen Jahrtausend – eine wechselseitige und abhängige Beziehung zwischen Radiokarbon-Alter und Dendro-Alter vor (u.a. ^{14}C -Vordatierungen). Mit einer Prädeterminierung von Dendro-Alter durch Radiokarbon-Alter ist eine unabhängige Dendro-Zeitskala nicht gegeben, mit welcher wiederum die Radiokarbon-Zeitskala kalibriert werden soll.

4. Die Konstruktion einer mutmaßlich ununterbrochenen Lang-Chronologie ist mit zahlreichen individuellen und persönlichen Faktoren der Bearbeiter behaftet: Sie ist u.a. selektiver, subjektiver und interpretativer Natur. Jede Kreuzdatierung ist eine Interpretation. Einer Lang-Chronologie aus Hunderten oder Tausenden Einzelelementen liegen ebenso viele Interpretationen zugrunde. Bei diesem Komplex von Interpretationen handelt es sich zudem um eine abhängige Nacheinander-Verkettung. Anstelle von Interpretation wird allerdings fast ausschließlich der Begriff „absolut-datiert“ verwendet.

Mit den gleichen Rohdaten kommen andere Bearbeiter möglicherweise zu anderen Ergebnissen oder auch zu gar keinen Ergebnissen. D. BROWN (2010) hat diesen Sachverhalt – unter erstmaliger Verwendung des Begriffs „interpretieren“ – so formuliert: „Es mögen auf Grundlage der gleichen Kollektion von Ringmustern andere Lösungen existieren, abhängig von der vom Analytisten getroffenen Wahl, die dann als gesehene Übereinstimmung interpretiert werden kann.“

Zusammengefasst: Die Konstrukteure der hier diskutierten langen Chronologien haben die Gültigkeit (Validität) und Unabhängigkeit ihrer Chronologien weder aufgezeigt noch belegt; die Beweislast aber liegt auf ihrer Seite.

Schließlich besteht gegenwärtig ein eklatantes Missverhältnis zwischen aufwendiger, hochtechnisierter Radiokarbon-Bestimmung (Abb. 1) und einer Quasi-Black-Box konstruierter, langer Baumringchronologien.

2 | Lange Baumringchronologien und ihr Aufbau

Kurzcharakteristik langer Baumring-chronologien (s. auch Tab. 2)

Kalifornische Borstenkiefernchronologie

Chronologie für Borstenkiefern der kalifornischen White Mountains (um 3000 m ü. M.), neben lebenden Individuen hauptsächlich Reste bzw. Fragmente umgefallener und erodierter Stämme. Zum Teil komplizierte, schwer interpretierbare Wuchsverläufe. Umfasst 7104 Dendrojahre (FERGUSON 1969) bzw. 8681 Dendrojahre (FERGUSON & GAYBRILL 1983); Material unbekannten Alters ^{14}C -(vor)datiert. Bildete über viele Jahre das Rückgrat der ^{14}C -Dendrokalibration; seit Mitte der 1990er-Jahre sind Proben- und Datensätze der Borstenkiefernchronologie allerdings ausgeschlossen. Dendrochronologische Rohdaten und Konstruktionsdaten nicht veröffentlicht.

Belfast-Eichenchronologie

Chronologie 1984 abgeschlossen, umfasst 7272 Dendrojahre (PILCHER et al. 1984, BROWN et al. 1986). Material von (subfossilen) Mooreichen, hauptsächlich von der Landwirtschaft geborgen und in Haufen zusammengetragen. Dendro-Skalenabschnitt 5289–116 BC bezieht 658 Bäume ein. Material unbekannten Alters ^{14}C -(vor)datiert. Dendrochronologische Rohdaten der Queens-Universität Belfast (> 9000 Datensätze) nach einer Entscheidung des *Bearbeiters für Information* 2010 (zwangs-)veröffentlicht, Konstruktionsdaten allerdings nicht.

Hohenheim-Chronologien

Hohenheim-Eichenchronologie. Von BECKER (bis 1993) konstruiert und etabliert und von FRIEDRICH et al. (2004) abgeschlossen. Aus regionalen Eichenchronologien von Süd- und

Ostdeutschland sowie ausgewählten Daten historischer Gebäude, archäologischen Holzes und lebender Bäume zusammengesetzt. Das Baum-Material stammt hauptsächlich aus nacheiszeitlichen Flussablagerungen, die subfossile Auwaldeichen bergen (BECKER 1982). Das Durchschnittsalter der 6775 beprobten subfossilen Eichen beträgt 176 Jahre. Umfasst bis AD 2002 ununterbrochen 10.482 Dendrojahre.

Hohenheim-Kiefernchronologie

Geht ebenfalls auf BECKER (bis 1993) zurück, u. a. von FRIEDRICH et al. (2004) fortgeführt; mit dem älteren Ende der Hohenheim-Eichenchronologie dendrochronologisch verknüpft. Material hauptsächlich aus nacheiszeitlichen Flussablagerungen von Donau und Rhein, aus Ostdeutschland und der Schweiz. Umfasst (Stand 2004) auf Grundlage von 515 synchronisierten Kiefern 2520 Dendrojahre. Beide Chronologien bilden den ununterbrochenen Hohenheimer Jahrringkalender[#]; dendrochronologische Rohdaten und Konstruktionsdaten nicht veröffentlicht. Material unbekannten Alters ^{14}C -(vor)datiert.

Methoden der Dendrochronologie

Replikation

Prinzip in der Dendrochronologie; nach BAILLIE (1995, 28): *Primäre* Replikation ist der Vorgang, individuelle Jahrringabfolgen einer Lokalität zu vergleichen; sie bilden ggf. eine lokale Chronologie. *Sekundäre* Replikation ist der Vorgang, unabhängige lokale Chronologien zu vergleichen; lokale Chronologien sind länger und robuster als individuelle Jahrringabfolgen. *Tertiäre* (oder *externe*) Replikation ist der Vorgang, Chronologien unabhängiger Bearbeiter zu vergleichen; als „ultimativer Test“

bezeichnet. – Der Begriff Replikation kann den Vorgang als auch den (interpretativen) Vollzug einer Synchronisation meinen. Primäre und sekundäre Replikation werden auch als *interne* Replikation zusammengefasst.

Überbrückungsverfahren

Das „schrittweise Übereinanderlegen von Jahrringkurven“ zum Aufbau einer Baumringchronologie wird auch als Überbrückungsverfahren bezeichnet (ECKSTEIN & WROBEL 2005)[#].

Kreuzdatierung (engl.: cross-dating)

Der (interpretative) Vollzug einer Synchronisation von zwei Jahrringabfolgen. Die Interpretation erfolgt visuell und mit statistischen Hilfsmitteln, z. B. der Kreuzkorrelationsanalyse.

Kreuzkorrelationsanalyse

Korrelationsanalyse zweier Stichproben-Zeitreihen a_i und b_i , wobei die Reihe b_i gegenüber der Reihe a_i (oder umgekehrt) verschoben wird; es wird versucht, die Zeitverschiebung(en) zu ermitteln, die den (die) höchsten Wert(e) für den (Kreuz-) Korrelationskoeffizienten r aufweisen. Zur Dendrochronologie: Der Korrelationskoeffizient ist allerdings von der Länge der zu vergleichenden Jahrringabfolgen abhängig; deshalb wird in Erweiterung auch der sog. t -Wert ermittelt und verwendet. – Der t -Test zur Ermittlung des t -Wertes ist „ein eher ziemlich grober Routinetest (...) als ein strenger statistischer Test“ (PILCHER et al. 1984); „die Werte für t können nicht in Wahrscheinlichkeiten überführt werden, da eine Berücksichtigung der Autokorrelation nicht möglich ist.“

[#] Siehe https://botanik.uni-hohenheim.de/archaeo-palaeo_dendro_hoh-jahrringkalender.

Pos.	Baumringchronologie	Abkürzung (englisch)	Dendro-Zeitskala [Dendrojahre BP]		Länge (Dendrojahre)	absolut-datiert? (den Bearbeitern zufolge)
			Start	Ende		
1	Belfast-Eichenchronologie	BLC	7238	-34	7272	ja, mit Überbrückung
2	Hohenheim-Eichenchronologie	HOC	10429	-52	10482	ja, ununterbrochen
3	Hohenheim-Kiefernchronologie	PPC	12325	9891	2435	dendro-verlinkt mit Pos. 2
4	Hohenheim-Chronologien, gesamt		12325	-52	12378	ja, ununterbrochen
5	Spätglaziale Kiefernchronologie	LGP	13978	12597	1382	schwimmend, ^{14}C -verlinkt mit Pos. 3

Tab. 2 Baumringchronologien, die Proben- und Datensätze für die Dendrokalibration liefern. Pos. 1: PILCHER et al. (1984), BROWN et al. (1986); Pos. 2: FRIEDRICH et al. (2004); Pos. 3: FRIEDRICH et al. (2004), REINIG et al. 2018; Pos. 5: HUA et al. (2009). Wegen des Bezugsdatums BP (= 1950) sind die damaligen Daten „bis Gegenwart“ rechnerisch negativ; z. B.: -34 entspricht AD 1984.

Fazit

Die Altersinterpretation für den Skalenbereich 13.900 bis 0 kalibrierte ^{14}C -Jahre BP gründet auf eine Kalibration der ^{14}C -Zeitskala durch lange Baumringchronologien. Die Macher der atmosphärischen Kalibrationskurve haben bisher nicht nachweisen können, dass die der Kurve zugrundeliegenden konstruierten

Baumringchronologien vor dem ersten vorchristlichen Jahrtausend valide sind. Demzufolge können kalibrierte ^{14}C -Jahre nicht mit Kalenderjahren (Realjahren) gleichgesetzt werden. Das heißt konkret, das auch nicht bekannt ist, in welchem Verhältnis bzw. in welcher Beziehung 12.000 oder 13.000 kalibrierte ^{14}C -Jahre [BP] zu Kalenderjahren (Realjahren) stehen.

Schlussfolgerung

Das *reale* Alter von Baumstamm 1 – das Datum der Verschüttung durch Laacher-See-Tephra – lässt sich mit dem derzeitigen Konzept der Dendrokalkulation nicht bestimmen. Es lässt sich auch nicht bestimmen über Ergebnisse der warvenchronologischen Methode oder der Argon/Argon-Methode; beide Ergebnisse sind auf bereits kalibrierte ^{14}C -Alter synchronisiert worden (KOTULLA 2016). Daraus folgt schließlich, dass das *reale* Alter von Baumstamm 1 gegenwärtig unbekannt ist.

Die langen Baumringchronologien verifizieren (bestätigen) die ^{14}C -Zeitskala vor dem ersten vorchristlichen Jahrtausend nicht. Es sind Baumringchronologien konstruiert worden, die sich aus ^{14}C -datierten Jahrring-Sequenzen zusammensetzen.

Eine Voraussetzung zur Berechnung von Radiokarbon-Alter ist „die Annahme der Konstanz des atmosphärischen ^{14}C -Gehalts während der Vergangenheit“ (STUIVER & POLLACH 1977, 356; siehe Kasten 1). Allerdings liegen zwei Variablen vor, der Gehalt an ^{14}C und ^{12}C ; das ist mindestens eine Unbekannte zu viel. Der einfache Berechnungsterm (siehe Kasten 1) beschreibt wahrscheinlich nur einen Sonderfall der Vergangenheit.

Literatur

BAALES M, BITTMANN F & KROMER B (1999) Verkohlte Bäume im Trass der Laacher See-Tephra bei Krufft (Neuwieder Becken). Ein Beitrag zur Datierung des Laacher See-Ereignisses und zur Vegetation der Allerød-Zeit am Mittelrhein. *Archäologisches Korrespondenzblatt* 28, 191–204.

BAALES M, JÖRIS O, STREET M, BITTMANN F, WENINGER B & WIETHOLD J (2002) Impact of the Late Glacial eruption of the Laacher See volcano, Central Rhineland, Germany. *Quaternary Research* 58, 273–288.

BECKER B (1982) Dendrochronologie und Paläoökologie subfossiler Baumstämme aus Flussablagerungen. Ein Beitrag zur nacheiszeitlichen Auenentwicklung im südlichen Mitteleuropa. *Mitteilungen der Kommission für Quartärforschung der Österreichischen Akademie der Wissenschaften*, Band 5. Wien.

BRONK RAMSEY C (2017). Methods for Summarizing Radiocarbon Datasets. *Radiocarbon* 59, 1809–1833.

BROWN D (2010) QUB Dendrochronology raw data. http://www.chrono.qub.ac.uk/bennett/dendro_data/dendro.html.

BROWN DM, MUNRO MAR, BAILLIE MGL & PILCHER JR (1986) Dendrochronology – the absolute Irish standard. *Radiocarbon* 28, 279–283.

DELORME A & LEUSCHNER H-H (1983) Dendrochronologische Befunde zur jüngeren Flußgeschichte von Main, Lahn und Oker. *Eiszeitalter u. Gegenwart* 33, 45–57.

ECKSTEIN D & WROBEL S (2005) Dendrochronologie. In: PINGEL V & HAUPTMANN A (eds.) *Archäometrie – eine Querschnittswissenschaft. Methoden und Anwendungsbeispiele naturwissenschaftlicher Verfahren in der Archäometrie*. Stuttgart, 154–170.

FERGUSON CW (1969) A 7104-year annual tree-ring chronology for bristlecone pine, *Pinus aristata*, from the White Mountains, California. *Tree-Ring Bulletin* 29, 3–29.

FERGUSON CW & GRAYBILL DA (1983) Dendrochronology of bristlecone pine: a progress report. *Radiocarbon* 25, 287–288.

FRIEDRICH M, REMMELE S, KROMER B, HOFMANN J, SPURK M, KAISER KF, ORCEL C & KÜPPERS M (2004) The 12,460-year Hohenheim oak and pine tree-ring chronology from Central Europe – a unique annual record for radiocarbon calibration and paleoenvironment reconstructions. *Radiocarbon* 46, 1111–1122.

HUA Q, BARBETTI M, FINK D, KAISER KF, FRIEDRICH M, KROMER B, LEVCHENKO VA, ZOPPI U, SMITH AM & BERTUCH F (2009) Atmospheric ^{14}C variations derived from tree rings during the early Younger Dryas. *Quaternary Science Reviews* 28, 2982–2990.

KOTULLA M (2016) Die explosive Eruption des Laacher-See-Vulkans. *Stud. Integr. J.* 23, 111–116.

KOTULLA M (2019) Verkohlte Baumstämme in Tephra-Ablagerungen des Laacher-See-Vulkans: neue Radiokarbon-Bestimmungen und ihre Altersinterpretation. W+W Special Paper G-19-1, Baidersbronn; https://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/g-19-1_radiokarbon.pdf

KUNIHOLM PI (2002) Archaeological dendrochronology. *Dendrochronologica* 20, 63–68.

LEUSCHNER H-H (1992) Subfossil trees. In: BARTHOLIN T (ed.) *Tree-rings and environment. Proceedings of the International Dendrochronological Symposium*, Ystad, South Sweden, Lundqua Report 34, 193–197.

LEUSCHNER H-H & DELORME A (1984) Verlängerung der Göttinger Eichenjahrringchronologien für Nord- und Süddeutschland bis zum Jahr 4008 v. Chr. *Forstarchiv* 55, 3–5.

OSSOWSKI LARSSON P & LARSSON L-A (2012) Dating and linkage of the long Belfast BC chronology – an error in one of the key links. <http://www.cybis.se/forfun/dendro/hollstein/belfast/index.php>.

PILCHER JR, BAILLIE MGL, SCHMIDT B & BECKER B (1984) A 7272-year tree-ring chronology from Western Europe. *Nature* 312, 150–152.

REIMER PJ, BARD E, BAYLISS A, BECK JW, BLACKWELL PG, BRONK RAMSEY C, BUCK CE, CHENG H, EDWARDS RL & FRIEDRICH M (2013a) IntCal13 and Marine13 radiocarbon age calibration curves 0–50,000 years cal BP. *Radiocarbon* 55, 1869–1887.

REIMER PJ, BARD E, BAYLISS A, BECK JW, BLACKWELL PG, BRONK RAMSEY C, BUCK CE, EDWARDS RL, FRIEDRICH M, GROOTES PM, GUILDERSON TP, HAFLIDASON H, HAJDAS I, HATTÉ C, HEATON TJ, HOGG AG, HUGHEN KA, KAISER KF, KROMER B, MANNING SW, REIMER RW, RICHARDS DA, SCOTT EM, SOUTHON JR, TURNER CSM & VAN DER PLICHT J (2013b) Selection and treatment of data for radiocarbon calibration: an update to the International Calibration (IntCal) criteria. *Radiocarbon* 55, 1923–1945.

REINIG F, NIEVERGELT D, ESPER J, FRIEDRICH M, HELLE G, HELLMANN L, KROMER B, MORGANTE S, PAULY M, SOOKDEO A, TEGEL W, TREYDTE K, VERSTEGE A, WAKER L & BÜNTGEN U (2018) New tree-ring evidence for the Late Glacial period from the northern pre-Alps in eastern Switzerland. *Quaternary Science Reviews* 186, 215–224.

SCHMIDT B (1981) Beitrag zum Aufbau der holozänen Eichenchronologie in Mitteleuropa. *Archäologisches Korrespondenzblatt* 11, 361–363.

SCHMINCKE H-U (2014) *Vulkane der Eifel. Aufbau, Entstehung und heutige Bedeutung*. 2. Auflage, Darmstadt.

Anschrift des Verfassers:

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

Mikroorganismen als Energiekünstler

Der Energiehaushalt anaerober Mikroorganismen ist weder primitiv noch ineffizient

Über 30 Jahre lang waren Forscher der Ansicht, dass der Energiestoffwechsel anaerober Mikroorganismen aufgrund des Fehlens sogenannter Bifurkations-Enzyme deutlich weniger effizient sei als derjenige höherer Organismen – eine Auffassung, die aus der Perspektive der Darwin'schen Evolutionslehre durchaus plausibel erscheint. Doch jüngere Untersuchungen an verschiedenen Anaerobiern zeigen, dass auch diese vermeintlich primitiven Lebewesen mit erstaunlich anspruchsvollen biochemischen Funktionseinheiten ausgestattet sind.

Boris Schmidtgal

Energie ist kostbar

Für jede Form der Bewegung und Thermoregulation (Wärmehaushalt) bedarf es der Energie. In diesem Zusammenhang wird oft allgemein vom „Energiehaushalt“ gesprochen. Ob Unternehmen, Maschinen, Häuser oder auch Lebewesen – alle sind als Verbraucher auf eine ausreichende Zufuhr an Energie durch bestimmte Energieträger angewiesen. Doch Energieträger sind kostbar, denn sie nützen den Verbrauchern nur dann etwas, wenn sie noch nicht „entwertet“ sind. Die naturgesetzliche Tendenz der Materie, Zustände höherer Entropie[★] anzunehmen, führt dazu, dass nutzbare Energie im Universum immer weiter abnimmt. Eine solche Entwertung eines Energieträgers ist beispielsweise das Verbrennen von Holz unter Freisetzung von CO_2 , während der umgekehrte Vorgang – das Wachsen von Pflanzen unter Aufnahme von CO_2 – der *Aufbau* verwertbarer Energieträger ist (Fotosynthese). Der erste Vorgang ist unkompliziert, verläuft spontan und setzt Energie frei (exergoner[★] Vorgang), während der zweite Vorgang äußerst aufwändig

reguliert ist und unter Energieaufnahme (Sonnenenergie) verläuft (endergoner[★] Vorgang).

Daher ist Sparsamkeit im Umgang mit nutzbarer Energie zwingend notwendig. Das zeigen auch aktuelle Bemühungen im Bereich der technischen Forschung und der Energiewirtschaft. So wird der Ausbau von Blockheizkraftwerken in Deutschland gefördert¹, da diese Einrichtungen den Verlust der Wärmeenergie durch Abfluss in eine unerwünschte Richtung (Dissipation) minimieren sollen. Dazu dient das Prinzip der Kraft-Wärme-Kopplung, d.h. die Gewinnung von mechanischer Energie und Wärmeenergie in einem thermodynamischen[★] Vorgang. Ebenso sind moderne Fahrzeuge zunehmend mit Vorrichtungen versehen, die die Wiedergewinnung von Energie – z.B. beim Bremsen – ermöglichen sollen. Doch so sinnvoll diese Bemühungen auch sind, sie stoßen stets auf ein entscheidendes Problem: den hohen Aufwand für die Herstellung *effizienter* Vorrichtungen zur Einsparung von Energie. Denn bisher kann der Verlust von mindestens 50% der wiedergewonnenen Energie durch Dissipation nicht verringert werden.²

Kompakt

Angesichts knapper Energiere Ressourcen sind Organismen auf einen effizienten Energiestoffwechsel angewiesen. Während die Untersuchung der Atmungskette höherer Organismen schon vor über 40 Jahren zur Entdeckung von Proteinkomplexen mit Energiespareinrichtungen führte, wurden vergleichbare biochemische Funktionseinheiten bei anaeroben* Mikroorganismen erst vor gut einem Jahrzehnt entdeckt. Es handelt sich dabei um sogenannte Bifurkations-Enzyme, also biochemische Katalysatoren, die einen Elektronenfluss gabeln oder verzweigen. Diese können Elektronen gezielt auf zwei verschiedene Routen schicken – und das unter Kopplung energieverbrauchender mit energieliefernden Prozessen. Zuvor wurde angenommen, dass der Energiestoffwechsel der Anaerobier aufgrund des Fehlens solcher Enzyme ineffizient sei. Dies ist aus evolutionstheoretischer Sicht eine plausible Annahme, da anaerobe Organismen aufgrund ihrer vergleichsweise geringen Komplexität (z. B. kleines Genom) als gute Kandidaten für den „primitiven“ Ursprung des Lebens auf der Erde gelten. Zudem geht die Mehrheit der Forscher bisher davon aus, dass die ersten Organismen unter sauerstofffreien Bedingungen entstanden sind und daher (zunächst) anaerob lebten. Aufgrund von neueren Erkenntnissen stellt sich dieser Sachverhalt jedoch anders dar. Anaerobier weisen demnach ebenfalls hochkomplexe Bifurkations-Enzyme auf, die einen nahezu optimalen Energiestoffwechsel ermöglichen. Für evolutionstheoretische Erklärungen stellt dies ein schwerwiegendes Problem dar, da Leben schon auf der Stufe der geringsten Komplexität offenbar nahezu perfekt eingerichtet ist. Als Erklärungsversuche dienen unbegründete Behauptungen und hypothetische natürliche Vorgänge, für die aber bisher keine empirischen Belege vorliegen. Dagegen können die Bifurkations-Enzyme als klare Design-Indizien interpretiert werden. Es ist in diesem Zusammenhang nicht überraschend, dass einige Forscher in den eleganten chemischen Abläufen innerhalb der Bifurkations-Enzyme Vorbilder für innovative Techniken sehen.

Abb. 1 Schematische Darstellung des Prinzips des Energietransfers in der Biologie. Bis auf wenige Organismen speichern die Lebewesen die Energie von Primärträgern (Licht, organische Verbindungen, Mineralien) in der chemischen Verbindung ATP (Adenosintriphosphat). Diese „Energiewährung“ liefert die Energie für verschiedene Vitalfunktionen eines Organismus.

Zudem ist die technische Realisierung solcher Vorrichtungen sehr anspruchsvoll. Es wundert daher nicht, dass der schwindeleerregende Anschaffungspreis Verbraucher häufig davon abhält, zur Energieversorgung (Strom, Wärme) des eigenen Hauses ein Blockheizkraftwerk im Keller zu installieren.

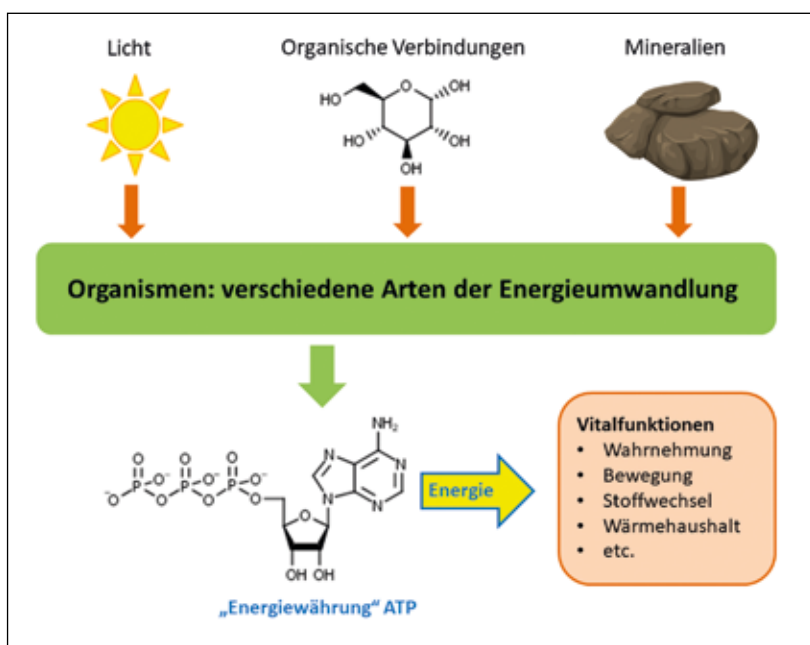
Ausgehend von diesen leicht nachvollziehbaren Beobachtungen veranlasst die nähere Betrachtung biologischer Einrichtungen Wissenschaftler regelmäßig zum Staunen darüber, wie hier das „Energieproblem“ auf elegante und effiziente Art und Weise in verschiedenen

Ausführungen gelöst wurde, um den Anforderungen des jeweiligen Organismus Rechnung zu tragen. Biologische Systeme zeichnen sich nicht nur durch einen erstaunlich sparsamen Umgang mit Rohstoffen aus, indem ein großer Teil der Abbauprodukte für den erneuten Aufbau biologischer Strukturen verwendet wird. Sie weisen auch Vorrichtungen auf, die im Hinblick auf die Energieverwertung nahezu optimal sind.

„Energiekopplung“ bei aeroben Organismen

Ein grundlegendes Prinzip des Energiestoffwechsels aller Organismen beruht auf der Zwischenspeicherung der aufgenommenen Energie in energiereichen chemischen Verbindungen. Die meisten Organismen wandeln die aufgenommene Energie, sei es in Form von Licht, Mineralstoffen oder organischen Verbindungen, in die „Energiewährung“ Adenosintriphosphat (ATP) um (Abb. 1). Für diesen Vorgang werden überaus komplex organisierte Ensembles molekularer Konstruktionen, bestehend aus Multienzymkomplexen und einer Vielzahl an Kofaktoren, verwendet. Der Transfer der Energie erfolgt dabei durch physikalische Vorgänge (energetische Anregung, Ladungsfluss) im Zusammenspiel mit chemischen Reaktionen. Die in Form von ATP gespeicherte Energie wird später dazu genutzt, biochemische Reaktionen zu ermöglichen, die nicht spontan ablaufen.

Besondere Aufmerksamkeit verdienen hierbei molekulare Vorrichtungen, die offenbar so beschaffen sind, dass dissipative* Energieverluste beim Energietransfer minimiert werden. Bei Eukaryoten sind in diesem Zusammenhang viele Untersuchungen am Q-Zyklus, einem Teilvorgang der Atmungskette, durchgeführt worden. Der Q-Zyklus findet innerhalb des Komplexes III (Q-Cytochrom-c-Oxidoreduktase), einer mitochondrialen Protonenpumpe, statt. Das Besondere an diesem Vorgang ist die getrennte Übertragung zweier Elektronen von demselben Molekül (Ubichinon) auf zwei verschiedene Elektronen-Akzeptoren* (ein anderes Chinon und ein Cytochrom c). Bildhaft gesprochen gabelt sich hier der Elektronenfluss, weswegen von einer „Elektronenbifurkation“ gesprochen wird (Abb. 2). Das Besondere an dieser molekularen Einrichtung ist die energetische Kopplung eines energieverbrauchenden (roter Pfeil) mit einem energieliefernden (blauer Pfeil) Vorgang. Auffällig ist dabei, dass die gekoppelten Energiebeträge annähernd gleich groß sind, sodass kaum Energie in Form von Wärme verloren geht (Details s. Kasten „Komplex III“).



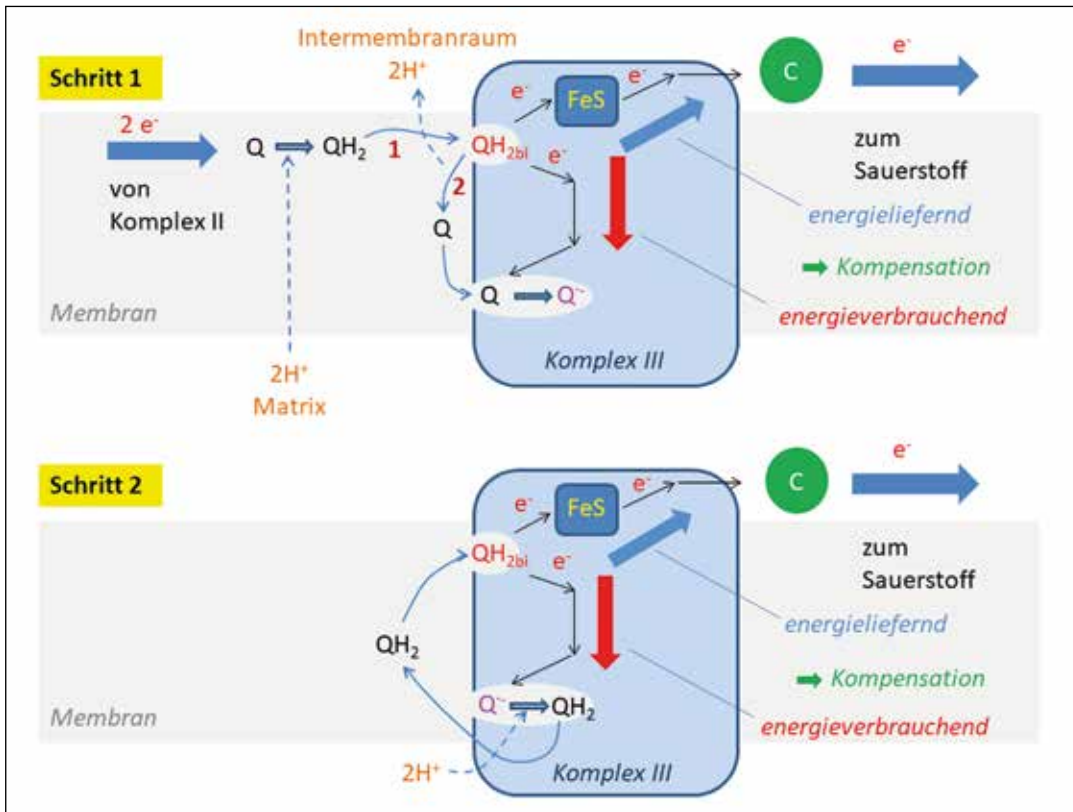


Abb. 2 Vereinfachtes Schema des Q-Zyklus in der mitochondrialen Atmungskette. Abkürzungen: Q Chinon, QH_2 Ubichinol, QH_{2bl} Ubichinolubiquinol, $Q^{\cdot-}$ Semichinon, FeS Eisen-Schwefel-Protein, C Cytochrom. „Ecken“ im Elektronentransport stellen Zwischenstationen dar, die der Übersichtlichkeit wegen nicht dargestellt sind. Der Komplex III pumpt pro Übertragung von zwei Elektronen vier Protonen aus der mitochondrialen Matrix in den Intermembranraum. Die energiebereitende Reaktion ist die Reduktion des Cytochroms, sie kompensiert die energieverbrauchende Regeneration von QH_2 .

„Energiekopplung“ bei Anaerobiern

Während die Elektronenbifurkation im Komplex III von Eukaryoten schon 1975 von MITCHELL³ beschrieben worden ist, wurde bis vor ungefähr zehn Jahren davon ausgegangen, dass anaerobe Organismen solche Vorrichtungen nicht aufweisen. Stattdessen wurde vermutet, dass Anaerobier einen ineffizienten Stoffwechsel aufweisen – eine Annahme, die aus evolutionstheoretischer Sicht⁴ naheliegend und sinnvoll erscheint, da Anaerobier als gute Kandidaten für den „primitiven“ Ausgangspunkt der evolutiven Höherentwicklung gelten. Zudem vertritt die Mehrheit der Forscher die Auffassung, dass die ersten Organismen in einer sauerstofffreien Umgebung entstanden sind, sodass sie zwangsläufig einen anaeroben Stoffwechsel betrieben haben müssten. In Anlehnung an diese Annahmen schreiben BUCKEL und THAUER (2018) im Rückblick auf die Ergebnisse früherer Untersuchungen und thermodynamischer Berechnungen zum Energiestoffwechsel von anaeroben Mikroorganismen:

„Aufgrund dieses Resultats und der Ergebnisse von anderen wurde [zuvor] angenommen, dass Anaerobier ineffiziente Energieverwerter sind [...]“.

Diese Sichtweise musste jedoch aufgrund von jüngeren Untersuchungen am Stoffwechsel von obligat* anaeroben Mikroorganismen revidiert werden. Denn es wurden bei mehreren Arten molekulare Einrichtungen nachgewiesen, die einen vergleichbar effizienten Energietransfer wie in aeroben Organismen durch Verwendung

der Elektronenbifurkation ermöglichen. Die Entdeckung dieses Phänomens gelang BUCKEL und THAUER bei Untersuchungen an anaeroben Bakterien mit der Bezeichnung *Clostridium kluyveri*. Diese eigenartigen Lebewesen können auf Trinkalkohol (Ethanol) und Essigsäure wachsen, chemischen Verbindungen also, die von vielen anderen Mikroorganismen als Abfallprodukte ausgeschieden werden und auf viele Organismen in höherer Konzentration toxisch wirken. *C. kluyveri* wandelt die genannten Ausgangsverbindungen durch Fermentation* in Buttersäure und Capronsäure um und setzt dabei molekularen Wasserstoff frei (SEEDORF et al 2008).

Details zum mitochondrialen Komplex III

Der Elektronentransfer innerhalb des mitochondrialen Komplexes III verläuft nach folgendem Prinzip (Abb. 2): Im ersten Schritt wird ein Elektron vom Ubichinol abgespalten und auf ein Chinon übertragen. Es resultiert dabei ein Radikalanion, auch als Semichinon bezeichnet, welches kurze Zeit „wartet“. Nach Durchlaufen einer zweiten entsprechenden Elektronenübertragung wird das Semichinon selbst zu einem Ubichinol reduziert und kann anschließend ebenfalls im gleichen Prozess oxidiert werden. Auffällig ist bei diesen Vorgängen die Energiebilanz: Während die Elektronenübertragung auf das Cytochrom c Energie freigesetzt, verbraucht die zweistufige Reduktion des Chinons

zum Ubichinol Energie. Durch energetisches Koppeln der Vorgänge wird verhindert, dass die Energie, die bei der Reduktion des Cytochroms c freigesetzt wird, einfach verpufft. Stattdessen dient sie dazu, in einem energieverbrauchenden Vorgang die Hälfte der verbrauchten Ubichinone zu regenerieren. Dies stellt eine sehr effiziente Einrichtung bezüglich Material- und Energieverbrauch dar. Diese komplexe Konstruktion ist notwendig, um von einem Zwei-Elektronen-Transporter (Ubichinol) auf einen Ein-Elektron-Transporter (Cytochrom c) umzuschalten. Auf diese Weise wird eine effiziente Elektronenübertragung auf den Sauerstoff im benachbarten Proteinkomplex IV ermöglicht.

Glossar

aerob: Als „aerob“ werden Organismen bezeichnet, die für ihren Stoffwechsel Sauerstoff benötigen.

anaerob: Als „anaerob“ werden Organismen bezeichnet, die für ihren Stoffwechsel keinen Sauerstoff benötigen. Viele dieser Organismen sind empfindlich gegenüber Sauerstoff. Organismen, die keinen Sauerstoff vertragen, werden als „obligat anaerob“ bezeichnet.

ΔG : Änderung der freien Enthalpie ($\rightarrow$ freie Enthalpie)

Dissipation: Verteilung der Energie in unerwünschte Richtungen (Streuung) in Form von Wärme.

Elektronen-Akzeptor: Teilchen, das Elektronen aufnimmt.

endergon: Ein Vorgang ist „endergon“, wenn Arbeit (thermodynamisch) in das betreffende System investiert werden muss. Die Arbeit kann dem System in Form von Wärme zugeführt werden oder indem die Ordnung des Systems erhöht wird. Solche Vorgänge sind durch einen positiven Betrag der Änderung der freien Enthalpie charakterisiert ($\Delta G > 0$).

Entropie: Maß für die Unordnung eines Systems (Zustandsgröße S). Wenn ein System aus einer bestimmten Anzahl an Teilchen besteht, können die Teilchen Zustände höherer Ordnung oder geringerer Ordnung annehmen. Wenn der Zustand der Teilchen von einem geordneten in einen weniger geordneten wechselt, steigt die Entropie des Systems, d. h. $\Delta S > 0$ (in $J/K \cdot mol$).

exergon: Ein Vorgang ist „exergon“, wenn ein System dabei (thermodynamisch) Arbeit leistet. Solche Vorgänge sind durch einen negativen Betrag der Änderung der freien Enthalpie charakterisiert ($\Delta G < 0$).

Fermentation: Umwandlung von organischen Verbindungen in Gase, Säuren oder Alkohol durch Mikroorganismen.

freie Enthalpie (G): Größe, die den Energiegehalt (Zustand) eines Systems beschreibt. Das Maß für die Arbeit, die ein System leistet oder aufnimmt, ist die Änderung der freien Enthalpie

ΔG (in kJ/mol). Ein negativer Betrag von ΔG bedeutet, dass das System Arbeit leistet. Für alle Naturvorgänge, die spontan verlaufen, gilt $\Delta G < 0$. Wird dem System Energie zugeführt, ist $\Delta G > 0$. Für Naturvorgänge, die unter Investition von Energie verlaufen, ist ΔG positiv.

hyperthermophil: Als „hyperthermophil“ gelten Organismen, die bevorzugt unter besonders hohen Temperaturen leben.

konvergente Evolution: Als „konvergent“ werden evolutive Abläufe bezeichnet, die unabhängig von Verwandtschaftsverhältnissen zu sehr ähnlichen biologischen Einrichtungen führen sollen. So gilt (im Rahmen der Synthetischen Theorie) das Echoortungssystem bei Fledermäusen und Delphinen als ein Beispiel für konvergente Evolution, da beide Lebewesen aufgrund ihrer großen morphologischen Unterschiede für stammesgeschichtlich sehr weit voneinander entfernt gehalten werden, sodass gemeinsame Abstammung nicht die Ursache des ähnlichen Merkmals sein kann.

obligat: ausschließliche

Orbital: Begriff für einen Raum in einem Atom oder Molekül, in dem Elektronen sich mit großer Wahrscheinlichkeit aufhalten.

Serpentinisierung: Umwandlung des eisen- und magnesiumhaltigen Minerals Brucit (durch Reaktion mit SiO_2) zu Serpentin unter Bildung von Wasserstoff und Magnetit (Fe_3O_4) in ca. 400 °C heißen Quellen („Schwarzen Rauchern“) am Meeresboden. Es wird angenommen, dass die Bildung des Wasserstoffs die Folge der Umwandlung des Brucits ist.

Thermodynamik: Auch als „Wärmelehre“ bezeichnet, d. h. die Lehre über das Verhalten von Vielteilchensystemen im Hinblick auf die Zuführung oder Abführung von Energie (Wärmeenergie, mechanische Energie). Zentrale Bedeutung haben Zustandsgrößen, die den Energiegehalt des Systems beschreiben, und Änderungen von Zustandsgrößen, die beim Energietransfer auftreten.

Lange Zeit war unklar, wie das Bakterium diese energetisch kostspielige Synthese bewerkstelligt, wobei vor allem die unter Atmosphärendruck stark endergone Reduktion von Wasserstoff energetisch besonders ins Gewicht fällt. Erst nachdem die Funktionsweise des aus drei Untereinheiten zusammengesetzten EtfAB-Bcd Enzymkomplexes (electron-transferring flavoprotein-butyryl-CoA dehydrogenase) beschrieben werden konnte, war das Rätsel gelöst: Durch elegante Kopplung energieverbrauchender mit energieliefernden Elektro-

nenübertragungen innerhalb von EtfAB-Bcd ergibt sich eine thermodynamisch günstige Bilanz ($\Delta G < 0$)^{*} für den gesamten Vorgang (HERRMANN et al. 2008).

Zudem weisen die gekoppelten Vorgänge ähnliche Energiebeträge auf und sind daher annähernd perfekt kompensatorisch, so dass es kaum zu einem Energieverlust kommt (Abb. 3; Details s. Kasten „EtfAB-Komplex“).

Die Sichtweise, dass Anaerobier einen ineffizienten Energiestoffwechsel aufweisen, musste revidiert werden.

Ein weiterer Typ von Enzymkomplex, dessen Funktionsweise die Elektronenbifurkation beinhaltet, ist die NADH-abhängige Ferredoxin (Fd) NADP⁺-Oxidoreduktase (Nfn), die aus verschiedenen Anaerobiern isoliert werden konnte. Besonders gründlich konnte ein Exemplar aus *Thermotoga maritima* anhand einer Röntgenkristallstrukturanalyse charakterisiert werden (DEMMER et al. 2015). Bei *T. maritima* handelt es sich ebenfalls um ein obligat anaerobes Bakterium, das unter hyperthermophilen^{*} Bedingungen lebt (ideale Temperatur 80 °C). Es gewinnt seine Energie aus der Umwandlung verschiedener organischer Verbindungen wie Zucker oder Zellulose in CO_2 und H_2 . Auch im Fall der Nfn-Enzymkomplexe liegt eine annähernd perfekte Bilanz der Energieübertragung vor, obwohl sie einige bauliche Unterschiede zum EtfAB-Komplex aufweisen (Abb. 4; Details s. Kasten „Nfn-Komplex“).

Interessanterweise gibt es auch Organismen, die die Elektronenbifurkation in umgekehrter Richtung nutzen, wie das Milchsäure-oxidierende Bakterium *Acetobacterium wodii*. *A. wodii* macht Gebrauch von einem EtfAB-Komplex, wobei hier die Elektronen vom Lactat und Ferredoxin ausgehend auf dem FAD an der Stelle der Gabelung zusammenfließen, um anschließend in einer Zwei-Elektronen-Übertragung zum NAD^+ zu gelangen, sodass NADH gebildet wird (WEGHOFF et al. 2015). Ein solcher Vorgang wird konsequenterweise als *Konfurkation* bezeichnet. Die außerordentliche Effizienz von Enzymkomplexen, die von der Elektronenbifurkation Gebrauch machen, zeigt sich auch in der Nutzung anderer, überaus anspruchsvoller chemischer Prozesse für den Energiehaushalt. Acetogene Mikroorganismen wie *Moorella thermoacetica* verwirklichen die thermodynamisch äußerst ungünstige Reduktion von CO_2 zu CO (BUCKEL & THAUER 2013) und manche Bakterien vermögen sogar den aromatischen Ring von Benzoeaten oder Acetylen zu reduzieren – chemische Prozesse, die selbst im Labor nur durch Einsatz hochpotenter

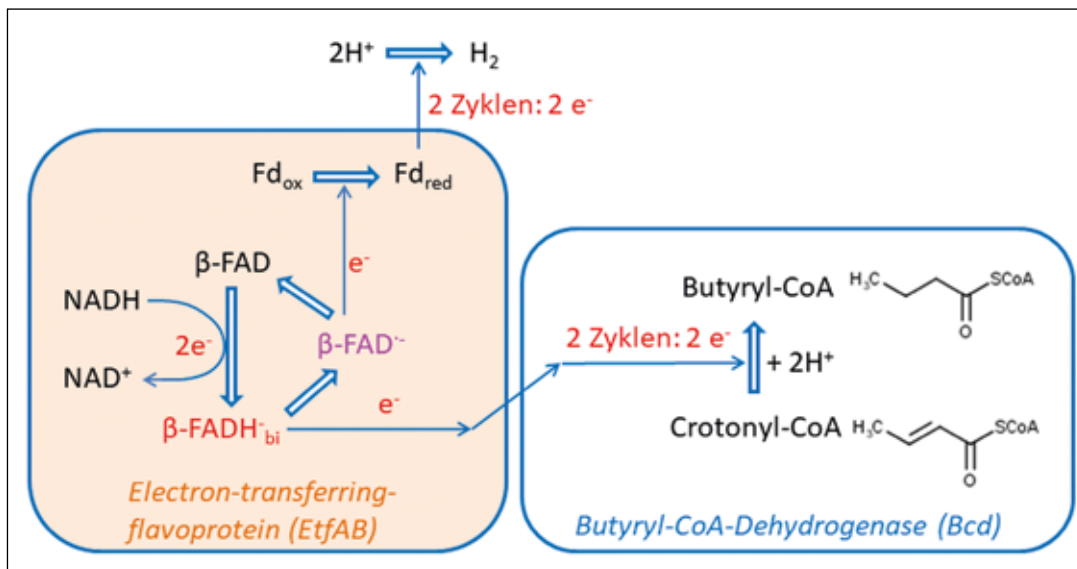


Abb. 3 Vereinfachtes Schema der Abläufe im Bifurkations-Enzym EtfAB-Bcd. Abkürzungen: NADH Nicotinamidadenindinukleotid, β -FAD Flavin-Adenin-Dinucleotid, in der β -Untereinheit von EtfAB, β -FAD $^{\cdot-}$ Semichinon, Fd_{ox} Ferredoxin-oxidierte Form, β -FADH $_{bi}$ reduziertes Flavin-Adenin-Dinucleotid an der Stelle der Bifurkation, Fd_{red} Ferredoxin-reduzierte Form. „Ecken“ im Elektronentransport stellen Zwischenstationen dar, die der Übersichtlichkeit wegen nicht dargestellt sind. Der energieliefernde Prozess ist die Elektronenübertragung von NADH auf Crotonyl-CoA unter Bildung von Butyryl-CoA, sie kompensiert die energieverbrauchende Reduktion von Fd_{ox} .

chemischer Reduktionsmittel realisiert werden können (BOLL et al. 2016). Insgesamt sind bislang elf Bifurkations-Systeme experimentell nachgewiesen worden (BUCKEL & THAUER 2018).

Auffällige Konstruktionsmerkmale von Bifurkations-Enzymen

Bei näherer Betrachtung der Funktionsweise von Bifurkations-Enzymen stellt sich zunächst die Frage, wie die zwei Elektronen, die von demselben Molekül abgespalten wurden, in zwei energetisch entgegengesetzte Richtungen transportiert werden können – das eine Elektron in Richtung höheren elektrochemischen Potentials (energetisch bergab) und das andere in Richtung geringeren Potentials (energetisch bergauf). Denn gewöhnlich würde man erwarten, dass beide Elektronen energetisch bergab transportiert würden. Zudem erscheint es rätselhaft, dass es nach der ersten endergonen (energetisch bergauf) Elektronenübertragung nicht sofort zu einem Rücktransfer kommt. Eine wesentliche Voraussetzung hierfür ist eine äußerst präzise räumliche Anordnung der Kofaktoren innerhalb des Bifurkations-Systems. Zum einen sind die Kofaktoren so angeordnet, dass die jeweiligen Elektronen-Transportwege in entgegengesetzte Richtungen orientiert sind. Zum anderen sind die Abstände zwischen den Kofaktoren optimal für den Ladungstransport. Nach ZHANG et al. (2017) würden selbst geringe Veränderungen der Distanzen zwischen den Kofaktoren den Elektronentransport innerhalb des von der Gruppe näher untersuchten Nfn-Komplexes signifikant beeinträchtigen:

„Dies bedeutet, dass eine Variation der Distanz des Elektronentransfers um wenige Angström (10^{-10} m) dazu führen würde, dass die Übertragungsrates [der Elektronen] sich um eine Größenordnung ändern würde.“

Weitere wichtige Größen sind passende physikochemische Parameter der Kofaktoren. Denn für einen reibungslosen Elektronentransport über mehrere Stationen müssen diese Parameter der Moleküle exakt aufeinander abgestimmt sein. Dieser Sachverhalt wird von PETERS et al. (2018) wie folgt zum Ausdruck gebracht:

„Wie erreicht die Biologie die Ladungstrennung und Zustellung [von Elektronen] am richtigen Platz und zur richtigen Zeit? Die Antwort ist, dass die Natur sich die Physik der Elektronentunnel-Prozesse zunutze macht, welche mit [zunehmenden] Abständen zwischen Donoren und Akzeptoren exponentiell abfallen.“

Zusammenfassend kann also gesagt werden, dass in Bifurkations-Enzymen (Q-Zyklus, EtfAB, NfnAb) *zugleich mehrere* geometrische und physikochemische Parameter *genau so* eingestellt sind, dass eine *optimale* Elektronenübertragung im Verhältnis 1:1 und unter maximaler Energieausbeute auf zwei räumlich getrennte Kofaktoren realisiert wird. Die genau eingestellten physikalischen Parameter ermöglichen ferner eine extrem schnelle Übertragung des zweiten Elektrons vom Semichinon-Radikal (10^{11} s^{-1})

Details zum EtfAB-Komplex

Im EtfAB-Komplex findet der Transfer von zwei Elektronen vom NADH auf Crotonyl-CoA statt (in zwei Zyklen). Der energieverbrauchende Vorgang ist hierbei die Reduktion von Ferredoxin (Eisen-Schwefel-Protein), das anschließend die Elektronen für den entstehenden Wasserstoff bereitstellt. Die hierfür erforderliche Energie wird aus der Reaktion von Crotonyl-CoA zu Butyryl-CoA und NADH (Nicotinamidadenindinukleotid) zu NAD^+ gewonnen. Die Bifurkation geschieht hier an einem Flavin-Adenin-Dinukleotid (FAD),

welches zunächst ein Elektron über eine Transportkette auf Crotonyl-CoA überträgt (exergone Reaktion) und anschließend ein Elektron auf ein Ferredoxin (endergone Reaktion). Da Crotonyl-CoA ein Zwei-Elektronen-Akzeptor ist, bedarf es zweier Zyklen innerhalb des Enzyms, bis ein Molekül Crotonyl-CoA vollständig zu Butyryl-CoA reduziert ist. Insgesamt sind an dieser Elektronenübertragungskaskade fünf Kofaktoren beteiligt. Die Reaktionsfolge ist in einem vereinfachten Schema wiedergegeben (Abb. 3).

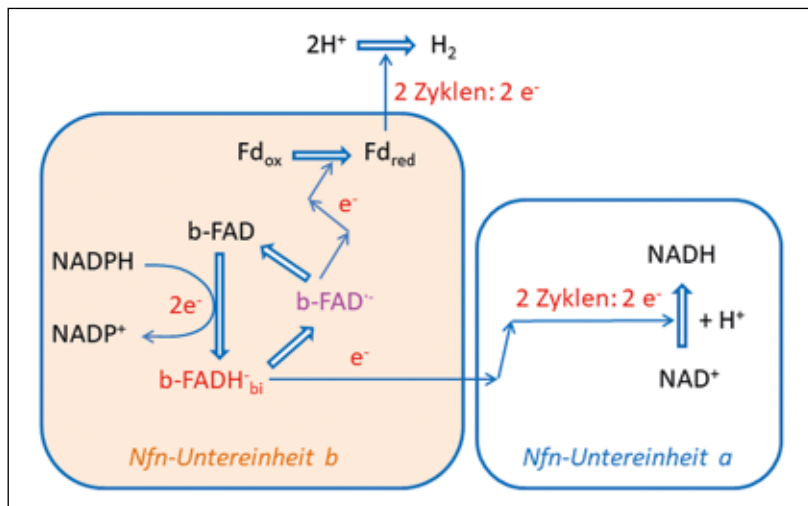


Abb. 4 Vereinfachtes Schema der Abläufe im Bifurkations-Enzym NfnAB. Abkürzungen: NADH Nicotinamidadenindinukleotid, b-FAD Flavin-Adenin-Dinucleotid, in der Untereinheit b von NfnAB, b-FAD[•] Semichinon, Fd_{ox} Ferredoxin-oxidierte Form, b-FADH_{bi} reduziertes Flavin-Adenin-Dinucleotid an der Stelle der Bifurkation, Fd_{red} Ferredoxin-reduzierte Form. „Ecken“ im Elektronentransport stellen Zwischenstationen dar, die der Übersichtlichkeit wegen nicht dargestellt sind. Der energieliefernde Prozess ist die Elektronenübertragung von NADPH auf NAD⁺ unter Bildung von NADH, sie kompensiert die energieverbrauchende Reduktion von Fd_{ox}.

auf den Akzeptor 2 (Abb. 5). Dies ist notwendig, da langlebige Radikale durch Nebenreaktionen zu Schäden am biologischen Material führen können (weitere Details s. Kastentext „Elektronentransfer in Bifurkations-Enzymen“).

Wissenschaftler, die sich eingehend mit Bifurkations-Systemen beschäftigt haben, werden oft dazu veranlasst, über die Architektur und die hochgradig effizienten Abläufe innerhalb dieser molekularen Entitäten zu staunen. So beschreiben ZHANG et al. (2017) die Gesamtfunktion der Proteinkomplexe mit folgenden Worten:

Wissenschaftler staunen über die perfekte Architektur und effiziente Funktionsweise der Bifurkations-Enzyme.

„Obwohl die Elektronen-Bifurkation im Hinblick auf die Energieausbeute und die Zustellung der Elektronen *nahezu perfekt* funktioniert, handelt es sich um ein biologisches Energie-Transfer-Paradigma, das erst kürzlich breitere Aufmerksamkeit erfahren hat. [...] Bemerkenswerterweise senden Bifurkations-Systeme ein Elektron [energetisch] bergauf und eines [energetisch] bergab mit ähnlichen Energiebeträgen, sodass der Gesamtprozess spontan verläuft, aber *nicht verschwenderisch* ist.“

Details zum Nfn-Komplex

Der aus *T. maritima* isolierte Nfn-Komplex besteht aus zwei Untereinheiten und katalysiert die Reduktion von Ferredoxin durch eine vermittelte Elektronenübertragung vom Kofaktor NADPH zu NADH. Der energieverbrauchende Vorgang ist hier ebenfalls die Elektronenübertragung auf das Ferredoxin, während der Elektronentransport zum NADH Energie liefert. Auch hier dient

das reduzierte Ferredoxin schließlich der Synthese von H₂. Die Bifurkation wird auch in diesem Enzymkomplex in Analogie zum EtfAB-Bcd-Komplex durch einen FAD-Kofaktor bewirkt. An der gesamten Elektronenübertragungskaskade sind acht Kofaktoren beteiligt. Die Elektronenübertragungen sind in einem vereinfachten Schema wiedergegeben (Abb. 4).

PETERS et al. (2018) verweisen auf die Exaktheit der Architektur und die Abstimmung der physikalischen Parameter von Kofaktoren als wichtige Voraussetzungen für optimale Abläufe in Bifurkations-Systemen:

„[Kofaktoren] verfügen über Architekturen, die eine Abspaltung des ersten Elektrons unter Ausbildung eines stark reduzierenden zweiten Donors ermöglichen, welche *Schlüsselparameter* (Abstand und Potenzialdifferenz) zur *Kontrolle* und *Ausrichtung* der zweiten Elektronenübertragung in die *erforderliche* Richtung verwenden.“

Bei der Betrachtung dieser biochemischen Systeme stellen sich ausgehend von der evolutionstheoretischen Denkweise folgende Fragen: Wie kann ein *zukunftsblinder* Prozess ein System hervorbringen, in dem annähernd *perfekt kompensatorische* Energietransfers ablaufen und einzelne Komponenten in *optimaler* Distanz für die Elektronenübertragung angeordnet sind? Wie kann ein *ungerichteter* Vorgang physikochemische Parameter derart adjustieren, dass Kontrolle und Ausrichtung möglich sind?

Evolute Entstehung von Bifurkations-Enzymen?

Angesichts des Vorkommens von offensichtlich hochkomplexen und effizient funktionierenden Enzymkomplexen bei Organismen, die landläufig als „primitiv“ bezeichnet werden und als gute Kandidaten für den Beginn der hypothetischen Höherentwicklung gelten, stellt sich die Frage nach deren Ursprung neu. Aktuell wird davon ausgegangen, dass die besten Kandidaten für den Beginn des Lebens Mikroorganismen sind, die kein ATP zur Zwischenspeicherung von Energie verwenden (SOUSA et al. 2018), denn die Herstellung von ATP stellt eine zusätzliche Stufe der metabolischen Komplexität dar. Daher nehmen SOUSA et al. an, dass der letzte universelle gemeinsame Vorfahre (last universal common ancestor, LUCA) ein Mikroorganismus war, der zu den acetogenen oder methanogenen Organismen gehörte, also zu Organismen, die die Kombination aus CO₂ und H₂ (neben einigen anderen chemischen Verbindungen) als Quelle für Energie und den für das zelluläre Baumaterial benötigten Kohlenstoff nutzen und Methan bzw. Essigsäure als Abfallprodukte ausscheiden. Solche Organismen machen Gebrauch vom Acetyl-CoA-Stoffwechsel (auch Wood-Ljungdahl-Weg), der auch ohne ATP betrieben werden kann. Allerdings erkennen SOUSA et al. an, dass ein Stoffwechsel, der auf dem Elektronenfluss von H₂ zu CO₂ beruht und mit Bifurkations-Systemen ausgestattet ist, alles andere als leicht zu realisieren ist:

„Das Problem mit H_2 [als Nahrungsquelle] im Kontext der frühen Evolution ist, dass Flavin-basierte Elektronen-Bifurkation ein *elaborierter* physiologischer Vorgang ist, der einer *konzertierten* Funktionsweise *mehrerer komplexer* Proteine im Sinne eines Energie-Stoffwechsels bedarf, um Ferredoxin reduzieren zu können (nötig für die Reduktion von CO_2). Dies stellt ein typisches Henne-Ei-Problem dar; nämlich, wie CO_2 durch H_2 reduziert wurde, bevor es Proteine gab, die von der Bifurkation Gebrauch machten.“

Die Lösungsvorschläge für dieses Paradox, die in der besagten Veröffentlichung präsentiert werden, sind nicht überzeugend. Da ist zunächst die Rede von der „Serpentinisierung“* als möglicher Quelle für die Reduktion von CO_2 zu Methan unter Beteiligung von Eisen(II)-Ionen als Elektronenquelle, wobei der genaue Mechanismus des Vorgangs „noch nicht bekannt“ sei. Da es sich bei der Serpentinisierung um einen rein geochemischen Prozess handelt, der weder fein abgestimmt noch exakt ausgerichtet ist, stellt sich allerdings die Frage, wie hier eine Brücke zu hochkomplexen Bifurkations-Systemen geschlagen werden kann. Als weiteres Argument wird die kürzlich in der Gruppe von MORAN gemachte Beobachtung angeführt, dass CO_2 an der Oberfläche von elementarem Eisen unter

Das „Wie“ als Frage nach einem konkreten Mechanismus eines evolutiven Vorgangs bleibt einmal mehr völlig unbeantwortet.

speziellen Bedingungen zu biologisch relevanten chemischen Verbindungen reduziert werden kann (MUCHOWSKA et al. 2017, VARMA et al. 2018). Es wurde allerdings schon gezeigt, weshalb diese eleganten Labor-Experimente keinerlei Bezug zu einem plausiblen geochemischen Szenario haben (SCHMIDTGALL 2019).

Ein weiteres Problem ist das Vorkommen z.T. verschieden beschaffener, optimal justierter Bifurkations-Systeme in nahezu allen biologischen Spezies. Dieser Sachverhalt spricht klar gegen die gemeinsame Abstammung als mögliche Ursache für dieses Phänomen. Stattdessen wird einmal mehr konvergente* Evolution angenommen (BUCKEL & THAUER 2018):

„Zusammenfassend [kann gesagt werden, dass] die Bifurkations-Systeme ein schönes Beispiel für konvergente Evolution sind. Die drei Enzym-Komplexe, die keinerlei evolutionäre Beziehung aufweisen [Q-Zyklus, EtfAB, Nfn], haben offenbar ihre Reduktionspotentiale und Abstände [zwischen Kofaktoren] unabhängig voneinander adjustiert, um diesen Bifurkations-Prozess optimal durchführen zu können.“

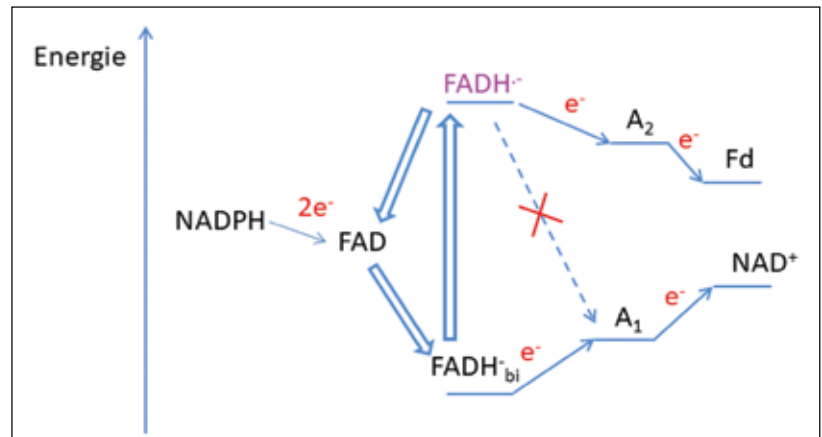


Abb. 5 Schematische Darstellung der relativen Energien der an der Bifurkation beteiligten Komponenten (am Beispiel des Nfn-Komplexes). Zuerst werden zwei Elektronen vom NADPH auf FAD übertragen, sodass $FADH_{bi}$ gebildet wird, welches dann ein Elektron auf den ersten Akzeptor (A_1) überträgt (endergoner Vorgang). Das bei der Abspaltung gebildete Semichinon $FADH^{\cdot-}$ ist sehr energiereich und überträgt schnell ein weiteres Elektron auf den zweiten Akzeptor (A_2). Der Übergang vom Semichinon auf A_1 ist aufgrund der großen Energiedifferenz der beteiligten Orbitale kinetisch gehemmt. Der Fluss der Elektronen vom Semichinon zum Ferredoxin (Fd) verläuft energetisch bergab, während der Fluss der Elektronen vom $FADH_{bi}$ zum NAD^+ energetisch bergauf verläuft. Die Energiebeträge der Übergänge sind ähnlich und kompensieren sich.

Auch hier wird, wie so oft, ohne jegliche Begründung in den Raum gestellt, dass biochemische Einrichtungen irgendwie von selbst zu einer optimalen Funktionsweise gefunden haben sollen – und das auch noch mehrfach unabhängig mit vergleichbarem Ergebnis (Konvergenz). Auf Konkretisierungen und detaillierte Erklärungsversuche wird verzichtet, obwohl genau das erforderlich wäre. Das „Wie“ als Frage nach einem Mechanismus der Entstehung bleibt somit einmal mehr völlig unbeantwortet.

Bifurkations-Enzyme als Vorbild für technische Innovationen

Nicht selten werden in der Fachliteratur zur Beschreibung der Bifurkations-Enzyme Attribute wie „genial“ oder „elegante“ gebraucht. Das ist nicht weiter verwunderlich, denn die Chemie, die im Stoffwechsel der betreffenden Organismen verwirklicht wird, lässt jeden Chemiker staunen. Daher sehen einige darin eine Quelle für

Elektronentransfer in Bifurkations-Enzymen

Die hier angesprochenen Elektronentunnelprozesse sind extrem schnelle Elektronenübertragungen, die auch thermodynamisch ungünstige Vorgänge ermöglichen können. Dazu bedarf es allerdings, wie bereits erwähnt, exakt eingestellter Abstände zwischen den beteiligten Molekülen. Zusätzlich müssen die am Elektronentransfer beteiligten Orbitale* der Moleküle energetisch gut zueinander passen. Bei zu großem energetischem Abstand zwischen den beteiligten Orbitalen kann die Übertragung deutlich verlangsamt werden (kinetische Hemmung).

Ein weiterer Umstand, der sicherstellt, dass es bei der Elektronenbifurkation nicht zu Rückreaktionen kommt, ist die besondere Beschaffenheit des Kofaktors, der an der Stelle der Bifurkation zum Einsatz kommt. Bei den bisher angeführten Kofaktoren Ubichinon (Komplex

III, Atmungskette) und FAD ist die aufzuwendende Energie für die Abspaltung des ersten Elektrons deutlich größer als diejenige für die Abspaltung des zweiten Elektrons. Es verhält sich sogar so, dass nach der Abspaltung des ersten Elektrons (zur Übertragung auf den ersten Akzeptor) ein sehr energiereiches und kurzlebiges Radikal (Semichinon) entsteht, das sehr leicht das zweite Elektron abgibt (Abb. 5). Aufgrund der resultierenden großen Energiedifferenz zwischen dem Semichinon und dem ersten Akzeptor (A_1) ist die Übertragung des zweiten Elektrons in die gleiche Richtung kinetisch gehemmt und es kommt zu einer schnellen Übertragung auf einen anderen Kofaktor (A_2), dessen Orbitalenergie besser zu derjenigen des Semichinons passt. Auf diese Weise wird das zweite Elektron auf den Weg in die andere Richtung gelenkt.

zukunftsweisende, bioinspirierte chemische Reaktionsfolgen, die möglicherweise auch für technische Anwendungen genutzt werden könnten:

„Insgesamt erklärt der hier etablierte theoretische Rahmen [...] die Logik der Elektronenbifurkation, die die Energieumwandlung und -einsparung im Nfn-Komplex ermöglicht. Solche Vorgänge verweisen auf bioinspirierte Schemata zur Durchführung von Multielektronen-Redoxchemie und etablieren die Route für die Suche nach weiteren Bifurkations-Netzwerken in der Natur“ (ZHANG et al. 2017).

„Ein fundamentales Verständnis der unfehlbaren Genauigkeit der Mechanismen und der von Elektronen-Bifurkations-Enzymen aufgeprägten eleganten Kontrolle verweist auf wichtige Prinzipien für das Design von Redox-Katalysatoren zur Energieumwandlung“ (PETERS et al. 2018).

Offenbar zeigt sich auch hier, dass die Anerkennung des unübersehbaren Designs in der Natur ein fruchtbarer Ansatz für anwendungsorientierte Forschung ist. Im Gegensatz dazu birgt der Evolutionsgedanke keinerlei Potenzial für innovative Techniken.

Fazit

Insgesamt wird deutlich, dass die hier diskutierten Bifurkations-Enzyme hochgradig komplexe molekulare Einrichtungen darstellen, die über eine exakte Architektur und fein abgestimmte physikochemische Parameter der Komponenten verfügen. Diese Voraussetzungen ermöglichen eine praktisch perfekte Effizienz im Hinblick auf den Energietransfer bzw. die Energieersparnis. Es erscheint mehr als naheliegend, dass solche Vorrichtungen in Analogie zu Energiespareinrichtungen in Heizkraftwerken oder Fahrzeugen als Meisterwerke der Ingenieurskunst angesehen werden können. Ihre Entstehung durch einen ungerichteten Naturprozess (Zufall und Notwendigkeit) erscheint dagegen abwegig.

Das Vorkommen solcher molekularer Konstruktionen z. T. verschiedener Ausprägung in nahezu allen Typen von Lebewesen stellt nicht nur ein schwerwiegendes Problem für die Frage nach der Entstehung erster Lebensformen dar, sondern spricht auch gegen die gemeinsame Abstammung als mögliche Ursache für das Vorhandensein dieser Proteine. Die Annahme, es handle sich hierbei um ein Beispiel für konvergente Evolution, stellt eine ad-hoc-Behauptung dar, für die es keine belastbaren empirischen Belege gibt.

Anmerkungen

- ¹ Kraft-Wärme-Kopplungs-Gesetz seit 2002, Erneuerbare Energien-Gesetz seit 2009, Steuervergünstigungen seit 2012
- ² <https://www.energie-lexikon.info/rekuperation.html>, abgerufen am 13. 2. 19
- ³ Peter D. MITCHELL wurde dafür 1978 mit dem Chemie-Nobelpreis ausgezeichnet.
- ⁴ Mit „evolutionstheoretisch“ ist die klassische Synthetische Evolutionstheorie gemeint. Alle Hervorhebungen in den Zitaten stammen vom Autor dieses Artikels.

Literatur

- BOLL et al. (2016) Structure and function of the unusual tungsten enzymes acetylene hydratase and class II benzoyl-coenzyme A reductase. *J. Mol. Microbiol. Biotechnol.* **26**, 119–127.
- BUCKEL W & THAUER RK (2013) Energy conservation via electron bifurcating ferredoxin reduction and proton/ Na^+ translocating ferredoxin oxidation. *Biochimica et Biophysica Acta* **1827**, 94–113.
- BUCKEL W & THAUER RK (2018) Flavin-based electron bifurcation, a new mechanism of biological energy coupling. *Chem. Rev.* **118**, 3862–3886.
- DEMMER et al. (2015) Insights into Flavin-based electron bifurcation via the NADH-dependent reduced ferredoxin: NADP oxidoreductase structure. *J. Biol. Chem.* **290**, 21985–21995.
- HERRMANN et al. (2008) Energy conservation via electron-transferring flavoprotein in anaerobic bacteria. *J. Bacteriol.* **190**, 784–791.
- MITCHELL P (1975) The protonmotive Q cycle: a general formulation. *FEBS Letters* **59**, 137–139.
- MUCHOWSKA KB et al. (2017) Metals promote sequences of the reverse Krebs cycle. *Nat. Ecol. Evol.* **1**, 1716–1721.
- PETERS JW et al. (2018) On the nature of organic and inorganic canters that bifurcate electrons, coupling exergonic and endergonic oxidation – reduction reactions. *Chem. Comm.* **54**, 4091–4099.
- SEEDORF H et al. (2008) The genome of *Clostridium kluyveri*, a strict anaerobe with unique metabolic features. *Proc. Natl. Acad. Sci.* **105**, 2128–2133.
- SCHMIDTGALL B (2019) Schritte zum Leben ohne Enzyme? https://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n264.php.
- SOUSA FL et al. (2018) Native metals, electron bifurcation, and CO_2 reduction In early biochemical evolution. *Curr. Opin. Microbiol.* **43**, 77–83.
- VARMA SJ et al. (2018) Native iron reduces CO_2 to intermediates and endproducts of the acetyl-CoA pathway. *Nat. Ecol. Evol.* **2**, 1019–1024.
- WEGHOFF MC et al. (2015) A novel mode of lactate metabolism in strictly anaerobic bacteria. *Environ. Microbiol.* **17**, 670–677.
- ZHANG P (2017) Electron Bifurcation: Thermodynamics and Kinetics of Two-Electron Brokering in Biological Redox Chemistry. *Acc. Chem. Res.* **50**, 2410–2417.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Boris Schmidtgall, Rosenbergweg 29,
72270 Baiersbronn; E-Mail: boris.schmidtgall@wort-und-wissen.de

Rücksichtsvolle Ameisen

Ameisen scheinen zur Zeit bei Wissenschaftlern beliebte Forschungsobjekte zu sein: Nachdem bei kriegerischen Ameisen gezeigt wurde, wie sich gesunde Tiere um im Kampf verletzte Kameraden kümmern, deuten neue Forschungen bei der einfachen Wegameise darauf hin, dass die ganze Kolonie sehr schnell zielgerichtet reagiert, um die Ausbreitung einer Infektion einzudämmen.

Hans-Bertram Braun

Haben japanische Touristen Angst vor unserem vieldiskutierten Feinstaub, wenn sie, für uns ungewohnt, in der Öffentlichkeit einen Mundschutz tragen? Nein, normalerweise ist es im Gegenteil so, dass die rücksichtsvollen Besucher vermeiden möchten, die Umgebenden mit einer lästigen Erkältung anzustecken, mit der sie sich gerade selbst herumschlagen! Vielleicht hat eine solche Beobachtung die im Folgenden beschriebenen Forschungen angeregt.

Wissenschaftler aus Österreich und der Schweiz untersuchten, wie Ameisen einer Kolonie untereinander interagieren und ob und wie sie ihr Verhalten verändern, wenn sie mit für sie gefährlichen Pilzsporen gezielt infiziert werden (STROEYMEYER et al. 2018). Für ihre Untersuchungen konnten die Wissenschaftler die Studienobjekte direkt auf dem Uni-Campus in Lausanne einsammeln, es handelt sich um *Lasius niger* – die Schwarze Wegameise (Abb. 1). Man findet sie sprichwörtlich fast unter jedem Stein. Ausgehend von dort eingesammelten, befruchteten Königinnen wurden 44 kleine Kolonien aufgezogen, bestehend aus der Königin und im Mittel etwa 100 Arbeiterinnen, und deren soziale Interaktionen bei der Aufzucht von etwa halb so vielen Larven und einigen Puppen studiert. Um des Gewusels Herr zu werden, wurden alle Ameisen einer Kolonie ameisenfleißig und

mit Sekundenkleber mit einem winzigen 2D-Balkencode beklebt. Jeder Code wurde zweimal pro Sekunde in Infrarotlicht ausgelesen. So konnte man die Bewegungen jeder Ameise und die Kontakte untereinander per Software messen und auswerten. Die Kolonien wurden in 10 x 7 cm kleinen Arenen gehalten, von denen ein Teil für die Ameisen als Nest dunkel abgedeckt und bis auf einen kleinen Durchgang von der restlichen Arena abgetrennt war. Von oben aber war der Nestbereich für Infrarotlicht durchlässig gehalten. Der zweite etwas größere Teil der Arena war nach oben offen und als Bereich für die Nahrungssuche vorbereitet.

Zuerst wurde untersucht, wie das tatsächliche Netzwerk der Interaktionen zwischen den einzelnen Tieren sich verhält im Vergleich zu einer angenommenen zufälligen Verteilung. Wenig überraschend (Leben ist nun einmal der aufwändige Aufbau und Erhalt der Ordnung im Kampf gegen das überall drohende Chaos) wurden statistisch hoch signifikante Unterschiede zwischen zufällig angenommener und tatsächlich beobachteter Kontaktverteilung gefunden: Die Kolonie gliedert sich um die Königin in spezialisierte Pflegekräfte, die als junge Arbeiterinnen vor allem im Nest verbleiben, um die Brut zu versorgen, und extern agierende Nahrungssammler. Beide Kasten haben jeweils innerhalb

Abb. 1 Zwei Schwarze Wegameisen (*Lasius niger*) bei gegenseitiger Fütterung auf einer Iris-Blüte. (Python (Petter Rühr) CC BY 3.0)

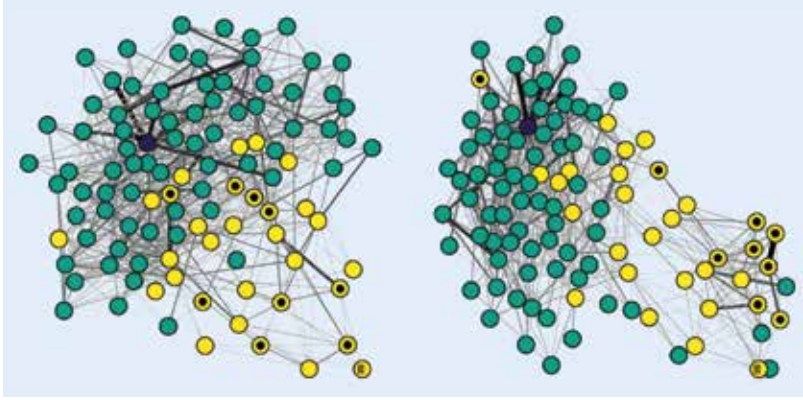


Abb. 2 Netzwerk von Ameisenkontakten vor (links) und ein Tag nach einer Infektion. Jeder Punkt stellt eine Ameise dar. Schwarze Punkte stehen für infizierte Ameisen, pink ist die Königin, gelb sind die Außenarbeiter. (Aus STROEYMEYER et al. 2018, mit freundlicher Genehmigung)

ihrer Gruppen mehr Kontakte als zwischen den Gruppen. Diese Basisorganisation hilft dabei, Infektionen, die durch externe Nahrungssammler ungewollt mit aufgegeben werden, auf diese spezialisierte Außentruppe zu beschränken und besonders die daheim gebliebene Königin und ihre Pflegekräfte zu schützen. Dieser Effekt wurde durch Simulationen anhand der gemessenen Bewegungsmuster und durch tatsächliche Messung der Sporenverteilung in der Gesamtkolonie einen Tag nach gezielter Infektion einiger der externen Nahrungssammler bestätigt (ein winziger Tropfen Sporenlösung wurde einigen Ameisen auf den Bauch gesetzt). Die Sporenmenge in allen Tieren einer Kolonie wurde durch quantitative Messung der Pilz-DNA nach Einfrieren der Tiere jeweils einen Tag nach der gezielten Infektion gemessen, zu einem Zeitpunkt also, an dem die Pilze noch keine Erkrankung der Tiere hervorgerufen haben können. Es zeigte sich, dass vor allem initial nicht infizierte Außenarbeiter durch Kollegen mit lebensbedrohlich hohen Sporenkonzentrationen angesteckt wurden. Die Innenarbeiter wurden selten und mit geringen Mengen kontaminiert, die sogar (wie vor kurzem beschrieben wurde) eher zur Immunität und dadurch besserem Schutz als zum Tod des einzelnen Tiers führen. Zur Kontrolle wurde die tatsächliche Überlebensrate in anderen Kolonien bis 9 Tage nach gezielter Infektion beobachtet. Dabei bestätigte sich das Bild, dass die Königin niemals und die Pflegerinnen seltener und später starben als die am meisten gefährdeten spezialisierten Außenarbeiter.

Der interessanteste Befund der Studie ist allerdings, dass die Kolonie sehr schnell, schon einen Tag nach gezielter Infektion einzelner Außenarbeiter ihr Netzwerk weiter in einer Art anpasst, die die oben beschriebene Kastentrennung noch erhöht. Gezielt infizierte Außenarbeiter, aber auch ihre nicht infizierten Kollegen, halten statistisch gesehen noch mehr Abstand nicht nur zur Königin, sondern zum ganzen Rest der Kolonie und halten sich länger draußen auf. Und auch die Innentruppe beschränkt ihre Kontakte noch mehr auf die engen Kollegen und transportiert die Brut tiefer ins Nest, um

den Schutz vor Infektion weiter zu verbessern (vgl. Abb. 2). Dieser Effekt wurde im Vergleich zu Kontrollkolonien gemessen, in denen einigen Außenarbeitern ein nicht infektiöses Tröpfchen auf den Bauch verabreicht wurde.

Noch unklar ist allerdings, wie diese die Infektion eindämmenden Reaktionen hervorgerufen werden könnten. Einen Tag nach Verabreichung der Sporen auf die Oberfläche der Ameisen wurden bereits Effekte im Kolonien-Netzwerk gemessen, obwohl die Sporen noch keine Erkrankung hervorgerufen haben können. Das wird einerseits als Hinweis darauf gewertet, dass die beobachteten Verhaltensanpassungen keine indirekte Krankheitsfolge, sondern aktive Reaktion der Kolonie sind. Andererseits ist nicht bekannt, wie die mit Sporen versehenen Tiere ihr Krankheitsrisiko bemerken sollten und wie sie die anderen, nicht infizierten Außenarbeiter informieren. Ganz zu schweigen von den Innenarbeiterinnen, die ja gerade kaum Kontakt zu diesen Tieren haben und trotzdem auch, statistisch bewertet, Reaktionen zeigen.

Die Ameisen besitzen ausgeklügelte Mechanismen, um ihre aus großen Zahlen von Tieren gebildete Kolonie zu versorgen und zu schützen.

Soziale Insekten besitzen also ausgeklügelte und noch nicht bis ins Detail verstandene Mechanismen, um Staaten, die aus großen Zahlen von Tieren gebildet werden, zu versorgen und zu schützen.¹ Und das, indem jedes einzelne Tier zielgerichtet und sinnvoll für das große Ganze agiert, teilweise sogar um den Preis des individuellen Lebens. Das ist beobachtbares Faktum und höchst interessant und lehrreich. Die Behauptung im Eingangsteil des Originalartikels, „soziale Insekten haben verschiedene kollektive Mechanismen evolviert, um Infektionen zu verhindern und die Ausbreitung von Krankheitserregern innerhalb der Kolonie zu begrenzen“, muss dagegen wohl eher als unbewiesene Glaubensaussage gewertet werden. Denn die Autoren präsentieren keinerlei Daten, die diese Behauptung untermauern könnten, und in den zu dieser Aussage angegebenen Literaturstellen (CREMER et al. 2007; 2018) finden sich nicht mehr als Spekulationen dazu, wie eine solche Evolution stattgefunden haben könnte.

Anmerkung

¹ „The strategies are remarkably diverse and even seem to be conflicting in some cases: infected individuals either receive a lot of care, or on the contrary, might be killed off. To date, the regulatory mechanisms underlying social immune systems remain unexplored“ (CREMER et al. 2007).

Literatur

CREMER S, ARMITAGE SAO & SCHMID-HEMPEL P (2007) Social immunity. *Curr. Biol.* 17, R693–R702. doi:10.1016/j.cub.2007.06.008.

CREMER S, PULL CD & FÜRST MA (2018) Social Im-

munity: Emergence and evolution of colony-level disease protection. *Annu. Rev. Entomol.* 63, 105–123. doi:10.1146/annurev-ento-020117-043110.

STROEYMEY N, GRASSE AV, CRESPI A, MERSCH DP, CREMER S & KELLER L (2018) Social network plasticity decreases disease transmission in a eusocial insect. *Science* 362, 941–945.

Überraschung in Bernstein: Schlüpfende Florfliegenlarven

Aus dem Libanon ist der älteste Bernstein bekannt, der Fossilien (Inklusen) enthält. Es gibt dort Lagerstätten, die der unteren Kreide (ca. 130 Millionen radiometrische Jahre) zugeordnet werden. Jetzt wurden in einem solchen fossilen Harz Larven von Florfliegen und deren leere Eihüllen beschrieben. Außerdem fanden sich noch Hinweise darauf, wie diese Larven aus dem Ei geschlüpft sind – erstaunlich ähnlich wie heute.

Harald Binder

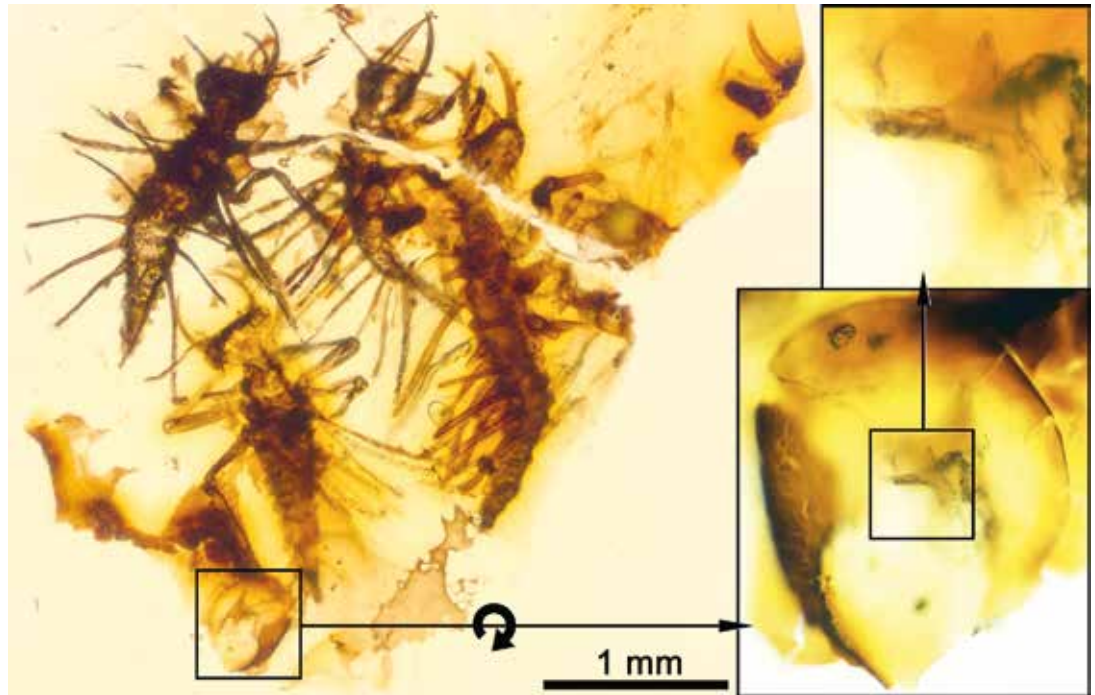
Das Henne-Ei-Problem ist uns in der Form bekannt: Was war zuerst, das Huhn oder das Ei? Diese Metapher nutzen wir, wenn eine Abfolge von Ursache und Wirkung, eine Kausalkette, nicht eindeutig aufgezeigt werden kann. Eine weitere spannende Frage in diesem Zusammenhang ist: Wie kommt das Küken aus dem Ei heraus? Dieser Vorgang war in einer stärker landwirtschaftlich geprägten Vergangenheit allgemein bekannt: Das Küken besitzt eine an der Schnabelspitze hervorstehende Struktur, die als Eizahn bezeichnet wird. Damit öffnet es die Eierschale von innen. Der Eizahn verschwindet bald nach dem Schlüpfen wieder. Da sich viele Lebewesen typischerweise in Ei-artigen Strukturen entwickeln (*omne vivum ex ovo* = alles Leben kommt aus dem Ei), sind eine Vielzahl von Eizähnen bekannt. Außer für Vögel und Reptilien gilt das auch für viele Insekten.

Florfliegen (Chrysopidae) haben ihre Bezeichnung aufgrund ihrer gewebeartigen Flügelstruktur erhalten; die auffälligen metallisch glänzenden Augen haben ihnen auch den Namen Goldaugen eingetragen. Die Florfliegen bilden eine umfangreiche Familie innerhalb der Ordnung der Netzflügler (Neuroptera; vgl. Abb.1). ENGEL et al. (2018) haben einen Überblick über die derzeitigen Positionen zur Taxonomie und die Verwandtschaftsbeziehungen der Neuroptera veröffentlicht. Die global verbreitete Gemeine Florfliege (*Chrysoperla carnea*) lebt als geschlechtsreifes Tier (Imago) dämmerungsaktiv und ernährt sich von Pollen, Nektar und Honigtau (von Blattläusen). Die Weibchen befestigen die Eier an langen Stielen. Aus diesen schlüpfen die Florfliegenlarven. Diese ernähren sich räuberisch von Blattläusen („Blattlauslöwen“) und anderen kleinen Insekten. Die Larven der

Abb. 1 Links: Goldaugen-Florfliege (*Chrysopa oculata*), (Foto: Stephen Ausmus, gemeinfrei); rechts: Florfliegenlarve mit Beutefang (Blattlaus). (Eric Steinert, CC BY-SA 3.0)



Abb. 2 Fossile Florfliegenlarven (*Tragichrysa ovoruptora*) mit leeren Eihüllen (eine davon im Ausschnitt vergrößert) und daran haftendem Ei-Schlitzer (Ausschnittsvergrößerung). Die Larve links oben wurde als Holotypus beschrieben. (Mit freundlicher Genehmigung von R. PÉREZ-DE LA FUENTES)



Florfliegen werden daher als Nützlinge betrachtet, sind entsprechend gut untersucht und werden in der biologischen Schädlingsbekämpfung eingesetzt. Die Mundwerkzeuge der Larven stellen aus Mandibeln und Maxillen zusammengefügte Saugzangen dar; mit diesen packen sie die Beute, injizieren Verdauungsssekret und saugen die aufgelösten Weichteile der Beutetiere auf.

Über das Verhalten der Larven von Florfliegen im Verlauf der Erdgeschichte gibt es aufgrund der wenigen Fossilien nur bruchstückhafte Erkenntnisse. Fossile Florfliegenlarven sind bisher nur als Inkluden in Bernstein bekannt. PÉREZ-DE LA FUENTE et al. (2018a) beschreiben Fossilien aus dem Libanon, deren Vorkommen der frühen Kreide (Barremium; ca. 130 Millionen radiometrische Jahre) zugeordnet wird. An diesen in fossilem Harz eingeschlossenen Florfliegenlarven dokumentieren die Autoren auffällige Borstenhaare (Setae), an denen Bodenpartikel haften. Von heutigen Larven ist bekannt, dass sie aktiv Partikel und Überreste von Beutetieren an ihrer behaarten Oberfläche fixieren, um sich zu tarnen. Dies scheint also ein bereits lange etabliertes Verhalten zu sein und es ist leicht nachvollziehbar, dass Tarnung für die Larven von existenzieller Bedeutung ist.

In einer weiteren Arbeit beschreiben PÉREZ-DE LA FUENTE et al. (2018b) neun Florfliegenlarven (bzw. Teile davon), die sich in unmittelbarer Nähe von 12 leeren Eihüllen befinden, welche ebenfalls mindestens teilweise fossil erhalten sind. Diese neun Larven waren ursprünglich in einem Bernsteinstück eingeschlossen, dessen Fundort ebenfalls der frühen Kreide zugeordnet wird. Wie die Inkluden darin angeordnet waren, können die Autoren nicht mehr rekonstruieren.

Sie hatten verschiedene Präparate für mikroskopische Untersuchungen hergestellt und dafür das ganze Bernsteinstück in mehrere Stücke aufgeteilt.

Überraschenderweise konnten die Autoren außer den fossilen frisch geschlüpften Larven und deren mutmaßlichen leeren Eihüllen noch drei Ei-Schlitzer (egg burster) nachweisen, die an Eihüllen hafteten (Abb. 2). Vergleichbare Ei-Schlitzer tragen heute lebende Florfliegenlarven ähnlich wie eine Maske an der Kopfkapsel und nutzen diese wie einen Eizahn, um die Eihülle von innen aufzuschlitzen und aus dem Ei zu schlüpfen. Dabei verlieren sie diese Ei-Schlitzmaske und typischerweise findet sich diese direkt an der leeren Eihülle.

Tarnung der Larven mithilfe von Partikeln und Überresten von Beutetieren scheint ein bereits lange etabliertes Verhalten zu sein.

PÉREZ-DE LA FUENTE et al. gaben der neu beschriebenen Florfliegenart den Namen *Tragichrysa ovoruptora* (*tragicum* (lat.) = ein tragischer; Chrysopoidae = Florfliege; *ovum* (lat.) = Ei; *ruptor* (lat.) = Brecher), also etwa „tragische Ei-Öffner-Florfliege“. Bei modernen grünen Florfliegen tarnen sich die Larven durch irgendwelche Partikel, die sie finden und an ihre Rückenborsten heften. Dies scheint den beschriebenen Larven nach ihrem Schlupf noch nicht möglich gewesen zu sein. Sie weisen zwar die Borsten auf, diese sind aber noch nicht bestückt; vermutlich sind die Larven frisch geschlüpft und mussten noch das Aushärten des Außenskeletts abwarten. Dafür

Hinsichtlich des Schlupfs mittels Ei-Schlitz-Werkzeugen hat sich seit der frühen Kreide nichts Wesentliches verändert.

spricht auch, dass an dem als Holotyp¹ beschriebenen Exemplar eine Maxille noch nicht mit der entsprechenden Mandibel zur Saugzange vereinigt ist, d.h. es ist noch gar kein Beutefang und keine Nahrungsaufnahme möglich. Eizahn-ähnliche Werkzeuge sind unter den Insekten nicht systematisch verteilt. Die gesamte Ordnung der Schmetterlinge (Lepidoptera) scheint auf derartige Werkzeuge zu verzichten, in anderen Gruppen sind sie unregelmäßig verteilt. PÉREZ-DE LA FUENTE et al. (2018) betonen, dass in dem von ihnen beschriebenen Szenario aus frischgeschlüpften Florfliegenlarven mit entsprechend leeren Eihüllen und abgelösten Ei-Schlitz-Werkzeugen ein fossiler Beleg vorliegt für unveränderte Verhaltensweisen innerhalb der Linie der grünen Florfliegen (Chrysopoidae). Hinsichtlich des Schlupfs hat sich seit der frühen Kreide daran nichts Wesentliches verändert (sogenannte Stasis). Stasis wird üblicherweise als Hinweis auf langzeitstabile Ökosysteme interpretiert, was aber in diesem Fall für die Florfliegen über den genannten Zeitraum nicht angenommen wird. Stattdessen meinen die Autoren, dass in diesem Fall eine frühe erfolgreiche Entwicklung in späteren Äonen einfach beibehalten wird; im

vorliegenden Fall über 130 Millionen radiometrische Jahre. Jedenfalls liegt hier ein fossiler Befund vor, der zeigt, dass sehr früh komplexe Verhaltensmuster vorliegen, die bis in die Gegenwart nahezu unverändert beibehalten werden. Die hier vorgestellte Arbeit zeigt, dass bei Fossilien und insbesondere bei Inkluden sehr genaue und hochauflösende Untersuchungen lohnend sein können. Es sollte allerdings bei zukünftigen Präparationen darauf geachtet werden, dass der ursprüngliche Fossilzusammenhang vor einer Zerlegung der Stücke dokumentiert wird, da sonst wichtige Informationen irreversibel verloren gehen.

Anmerkung

¹ Ausgewähltes Individuum, an dem die charakteristischen Merkmale einer Art beschrieben werden, anhand des Holotypus werden andere Individuen der Art zugeordnet.

Literatur

- ENGEL MS, WINTERTON SL & BREITKREUZ LCV (2018) Phylogeny and Evolution of Neuropterida: Where have wings of Lace taken us? *Ann. Rev. Entomol.* 63, 531–551.
- PÉREZ-DE LA FUENTE R, PENALVER E, AZAR D & ENGEL MS (2018a) A soil-carrying lacewing larva in Early Cretaceous Lebanese amber. *Sci. Reports* 8, 16663.
- PÉREZ-DE LA FUENTE R, ENGEL MS, AZAR D & PENALVER E (2018b) The hatching mechanism of 130-million-year-old insects: an association of neonates, egg shells and egg burster in Lebanese amber. *Palaeontology* 1–13.

Überraschende genetische Engpässe

Hinweis auf eine globale Dezimierung der Tierwelt?

Zwei bemerkenswerte Veröffentlichungen vom Juni 2018 liefern Befunde, die auf einen Populationsengpass des Menschen bzw. eines Großteils der Tierwelt schließen lassen. Die Daten erlauben die Deutung, dass fast alle heute existierenden Tierarten etwa zur gleichen Zeit entstanden sind.

Peer Terborg

Im Juni 2018 erschienen zwei bemerkenswerte Arbeiten fast gleichzeitig in der wissenschaftlichen Literatur. Sie erregten weltweite Medienaufmerksamkeit, weil sie sich auf die Herkunft des Menschen und der Tierwelt beziehen. Zum einen machten Wissenschaftler eine seltsame Entdeckung am Y-Chromosom des Menschen, also dem männlichen Geschlechtschromosom. Und zum anderen fanden andere Forscher heraus, dass aufgrund genetischer Ähnlichkeiten des mitochondrialen Genoms* fast alle modernen

Tierarten etwa zur gleichen Zeit entstanden sein könnten, zu der der moderne Mensch erschien.

Entdeckungen am Y-Chromosom

Aus der ersten Entdeckung geht hervor, dass es vor nicht allzu langer Zeit einen genetischen Engpass des Y-Chromosoms* des Menschen gegeben haben muss (ZENG 2018). Zum Verständnis muss kurz ausgeholt werden: Im Jahr 2005

Glossar

Expression: Ablesen bzw. Nutzung von DNA.

Exogamie: eine soziale Vereinbarung, bei der die Ehe nur außerhalb einer sozialen Gruppe erlaubt ist.

homophil: hier gemeint: gleichartige, ähnliche Menschen bevorzugend.

interdemisch: zwischen den Gruppen.

Mitochondrien und mitochondriale DNA: Mitochondrien sind subzelluläre Organellen, die in allen Zellen von Tieren und Pflanzen vorkommen. Sie spielen eine wichtige Rolle im Energiemanagement, da sie die Zellen mit biochemischem Brennstoff versorgen. Interessanterweise besitzen sie eine kleine kreisförmige DNA, die die Information für etwa zwanzig Gene enthält; sie wird als mitochondriale (mt) DNA bezeichnet. Anhand von Mutationen, die darin auftreten können, können Wissenschaftler berechnen, wann die ursprünglichen Vorfahren der

untersuchten Tiergruppe gelebt haben müssen.

miRNA: MicroRNA (miRNA) sind kleine einzelsträngige RNA-Moleküle, die aus ca. 22 Nukleotiden bestehen und nachweislich die → Expression von Genen regulieren, entweder durch Blockierung der Translation oder durch Abbau ausgewählter mRNA-Stränge. Typischerweise reguliert jede Art von miRNA die Expression von Hunderten von verschiedenen mRNA. Sie sind im Genom als RNA-Gene kodiert.

patrilineal: Abstammung durch die männliche Linie.

Populationsgenetik: Teilgebiet der Genetik, das sich mit genetischen Unterschieden innerhalb und zwischen Populationen beschäftigt.

Y-Chromosom: Geschlechtschromosom, das normalerweise nur in männlichen Zellen vorhanden ist.

Abb. 1 Anschauliche Darstellung der Folgen eines Populationsengpasses. Die starke Reduktion betrifft hier die Sequenzunterschiede in der mtDNA. Dennoch kann in der neu wachsenden Population ein erhebliches phänotypisches Potenzial durch Mutationsmechanismen, wie die Aktivität von Transposons, vorliegen.

wurde das komplette Genom des Menschen, also alle Chromosomen, entschlüsselt – eine enorme Leistung. Das bedeutet: Alle 23 Chromosomen wurden von Anfang bis Ende sequenziert, d.h. die Abfolge aller DNA-Buchstaben, mit denen die Gene geschrieben sind, wurden genau bestimmt und alle Gene, die auf der DNA der Chromosomen vorhanden waren, lokalisiert. Der Mensch kann seither seine eigene DNA-Information lesen, mehr als drei Milliarden DNA-Buchstaben!

Schon damals stellte sich heraus, dass das Y-Chromosom, das nur über die männliche Linie

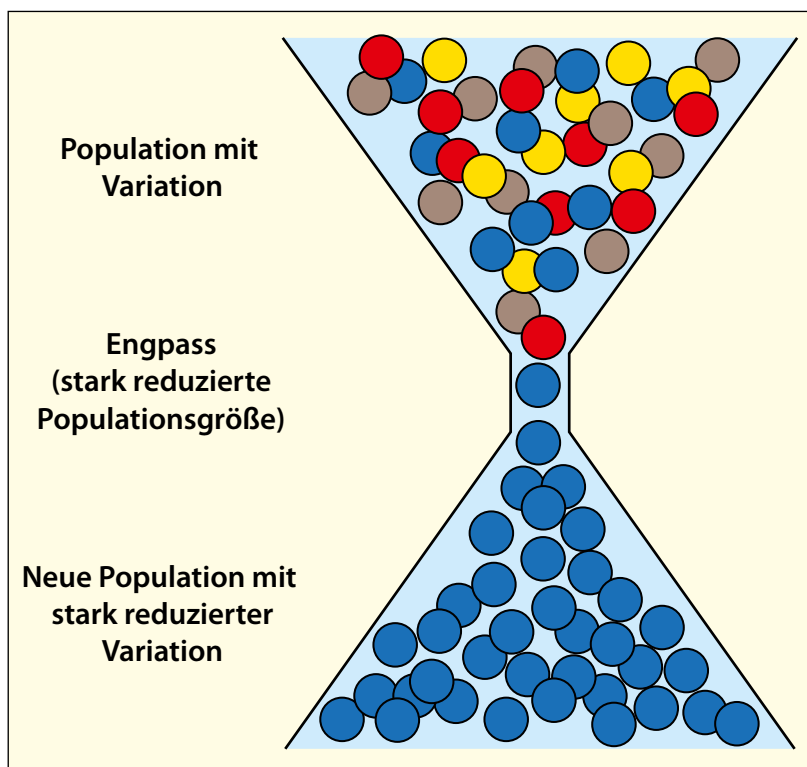
Das Fehlen von fast jeglicher Variation des Y-Chromosoms weist auf einen nicht lange zurückliegenden genetischen Engpass hin.

übertragen wird, sehr speziell war, da es praktisch keine innerartliche Variation zeigte. Das war bemerkenswert, denn alle anderen Chromosomen sind durch erhebliche Variation innerhalb der Menschheit gekennzeichnet. Anthropologen und Biologen waren erstaunt, denn das Fehlen von fast jeglicher Variation des Y-Chromosoms weist eindeutig auf einen nicht lange zurückliegenden genetischen Engpass und somit auf eine extrem schnelle Verbreitung der Menschheit auf der ganzen Welt hin. Da diese genetischen Ergebnisse im Einklang mit dem stehen, was im 1. Buch Mose (Buch Genesis) über die Entstehung des Menschen geschildert wird, kam der Begriff „Y-chromosomal Adam“ in Umlauf – was aber nur sinnbildlich verstanden werden sollte. Denn in der heutigen Wissenschaft ist eine Bezugnahme auf einen Schöpfer bzw. auf eine Schöpfung nicht erlaubt, auch nicht in Fragen der Entstehung und Geschichte. Daher wird eine Erklärung für den „Y-chromosomal Adam“ ohne Bezugnahme auf Schöpfung gesucht.

Forscher der Stanford University schlagen als Erklärung vor, dass das Y-Chromosom keine Variation hat, weil die Männer nach Generationen von Kriegen zwischen patrilinealen* Clans, deren Mitgliedschaft von männlichen Vorfahren bestimmt wurde, dezimiert wurden (ZENG et al. 2018). Die Forscher weisen darauf hin, dass sich zu dieser Zeit die sozialen Strukturen der menschlichen Gesellschaften veränderten. Nach Beginn der Land- und Viehwirtschaft seien die Gesellschaften zunehmend um ausgedehnte Verwandtschaftsgruppen organisiert gewesen.¹

Mit anderen Worten, da alle Männer durch männliche Vorfahren verwandt waren, besaßen sie alle das gleiche Y-Chromosom. Diese Situation bezieht sich natürlich nur auf jeweils einen Clan, und es kann immer noch große Unterschiede zwischen den Clans geben. Da solche Unterschiede zwischen den Clans aber im Y-Chromosom nicht anzutreffen sind, vermuten die Forscher, dass Kriege, in denen ganze Clans ausgelöscht wurden, dazu führten, dass nur noch ein Clan mit einem bestimmten Y-Chromosom übrig blieb. Mit Hilfe von Computermodellen können die Wissenschaftler diese Geschichte plausibel darstellen. Dennoch wird hier reichlich spekulativ das Selektionsprinzip als Kampf ums Dasein mit tödlicher Gewalt auf hypothetische frühe Gesellschaften angewendet.

Interessanterweise ist das verwendete Computermodell sehr ähnlich dem Modell zweier amerikanischer Wissenschaftler, die 2016 ein



Genesis-basiertes Computermodell erstellt haben, das eine Konstellation vorhersagte, die bei Annahme einer Schöpfung und einer weltweiten Sintflut zu erwarten wäre, bei der die Weltbevölkerung auf acht Menschen dezimiert worden ist und wobei sich nur drei Paare fortpflanzten und die drei Männer Brüder sind (CARTER & POWELL 2016). Dieses Modell spiegelt die modernen Erkenntnisse der Populationsgenetik* sehr gut wider und zeigt, dass eine Deutung der Befunde im Rahmen der biblischen Urgeschichte erstaunlich gut gelingt.

Genetischer Engpass bei der mitochondrialen DNA

Die zweite Untersuchung handelt von *DNA-Barcoding*, einer taxonomischen Methode, die einen kurzen genetischen Marker in der DNA eines Organismus verwendet, um ihn als zu einer bestimmten Spezies zugehörig zu identifizieren. Die mit dieser Methode gewonnenen Daten zeigen, dass fast alle heute lebenden Tierarten vor nicht allzu langer Zeit einen genetischen Engpass durchliefen, und zwar etwa zur gleichen Zeit wie die Menschen (STOECKLE & THALER 2018). Dieser außergewöhnliche genetische Befund wurde von einem Team von Wissenschaftlern publiziert, das die mitochondriale DNA von etwa 100.000 modernen Tieren, die alle heutigen Taxa repräsentieren, untersuchte. Für den Menschen war bereits nachgewiesen worden, dass die Variation der mitochondrialen DNA (mtDNA) einen letzten gemeinsamen Vorfahren ergibt, der nicht mehr als 100.000–200.000 Jahre zurückreicht (INGMAN et al. 2001). Populär ausgedrückt, lebte daher einst eine „mitochondriale Eva“, von der heute alle Frauen abstammen. („Mitochondriale Eva“, weil die mtDNA durch Frauen vererbt werden kann.)

Auch hier ist der Bezug auf die biblische Eva nur sinnbildlich gemeint. Nach der evolutionären Interpretation gab es nie eine einzige Urfrau², sondern viele, und nur von einer von ihnen wurden die Mitochondrien weitergegeben, während alle anderen mtDNA-Linien nicht weiter vererbt wurden (Abb. 2). Es stellte sich nun heraus, dass man mit der mitochondrialen DNA der heute lebenden Tiere mit den gleichen Berechnungen ebenfalls nicht mehr als 100.000–200.000 Jahre zurückgehen kann. GIBSON (2018) kommentiert: „Dies sollte nicht als Beweis für eine rezente Schöpfung angesehen werden, denn es ist unvermeidlich, dass alle Mitglieder einer Bevölkerung irgendwann in der Vergangenheit einen gemeinsamen Vorfahren haben, auch wenn dieser gemeinsame Vorfahre nur ein Mitglied einer großen Gruppe war. Es ist jedoch interessant festzustellen, dass man für

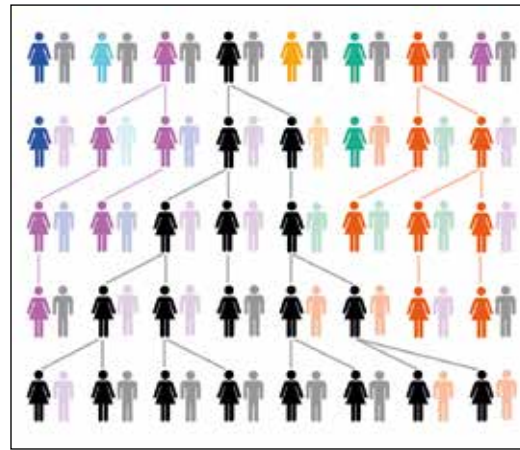


Abb. 2 Schematisierte Darstellung der gängigen Erklärung für die Beobachtung, dass alle Frauen auf eine Urmutter zurückzuführen seien. Nur die schwarz dargestellte mtDNA-Linie wurde bis heute von Mutter zu Kind weitergegeben. Alle anderen mtDNA-Linien sind im Laufe der Zeit ausgestorben. Dennoch sind die Daten mit einer Urmutter „Eva“ kompatibel.

ein Datum für eine ‚mitochondriale Eva‘ argumentieren kann, das ungefähr mit der biblischen Zeitskala übereinstimmt.“

Ein weiteres wichtiges Ergebnis der Autoren ist die genetische Diskontinuität zwischen den Arten. Im Gegensatz zu den geringen Variationen zwischen den Individuen einer Art sind die Sequenzunterschiede zwischen den Arten viel größer. STOECKLE & THALER schreiben: „Das Gruppieren von Barcodes hat zwei gleich wichtige Merkmale. 1. Die Varianz innerhalb der Gruppen ist gering und 2. die Sequenzlücke zwischen den Gruppen ist leer, d.h. Zwischenprodukte werden nicht gefunden.“

Laut einem Kommentar (LUI 2018) ist dies nicht verwunderlich, da ein Barcode zur Unterscheidung von Arten entwickelt wurde. Das im Barcodierungsprozess verwendete mtDNA-Gen wäre bei Sequenz-Überschneidungen zwischen den Arten nicht erfolgreich gewesen. Dennoch haben STOECKLE & THALER einen guten Grund, diese Diskontinuität zu betonen, denn die molekulare Phylogenie wurde entwickelt, um Ähnlichkeiten und Unterschiede zwischen Organismen zu quantifizieren, und es wurde mit Daten dieser Art immer der Eindruck erweckt, dass Unterschiede zwischen Taxa nur quantitativ sind (LUI 2018). Die jüngste Entdeckung von Tausenden von artspezifischen miRNA-Genen* stellt nicht nur diese Ansicht in Frage, sondern legt auch nahe, dass der Unterschied zwischen Arten (z.B. Schimpanse und Mensch) in der Erbinformation qualitativer Natur ist. Und jetzt zeigen STOECKLE & THALER, dass auch mitochondriale genomische Variationen durch enge Grenzen beschränkt sind. Mit anderen Worten, die Lücken zwischen den Arten sind real.

Für die Autoren könnte das Aussterben die Erklärung für die Lücken sein. Sie erwähnen VAN VALEN's *Law of Extinction*, das besagt, dass alle Gruppen, für die Daten existieren, mit einer für eine bestimmte Gruppe konstanten Rate aussterben (VAN VALEN 1973). Da dieses Gesetz postuliert, dass verschiedene Taxa mit unterschiedlichen Raten aussterben, kann es jedoch

nicht erklären, warum 90 % der existierenden Tierarten ein vergleichbares mitochondriales Alter haben und fast zeitgleich mit dem Menschen einen Flaschenhals durchlaufen haben müssten. Die Forscher vermuten, dass es ein Ereignis gegeben haben könnte, das eine große Umweltkatastrophe verursachte, sodass die meisten Arten auf der Erde dezimiert wurden. Was genau die Ursache dafür gewesen sein könnte, ist unklar, da zum Zeitpunkt der berechneten Engpässe keine Aussterbeereignisse bekannt sind. Die Autoren kommentieren: „Es ist nicht sicher, ob verschiedene Prozesse zu einem ähnlichen Ergebnis im gesamten Tierreich geführt haben oder ob ein einzelner durchgehender Prozess ausreichen würde. Occams Rasiermesser, das Prinzip der Sparsamkeit, legt nahe, dass eine einzige Erklärung in Betracht gezogen werden sollte.“

Es könnte ein Ereignis gegeben haben, das eine große Umweltkatastrophe verursachte, sodass die meisten Arten auf der Erde dezimiert wurden.

In einem Interview (ARCE 2018) bekennt einer der Forscher, dass er sich letzterer Schlussfolgerung immer vehement widersetzt hat. Noch 2014 veröffentlichten die gleichen Autoren einen Artikel, in dem sie gegen die Idee eines einzigen durchgehenden Prozesses argumentierten (STOECKLE & THALER 2014): „Wenn Engpässe die Variation begrenzen, dann impliziert eine universelle niedrige Schwelle, dass die Populationen aller Arten erst vor kurzer Zeit zusammenbrachen. Dies erscheint unwahrscheinlich – fast wie eine *Arche-Noah-Hypothese* –, obwohl vielleicht langfristige Klimazyklen zu weit verbreiteten periodischen Engpässen führen könnten.“

Obwohl STOECKLE & THALER mehrere Modelle diskutierten, wie das beobachtete Muster zustande gekommen sein könnte, sprechen sie sich eindeutig für Engpässe als schnellsten Weg aus, um die beobachtete genetische Uniformität zu erreichen. In einer persönlichen E-Mail schrieb einer der Forscher (der keineswegs dem Grundtypkonzept nahesteht): „Der Text [unseres Manuskripts] berücksichtigt mehrere verschiedene Erklärungen, Modelle und Ideen. Jeder kann seine eigenen neuen machen. [...] Um die Daten auf die theorieunabhängigste Weise zu untersuchen, schlage ich dies vor: Ignorieren Sie den Text. Konzentrieren Sie sich auf die Abbildungen und lesen Sie daraus, was diese sagen.“ Ausgehend von diesem Ratschlag finden wir Gruppen von Organismen (Arten), die von schöpfungsorientierten Wissenschaftlern als Grundtypen interpretiert werden könnten.

Die vorgestellten Ergebnisse aus der aktuellen Forschung – die mitochondriale Eva, der Y-Chromosom-Adam und die Arche-Noah-Hypothese – sind in gewisser Weise in erstaunlicher Harmonie mit der biblischen Schöpfungserzählung, wie sie im Buch Genesis überliefert ist.

Anmerkungen

- ¹ Die Idee ist, dass in solchen Gruppen „kulturell übertragene Verwandtschaftsideale und -normen zu homophiler* Sortierung führen können und den Genfluss zwischen den Gruppen einschränken, wodurch homogene Gruppen entstehen, die sich stark voneinander unterscheiden. Patrilineale Verwandtschaftsgruppen, deren männliche Gruppenmitglieder von einem gemeinsamen männlichen Vorfahren abstammen, würden einen solchen Effekt nur auf Y-Chromosomen hervorrufen, da patrilineale Verwandtschaftsgruppen im Allgemeinen mit weiblicher Exogamie* koexistieren, was die mitochondrialen Genpools verschiedener Gruppen homogenisieren würde“ (ZENG et al. 2018).
- ² Es sei darauf hingewiesen, dass die Altersberechnung der mitochondrialen Eva nicht unabhängig erfolgt, sondern dadurch, dass die mitochondriale DNA eines Schimpansen in die Berechnungen einbezogen und angenommen wird, dass sich Mensch und Schimpanse vor 6 Millionen Jahren evolutiv abgespalten haben. Ohne diesen Vergleich kann man modellmäßig kalkulieren, dass die mitochondriale Eva vor nicht mehr als 10.000 Jahren gelebt hat.

Quellen

- ARCE N (2018) Massive genetic study reveals 90 Percent of earth's animals appeared at the same time. Tech Times 2018, 30 Mai. <http://www.techtimes.com/articles/228798/20180530/massive-genetic-study-reveals-90-percent-of-earth-s-animals-appeared-at-the-same-time.htm>
- CARTER RW & POWELL M (2016) The genetic effects of the population bottleneck associated with the Genesis Flood. J. Creation 30, 104–111.
- GIBSON LJ (2018) Questioning the age of „Mitochondrial Eve?“ <https://www.grisda.org/biparental-inheritance-of-mitochondrial-dna-in-humans>
- INGMAN M, KAESMANN H, PÄÄBO S & GYLLENSTEN U (2000) Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. Nature 408,708–713.
- LUI Y (2018) DNA barcodes show gap between species and support recent bottleneck. J. Creation 32, 7–9.
- STOECKLE MY & THALER DS (2018) Why should mitochondria define species? Human Evolution 33(n1-2); doi:10.14673/HE2018121037 <https://phe.rockefeller.edu/news/wp-content/uploads/2018/05/Stoeckle-Thaler-Final-reduced.pdf>
- STOECKLE MY & THALER DS (2014) DNA barcoding works in practice but not in (neutral) theory. PLoS One 9(7):e100755. <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0100755>
- VAN VALEN L (1973) A new evolutionary law. Evol. Theory 1, 1–30.
- ZENG TC, AW AJ & FELDMAN MW (2018) Cultural hitchhiking and competition between patrilineal kin groups explain the post-Neolithic Y-chromosome bottleneck. Nat. Comm. 9:2077. <https://www.nature.com/articles/s41467-018-04375-6>.



Neues aus dem Holozän

Grönlandium, Northgrippium, Meghalayum – die oberste Serie der stratigraphischen Tabelle, das Holozän, ist formal um drei neue Einheiten und Bezeichnungen ergänzt worden. Ein „Anthropozän“ ist bislang nicht formalisiert. Die Gliederung des Holozän steht strukturell in einem Missverhältnis zur Vorstellung einer geologischen „Langzeit“.

Michael Kotulla

Holozän formal dreigegliedert

Die Einführung neuer Einheiten und Bezeichnungen in der Stratigraphie* geschieht durch einen formalen Prozess, dem Mehrheitsbeschlüsse zugrunde liegen. So heißt es 2018 zur „rechtskräftigen“ (ratifizierten) Dreigliederung des Holozän aus dem zuständigen Sekretariat: „(...) das Exekutivkomitee der Internationalen Union der Geologischen Wissenschaften (IUGS)¹ hat einstimmig beschlossen, die Vorschläge für die Stufen der Holozän-Serie – Grönlandium, Northgrippium und Meghalayum – für die korrespondierenden Subserien² Unterholozän, Mittelholozän und Oberholozän und die GSSP's [Referenzpunkte und -profile*, MK] für die Northgrippium- und Meghalayum-Stufe zu ratifizieren (...)“.³ Zuvor hatte die Internationale Kommission für Stratigraphie (ICS) auf Grundlage der entsprechenden Arbeitsgruppe der Subkommission für Quartärstratigraphie (SQS) die Vorschläge genehmigt und dann an das Exekutivkomitee weitergeleitet.

Mit dieser Entscheidung ist die internationale chronostratigraphische Tabelle (Abb. 2) um drei nicht leicht auszusprechende und nur schwer zu merkende Namen ergänzt worden.⁴ Zielgruppe dieser Initiative allerdings ist die „Quaternary community“, die Quartär-Gemeinschaft, Wis-

senschaftler, die sich mit dem Quartär befassen. Die neuen Stufen sind nach WALKER et al. (2018) wie folgt definiert, von oben nach unten:

Meghalayum. Die Referenzlokalität* ist die Mawmluh-Höhle in Cherrapunjee, Bundesstaat Meghalaya, Nordost-Indien; der Name der Stufe leitet sich vom Bundesstaat ab. Das Referenzprofil ist entlang eines Vertikalschnitts eines etwa 31 cm hohen Kalzitstalagmits (Probe KM-A), der Grenzpunkt liegt 6 mm unterhalb der Spitze. BERKELHAMMER et al. (2012) berichten von über 1100 entlang dieses Profils durchgeführten Sauerstoffisotopenmessungen und von einer abrupten Veränderung des Sauerstoffisotopenverhältnisses $\delta^{18}\text{O}$ zu höheren Werten bei Profilmeter 0,006. Das Alters-Tiefen-Modell basiert auf 12 Bestimmungen des U/Th-Verhältnisses. Es werden u. a. folgende U-Th-Alter ausgewiesen: für die Spitze (0 mm) 3654, für den positiven Peak (6 mm) 4112 und für die Position 193 mm 11.216 [radiometrische] Jahre BP (before present; vor heute, Bezugsjahr 1950). Die Veränderung zu höheren $\delta^{18}\text{O}$ -Werten soll aber bei etwa 4200 [radiometrischen] Jahren BP einsetzen. Wie die Alter geeicht wurden, wird allerdings nicht mitgeteilt. Die Autoren interpretieren den abrupten $\delta^{18}\text{O}$ -Ausschlag als großskaliges, klimatisches Ereignis, einen abrupten Klimaumschwung. Dieses sei auch in anderen Proxy-Datenreihen,

Abb. 1 Satellitenaufnahme von Grönland (NASA, 27. Juli 2016), Grönland ist Namensgeber für die Grönlandium-Stufe.

Äonothem /Äon	Ärathem /Ära	System/ Periode	Serie/ Epoche	Stufe/ Alter	Nume- risches Alter (Mra)
PHANEROZOIKUM	KÄNOZOIKUM	QUARTÄR	HOLOZÄN	Meghalayum	0,0042
				Northgrippium	0,0082
				Grönlandium	0,0117
			PLEISTOZÄN	Ober-	0,126
				Mittel-	0,781
				Calabrium	1,80
				Gelasium	2,58

Abb. 2 Internationale chronostratigraphische Tabelle des Quartärs; rechts mit Zuweisung geschätzter numerischer Alter des GTS2012- Altersmodells (GRADSTEIN et al. 2012) bzw. Meldungen der ICS-Subkommissionen in Millionen radiometrischen Jahren (Mra). Ober- und Mittelpleistozän sind formal noch nicht definiert. Nach Version v2018/08 der Internationalen Stratigraphischen Kommission (ICS).

z.B. in Nordafrika, dem Mittleren Osten und Nordamerika, dokumentiert. WALKER et al. (2018) bezeichnen die jeweiligen Ausschläge auch als „4,2-ka-Ereignis“ (ka, 1000 Jahre). Das Grenzdatum wird abschließend mit 4250 [radiometrischen] Jahren b2k (before 2 k; vor 2000 nach Christus, als Bezugsjahr) festgelegt.

Northgrippium. Die Referenzlokalität befindet sich auf der Eisscheide in Nordgrönland. Der Name der Stufe leitet sich von der Eiskern-Tiefbohrung NGRIP ab: N(orth)GRIP, North Greenland Ice Core Project. Als Grenzpunkt wird eine markante Veränderung der Sauerstoff- und Wasserstoffisotopenverhältnisse, $\delta^{18}\text{O}$ bzw. δD , zu niedrigeren Werten in einer Tiefe von 1228,67 m im Eiskern definiert. Dieser „Einbruch“ wird als abrupte Abkühlung interpretiert. Auf Grundlage der eiskernchronologischen „Jahresschichtenzählung“ wird dieser Tiefe ein Alter von 8236 ± 47 [Eiskern-] Jahre b2k zugewiesen (zur Methodik und einer Kritik siehe KOTULLA 2013b). Der negative Ausschlag wird auch als „8,2-ka-Ereignis“ (ka, 1000 Jahre) bezeichnet.

Grönlandium. Die Basis des Holozän ist bereits 2008 formal definiert worden (WALKER et al. 2009); sie ist identisch mit der Basis des Grönlandium, der untersten Stufe des Holozän (Abb.2). Der Grenzpunkt befindet sich im NGRIP-Eiskern in einer Tiefe von 1492,45 m (s. KOTULLA 2013c, Abb. 6). Er markiert einen abrupten Abfall des sog. Deuterium-Exzess-Wertes sowie einen graduellen, anhaltenden Anstieg der $\delta^{18}\text{O}$ - und δD -Werte, welche als Signal einer klimatischen Erwärmung interpretiert werden. Nach der eiskernchronologischen „Jahresschichtenzählung“ wird der Basis ein Alter von gerundet

11.700 Eiskernjahren b2k, interpretiert als Kalenderjahre, zugewiesen (s.o.). Der Name der Stufe leitet sich von der Region der Bohr-lokalität, dem zentralen grönländischen Eisschild, ab (Abb. 1).

Demzufolge sind alle drei Stufen an ihrer Basis chemo- bzw. klimatostratigraphisch definiert. Nach WALKER et al. (2018) sollen die definierten Grenz-Ereignisse weltweiter oder nahezu weltweiter Natur gewesen sein und einen zeitstratigraphischen Marker-Horizont bilden.

„Anthropozän“

Die Arbeitsgruppe „Anthropozän“ der Subkommission für Quartärstratigraphie (SQS) hat bislang keinen formalen Vorschlag eingereicht, ein „Anthropozän“ als eine dem Holozän folgende Serie bzw. Epoche einzuführen. Gegenwärtig werden u. a. mögliche Referenzereignisse und -punkte (GSSP's) diskutiert.⁵ Mit einem Vorschlag ist jedoch in den nächsten Jahren zu rechnen.

Hinter „Anthropozän“ steht das Konzept, dass „die Menschen geologische Prozesse des Systems Erde so weitreichend verändert haben, dass sie einen planetaren Wechsel zu einer neuen Periode geologischer Zeit verursachen“. Es sei eindeutig ein reales Ereignis innerhalb des Tiefenzeit-Kontextes [der geologischen (Lang-) Zeit, MK], und es würde geologische Signaturen produzieren (Anthropocene Working Group 2014).

Zu diesen Signaturen werden u. a. anthropogene Ablagerungen, „Technofossilien“ (z.B. Plastik) und Verbrennungsrückstände gezählt; als untere Grenze der neuen Epoche wird die Mitte des 20. Jahrhunderts als für geeignet erachtet (WATERS et al. 2016).

Holozäne Serie und Stufen im Vergleich „extrem“ kurz

Die internationale chronostratigraphische Tabelle ist eine Universaltafel mit konstruierten, lückenlos aufeinander folgenden, in hohem Maße abstrahierten Einheiten aus „Gestein und Zeit“. Chronostratigraphische Einheiten (z.B. Serie und Stufe) haben ihre Äquivalente in chronologischen Einheiten (Epoche und Alter) mit jeweils identischen Namen (z.B. Holozän und Grönlandium, Abb. 2). Die Einheiten können als eine Folge von relativen „Zeitscheiben“ unbekannter Dauer betrachtet werden. Der Tabelle wird schließlich ein Altersmodell zugewiesen.

Auf Grundlage des aktuellen radiometrischen Altersmodells⁶ (GTS2012⁷, GRADSTEIN et al. 2012) und den Ergänzungen nach 2012 können

Glossar

Referenzpunkt, Referenzprofil, Referenzlokalität: Hier vereinfachte Bezeichnung für den „Grenzstratotypus-Punkt“ in einem „Grenzstratotypus-Profil“ (Global Boundary Stratotype Section and Point, GSSP) zur formalen Grenz-Definition einer chronostratigraphischen Einheit

mit Angabe der Lokalität. Es wird jeweils die Basis einer Einheit definiert.

Stratigraphie: Beschreibung der Gesteinskörper, die die Erdkruste aufbauen; der Prozess zur Fortentwicklung der internationalen chronostratigraphischen Tabelle ist formalisiert.

Die holozänen Stufen sind nach dem gängigen Altersmodell um einen Faktor 1400–1600 kürzer als das errechnete Mittel der anderen Stufen.

aus den zugewiesenen Altern die radiometrische Dauer der Einheiten ermittelt und zueinander in Beziehung gesetzt werden. Demnach dauert eine phanerozoische Stufe (geochronologisch: Alter) im Mittel etwa 5,6 Millionen radiometrische Jahre (Basis dieser Angabe sind die Stufen von der Gelasium-Stufe des Pleistozän bis zur Fortunium-Stufe des Kambrium; insgesamt 96 Stufen).⁸ Dabei reichen die Werte für die Dauer der einzelnen Stufen von etwa 1 Million radiometrischen Jahren (z.B. Piacenzium-Stufe des Pliozän oder Hirnantium-Stufe des Ordovizium) bis zu etwa 14 Millionen radiometrischen Jahren (z.B. Emsium-Stufe des Devon). Mittel- und Oberpleistozän sind formal noch nicht definiert (Abb. 2).

Die holozänen Stufen (Alter), Grönlandium und Northgrippium, dagegen dauern etwa 0,0035 bzw. 0,0040 Millionen radiometrische Jahre. Das ist um einen Faktor 1400–1600 kürzer als das errechnete Mittel der anderen Stufen. Eine strukturelle, Langzeit-orientierte Kontinuität der Chronostratigraphie bis zu den oberen Stufen des Quartärs ist demnach nicht mehr gewahrt.

Gegenwärtig wird diskutiert, ob ein „Anthropozän“ formal eingeführt wird (s.o.). Ungeachtet dessen, ob für diese potenzielle neue Serie bzw. Epoche ein Beginn um 1850 oder um 1950 definiert werden könnte, würde die Einführung definitionsgemäß das Holozän beenden. Ein Vergleich der möglichen Dauer des Holozäns mit der mittleren Dauer der anderen phanerozoischen Serien, 0,0117 zu 16,3 Millionen radiometrische Jahre (33 Serien), ergibt ein ebenso eklatantes Missverhältnis wie der „Stufen-Vergleich“: Das Holozän wäre – auf Grundlage des radiometrischen Altersmodells – um einen Faktor 1400 kürzer.

Gedanklich könnte die radiometrische Dauer einer holozänen Stufe als „zeitlicher“ Maßstab für das gesamte Phanerozoikum (Kambrium bis heute) dienen – das wäre ein alternatives Altersmodell. Das ergäbe rein rechnerisch eine Dauer von rund 400.000 radiometrischen Jahren für das gesamte Phanerozoikum (Basis 100 Stufen ab Kambrium). Zur Quantifizierung der vergangenen Zeit war solch eine Projektion prinzipiell die Vorgehensweise von LYELL (1868, 310). Den Primäreinheiten der stratigraphischen Tabelle wurden schon früh eine gleiche Dauer zugeschrieben. So ist die Dauer der Vorzeit bezogen auf die fossilführenden Schichten (übertragbar:

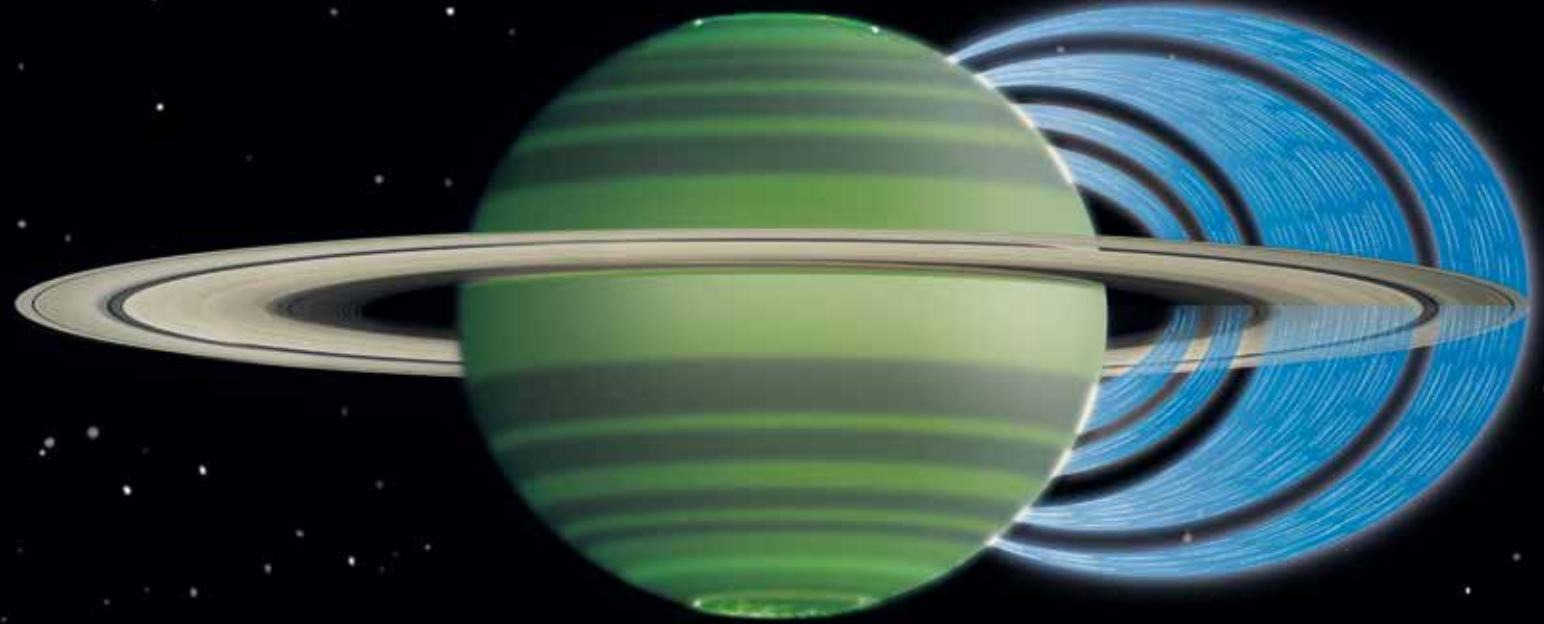
Kambrium bis heute) von LYELL (1868) zu 12 Zyklen (Perioden) à 20 Millionen Jahre und von HOLMES (1927) zu 20 geologischen Zyklen à 30 Millionen Jahre konstruiert worden.⁹

Amerkungen

- ¹ Name der Organisationen hier in einer nicht autorisierten Übersetzung.
- ² Zuvor war eine Gliederung der Serie Holozän in Subserien vorgenommen worden, diese Subserien waren aber nicht weiter definiert. Korrespondierend: z.B. Grönlandium zu Unterholozän.
- ³ Siehe http://quaternary.stratigraphy.org/wp-content/uploads/2018/07/IUGS-Ratification-to-ICS_Holocene-subdiv.pdf.
- ⁴ Zu den zahlreichen stratigraphischen und geochronologischen Begriffen siehe z.B. KOTULLA (2016).
- ⁵ Siehe <http://quaternary.stratigraphy.org/working-groups/anthropocene/>.
- ⁶ Zu einer Kritik siehe KOTULLA (2013a).
- ⁷ Radiometrische Jahre werden implizit mit Kalenderjahren gleichgesetzt.
- ⁸ Aktuelle Tabelle siehe <http://stratigraphy.org/ICS/chart/ChronostratChart2018-08.jpg>.
- ⁹ Alle diese Modelle berücksichtigen die überwiegend rasche Sedimentation nicht.

Literatur

- Anthropocene Working Group (2014) The Anthropocene: an update. *GeoQ* 12, 22.
- BERKELHAMMER B, SINHA A et al. (eds.) Climate, Landscapes, and Civilizations. Geophysical Monograph Series 198, 75–88.
- GRADSTEIN FM, OGG JG, SCHMITZ MD & OGG GM (Eds.) The Geologic Time Scale 2012. Volume 1/2, Oxford Amsterdam.
- HOLMES A (1927) The Age of the Earth. London.
- KOTULLA M (2013a) Gültigkeit und Grenzen geologischer Zeitbestimmung. Online-Loseblattsammlung, Stand: 1. Lieferung 10/2013, <http://www.wort-und-wissen.de/loseblattsammlung.html>.
- KOTULLA M (2013b) Grönländische Eiskerndaten und ihre Interpretation: Absolute Datierung durch Zählung von Jahresschichten? W+W Special Paper G-13-1, Baisersbrunn; <http://www.wort-und-wissen.de/download.html>.
- KOTULLA M (2013c) Eiskerndatierung: 100 000 Jahre und mehr? *Stud Integr. J.* 20, 84–93.
- KOTULLA M (2016) Erdgeschichte als Tatsache. *Stud. Integr. J.* 23, 83–93.
- LYELL C (1868) Principles of Geology, vol. 2, 10th ed., London.
- WALKER M, JOHNSEN S et al. (2009) Formal definition and dating of the GSSP (Global Stratotype Section and Point) for the base of the Holocene using the Greenland NGRIP ice core, and selected auxiliary records. *J. Quatern. Sci.* 24, 3–17.
- WALKER M, HEAD MJ et al. (2018) Formal ratification of the subdivision of the Holocene Series/Epoch (Quaternary System/Period): two new Global Boundary Stratotype Sections and Points (GSSPs) and three new stages/subseries. Episodes 41, doi: 10.18814/epiugs/2018/018016.
- WATERS CN, ZALASIEWICZ J et al. (2016) The Anthropocene is functionally and stratigraphically distinct from the Holocene. *Science* 351, 137.



Das kurze Leben des Saturnrings

Staubringe sind fragile Elemente. Es gilt heute als gesichert, dass das Saturn-Ringsystem eine relativ junge Beigabe zum Planetenkörper ist. Nun wurden zudem Hinweise beobachtet, die einen relativ schnellen Rückbau dieses Systems nahelegen.

Norbert Pailer

Abb. 1 Geladene Wassermoleküle und organische Verbindungen strömen in weiten Bögen vom Ringssystem als „schmutzige Dusche“ in die obere Atmosphäre des Saturn.
(© NASA/JPL-Caltech/ Space Science Institute/ University of Leicester)

Der Saturn ist wahrscheinlich der ungewöhnlichste Planet unseres Sonnensystems. Dafür sorgt insbesondere sein ausgefallenes Ringsystem. Der Durchmesser des von der Erde aus sichtbaren Teils beträgt 280.000 Kilometer, das sind etwa zwei Drittel der Entfernung Erde – Mond. Der sehr schwache E-Ring hat gar einen Durchmesser von 600.000 Kilometern. Die vertikale Ausdehnung – zumindest die der hellen inneren Ringe – liegt hingegen bei deutlich unter 1000 Metern. Es ist absolut erstaunlich, welch hochgradige Ordnung dort im Wechselspiel von Magnet- und Gravitationsfeldern über Jahrtausende vorliegt.

Die Staubteilchen werden in einem delikaten Balanceakt zum einen von Saturns Gravitationskraft, die den Staub Richtung Zentralkörper zwingen will, und zum anderen von der Zentrifugalkraft aufgrund der Umlaufgeschwindigkeit, die ihn Richtung Weltraum katapultieren will, auf ihrer Bahn gehalten. So ist das etablierte Verständnis. Kleine Teilchen werden dabei vom ultravioletten Licht der Sonne oder der Plasmawolke – erzeugt durch das stete Meteoritenbombardement des Ringsystems – elektrisch geladen, weshalb sie zusätzlich der Kraft des Saturn-Magnetfeldes ausgesetzt sind, die sie Richtung obere Atmosphäre des Saturn führt. Abb. 1 illustriert dieses Kräftespiel.

In einem Beitrag der letzten Ausgabe von *Studium Integrale Journal* (PAILER 2018) wurde

berichtet, dass das Ringsystem des Saturn mit 150 bis maximal 300 Millionen Jahren, in kosmischen Kategorien gesprochen, relativ jung ist – im Gegensatz zum Mutterkörper des zweitgrößten Planeten, dessen Alter mit rund 4 Milliarden Jahren taxiert wird.

Wenn ein solches Ringsystem nicht schon immer den Saturn begleitet hat, sondern erst im Laufe der Saturngeschichte hinzukam, ist es zunächst nicht verwunderlich, dass es auch wieder verschwindet. Nun wurden neue Erkenntnisse über das Ringsystem veröffentlicht (z.B. O'DONOGHUE et al. 2018). Das Besondere an diesen Arbeiten ist eine bisher unerreichte Bandbreite von Ergebnissen, die in die Auswertungen eingeflossen ist: angefangen von Daten der *Pioneer 11*-Mission aus dem Jahre 1979, weiterhin von *Voyager 1* und *2*, von *Cassini-Huygens* zusammen mit aktuellen Beobachtungsdaten der größten erdgebundenen Teleskope. Die Daten zeigen, dass der Rückbau der Ringe viel schneller geht als bisher vermutet. Es sollte allerdings nicht verwundern, dass all diese Daten – schon wegen der wechselnden Einflüsse (z.B. dynamische Sonnenaktivität und wechselnde Öffnung des Saturnrings in Bezug auf die Sonne) – nicht vollumfänglich stimmig sind, aber grundsätzlich von einer – in kosmischem Sinne – raschen Flüchtigkeit des Ringsystem zeugen. In der Veröffentlichung von O'DONOGHUE et al. (2018)

wird insbesondere auf die Vermessung des Ions H^+_3 (Derivat von Wasser) in der Ionosphäre des Saturn-Mutterkörpers abgehoben. Je mehr wassereishaltiges Ringmaterial auf den Mutterkörper fällt, desto stärker ist die Emission von H^+_3 im infraroten Wellenlängenbereich.

Die neuen Untersuchungen wurden am 10m-Keck-Teleskop auf dem Mauna Kea in Hawaii durchgeführt, indem das Maximum der Emission von H^+_3 in der Ionosphäre des Saturn korreliert wird mit dem Einfall von Wassereis. Die einfallende Menge beläuft sich dabei auf der Basis von Modellen auf 432 bis 2870 kg/s.

Die bisher geschilderten Einflüsse beziehen sich insbesondere auf den inneren Teil des Ringsystems. Mit dem im fernen UV-Licht messenden *Ultraviolet Imaging Spectrograph* (UVIS) auf der Raumsonde *Cassini-Huygens* wurden die im Saturnsystem vorkommenden Elemente erfasst. Beim Auswerten der Daten fiel ein ultraviolettes Leuchten von atomarem Sauerstoff besonders auf, das sich in einer Ebene um den Saturn bis zu zehn Saturnradien in den Weltraum erstreckte. Mögliche Ursachen könnten eine plötzliche Kollision von Staubpartikeln sein oder eben ein Meteoriteneinschlag. So fand das UVIS-Team um Axel KORTH (ESA 2018) vom MPS für Sonnensystemforschung in Katlenburg-Lindau eine Häufung atomaren Sauerstoffs im Bereich des E-Ringes bei 3,7 Saturnradien auf der sonnenabgewandten Seite des Planeten. Die Anzahl atomarer Sauerstoff-Atome war extrem hoch. Sie betrug bis zu etwa 1 Million Tonnen Sauerstoff. Dieser Sauerstoff bildet sich relativ schnell und entweicht nach einigen Monaten ebenso schnell in den interplanetaren Raum.

Sollte sich die aus den H^+_3 -Messungen ermittelte Rate als typisch erweisen, würde allein dieser Verlust ausreichen, um das Ringsystem innerhalb von rund 300 Millionen Jahren verschwinden

zu lassen. Es deutet sich allerdings an, dass dieser Ringregen nur einen Teil der verschwindenden Masse ausmacht. Zusätzlich kommt eine Mixtur an beträchtlichen Mengen Methan, Ammoniak, molekularem Stickstoff sowie Kohlenmonoxid und -dioxid dazu. Rechnet man alle bekannten Verluste zusammen, überstehen die Ringe wegen dieser „schmutzigen Dusche“ und anderer Verlustprozesse womöglich keine 100 Millionen Jahre als Worst Case Szenario. Das mit den organischen Verbindungen vermischte Wassereis fällt in rund zehnfach höherer Konzentration auf den Planeten, als von den bisherigen Modellen „prognostiziert“, berichtet Hunter WAITE vom Southwest Research Institute.

Zusammenfassend können zwei überraschende Befunde beim Saturn-Ringsystem festgehalten werden: zum einen die chemische Komplexität des Ringregens und zum anderen die schiere Menge dieses Regens und die damit verbundene kurze Lebenserwartung des Ringes. Möglicherweise dürfen wir uns glücklich schätzen, in einer Zeit zu leben, in der wir das Saturnringsystem in seinen besten Jahren erleben, während wir die anderen Staubbringe bei Jupiter, Uranus oder Neptun gerade verpassten, die heute nur schwache Ringe bzw. Ringlets zeigen. Allerdings müssen für eine sichere Prognose mögliche Recyclingprozesse besser verstanden werden.

Quellen

- O'DONOGHUE J, MOORE L, CONNERNEY J, MELIN H, STALLARD T, MILLER S & BAINES KH (2018) Observations of the chemical and thermal response of 'ring rain' on Saturn's ionosphere. *Icarus*. doi:10.1016/j.icarus.2018.10.027
- PAILER N (2018) Staub im Weltall. Neueste Daten fordern ein radikales Umdenken. *Stud. Integr. J.* 25, 4–11.
- ESA (2018) Ein gigantisches rätselhaftes Ringsystem. [http://www.esa.int/ger/ESA_in_your_country/Germany/Ein_gigantisches_raetselhaftes_Ringsystem/\(print\)](http://www.esa.int/ger/ESA_in_your_country/Germany/Ein_gigantisches_raetselhaftes_Ringsystem/(print))

Neuigkeiten über alte Vögel

Eine Reihe von Merkmalen an neu entdeckten fossilen Vögeln, die evolutionstheoretisch an die Basis des mutmaßlichen Vogelstammbaums gestellt werden, sind unerwartet und bestätigen, dass bereits an der Basis der Gegenvögel und der Ornithuren auch „moderne“ Vogelmerkmale ausgebildet waren. Eine beachtliche Vielfalt tritt relativ abrupt fossil in Erscheinung.

Reinhard Junker

Archaeorhynchus spathula

Eine bemerkenswerte Entdeckung wurde beim Ornithuromorphen *Archaeorhynchus spathula* gemacht. Die Ornithuromorphen („Vogelschwän-

ze“) sind diejenige Vogelgruppe, zu der auch die heutigen Vögel gerechnet werden. Fossil sind sie in erheblicher Verschiedenartigkeit seit der Unterkreide überliefert. *Archaeorhynchus spathula* aus der Unterkreide Chinas (Jehol-Formation,

Abb. 1 Künstlerische Darstellung von *Archaeorhynchus spathula*, der etwas größer als eine Taube war. (© Brian CHOO)



auf 120 Millionen radiometrische Jahre datiert) war etwa so groß wie ein Star (Abb. 1) und wird aufgrund von Skelettmerkmalen als „basal“ eingestuft. Dennoch besaß diese Art auch eine Reihe „moderner“ Vogelmerkmale: einen zahnlosen Schnabel, einen Brustbeinkiel, die Form der Furcula und asymmetrische Federn. Bemerkenswert ist die Erhaltung von Weichgewebe, die WANG et al. (2018a) als fossilisierte Lungen interpretieren. Aus den fossilen Resten schließen sie, dass die Lunge „sehr ähnlich der Lunge heutiger Vögel“ war. Die Spezialisierungen der Lunge wie das stark unterteilte Parenchym seien „modern“; manche Strukturen ähneln nach ihrer Einschätzung Parabronchien (das sind sehr feine Kapillaren in den Lungen heutiger Vögel). Diese Merkmale deuteten darauf hin, dass die für den Kraftflug erforderliche Sauerstoffmenge aufgenommen werden konnte. Der fossile Befund zeige weiter, dass die Lunge wie bei heutigen Vögeln direkt an der Wand der Hohlräume befestigt war, was die Lunge praktisch unbeweglich machte, wie das auch bei heutigen Vögeln der Fall ist. Diese Fixierung macht es möglich, dass das Parenchym in extrem feine Kapillaren unterteilt werden kann, ohne dass das Gewebe kollabiert, was eine große Atemwegsfläche und die Ausbildung einer extrem dünnen Blut-Gas-Barriere ermöglicht (WANG et al. 2018a, 11559).

Ungewöhnlich sind auch Merkmale des Schwanzes. Zusätzlich zu den gewöhnlichen Schwanzfedern ragen zwei besonders lange, schmale Schwanzfedern über den Rest der Federn hinaus (als „pintail“ bezeichnet). Bei Kreidevögeln war dieser Federtyp bisher nicht bekannt, kommt aber bei heutigen Vögeln wie bei einigen Kolibriarten vor.

Bewertung. Insgesamt weist *Archaeorhynchus* ein ausgeprägtes Merkmalsmosaik auf, das kaum in eine evolutionäre Übergangstellung passt. Einmal mehr zeigt sich, dass Erfordernisse für

das Fliegen – hier vogeltypische leistungsfähige Lungen – nahe der Basis der fossilen Überlieferung nachweisbar sind.

Orienantius ritteri

Die zweite Art, die hier vorgestellt werden soll, wird zur neu entdeckten Gattung *Orienantius* aus der Gruppe der Gegenvögel (Enantiornithes) gestellt. Sie gehört zu den geologisch ältesten Gegenvögeln (Huajiyang-Formation Chinas, auf 131 Millionen radiometrische Jahre datiert). Auch bei diesem Fund sind Weichteile fossil erhalten, nämlich Teile der Flughäute (Patagien). Die Autoren schreiben (S. 16): „Die Morphologie der konservierten Weichteile zeigt, dass die für die Flügel moderner Vögel charakteristischen Hauptpatagien (Propatagium, Postpatagium und Metapatagium) bereits bei den frühesten bekannten Enantiornithinen vorhanden waren.“ Ihre Ausprägung deutet darauf hin, dass diese Vögel sehr gut manövrieren und abwechselnd flattern und gleiten konnten, heutigen kleinen und mittelgroßen Vögeln vergleichbar (LIU et al. 2018, 17).

Die für die Flügel moderner Vögel charakteristischen Flughäute waren bei den frühesten bekannten Gegenvögeln vorhanden.

Die Forscher konnten außerdem nachweisen, dass die erhaltene Kontur der Muskulatur des Beines identisch mit der von modernen Vögeln ist; die Weichteile um die Fußknochen deuten darauf hin, dass die Füße von *Orienantius ritteri* keine Hauptmuskeln hatten, was die Situation bei heute lebenden Vögeln widerspiegelt (LIU et al. 2018, 16).

Bewertung. Auch im Fall von *Orienantius* zeigt sich, dass eine gute Flugfähigkeit, aber auch andere vogeltypische Merkmale innerhalb der Gegenvögel, von Anfang an – bei den geologisch ältesten Formen – ausgeprägt sind. LIU et al. (2018, 18) kommen zum Schluss, dass dieses neue Taxon zahlreiche Merkmale aufweist, die für spätere Taxa typisch sind, und dass die Gegenvögel bereits bei ihrem frühesten Auftreten in der Fossilüberlieferung ein signifikantes Ausmaß an taxonomischer Differenzierung aufweisen.

Jinguoortis

Als Beispiel für eine „chaotisch“ verlaufene Evolution (Min WANG¹) wird die ebenfalls im Jahr 2018 beschriebene etwa krähengroße fossile Art *Jinguoortis perplexus* (Abb. 2) genannt. Ihre systematische Stellung ist nicht klar bestimmt. Wie heutige Vögel besaß sie ein Pygostyl (verschmolzene Schwanzwirbel) und damit einen Fächerschwanz. Ein weiteres ausgesprochen „modernes“ Merkmal sind die stark reduzierten Finger.

Neben vogeltypischen Merkmalen kommen aber auch Merkmale vor, die sonst bei Theropoden-Dinosauriern bekannt und vogeluntypisch sind. Dazu gehören Krallen an den Fingern der Flügel, eine bumerangförmige, vermutlich starre Furcula (Gabelbein), ein Kiefer mit winzigen Zähnen und ein verschmolzener Schultergürtel (Schulterblatt und Rabenbein). Da letzteres Merkmal ungünstig für das Fliegen erscheint, weil es die Flexibilität für den Schlagflug einschränkt, erhielt die Art ihren Artnamen „perplexus“. Nichtsdestotrotz waren die breiten, kurzen Flügel von *Jinguoortis* typisch für Vögel, die gut zwischen Bäumen manövrieren können. Vielleicht war eine bisher unbekannte Art des Fliegens verwirklicht. Bei heutigen Vögeln ist eine vergleichbare Fusion der beiden Schultergelenksknochen nur bei flugunfähigen Formen bekannt. Dass auch *Jinguoortis* sekundär flugunfähig war, scheint jedoch eher unwahrscheinlich, zumal die Schwungfedern ausgeprägt asymmetrisch waren (WANG et al. 2018b, 10710).

Der verschmolzene Schultergürtel ähnelt zwar der Situation bei einigen Theropoden-Dinosauriern, trotzdem eignet sich dieses Merkmal nicht als Beleg für eine stammesgeschichtliche Verbindung von Dinosauriern und Vögeln, weil bei *Archaeopteryx* diese beiden Knochen nicht verschmolzen waren.

Der Besitz von Zähnen ist bei mesozoischen Vögeln verbreitet, und auch bezüglich dieses Merkmals ist die Ausprägung bei *Jinguoortis* evolutionstheoretisch nicht gut passend. Denn bei *Jinguoortis* waren Prämaxilla und Maxilla bezahnt, während bei *Archaeopteryx* und den

Ornithothoraces (= Enantiornithes + Ornithurae) die Spitze der Prämaxilla und bei *Jeholornis* die ganze Prämaxilla zahnlos war. Daher müsste bezüglich dieses Merkmals evolutionstheoretisch eine Rückentwicklung bzw. wie beim Schultergürtel eine Art evolutionärer Zickzackkurs angenommen werden, was allgemein als unplausibel gilt.

Bewertung. WANG et al. (2018b, 10708) bemerken, dass *Jinguoortis* die bekannte Diversität früher Vögel vergrößere, und vermuten, dass Entwicklungs-Plastizität eine wichtige Rolle dabei spielte und dass die mutmaßliche Evolution mosaikartig verläuft. (Plastizität ist die Fähigkeit, Merkmale je nach Umwelteinflüssen unterschiedlich auszubilden, und hat mit Evolution an sich nichts zu tun.) Die Jinguoortidae trugen zum verbreiteten Vorkommen von Mosaik-Evolution bei (WANG et al. 2018b, 10710). BRUSATTE spricht von Experimentierung.¹

„Mosaik-Evolution“ und „Experimentierung“ sind Fremdkörper in einem evolutionären Szenario.

Doch sowohl Mosaik-Evolution als auch Experimentierung sind Fremdkörper in einem evolutionären Szenario. Denn Experimentierung ist ein zielgerichteter Vorgang; der Begriff verschleierte einen evolutionstheoretisch unerwarteten Befund. Die Merkmalsverteilung passt nicht in ein hierarchisches eingeschachteltes System; daher müssen in großem Maße Konvergenzen angenommen werden, was als „Mosaik-Evolution“ bezeichnet wird. Aber warum und auf welchem Wege gelangt ein natürlicher, zukunftsblinder evolutionärer Prozess vielfach unabhängig zu ähnlichen Konstruktionen? Zudem ist das Merkmalsmosaik so gestaltet, dass es insgesamt nicht als evolutionäre Übergangsform passt, sondern eine eigene evolutive Linie angenommen werden muss.

Abb. 2 Rekonstruktion von *Jinguoortis perplexus*.
(© Chung-Tat CHEUNG)



Anmerkung

¹ <https://www.nationalgeographic.com/science/2018/09/news-new-species-fossil-bird-dinosaurs-flight-evolution-paleontology>.

Literatur

LIU D, CHIAPPE LM, ZHANG Y, SERRANO FJ & MENG Q (2018) Soft tissue preservation in two new enantiornithine specimens (Aves) from the Lower Cretaceous Huajiyang Formation of Hebei Province, China. *Cretaceous Res.* (2018), doi: <https://doi.org/10.1016/j.cretres.2018.10.017>.

NAVALÓN G, MARUGÁN-LOBÓN J, CHIAPPE LM, SANZ JL & BUSCALIONI A (2015) Soft-tissue and dermal arrangement in the wing of an Early Cretaceous bird: Implications for the evolution of avian flight. *Sci. Rep.* 5:14864.
WANG X, O'CONNOR JK, MAINA JN, PAN Y, WANG M, WANG Y, ZHENG X & ZHOU Z (2018a) *Archaeorhynchus* preserving significant soft tissue including probable fossilized lungs. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 115, 11555–11560.
WANG M, STIDHAM TA & ZHOU Z (2018b) A new clade of basal Early Cretaceous pygostylian birds and developmental plasticity of the avian shoulder girdle. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 115, 10708–10713.

Neu entdeckte Rolle von Introns

Molekularer „Abfall“ erweist sich erneut als funktional

Lange Zeit wurden bestimmte kleine RNA-Abschnitte, die Introns, für molekularen Abfall in der Zelle gehalten, der keine biologische Funktion aufweist. Neuere Untersuchungen an Hefen unter Bedingungen der Nahrungsknappheit förderten das überraschende Ergebnis zutage, dass Introns unter diesen Bedingungen überlebenswichtig sind. Dies bestätigt auf eindrucksvolle Weise die Auffassung, dass Lebewesen intelligent geschaffen sind, und steht damit in einer Linie mit den bahnbrechenden Resultaten des ENCODE-Projekts.

Boris Schmidtgal

Die Vermutung, dass „die Natur“ nicht verschwenderisch ist, motiviert Forscher wiederholt dazu, etablierte Gewissheiten der Lebenswissenschaften zu hinterfragen. Die lange Zeit gängige Auffassung, dass es sich bei einem Großteil des menschlichen Erbguts um genetischen Abfall handelt, verursachte schon früh bei manchen Forschern Skepsis. Auch wenn die als „Junk-DNA-Hypothese“ bezeichnete Erklärung, dass sich eine genetische Müllhalde über Jahrmillionen durch Evolution angehäuft habe, von vielen für plausibel gehalten wurde, ließen einige Forscher sich nicht davon abhalten, die vermeintlich überflüssige DNA weiter zu untersuchen. Das Ergebnis der umfangreichen Arbeiten im Rahmen des ENCODE-Projekts* sorgte für

Erstaunen: Die Indizien sprechen dafür, dass mindestens 80% des genetischen Materials funktional sind. Bei den restlichen ca. 20% herrscht noch keine Klarheit bezüglich der Funktion (ENCODE consortium 2012).

Nun konnte die erstaunliche Effizienz von Organismen an einem anderen Beispiel gezeigt werden. Kürzlich untersuchten zwei wissenschaftliche Gruppen das Spleißen von mRNA bei der (gemeinen) Hefe (*Saccharomyces cerevisiae*). Das Spleißen ist ein Vorgang, der nur bei Eukaryoten vorkommt. Dabei wird das zunächst aus der DNA transkribierte (umgeschriebene) mRNA-Molekül durch Spleißosomen* (Proteinkomplexe) so verändert, dass bestimmte Sequenzabschnitte herausgeschnitten werden (Abb. 1). Das auf diese Weise erhaltene „reife“ mRNA-Molekül wird dann zu den Ribosomen transportiert und zur Proteinbiosynthese verwendet. Dabei wurde stets beobachtet, dass die ausgeschnittenen Sequenzen, welche als Introns bezeichnet werden, schnell wieder abgebaut werden. Allerdings war es bisher üblich, solche Vorgänge bei normalen Wachstumsprozessen von Hefen zu beobachten.

Dagegen untersuchten Wissenschaftler um ELELA (PARENTEAU et al. 2019) diese Vorgänge in extremeren Lebenssituationen wie z.B. unter

Glossar

ENCODE-Projekt: Ein umfangreiches, von 30 Forschungsgruppen durchgeführtes wissenschaftliches Projekt, bei dem das menschliche Genom auf funktionelle Elemente hin untersucht worden ist. Das Projekt wurde 2003 vom US-amerikanischen National Human Genome Research Institute initiiert.

Intron: Kurze Sequenz innerhalb einer

mRNA, die durch das Spleißen herausgeschnitten wird. Introns werden nicht in Proteine übersetzt (translatiert). Die übrigen Abschnitte der mRNA, die Exons, werden zusammengefügt und dann am Ribosom in ein Protein übersetzt.

Spleißosom: Ein Proteinkomplex, der das Herausschneiden von Introns aus mRNA-Molekülen bewerkstelligt.

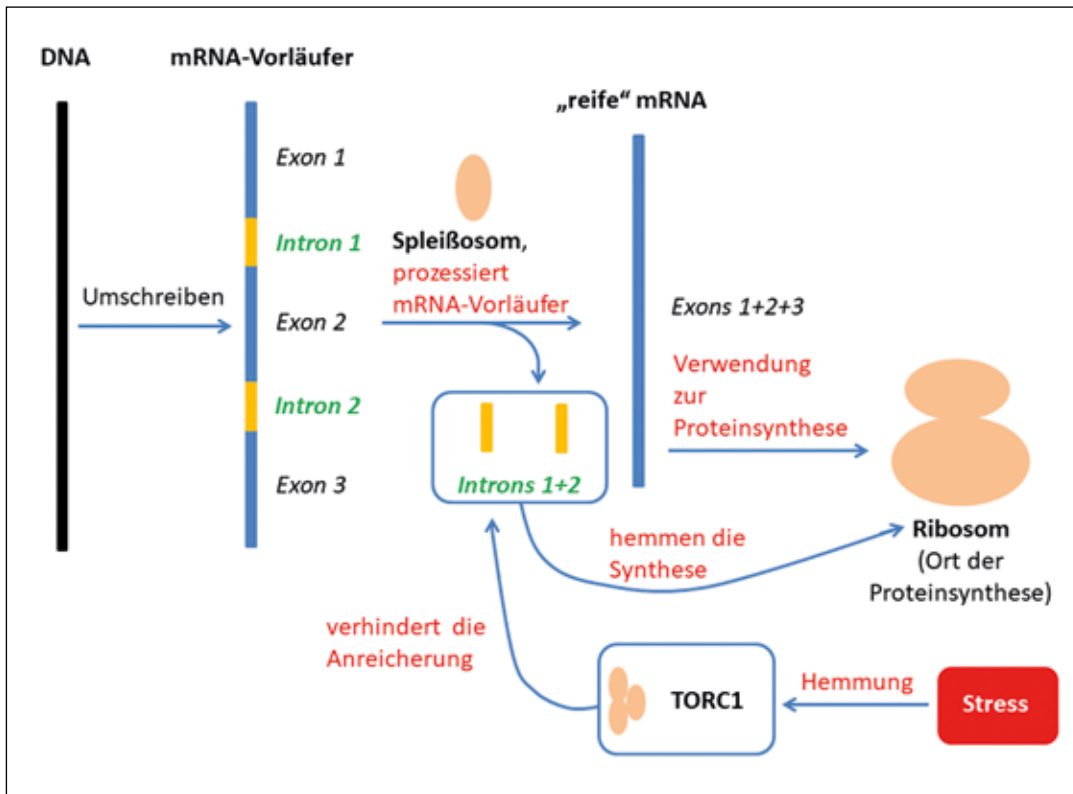


Abb. 1 Schematische Darstellung der Wirkungsweise bestimmter Introns im Kontext der Proteinbiosynthese: Nach dem Ausschneiden der Introns aus dem mRNA-Vorläufer wird der Abbau der Introns verhindert, sodass sie die Produktion der Ribosomen reduzieren können. Der Wachstumsfaktor TORC1 fördert den Abbau der Introns, sodass dadurch die Synthese von Ribosomen beschleunigt wird und die Zelle schneller wächst. In Stresssituationen (z. B. Nahrungsknappheit) wird TORC1 durch Botenstoffe gehemmt bzw. blockiert, sodass dann die Wirkung der Introns entfaltet wird, weil ihre Anreicherung nicht mehr verhindert wird.

einer Nahrungsknappheit, die höchstens ein langsames Wachstum der Hefekultur ermöglichte. Dabei konnten sie nachweisen, dass bestimmte Introns der Hefe in dieser Stresssituation zu einer wesentlich längeren Überlebensdauer verhelfen. Die Autoren der Arbeit kommentierten ihre Arbeit gegenüber den „Nature News“ mit folgenden Worten: „Alle haben uns ausgelacht.“ Denn kaum jemand rechnete damit, dass die für molekularen Abfall gehaltenen und schnell abbaubaren Introns tatsächlich einem biologischen Zweck dienen könnten.

Kaum jemand rechnete damit, dass die für molekularen Abfall gehaltenen und schnell abbaubaren Introns tatsächlich einem biologischen Zweck dienen könnten.

Bei ihrer Experimentreihe gingen die Forscher wie folgt vor: Sie erzeugten etwa 300 Varianten der Hefe, in denen jeweils ein oder wenige (verschiedene) Introns fehlten, und verglichen ihre Wachstumsfähigkeit mit derjenigen von unveränderten Hefen. Unter normalen Bedingungen wuchsen die veränderten Hefen ähnlich schnell wie die natürlichen. Doch sobald die Nahrung knapp wurde, starben 64% der veränderten Hefen recht schnell ab. Bei weiteren Kontrollversuchen zeigte sich darüber hinaus, dass die modifizierten Hefen schneller wuchsen als die unveränderten, wenn nach einer solchen Mangelsituation erneut Nahrung dazugegeben wurde. Ferner stellten die Forscher fest, dass bei

Zugabe der den fehlenden Introns zugrundeliegenden genetischen Information in Form bestimmter Plasmide die veränderten Hefen vor dem schnellen Absterben bewahrt werden konnten. Daher wurde die Schlussfolgerung gezogen, dass die Hefen in Situationen der Nahrungsmittelknappheit durch die Wirkung der Introns länger überleben können.

Als nächstes stellte sich die Frage nach dem Wirkmechanismus, durch den diese kleinen RNA-Abschnitte die Hefe in Mangelsituationen beständiger machen. Es gelang dabei folgenden Zusammenhang zu beobachten: Unter Stress nimmt die Menge an Introns in der Zelle zu und verlangsamt das Zellwachstum. Die Forscher fanden zudem heraus, dass die Introns die Synthese von Ribosomen durch Blockade bestimmter ribosomaler Gene hemmen. Die Ergebnisse von ELELA et al. und deren Interpretation wurden durch die Resultate von MORGAN et al. (2019) eindrucksvoll bestätigt. Letztere konnten zeigen, dass es in Hefen 34 Typen von „stabilen Introns“ gibt, die in Stresssituationen nicht abgebaut werden. Sie konnten ferner eine Zunahme „stabiler Introns“ beobachten, wenn der Wachstumsfaktor TORC1 gezielt blockiert wurde. Es besteht also ein direkter Zusammenhang zwischen der Aktivität des Wachstumsfaktors TORC1 und der Zunahme an Introns: Wird der Wachstumsfaktor TORC1 blockiert, kommt es zu einer Zunahme an „stabilen Introns“, die dann das Zellwachstum bremsen (Abb. 1).

Dies bedeutet, dass im Fall einer Nahrungsknappheit die gesamte Proteinsynthese der Hefe auf ein geringeres Level herabgesetzt wird, sodass

der Organismus sparsamer mit den vorhandenen Ressourcen umgehen kann. Das schnellere Wachstum der modifizierten Hefen kurz nach Zugabe von Nahrung in einer Nahrungsmittelknappheit resultiert daher, dass die Synthese von Ribosomen deutlich schneller geschieht als bei natürlichen Hefen, die mit den Introns eine „Wachstumsbremse“ haben.

Die Autoren deuten diese Eigenschaft vor dem Hintergrund etablierter Evolutionsvorstellungen, indem sie schreiben: „Unsere Resultate zeigen Funktionen von Introns, die möglicherweise helfen können, ihren Verbleib in den Genen während der Evolution zu erklären, und zeigen regulatorische Mechanismen der Anpassung der Zellen an Mangelsituationen.“

Der Rückkopplungsmechanismus kann nur funktionieren, wenn Spleißosomen, passende Introns und Ribosomen zeitgleich vorhanden sind.

Es ist allerdings mehr als fraglich, ob die Entstehung eines globalen Rückkopplungsmechanismus, der die gesamte Proteinbiosynthese reguliert, wirklich durch schrittweise Evolution entstehen kann, wie die Autoren selbstverständlich annehmen. Denn der Rückkopplungs-

mechanismus kann nur dann funktionieren, wenn Spleißosomen, passende Introns und Ribosomen, deren Synthese durch die Rückkopplung reguliert werden kann, *zeitgleich* vorhanden sind. Eine schrittweise Entwicklung des hier betrachteten Rückkopplungssystems ist auch in keiner Weise beobachtet worden. Der Verweis auf eine evolutive Entwicklung dieses faszinierenden Rückkopplungssystems ist daher spekulativ, zumal es für einen Mechanismus nicht einmal einen theoretischen Erklärungsansatz gibt.

Plausibler erscheint dagegen Planung als Ursache, wie ein Vergleich mit technischen Geräten oder anderen Erzeugnissen aufzeigt: Bei Computern werden Vorkehrungen getroffen, dass die Daten auch im Fall von Schäden erhalten bleiben. Gebäude in Erdbebengebieten werden so gebaut, dass sie möglichst lange bei starken Beben standhalten. Und Hefen sind offenbar so konzipiert worden, dass sie auf Sparflamme leben können, falls Nahrungsmittelknappheit herrscht.

Literatur

- MORGAN JT (2019) Excised linear introns regulate growth in yeast. *Nature* 565, 606–611.
 PARENTEAU J et al. (2019) Introns are mediators of cell response to starvation. *Nature* 565, 612–617.
 The ENCODE project consortium (2012) An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. *Nature* 489, 57–74.

Entstehung von Urzellen – Rätsel endlich gelöst?

Die Frage nach dem Ursprung des Lebens zu beantworten gilt als eines der attraktivsten Ziele der gegenwärtigen Forschung. Nun berichtet die Forschungsgruppe um Dora TANG, einen „Schlüsselschritt“ in diesem Bereich getan zu haben. Die Wissenschaftler untersuchten die Aufnahme von RNA-Molekülen durch synthetische Mikrotröpfchen und die katalytische Aktivität bestimmter RNA-Moleküle innerhalb dieser Tröpfchen. Die Arbeit verdeutlicht, dass für die Konstruktion synthetischer Imitate von biologischen Organellen der Einsatz von intelligenter Planung und experimentellem Geschick unverzichtbar sind. Ein tatsächlicher Bezug zur Frage nach dem Ursprung des Lebens ist in den Resultaten der Arbeit dagegen nicht zu erkennen.

Boris Schmidtgal

Überraschenderweise wurde kürzlich in der *Sächsischen Zeitung* gemeldet, dass „Dresdner Forscher einen Ursprung des Lebens gefunden“ hätten. In dem Artikel wurde verheißungsvoll berichtet, die Wissenschaftler seien „erheblich weiter gekommen, eines der größten Rätsel zu

lösen“. Die euphorisch geschriebene Schlagzeile nahm Bezug auf eine Meldung des Max-Planck-Instituts in Dresden. Auf der Internet-Seite dieser wissenschaftlichen Einrichtung lautete die entsprechende Überschrift allerdings schon etwas vorsichtiger: „Dem Ursprung des Lebens

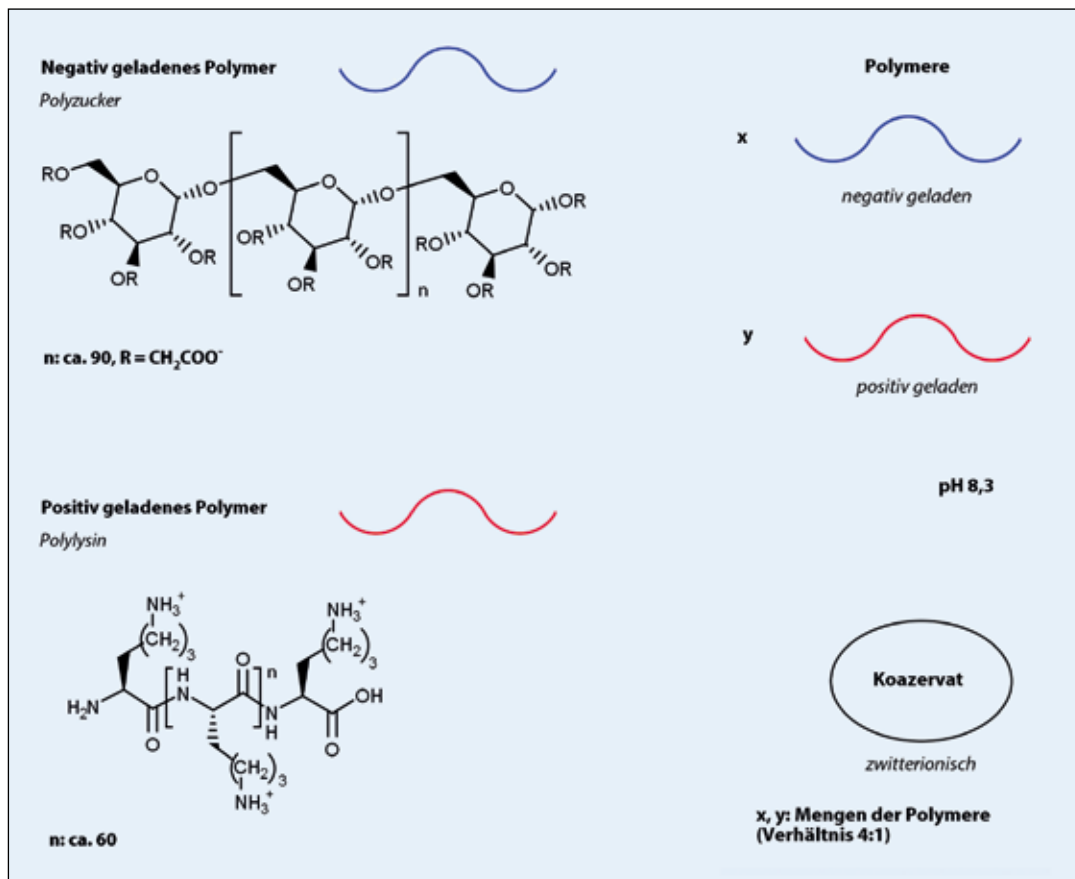


Abb. 1 Linke Seite: Strukturformeln der zur Herstellung von Koazervaten verwendeten Polymere. Rechte Seite: Schematische Darstellung der Synthese von Koazervaten aus den entgegengesetzt geladenen Polymeren.

auf der Spur“. Die Kommentare lesen sich so, als habe es einen wissenschaftlichen Durchbruch in der Frage nach dem Ursprung des Lebens gegeben. Dies wäre außergewöhnlich, denn nicht wenige Kenner dieser Thematik attestierten den bisherigen Bemühungen im Bereich der Lebensursprungsforschung, praktisch seit den Anfängen der Disziplin auf der Stelle zu treten. Besonders deutlich formulierte es zuletzt der Biochemiker Franklin M. HAROLD (2014): „Bisher scheinen wir der Erleuchtung kaum näher gekommen zu sein als A. I. OPARIN oder J. B. S. HALDANE.“¹ Sind also die euphorische Berichterstattung in den populärwissenschaftlichen Texten und die Einschätzung der Arbeit durch die Autoren als „Schlüsselschritt“ auf dem Weg zu einem plausiblen Modell der Lebensentstehung gerechtfertigt? Welche wissenschaftlichen Befunde liegen den Meldungen zugrunde?

Koazervate als Ursprung des Lebens – erneutes Aufgreifen einer alten Idee

Die Berichte bezogen sich auf eine kürzlich veröffentlichte Arbeit der Forschungsgruppe um Dora TANG (DROBOT et al. 2018). Dort wurde die katalytische² Aktivität bestimmter RNA-Moleküle im Zusammenspiel mit synthetisch hergestellten Koazervaten untersucht (Abb. 1).

Als Koazervate werden tröpfchenartige Ansammlungen großer Moleküle (hier: Polymere) in wässriger Lösung bezeichnet. Aufgrund der winzigen Maße dieser Tröpfchen (ca. 2 μm Durchmesser; das sind 0,002 mm) nennt man sie auch Mikrosphären. Die Mikrosphären können

Kenner der Thematik attestieren der Lebensursprungsforschung, praktisch seit ihren Anfängen auf der Stelle zu treten.

sich spontan in einer wässrigen Lösung bilden, vergleichbar mit dem Vorgang der Trennung von Öl und Wasser in zwei Phasen. Schon OPARIN (1938 Russisch, 1949 Deutsch) vermutete, dass diese winzigen molekularen Agglomerate Vorläufer der ersten Zellen im Sinne einer Entwicklung von unbelebter Materie hin zu ersten Zellen gewesen sein könnten. Auch heute noch wird diese Vermutung aufrechterhalten (Online-Lexikon Spektrum), da Tröpfchen aus Proteinoiden³ von ihrer Größenordnung her Bakterien ähneln, zur spontanen Teilung fähig sind und in manchen Fällen katalytische Eigenschaften aufweisen (Esterase, Peroxidase, ATPase). Erst vor kurzem wurden auch aus Proteinen bestehende kleine Organellen in Zellen ausfindig gemacht, die aufgrund ihrer Eigenschaften ebenfalls als Koazervate bezeichnet werden können (UVERSKY 2017).

Die zweite wichtige Komponente, die in den Experimenten der Forschungsgruppe zum Einsatz kam, waren bestimmte RNA-Moleküle. Weil sie sowohl als Erbsubstanz als auch als Reaktionsbeschleuniger (enzymatische Wirkung) fungieren können, gelten RNA-Moleküle ebenfalls als vielversprechende Kandidaten in Bezug auf hypothetische Szenarien der Entstehung erster Organismen („RNA-Welt“).

Die Autoren beobachteten, dass die künstlichen Mikrotröpfchen RNA-Moleküle aus der Umgebung aufnehmen. Dies führt dazu, dass im Innern der Koazervate die RNA 50 Mal höher konzentriert ist als in der Umgebung. Dabei war die Verweildauer der RNA-Moleküle in den Tröpfchen abhängig von der Länge der RNA-Moleküle. Je länger die RNA-Moleküle, desto länger verblieben sie innerhalb der Tröpfchen. Kurze RNA-Moleküle bewegten sich dagegen rasch von einem Tröpfchen zum nächsten. Diesen Befund werteten die Forscher als Beleg für einen möglichen präbiotischen⁴ Stofftransport und eine räumliche Trennung (Kompartimentierung) von RNA-Molekülen – beides Vorgänge, die für Zellverbände unverzichtbar sind.

Weitere Untersuchungen legten nahe, dass die Effizienz katalytisch wirksamer RNA-Moleküle innerhalb der Mikrotröpfchen moderat erhöht war. Als katalytisch aktives Molekül wurde dabei das Hammerhead-Ribozym⁵ eingesetzt, dessen Aktivität im biochemischen Kontext darin besteht, die Spaltung anderer RNA-Moleküle oder deren erneutes Zusammenfügen (Ligation) zu beschleunigen (Abb. 2). Bei den Versuchen wurde allerdings nur die Spaltung von RNA-Molekülen nachgewiesen. Die Autoren interpretierten ihre Befunde als eine mögliche Lösung für das Problem der geringen Konzentration lebenswichtiger RNA-Moleküle in einer hypothetischen RNA-Welt. Sie betrachten ihre Ergebnisse sogar als „Schlüsselschritt zur Versöhnung einer primitiven RNA-Katalyse mit dem Prototyp einer selektiven Kompartimentierung (Unterteilung)“.

Der Bezug zur wirklichen Biochemie fehlt

Bei einer ersten Betrachtung der geschilderten Experimente von TANG und Mitarbeitern fällt auf, dass das chemische System, welches für die experimentelle Untersuchung des Modells genutzt wird, hochgradig artifiziell ist. Bei allen Versuchen wurde eine ganze Reihe typischer Laborchemikalien (z.B. Tris-HCl, speziell gereinigtes Wasser u.v.m.) verwendet, die in biologischen Systemen nicht auftreten bzw. nicht verfügbar sind. Das enzymatisch aktive RNA-Molekül (Hammerhead-Ribozym) wurde stets

Das untersuchte chemische System ist hochgradig künstlich und die Mikrotröpfchen unterscheiden sich grundlegend von biologischen Organellen.

als gegeben vorausgesetzt und im Verhältnis zum jeweils zu spaltenden RNA-Molekül in doppelter Menge eingesetzt. Die Labilität von RNA in wässrigen Medien ist jedoch hinlänglich bekannt, weswegen ihr Vorhandensein nicht einfach vorausgesetzt werden kann.

Auch die Mikrotröpfchen waren alles andere als passende Analoga biologischer Organellen. In Organismen vorkommende Mikrotröpfchen bestehen hauptsächlich aus intrinsisch unstrukturierten Proteinen⁶ (UVERSKY 2017), welche oft anspruchsvolle Kombinationen verschiedener biochemischer Funktionen aufweisen und eine deutlich andere Struktur haben als die Komponenten der künstlichen Koazervate. Die künstlichen Mikrotröpfchen wurden weder aus Proteinen noch aus Proteinoiden hergestellt (was zumindest eine gewisse Ähnlichkeit mit natürlichen Organellen bedeutet hätte), sondern aus zwei verschiedenen Sorten von synthetischen Polymeren, die über gegensätzliche elektrische Ladungen verfügen. Bei dem einen Typ von Polymer handelt es sich um ein Natrium-Carboxymethyl-Dextran, ein durch aufwändige Laborverfahren mit vielen negativen Ladungen versehener Polyzucker. Das andere Polymer ist ein Poly-Lysin, also ein Kettenmolekül, das ausschließlich aus der bei pH 7 positiv geladenen Aminosäure Lysin gebildet worden ist. Schlussfolgerungen von diesen künstlichen Mikrotröpfchen auf membranlose Organellen, die in Organismen wichtige biologische Funktionen ausführen, wirken daher unbegründet. Zudem sind membranlose Organellen in Zellen hochgradig reguliert und bedürfen exakt eingestellter Bedingungen (pH, Temperatur, Konzentration), sodass sie als Komponenten eines frühen Stadiums der molekularen Evolution ohnehin nicht plausibel sind.

Es ist hier also durchaus angemessen, in Bezug auf die Experimente von TANG von Mikrotröpfchen-Design zu sprechen, denn es wurden gezielt gegensätzlich geladene Polymere verwendet, um durch elektrostatische Anziehungskräfte molekulare Tröpfchen zu erzeugen. Die Zusammensetzung der Mikrotröpfchen aus negativ geladenen und positiv geladenen Polymeren erklärt auch die erhöhte Aufnahme von RNA-Molekülen, da sie wegen ihrer vielfachen negativen Ladung von den positiv geladenen Poly-Lysin-Einheiten angezogen werden – das gilt natürlich für längere RNA-Moleküle in höherem Maße als für kürzere. Es ist deswegen auch nicht überraschend, dass

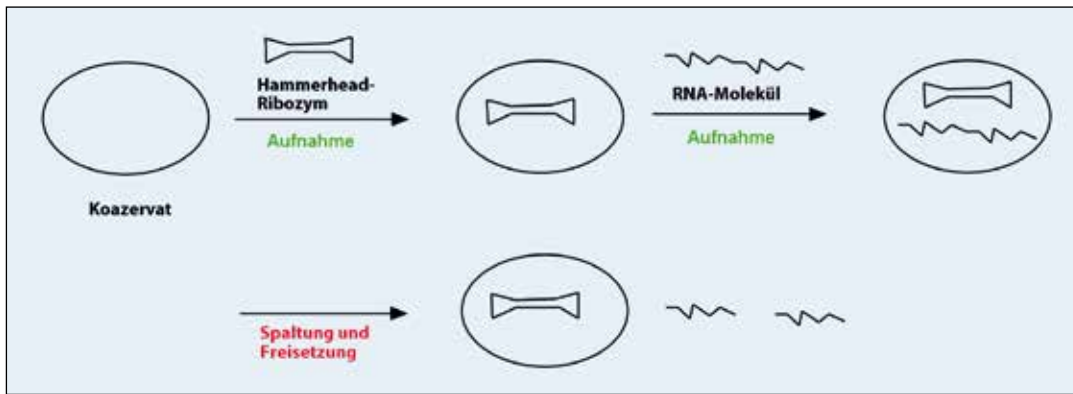


Abb. 2 Schematische Darstellung der katalytischen Spaltung von RNA-Molekülen durch das Hammerhead-Ribozym in Koazervaten.

größere RNA-Moleküle in den synthetischen Mikrotropfen eine höhere Verweildauer aufweisen als kürzere. Und die „Wanderung“ kleiner RNA-Moleküle von einem Tropfen zum nächsten ist eine natürliche Konsequenz ihrer kurzen Verweildauer in den Mikrotropfen. Darin eine plausible Simulation eines urchinlichen biochemischen Stofftransports zu sehen, ist keineswegs zwingend. Die Experimente ergaben die berichteten Resultate, weil sie genau darauf konzipiert worden waren.

Das Konzept der Arbeit ist fragwürdig

Zum Schluss weisen die Autoren darauf hin, dass ausschließlich Spaltungsvorgänge von RNA-Molekülen Gegenstand der Untersuchungen waren. Dagegen wäre für die Erforschung von Mechanismen der molekularen Evolution vielmehr der Aufbau genetischer Komplexität durch das Zusammenfügen von kleinen RNA-Molekülen von Interesse. Hierfür wäre anstelle des nukleolytischen Hammerhead-Enzyms eine Ligase als enzymatisch aktives Makromolekül einzusetzen. Diese Feststellung klingt nachvollziehbar. Allerdings stellt man sich als Leser die Frage, warum die Forscher diesen Versuch nicht schon durchgeführt und die Ergebnisse im Rahmen der vorliegenden Publikation geschildert haben. Ein möglicher Grund hierfür ist die Komplexität von Ligasen. Im Unterschied zu den relativ kleinen Hammerhead-Ribozymen handelt es sich bei Ligasen um mittelgroße Proteine (ca. 500–700 Aminosäuren), die für ihre Aktivität auf Cofaktoren (z.B. ATP) angewiesen sind. Experimente mit der Beteiligung solcher Enzyme könnten überhaupt nicht mehr unter der Bezeichnung „präbiotische Chemie“ geführt werden.

Es wäre durchaus wünschenswert, dass die Gruppe um TANG künftig Experimente in Angriff nähme, bei denen der Aufbau genetischer Komplexität unter plausiblen präbiotischen Bedingungen im Mittelpunkt steht. Doch angesichts der anspruchsvollen experimentellen Bedingungen, die bereits nötig waren, um den

Abbau von RNA durch einfache Ribozyme in Mikrosphären zu verwirklichen, erscheint die Perspektive auf ein analoges Experiment zum Aufbau genetischer Komplexität unter plausiblen präbiotischen Bedingungen nicht gerade vielversprechend. Dies gilt noch viel mehr für die Simulation eines annähernd realistischen minimalen Organismus, in welchem Aufbau- und Abbauprozesse biochemischer Makromoleküle *zeitgleich* realisiert sind. Die Ergebnisse der Gruppe um TANG sind also ein weiterer Beleg dafür, dass der Design-Ansatz für die Nachahmung biochemischer Funktionseinheiten notwendig und fruchtbar ist. Dies weist erneut darauf hin, dass es vernünftig ist, auf einen intelligenten Schöpfer als Erzeuger der Lebewesen zu schließen.

Anmerkungen

- ¹ HALDANE und OPARIN zählen zu den Gründungsvätern der experimentellen Erforschung der Frage nach dem Lebensursprung. Sie forschten hauptsächlich in der Zeit der 1920er- bis 1940er-Jahren.
- ² Katalyse: Beschleunigung chemischer Reaktionen.
- ³ Protein-ähnliche Polymere, die nicht aus der Biosynthese, sondern unspezifisch, rein chemisch erhalten wurden.
- ⁴ Präbiotisch: vor der Existenz echter Organismen.
- ⁵ Es handelt sich dabei um einen Typ von einem kleinen RNA-Molekül (ca. 50 Nukleotide), der in Lebewesen weit verbreitet ist.
- ⁶ Proteine ohne beständige dreidimensionale Struktur.

Literatur

- DROBOT B et al. (2018) Compartmentalized RNA catalysis in membrane-free coacervate protocells. *bioRxiv* 273417; doi: <https://doi.org/10.1101/273417>.
- HAROLD FM (2014) In search of cell history. The University of Chicago Press, S. 165.
- OPARIN AI (1938) Die Entstehung des Lebens auf der Erde. Leipzig 1949.
- Online-Lexikon Spektrum, Koazervate, <https://www.spektrum.de/lexikon/biologie/koazervate/36520>, abgerufen am 16. 10. 18
- UVESKY VN (2017) Intrinsically disordered proteins in overcrowded milieu: membrane-less organelles, phase-separation and intrinsic disorder, *Curr. Opin. Struct. Biol.* 44, 18–30.

Streiflichter

Mit oder ohne Streifen – Evolution oder präexistente Vielfalt?

Die Buntbarsche (Cichlidae) in den Ostafrikanischen Seen zeigen eine außerordentliche Vielfalt an Merkmalen und Merkmalsausprägungen. Das betrifft zum Beispiel die Ernährungsweisen und entsprechend unterschiedliche Formen des Maules. Manche Arten raspeln mit Spezialwerkzeugen Algen von Steinen ab, andere picken Insekten am Grund, fressen Schuppen anderer Fische oder knacken Schnecken mit einzigartigen Zähnen. Aber auch weitere Merkmale können stark variieren, etwa die Körpergröße und -form, die Flossenform oder Zeichnungen des Körpers, das Sozialverhalten und anderes.

Diese außergewöhnliche Fischgruppe wird seit vielen Jahren intensiv untersucht und ist nicht nur wegen ihrer enormen Vielfalt berühmt geworden, sondern auch weil aufgrund geologischer Indizien angenommen werden muss, dass Hunderte von Arten binnen weniger Tausend Jahre, z. T. sogar binnen Hunderten von Jahren, im Viktoriasee neu entstanden sind (FEHRER 1997, EGLI-ARM 1997). Eine derart

schnelle Artaufspaltung erscheint nur auf der Basis präexistenter Vielfalt möglich.

Zu diesem Aspekt – dass Merkmale latent vorhanden sein können, aber u.U. nicht ausgeprägt werden – hat eine neue Untersuchung jüngst interessante Befunde erbracht (KRATOCHWIL et al. 2018; vgl. GANTE 2018). Dabei geht es um ein häufig auftretendes Merkmal der Körperzeichnung, nämlich die Ausbildung dunkler Längsstreifen (Abb. 1). Es wurde die ungewöhnliche Beobachtung gemacht, dass diese Streifen über einige Generationen verschwinden können, um später wieder aufzutreten, und das Dutzende Male (so Axel MEYER, einer der Autoren in einem Interview). Ist das Evolution, die sich wiederholt? Nach den Befunden, die Wissenschaftler kürzlich im Wissenschaftsmagazin *Science* vorlegten, verhält es sich anders: Wird ein bestimmtes Gen (*agouti-related peptide 2*, *agrp2*) deaktiviert, werden die Streifen ausgebildet. Ist es jedoch eingeschaltet, verschwinden sie. Dieses Gen, das in allen Buntbarscharten vorkommt, fungiert gleichsam als eine Art Schalter. Wenn es aktiv ist, d.h. seine Information abgelesen wird, wird ein Protein gebildet, das die Streifenzeichnung unterdrückt,

sodass keine horizontalen Streifen auftreten. Die Forscher konnten diesen Zusammenhang auch dadurch nachweisen, dass sie das Gen *agrp2* aus dem Erbgut eines normalerweise streifenlosen Buntbarsches heraus schnitten und dann feststellten, dass bei diesem der Längsstreifen auftrat. Die Unterdrückung von *agrp2* geschieht unter natürlichen Verhältnissen durch verschiedene Mutationen. Mit einem einzigen kleinen Schritt kann somit ein latent vorhandenes Muster abgerufen werden. Dieses ist nicht neu evolviert, sondern war zuvor schon angelegt (präexistent). Damit wird auch verständlich, dass dieses Merkmal häufig unabhängig (konvergent) auftritt, und auch, dass es verschwinden und wieder auftauchen kann und auch dass dies in kürzester Zeit erfolgen kann. Der Aufwand dafür ist minimal.

Ein unabhängiges Auftreten ähnlicher Merkmalsausprägungen kommt bei Buntbarschen in verschiedenen Seen in vielen Fällen und bei zahlreichen Merkmalen vor. Die Geschwindigkeit und Häufigkeit, mit der das geschieht, lässt vermuten, dass auch in anderen Fällen die entsprechenden Merkmalsausprägungen präexistent sind. Weitere Untersuchungen dürften hier Klarheit verschaffen.

Aus der Schöpfungsperspektive kann man sagen: Die Vielfalt der Buntbarsche hat vermutlich generell wenig mit Evolution zu tun und viel mit präexistenter Vielfalt. Diese kann durch Ein- und Ausschalten von Regulationsgenen ausgeprägt werden. Mutationen ermöglichen Feinabstimmung oder fungieren als Auslöser für das „Freischalten“ von Modulen, erzeugen aber nicht komplexe Merkmale als solche. Das mehrfache unabhängige Auftreten gleicher Merkmale oder Merkmalsausprägungen in verschiedenen Formen in verschiedenen Seen und das plötzliche Auftreten sind nicht das Ergebnis langwieriger Mutations-/Selektionsprozesse, sondern beruhen eher auf bereits vorhandenen Anlagen. Es ist auch bekannt, dass Mutationen auch „programmiert“ im Einflussbereich bestimmter Gene und nicht stochastisch über das gesamte Genom verteilt sind.



Abb. 1 Ein mit der Genschere Crispr-Cas9 veränderter Fisch der Art *Pundamilia nyererei* aus dem Viktoriasee. Durch die genetische Veränderung zeigt der Fisch horizontale Streifen auf der Flanke. (Copyright: Claudius KRATOCHWIL; mit freundlicher Genehmigung)

Das Beispiel der Buntbarsche wird häufig genutzt, um eine mindestens teilweise Vorhersagbarkeit von Evolution zu begründen. Das Beispiel der Längsstreifen zeigt: Vorhersagen sind möglich, wenn bestimmte Merkmale oder Merkmalsausprägungen bereits vorhanden sind. Eine innovative Evolution ist dagegen nicht vorhersagbar und experimentell auch nicht nachgewiesen.

[EGLI-ARM F (1997) Kann die Reflexionsseismik eine Austrocknungsperiode belegen? Wie sicher sind die zeitlichen Bestimmungen des Trockenfallens der ostafrikanischen Seen? Stud. Integr. J. 4, 51–58 • FEHRER J (1997) Explosive Artbildung bei Buntbarschen in ostafrikanischen Seen. Stud. Integr. J. 4, 51–55 • GANTE HF (2018) How fish get their stripes – again and again. Science 362, 396–397 • KRATOCHWIL CF, LIANG Y et al. (2018) Agouti-related peptide 2 facilitates convergent evolution of stripe patterns across cichlid fish radiations. Science 362, 457–460.] R. Junker

■ Überraschender Fund in Bernstein: Larve eines Fächerflüglers

Wenn Fächerflügler (Strepsiptera) nur entsprechenden Experten bekannt sind, so liegt das nicht nur an ihrer geringen Größe von wenigen Millimetern. Die geschlechtsreifen geflügelten Männchen leben typischerweise nur wenige Stunden, was gerade ausreicht, um der entsprechenden Pheromonspur zu einem Weibchen zu folgen und dieses zu begatten. (Pheromone sind eine Komposition aus verschiedenen flüchtigen Stoffen, die als artspezifische Sexuallockstoffe dienen, damit sich also die entsprechenden Fortpflanzungspartner finden.) Die Flügel dieser parasitisch lebenden Insekten sind vor dem Schlüpfen fächerartig gefaltet, was zur Namensgebung genutzt wurde (Abb. 1).

Die Strepsiptera suchen im ersten Larvenstadium einen Wirt auf (Abb. 2) – typischerweise andere Insekten – bohren sich in dessen Körper und ernähren sich von dessen Lymphe (bei Insekten ist das eine wässrige Flüssigkeit, die im Insektenkörper, wo kein O₂-Transport durch Blut nötig ist, ähnliche Aufgaben wie das Blut im menschlichen Körper

erfüllt). Die weiblichen Fächerflügler weisen einen sehr vereinfachten Körperbau auf. Bei einigen Arten können sie nach mehreren Häutungen die Außenhaut (Kutikula) ihres Wirts durchbohren und diesen verlassen; sie können sich dann aktiv und frei bewegen. Bei den meisten Fächerflüglern aber leben die Weibchen als Endoparasiten dauerhaft in ihrem Wirt und durchbohren dessen Kutikula nur, um ihren Hinterleib zur Begattung nach außen zu strecken. Die Primärlarven, das erste Larvenstadium der Fächerflügler, weisen eine Größe von nur etwa 230 µm auf; ihre Größe ist damit etwa vergleichbar mit der des einzelligen Pantoffeltierchens (*Paramecium*). Diese Merkmale machen die Strepsiptera zu herausfordernden Untersuchungsobjekten und es erstaunt nicht, dass über die wenigen fossilen Funde kontrovers diskutiert wird.

POHL et al. (2018) haben jetzt eine Strepsipterenlarve (Primärlarve) in Bernstein aus Myanmar beschrieben (Abb. 3). Die Fundstätte wird ins frühe Cenoman gestellt (ca. 100 Millionen rad. Jahre). Das Bernsteinstück (26 x 22 x 10 mm) enthält noch 68 weitere tierische Einschlüsse, darunter neun Milben (Acari) und 46 Larven von Fächerkäfern (Ripiphoridae).

Die Autoren konnten die Larve anhand verschiedener Merkmale und durch Vergleich mit heute vorkommenden Larven eindeutig und klar als Fächerflügler identifizieren. Sie heben hervor, dass die fossile Larve aus der Kreide sich nur in wenigen Details von heute lebenden Vertretern der Familie Mengenillidae unterscheiden. POHL et al. interpretieren diesen Befund als Hinweis darauf, dass seit der Kreide praktisch keine nennenswerten Veränderungen abgelaufen sind und diese Kleinstlarven bereits parasitisch lebten und in großer Zahl gezeugt worden sind. Die Autoren vermuten aufgrund der nahezu identischen morphologischen Merkmale eine nahe Verwandtschaft der fossilen Larve zu den rezenten Strepsipteren der Gattung *Eoxenos*.

Damit liegt in der Untersuchung von POHL et al. (2018) ein weiteres Beispiel von Inkluden (Einschlüs-

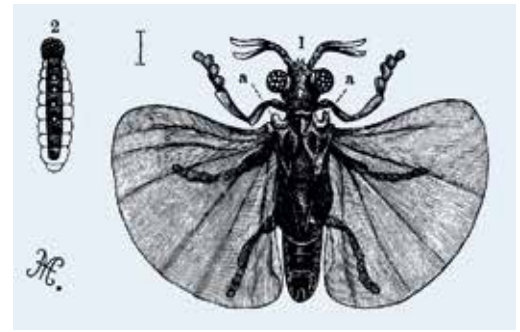


Abb. 1 Fächerflügler. 1 Männchen, 2 Weibchen. Die Tiere gehören verschiedenen Arten an. Die Markierung beträgt etwa 1 mm. (Aus Brehms Tierleben, Insekten; gemeinfrei)



Abb. 2 Drei weibliche Fächerflügler (*Stylops melittae*) parasitieren eine Weidensandbiene (*Andrena vaga*). (Bild: Aiwok, CC BY-SA 3.0)

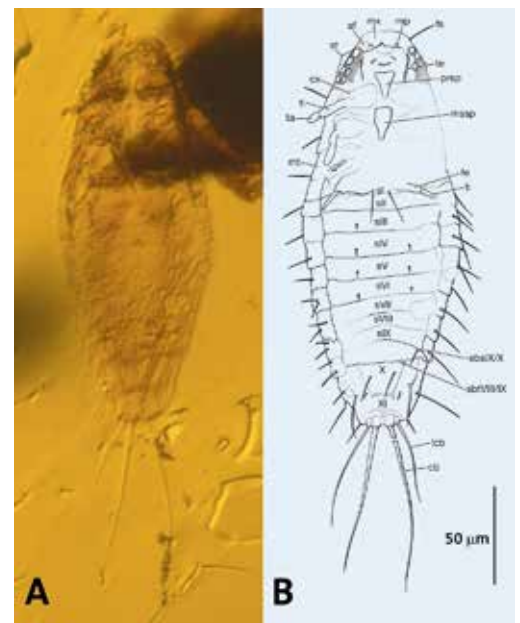


Abb. 3 A Mikroskopische Aufnahme der Larve eines Fächerflüglers, in Bernstein aus Myanmar (Kreide) eingeschlossen; B Zeichnung basierend auf einer fluoreszenzmikroskopischen Aufnahme. (Aus POHL et al. 2018, CC BY 4.0)

sen) vor, die – wie die Autoren ausdrücklich betonen – auffallende Ähnlichkeit mit heutigen Vertretern aufweisen. Hier ist also keine Veränderung erfolgt, es sind keine evolutionären Prozesse abgelaufen. Darüber hinaus weisen die Autoren – quasi im Vorübergehen – darauf hin, dass auch in diesem Inkludenstein durch den „Massenfang“ eine „Moment-

aufnahme“ eines massiv gestörten Ökosystems aus der Erdgeschichte vorliegt.

[POHL H, BATELKA J, PROKOP J, MÜLLER P, YAVORSKAYA MI & BEUTEL RG (2018) Needle in a haystack: mesozoic origin of parasitism in Strepsiptera revealed by first definite Cretaceous primary larva (Insecta). PeerJ 6:e5943 <http://doi.org/10.7717/peerj.5943>] H. Binder

■ *Archaeopteryx albersdoerferi* – ein weiterentwickelter Urvogel?

Der berühmte fränkische „Urvogel“ *Archaeopteryx lithographica* aus Schichten des Oberjura gilt als gut passende Übergangsform zwischen Dinosauriern und Vögeln und hat diesbezüglich geradezu ikonenhaften Charakter. Allerdings sind einige Merkmale z.B. des Schädels oder der Beine zu spezialisiert für eine Übergangsstellung (z.B. SHIPMAN 1998, 116; HOU 2001, 7; XU & POL 2013, 331), weshalb *Archaeopteryx* eher als Übergangsformnah oder als modellhaft für eine Übergangsform angesehen wird.

Nun wurde das Exemplar 8 von *Archaeopteryx*, das im Gemeindegebiet von Daiting gefunden worden war, genauer untersucht (KUNDRÁT et al. 2019; Abb. 1). Dieses Exemplar wird um 400.000 radiometrische Jahre jünger datiert als die anderen *Archaeopteryx*-Funde. Und es weist eine Reihe von Merkmalsausprä-

gungen auf, die als fortschrittlicher gewertet werden als die entsprechenden Ausprägungen bei den anderen Funden: Es sind weniger Zähne ausgebildet, die Schädelknochen sind stärker verschmolzen, die Furcula (Gabelbein, mutmaßlich verschmolzene Schlüsselbeine) besitzt eine größere Ansatzstelle für die Flugmuskeln, die Handgelenkknöchel sind verstärkt und die Knochen sind mehr pneumatisiert (Ausbildung von Hohlräumen) und dadurch vermutlich leichter. Aufgrund dieser Unterschiede wurde Exemplar 8 nun in eine eigene Art *Archaeopteryx albersdoerferi* gestellt (nach dem Fossilienhändler Raimund ALBERSDÖRFER, der das Exemplar der Öffentlichkeit präsentierte). Die Merkmalsausprägungen von *A. albersdoerferi* könnten eine verbesserte Flugfähigkeit ermöglicht haben.

Auf den ersten Blick scheint *A. albersdoerferi* einen evolutiven Wandel in Richtung moderner Vögel zu belegen. Doch auch KUNDRÁT et al. (2019) sehen die Gattung *Archaeopteryx* auf einem Seitenzweig, der letztlich nicht zu den heutigen Vögeln führte. Die Änderungen von *A. albersdoerferi* gegenüber *Archaeopteryx lithographica* seien als Konvergenzen zu werten, also als unabhängige gleichsinnige Änderungen, so die Forscher. Sie sprechen von einer „Mosaikevolution“ und mutmaßen, dass sich wiederholende „Erkundungen“ typisch seien für große Über-

gänge – eine fragwürdige Deutung im Rahmen der Evolutionstheorie, weil sie eine Zielorientierung beinhaltet („Erkundungen“). Werden dagegen evolutionstheoretische Voraussetzungen einer ungerichteten Entwicklung konsequent zugrunde gelegt, sind Konvergenzen grundsätzlich unwahrscheinlich und umso unwahrscheinlicher, je häufiger sie auftreten und je komplexer sie sind. Denn ohne Zielorientierung sind ähnliche neuartige komplexe Konstruktionen, die auf unabhängigen Wegen erreicht werden, nicht zu erwarten und auch nicht durch Selektionsdrücke oder Konstruktionszwänge zu erklären (vgl. BRAUN 2012). Die Option auf einen Flugerwerb (Selektionsdruck) erklärt schließlich nicht dessen Realisierung.

Befindet sich also *Archaeopteryx* in evolutionstheoretischer Interpretation auf einem blinden Seitenzweig, würde das auch für *A. albersdoerferi* gelten.

Es ist allerdings nicht ausgeschlossen, dass es sich bei manchen *Archaeopteryx*-Funden um Jungtiere handeln könnte. Vielleicht ist auch *A. albersdoerferi* ein ontogenetisches Stadium (z.B. ein Jugendstadium). Denkbar ist auch innerartliche Variation, die nicht evolutionäre Tendenzen widerspiegelt. Die Gattung *Archaeopteryx* kann auf der Grundlage ihres gesamten Merkmalskomplexes als variabler Grundtyp (s. Kasten) gewertet werden, der zur gestaltlichen Verschiedenartigkeit der mesozoischen Vögel beigetragen hat.

[BRAUN HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. Stud. Integr. J. 12, 12–19 • HOU L (2001) Mesozoic Birds of China. Institute of Vertebrate Paleontology and Paleoanthropology, Phoenix Valley Provincial Aviary of Taiwan • KUNDRÁT M, NUDDS J, KEAR BP, LÜE J & AHLBERG P (2019) The first specimen



Abb. 1 Fossil eines Teilskeletts des *Archaeopteryx*, das als „das achte Exemplar“ von *Archaeopteryx* bezeichnet wird. Es wurde wahrscheinlich um 1990 im bayrischen Dorf Daiting gefunden und daher auch als „das Daiting-Exemplar“ bezeichnet. Es besteht aus einem schlecht erhaltenen Schädel (rechts), linkem und rechtem Schulterblatt (unterhalb des Schädels), linkem Oberarmknochen, Schienbein, Wadenbein und einem Teil der Hand sowie einem Teil des rechten Oberarmknochens (Mitte und links). Dieses Exemplar wurde nun zum Holotyp von *Archaeopteryx albersdoerferi*. (H. RAAB, CC BY-SA 3.0)

Grundtypen

Zu Grundtypen werden alle Biospezies zusammengefasst, die durch Kreuzungen direkt und indirekt miteinander verbunden sind, wobei die Mischlinge nicht fruchtbar sein müssen. So gehören z.B. alle Entenartigen oder Hundeartigen zu je einem Grundtyp. Bei nur fossil bekannten Formen kann das Grundtypkriterium zwar nicht angewendet werden, doch geben heutige Grundtypen eine gute Orientierung, welche Vielfalt innerhalb eines Grundtypen ausgeprägt sein kann.

of *Archaeopteryx* from the Upper Jurassic Mörnsheim Formation of Germany. *Hist. Biol.* 31, 3–63 • SHIPMAN P (1998) Taking Wing: *Archaeopteryx* and the evolution of bird flight. New York: Simon and Schuster • XU X & POL D (2013) *Archaeopteryx*, paravian phylogenetic analyses, and the use of probability-based methods for palaeontological datasets. *J. Syst. Paleol.* 12, 323–334.] R. Junker

■ Ursuppe richtig gemischt? Große Sicherheit bei unklarer Faktenlage

Die Bezugnahme auf übernatürliche Kräfte in wissenschaftlichen Artikeln ist eher unüblich. In populärwissenschaftlichen Berichten verhält es sich jedoch manchmal anders, insbesondere dann, wenn es um die Frage nach dem Ursprung des Lebens geht. Vor einigen Monaten wurde auf der Internetseite *wissenschaft.de* in dem Text „Brodelnde Ursuppe“ (BURCZYK 2018) kurz darüber berichtet, dass wichtige Hinweise auf die Chemie des Lebensursprungs erhalten wurden. Dabei war die Rede von „höllischen Verhältnissen“, die den Eindruck erwecken, dass „hier der Teufel kocht“.

So dramatisch wie der Einstieg in den kurzen Text war allerdings der wissenschaftliche Befund, von dem berichtet wurde, bei weitem nicht. Es handelte sich lediglich um Resultate relativ trockener Computersimulationen zu möglichen geochemischen Bedingungen, die zur Zeit der ersten Lebensformen auf der Erde geherrscht haben sollen (RANJAN et al. 2018). In dem Fachartikel wurde anhand von rein theoretischen Berechnungen die Hypothese aufgestellt, dass dem Gas Schwefeldioxid eine wichtige Rolle bei der Entstehung der chemischen Systeme des Lebens zukomme. Das Ziel der Arbeit war eine Verbesserung der Plausibilität des Lebensursprungs-Modells von PATEL et al. (2015). Dass dieses Modell auf falschen Voraussetzungen gegründet ist und folglich irreführende Schlussfolgerungen gezogen wurden, hat HERKERT (2015) treffend analysiert. Unter anderem wurde von PATEL ohne stichhaltige Begründung angenommen, dass das Hydrosulfidion (HS^-) eine wesentliche Rolle in den ersten

chemischen Netzwerken, aus denen drei der wichtigsten Bausteine des Lebens (Nukleotide, Lipide und Aminosäuren) hervorgegangen sein sollen, gespielt habe. Nun ging auch aus den Berechnungen von RANJAN et al. hervor, dass die Anreicherung urzeitlicher Gewässer mit Hydrosulfid-Salzen nicht ausreichend gewesen sein dürfte, weswegen SO_2 als alternative Schwefel-Quelle angenommen wurde.

Die Berechnungen von RANJAN et al. sind dabei alles andere als trivial und betreffen chemische Gleichgewichte und Zusammensetzungen der Atmosphäre und der Gewässer. Dabei ist eine Vielzahl an Parametern wie UV-Strahlung, pH-Wert, chemische Reaktionen, Temperatur, Löslichkeit in Wasser, Vorkommen bestimmter Mineralien etc. zu berücksichtigen. Selbst heute dürfte eine genaue Erklärung und Vorhersage der Dynamik von Atmosphäre und Geosphäre eine fortwährende Herausforderung für viele Expertenteams sein – wie viel mehr gilt das für Zustände, die lange vor unserer Zeit liegen und deren genaue Bedingungen unbekannt sind. Daher konnten die Autoren um RANJAN es nicht vermeiden, für ihre Berechnungen starke Vereinfachungen anzunehmen. So gehen sie z. B. davon aus, dass das Gewässer, in dem die chemischen Bestandteile des Lebens entstehen, absolut homogen ist – eine unrealistische, aber für das erhoffte Ergebnis nötige Voraussetzung. Es wurden noch weitere gewagte Annahmen gemacht, z. B. ein hoher atmosphärischer CO_2 -Gehalt von 0,9% (heute: 0,04%), damit die Berechnung am Ende zum gewünschten Ergebnis führt, worauf hier nicht detailliert eingegangen werden soll. Jedoch kann festgehalten werden, dass die Schlussfolgerungen des Artikels keineswegs zuverlässig sind.

Die Autorin des Berichts auf *wissenschaft.de* erwähnt solche „Details“ allerdings mit keinem Wort. Sie beschreibt die Konklusionen von RANJAN et al., als gäbe es keinen Grund, sie zu hinterfragen. Dabei wird das gängige erdgeschichtliche Narrativ erneut, wie so oft in vergleichbaren Artikeln, mantraartig wiederholt: Zu Beginn enthielt

die Atmosphäre keinen Sauerstoff, es gab eine intensive Aktivität der Vulkane, die eine große Vielfalt an chemischen Verbindungen ausspielen. Die Moleküle bildeten anschließend lebenswichtige Bausteine usw. Dass dieser hypothetische Verlauf auf vielen unbegründeten Annahmen und Spekulationen beruht, kommt dabei nicht zur Sprache.

Der Artikel von RANJAN et al. ist ein weiteres gutes Beispiel dafür, wie erwünschte Ergebnisse mithilfe passender Annahmen erzeugt werden. Die spekulative Natur der Arbeit von RANJAN et al. hätte in dem Bericht auf *wissenschaft.de* im Sinne einer objektiven und der Wahrheitssuche dienenden Berichterstattung zumindest erwähnt werden müssen. So aber bestätigt sich ein weiteres Mal die erhebliche Kluft zwischen tatsächlichen Befunden der Lebensursprungsforschung und ihrer unrealistisch optimistischen Wiedergabe in populärwissenschaftlichen Artikeln. [BURCZYK J (2018) Brodelnde Ursuppe. <https://www.wissenschaft.de/bildervideos/bild-der-woche/brodelnde-ursuppe/>, abgerufen am 11. 10. 2018 • HERKERT J (2015) Herkunft von RNA, Proteinen und Fettsäuren aufgeklärt? *Stud. Integr. J.* 22, 114–116 • PATEL et al. (2015) Common origins of RNA, protein and lipid precursors in a cyanosulfidic protometabolism. *Nat. Chem.* 7, 301–307 • RANJAN S et al. (2018) Sulfidic anion concentrations on early earth for surficial origins-of-life chemistry. *Astrobiology* 18, 1023–1040] B. Schmidtgal

Spinne: ein Säugetier!

In der Systematischen Biologie werden Säugetiere (Mammalia) als eine Klasse der Wirbeltiere beschrieben. Anhand von entsprechend gelisteten Merkmalen bzw. deren Kombinationen können Tiere einer entsprechenden Gruppe zugeordnet werden. Für Säugetiere weist diese Liste u. a. auf: Milchdrüsen (lat.: mamma), Fellkleid aus Haaren, Schädel- und Gebissmerkmale. Menschen werden anhand dieser Merkmale, wie z. B. der Tatsache, dass Menschen ihre lebend geborenen Nachkommen mit einer protein- und fettreichen Milch säugen, biologisch den Säugetieren zugeordnet.

Es ist schon lange bekannt, dass es Lebewesen gibt, die Milch zur Ernährung ihrer Nachkommen

bilden, aber nicht den Mammalia zugeordnet werden. So produzieren Tauben (Columbidae), ebenso wie auch Flamigos (Phoenicopteridae) und Kaiserpinguine (*Aptenodytes forsteri*), eine sogenannte Kropfmilch, mit der sie ihren Nachwuchs ernähren (KIERONCZYK et al. 2016). Auch eine lebend gebärende Käferschabe (*Diploptera punctata*), als Vertreterin der Insekten, produziert eine Art Milch und säugt damit ihre Brut (WILLIFORD et al. 2004).

CHEN et al. (2018) haben jetzt eine Spinne (*Taxeus magnus*) beschrieben, die ebenfalls eine milchartige Substanz absondert und damit ihre geschlüpften Jungtiere ernährt (Abb. 1). *T. magnus* ist eine Springspinne (Salicidae), die in ihrer Erscheinung und im Verhalten an Ameisen erinnert. Sie zeigt eine Art von Sozialität: Im Nest können sich mehrere erwachsene Tiere sowie Jungtiere aufhalten. CHEN et al. konnten dokumentieren, dass das Muttertier an ihrer epigastrischen Furche, einer länglichen Struktur, die sich bauchseitig am Hinterleib der Spinne befindet, kleine milchartige Tröpfchen absondert. Die epigastrische Furche

dient der Spinne zum Eierlegen. Die Spinnenmilch verteilt die Mutter in den ersten Tagen nach dem Schlupf der Jungtiere im Nest, später saugen die kleinen Spinnen direkt am Hinterleib der Mutter. Selbst wenn die Jungspinnen nach ca. 20 Tagen das Nest vorübergehend zur Beutesuche und Jagd verlassen, werden sie bis etwa zum 37. Tag gesäugt. Nach 40 Tagen endet die Milchproduktion der erwachsenen Spinne. Der Zuckergehalt der Spinnenmilch beträgt 2 mg/ml, der Fettanteil 5,3 mg/ml und Proteine 123 mg/ml (etwa das Vierfache von Kuhmilch mit ca. 35 mg/ml).

Wird im Experiment die Versorgung der frisch geschlüpften Spinnen mit Spinnenmilch verhindert, so sterben die Tiere. Weitere Experimente zeigten, dass, wenn man die Verfügbarkeit der Milch nach 20 Tagen stoppt und die Mutter im Nest belässt, sich die Zahl der überlebenden Jungspinnen verringert. Die Körpergröße der überlebenden Jungtiere wird nicht beeinflusst, die erbeutete Nahrung kann hier die fehlende Milch ersetzen. Wird das Muttertier dem Nest entnommen, so ist die Auswirkung auf die Jung-

spinnen dramatisch: Sehr viel weniger Tiere überleben.

Diese faszinierenden Beobachtungen zeigen, dass bei diesen Spinnen eine intensive Brutpflege erfolgt. Die Mütter säugen die Jungtiere und erreichen mit dieser Investition eine hohe Überlebensrate und gute Entwicklung der Nachkommen. Auch wenn *T. magnus* nicht den Säugetieren zugeordnet werden kann – weil andere charakteristische Merkmale nicht vorhanden sind –, so säugen doch die Mütter ihre Brut.

In dieser Welt gibt es eine größere Vielfalt an Lebensformen, als unsere wissenschaftliche Systematik manchmal errahnen lässt. Es lohnt sich, aufmerksam zu beobachten und die etablierten Kriterien nicht zu verabsolutieren.

[CHEN Z, CORLETT RT, JIAO X, LIU S-J, CHARLES-DOMINIQUE T, ZHANG S, LI H, LAI R, LONG C & QUAN R-C (2018) Prolonged milk provisioning in a jumping spider. *Science* 362, 1052–1055 • KIERONCZYK B, RAWSKI M, DLUGOSZ J, SWIATKIEWICZ S, JÓZEFIK D (2016) Avian crop function – a review. *Ann. Anim. Sci.* 16, 653–678 • WILLIFORD A, STAY B & BHATTACHARYA D (2004) Evolution of a novel function: nutritive milk in the viviparous cockroach *Diploptera punctata*. *Evol. Development* 6, 67–77.] H. Binder



Abb. 1 Weibliche Springspinne in einem Labornest säugt ihre Jungspinnen mit einer Art Milch, die sie bauchseitig am Hinterleib absondert. (Mit freundlicher Genehmigung von R.-C. QUAN)

■ Tandem nur für Spezialisten

Manche sozialen Insekten besitzen die Fähigkeit zur abstrakten Kommunikation: Durch die bekannten Bientänze etwa, zum Beispiel den Schwänzeltanz, vermittelt eine Biene Informationen über Ort und Entfernung einer gerade gefundenen Nahrungsquelle an „zuschauende“ Nahrungssammlerinnen (im dunklen Bienenstock). Dieselbe Art der Kommunikation spielt auch eine Rolle, wenn Bienen schwärmen, also eine neue Bleibe suchen.

Ameisen der Art *Temnothorax albipennis* verfolgen dagegen eine eher direkte Art der Kommunikation, wenn sie Kollegen mitteilen wollen, wo es einen neuen Unterschlupf geben könnte. Sie zeigen einem Partner in einem sogenannten Tandem-Lauf direkt den neuen Ort (Abb. 1). Offensichtlich können sie die entsprechende Lage nicht anders kommunizieren. Während der Reise

zum Zielort bedarf es ständigen Kontakts des Zweiertteams, um das Ziel sicher zu erreichen. Verlorener Kontakt lässt die Informationsvermittlung häufig scheitern. Weitere Artgenossen müssen auch wieder im persönlichen Tandemlauf auf eine vielversprechende Lokalität hingewiesen werden.

Wie gelingt es dann einer ganzen Ameisenkolonie, eine Entscheidung für ein neues Zuhause zu treffen, herrscht Demokratie oder übernehmen Einzelne das Ruder? Diese Fragestellung wurde von einer Arbeitsgruppe in Bristol untersucht, die sich schon länger mit Ameisensoziologie beschäftigt und ein erstaunlich komplexes Sozialverhalten bei den Ameisen nachweisen konnte (RICHARDSON et al. 2018). Ihre neuesten Untersuchungen wurden höchst modern mit winzigen RFID Tags (Radio-Frequenz-Identifikations-Transpondern) durchgeführt, die jeder Ameise einer Kolonie auf den Rücken geklebt wurden (vgl. dagegen Verwendung von 2D-Barcodes bei Versuchen mit der Schwarzen Waldameise, s. in dieser Ausgabe S. 35f.). In einem Versuchsansatz wurden einer Ameisenkolonie, die in einem hellen und dadurch ungemütlich gehaltenen Versuchsnest lebte, jeweils zwei identische bessere (größere und abgedunkelte) potentielle Unterkünfte links und rechts vom Startnest angeboten. Diese waren gleich weit entfernt. In mehreren wiederholten Experimenten mit sechs Kolonien wurde der Verlauf der Emigration vom alten ins neue Nest verfolgt.

Es zeigte sich dabei, dass nur circa 30 % der Kolonie an den Erkundungsausflügen teilnahmen, die zur Vorbereitung einer Entscheidung unternommen wurden. Dabei waren nur etwas mehr als ein Zehntel führende Ameisen im Tandemlauf und 22% waren Geführte. Dadurch verbesserte sich die Qualität (gemeinsames Erreichen des Ziels) der Tandem-Läufe mit zunehmender Erfahrung des Führenden, während mehrfache Teilnahme als Geführter nicht zu erfolgreicherem Läufen beitrug. Gute Leiterschaft ist offensichtlich sehr wichtig, nicht anders als bei

Menschen. Überraschenderweise (oder auch nicht) tendierten direkte Nachbarn von Tandemführern eher dazu, nicht selbst zu Expeditionsleitern zu werden, im Gegenteil, sie waren besonders passiv. Genauso verhielt es sich in der Nachbarschaft besonders aktiver Tandem-Folger. Andererseits konnte man Vorlieben bei wiederholten Emigrationen für das links oder rechts liegende Nest in der sozialen Nachbarschaft von Tandem-Teilnehmern wiederfinden, abnehmend mit abnehmender Nähe. Zusammenfassend scheinen die untersuchten Steinameisen die oligarchische Führung durch eine kleine Gruppe unternehmungslustiger Tandem-Läufer der demokratischen Entscheidungsfindung durch die ganze Kolonie „vorzuziehen“.

[RICHARDSON TO, MULLON C, MARSHALL JAR, FRANKS NR, SCHLEGEL T (2018) The influence of the few: a stable 'oligarchy' controls information flow in house-hunting ants. Proc. R. Soc. B 285: 20172726. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2017.2726>] H.-B. Braun

Können Pflanzen hören?

Es hört sich unglaublich an: Israeli-sche Wissenschaftler der Universität Tel Aviv haben starke Indizien dafür gefunden, dass manche Pflanzen tatsächlich hören können. Das heißt, sie können Schallwellen in einem



Abb. 1 Ameisen im Tandem-Gang (<https://www.youtube.com/watch?v=2OWHtpGSDzo>)

bestimmten Frequenzbereich wahrnehmen und darauf reagieren. Die Forscher untersuchten Reaktionen der Blüten der Nachtkerzen-Art *Oenothera drummondii* (Abb. 1) auf Geräusche einer fliegenden Biene. Dazu setzten sie Abspielgeräusche einer fliegenden Biene oder synthetische Tonsignale mit ähnlichen Frequenzen ein. Auf das Einsetzen der Geräusche hin produzierten die Blüten binnen drei Minuten mehr bzw. konzentrierteren Nektar. Dagegen reagieren die Pflanzen auf höhere Frequenzen nicht.

Als „Ohren“ fungieren offenbar die Kronblätter. Sie beginnen als Reaktion auf die Geräusche mechanisch zu vibrieren, was offenbar die Verstärkung der Nektarproduktion auslöst. Die Autoren schreiben: „Unsere Ergebnisse dokumentieren erstmals, dass Pflanzen schnell und ökologisch relevant auf Bestäubungsgeräusche reagieren können.“



Abb. 1 *Oenothera drummondii* an der Küste in Hong Kong. (Bild: Geographer, CC BY-SA 3.0)

Die Reaktion auf Geräusche ermöglicht eine Win-win-Situation für Pflanze und Bestäuber: Pflanzen könnten ihre Ressourcen effektiver einsetzen, indem sie sich auf den Zeitpunkt der Bestäubungsaktivität konzentrieren; und die Bestäuber werden pro Zeiteinheit besser belohnt. Dauerhafte Nektarproduktion hätte den Nachteil, dass Ameisen angelockt werden oder dass verrotter Nektar einen Mikrobenbefall begünstigen würde. Die Autoren verweisen außerdem auf andere Forschungen, wonach eine erhöhte Zuckerkonzentration den Lernprozess der Bestäuber verbessern und die Arttreue der Bestäuber erhöhen kann, also die Tendenz, Blumen derselben Art zu besuchen, was die Effektivität der Bestäubung verbessert. Dazu trägt auch bessere Belohnung durch Nektar bei, weil dadurch die Aufenthaltsdauer der Bestäuber verlängert werden kann.

Die Autoren halten es vor dem Hintergrund dieser Befunde für möglich, dass es Selektion auf bessere „Hörfähigkeit“ bei den Pflanzen und effektivere Geräuscherzeugung bei den Bestäubern geben könnte. Solche Selektionswirkungen setzen ein bereits funktionierendes System voraus. Wie dieses entstanden ist, ist eine ganz andere Frage.

[VEITS M, KHAI L et al. (2018) Flowers respond to pollinator sound within minutes by increasing nectar sugar concentration. bioRxiv preprint first posted online Dec. 28, 2018, <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/507319v1>] R. Junker

■ Trilobiten bestätigen die „kambrische Explosion“

Die sogenannte kambrische Explosion gilt als die markanteste Diskontinuität in der Fossilüberlieferung der Lebewesen. Lebewesen aus allen bekannten Tierstämmen, die Hartteile besitzen, sind im Kambrium (meist bereits im Unterkambrium) als Fossilien vertreten. Dazu gehören z. B. Schwämme, Hohltiere, Ringelwürmer, Armfüßer, Gliederfüßer, Weichtiere, Stachelhäuter und auch Chordatiere (darunter als erste Wirbeltiere auch kieferlose Fische). Diese Tierstämme sind zudem von Beginn ihres fossilen Nachweises in der Regel in verschiedene, deutlich abgrenzbare Untergruppen (Klassen) aufgespalten und geographisch meist weit verbreitet. Schon DARWIN beklagte diesen Fossilbefund als ernsthaftes Problem für seine Theorie. Im Verlauf der Forschungsgeschichte hat sich dieses Problem in mancher Hinsicht noch verschärft (Überblick bei JUNKER 2014).

Während der Beginn der kambrischen Explosion im Unterkambrium durch Fossilien klar dokumentiert ist, gibt es in evolutionärer Perspektive unterschiedliche Vorstellungen darüber, ob es eine vorkambische Evolution gegeben habe, die fossil nicht überliefert ist, oder ob die kambrische Tierwelt erst im Kambrium extrem schnell entstanden ist. Beide Auffassungen sind jedoch sehr fragwürdig: Zum einen ist es

angesichts der enormen Formenfülle unglaublich, dass es von einer vorlaufenden Evolution fast keine fossilen Spuren gibt, die als Vorläufer wenigstens diskutabel sind. Vorkambische Fossilien des Ediacariums eignen sich jedenfalls dafür kaum. Zum anderen widerspricht aber eine evolutionäre Explosion in relativ sehr kurzer Zeit so ziemlich allem, was über evolutionäre Mechanismen experimentell bekannt ist; diese würden ein allmähliches Verschiedenwerden erwarten lassen. Wenig untersucht wurde bisher, wie lange – evolutionstheoretisch gesehen – die explosive Phase anhielt.

Zur Beantwortung dieser beiden Fragen – Echtheit und Dauer der „Explosion“ – nahm sich nun eine Forschergruppe die Trilobiten vor, charakteristisch dreilappig gebaute Gliederfüßer, die nur fossil bekannt sind (Abb. 1). PATERSON et al. (2019) untersuchten die bisher vollständigste Datenbasis der Trilobiten, „die größte und umfassendste für Trilobiten, die bisher zusammengestellt wurde, mit 107 Arten – die die meisten kambrischen Familien repräsentieren“, und verglichen 115 Merkmale unter ihnen. Mithilfe der „molekularen Uhr“ (gemäß Langzeit-Altersmodell der chronostratigraphischen Tabelle) und unterschiedlichen statistischen Modellen kamen die Forscher zum Ergebnis, dass die Trilobiten tatsächlich erst im Kambrium entstanden sind, sich gleichbleibend schnell entwickelten und die Explosion zudem früher zu Ende war als bisher angenommen; dann sei sie durch eine Stasis (Stehenbleiben) abgelöst worden. Damit erscheint die „Explosion“ der Trilobiten noch markanter als bisher. Diese beweglichen, sensorisch ausgestatteten schwimmenden Organismen waren bereits im Frühstadium der „Explosion“ komplex und funktionstüchtig. Eine Entwicklung aus älteren Vorfahren des Ediacariums ist nicht nachweisbar.

Die Studie von PATERSON et al. bestätigt somit, dass die Trilobiten fossil plötzlich erscheinen, von Beginn in verschiedenartigen Ausprägungen und in weiter geographischer Verbreitung. Dem folgte anschließend eine evolutionäre Stasis. All das ist ziemlich das Gegenteil



Abb. 1 Der Trilobit *Asaphiscus wheeleri* aus dem Kambrium von Nordamerika. (CC BY-SA 3.0)

dessen, was evolutionstheoretisch zu erwarten wäre.

Die Ursachen für das plötzliche Erscheinen sind unbekannt. Die Forscher mutmaßen, dass gravierende Änderungen der Umweltbedingungen verantwortlich seien. Mehr Kalzium und Sauerstoff im Wasser hätte die Entstehung von Tieren mit starkem Kalkpanzer begünstigt. Doch dies ist offenkundig ein Trugschluss, auch wenn häufig mit Umweltbedingungen als Trigger argumentiert wird. Denn Umweltbedingungen können grundsätzlich nur Rahmenbedingungen bilden, keinesfalls jedoch evolutionäre Innovationen verursachen.

[JUNKER R (2014) Die kambrische Explosion der Lebewesen. Teil 1: Zur Abfolge der Fossilüberlieferung. Stud. Integr. J. 27, 64–72 • PATERSON JR, EDGEcombe GD & LEE MSY (2019) Trilobite evolutionary rates constrain the duration of the Cambrian explosion. Proc. Natl. Acad. Sci. 116, 4394–4399] R. Junker

■ Tausendfüßer in Bernstein – erstaunlich ähnlich den heute lebenden

Tausendfüßer (Myriapoda) werden in der Taxonomie zu den Gliederfüßern (Arthropoda) gerechnet. In diesem Stamm bilden sie neben den Sechsfüßern (Hexapoda, mit der umfangreichen Klasse der Insekten) den kleineren Unterstamm der Myriapoda. Die Myriapoda werden in verschiedene Klassen aufgeteilt. In die Klasse der Doppelfüßer (Diplopoda) wird neben anderen die Ordnung der Siphonophorida gestellt. In Dominikanischem Bernstein haben SANTIAGO-BLAY & POINAR (1992) zwei fossile Arten von Siphonophorida beschrieben. Das fossile Harz aus der Karibik wird von Geologen ins Oligozän-Miozän gestellt (30–40 Millionen radiometrische Jahre; MrJ). Das waren bisher die einzigen fossil bekannten Siphonophorida. Jetzt haben JIANG et al. (2019) zwei Exemplare einer neuen Art beschrieben: *Siphonophora hui* sp. nov. Sie wurden in einem Bernstein-

stück in Myanmar gefunden und den Autoren zur wissenschaftlichen Untersuchung zur Verfügung gestellt. Das fossile Harz war in einer Schicht abgelagert, die der mittleren Kreide, Mesozoikum, zugeordnet wird. Aus dem umgebenden Gestein wurden Zirkone isoliert, für die mit der Uran-Blei Methode (U-Pb) ein radiometrisches Alter von $98,79 \pm 0,62$ Millionen Jahren ermittelt wurde. Die beschriebenen Tausendfüßer weisen mit einer Körperlänge von 17 mm (bei einem Durchmesser von 0,68 mm) bzw. 14,08 mm (Durchmesser: 0,71 mm) typische Merkmale von Siphonophora auf: Der birnenförmige Kopf ist schnabelartig ausgezogen (Rostrum, s. Abb. 1), die Antennen sind gerade und aus sieben Gliedern (Antennomeren) aufgebaut. Beim Holotypus (erstbeschriebenes Bezugsexemplar) konnten keine – eigentlich typischen – sensorischen Gruben an Antennengliedern nachgewiesen werden (möglicherweise aufgrund der Einbettung in Harz und ungünstiger optischer Zugänglichkeit der mutmaßlichen Positionen). Bei heute lebenden Siphonophora finden sich am fünften und sechsten Antennomer kleine, runde Gruben, in denen sich feine Härchen gruppieren und die sensorische Organe bilden. Im Paratypus, dem zweiten Exemplar, das als *Siphonophora hui* beschrieben wurde, zeigt sich am 5. Antennenglied eine kleine zylindrische Struktur, welche JIANG et al. (2019) als entsprechendes sensorisches Organ interpretieren, auch wenn es anders aussieht als die heute bekannten sensorischen Organe. Als alternative Erklärung, die die Autoren aber als sehr unwahrscheinlich bezeichnen, könnte es sich auch um einen parasitischen bzw. symbiotisch lebenden Pilz handeln. JIANG et al. (2019) betonen im Abschluss ihrer Arbeit, dass ihre Beschreibung vermutlich ein erster Schritt zur Kenntnis einer hoch differenzierten Tausendfüßer-Fauna in Myanmar im Mesozoikum darstellt.

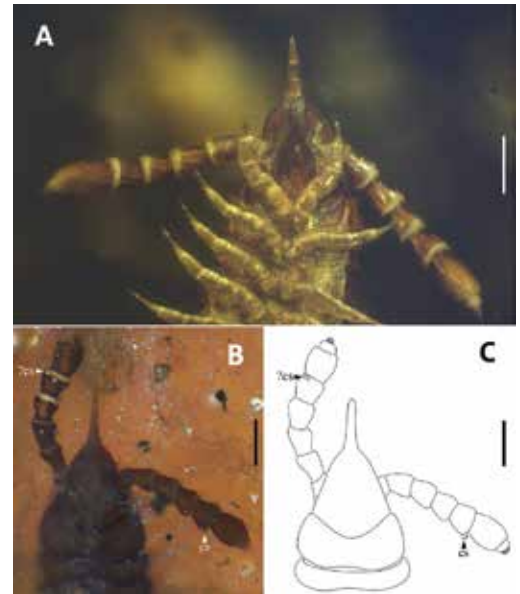


Abb. 1 A Kopf von *Siphonophora hui* sp. nov. (Holotyp) mit gegliederten Antennen und dem charakteristisch spitz ausgezogenen „Schnabel“, ventrale Ansicht (Bauchseite). B Kopf von *S. hui* (Paratyp), dorsale Ansicht (Rückenseite). C Zeichnung von B Die Maßstäbe entsprechen 0,2 mm. Die als sensorisches Organ interpretierte Struktur ist mit cs bezeichnet. (Aus JIANG et al. 2019, mit freundlicher Genehmigung.)

Mit *Siphonophora hui* ist der fossile Nachweis von Tausendfüßern im Vergleich zum bisherigen Kenntnisstand um 60 MrJ in die Vergangenheit zurück verschoben worden. Die auffallende Ähnlichkeit zu heute lebenden Tausendfüßern dieser Ordnung führt die Autoren dazu, festzuhalten, dass es sich bei *Siphonophora hui* um Stasis (Stillstand) handelt. Damit werden in der Paläontologie Organismen bezeichnet, die sich sehr lange Zeit – hier seit dem mittleren Mesozoikum – nicht wesentlich verändert haben. Also ist in diesem wie in vielen anderen Fällen keine Evolution beobachtbar – aus welchem Grund auch immer!

[JIANG X, SHEAR WA, HENNEN DA, CHEN H & XIE Z (2019) One hundred million years of stasis: *Siphonophora hui* sp. nov., the first Mesozoic sucking millipede (Diplopoda: Siphonophorida) from mid-Cretaceous Burmese amber. Cretaceous Res. 97, 34–39 • SANTIAGO-BLAY JA & POINAR JR. GO (1992) Millipeds from Dominican amber, with the description of two new species (Diplopoda: Siphonophorida) of *Siphonophora*. Entom. Soc. Am. 85, 363–369 • Siehe auch POINAR GO (1992) Life in Amber; Stanford University Press, California] H. Binder



Martin Kuckenburg.
Wer sprach das erste
Wort? Die Entstehung
von Sprache und Schrift.
Konrad Theiss Verlag
3. (4.) aktualisierte und
erweiterte Auflage 2016.
272 Seiten,
94 Abbildungen.

Sprache und Schrift ermöglichen dem Menschen die Kommunikation geistiger Inhalte und sie ist das zentrale empirisch zugängliche Merkmal, das ihn auch in naturalistischer Sicht vom Tier unterscheidet. Die von Darwin begründete Evolutionstheorie sagt die Entstehung ausnahmslos *aller* menschlichen Eigenschaften „von selbst“ vorher. Folglich muss auch die „Evolution“ der menschlichen Sprachfähigkeit und Sprachen ohne einen planenden Schöpfer durch zufällige Mutation und anschließende Selektion vorteilhafter und meist kleinster Veränderungen theoretisch angenommen werden.

Bestätigt unser Wissen über menschliche Sprachen und deren Entwicklung während historischer Zeiträume diese Annahme – ein Wissen, das bis zu 5 Jahrtausende zurückreicht? Was kann von menschlichen Fossilien und Artefakten indirekt über die menschliche Sprachfähigkeit erschlossen werden? Was wissen wir über die Ursprache der Menschheit? Darum geht es im ersten Teil eines jetzt in 4. Auflage erschienenen Buches „Wer sprach das erste Wort? Die Entstehung von Sprache und Schrift“.

Der Autor ist Wissenschaftsjournalist und Sachbuchautor. Geboren 1955 in Erfurt, ist Martin Kuckenburg in Thüringen aufgewachsen und schreibt zu Themen der menschlichen Vor- und Frühgeschichte: Neandertaler, die ersten Europäer, altsteinzeitliche Kultstätten und Siedlungen in Deutschland mit einem Schwerpunkt auf der Kultur der Kelten und Entstehung von Sprache und Schrift. Das rezensierte Buch erschien erstmals 1989 und ist jetzt in 3. Auflage (nach anderer Zählung 4. Auflage – 1989 & 1996, 2004 und jetzt 2016) erweitert und aktualisiert aufgelegt worden, seit 2004 unter Förderung durch die „Wissenschaftliche Buchgesellschaft“. Der Umfang des ersten Teils über die biologische Evolution der menschlichen Sprachfähigkeit und Sprache – 104 der 248 Seiten – hat dabei gegenüber der Voraufgabe 2004 um 8 Seiten zugenommen. Der Text wurde im Wesentlichen erweitert – fast nie gekürzt oder neu formuliert. Nur diesem ersten Teil gilt diese Rezension.

Bereits in der Antike sind die zwei grundsätzlichen Sprachentstehungstheorien vertreten: „Die Sprache wurde den Menschen von den Göttern gegeben“ versus „Die Sprache wurde vom Menschen entwickelt“, so beginnt Kuckenburg im 1. Kapitel des Buches. Im 18. Jahrhundert wurde die Diskussion wieder aufgenommen – noch vor

Darwin stellten Philosophen der Aufklärung wie Herder die Berichte der biblischen Urgeschichte in Frage.

Um das Wesen menschlicher Sprache besser zu verstehen, deren Einzigartigkeit und damit auch die Einzigartigkeit des Menschen, ist die Abgrenzung von Tier-„sprachen“ sinnvoll: Man redet besser von „Tierkommunikation“, denn, wie Kuckenburg im 2. Kapitel ausführt, Tiere tauschen Informationen nicht nur akustisch, sondern auch durch visuelle, taktile und olfaktorische Reize aus. Dabei können reich strukturierte Äußerungen wie Vogelgesang nur die einfache Botschaft „Revier besetzt“ oder „suche Weibchen“ senden. Bei sozial lebenden Tieren – beispielsweise Hunden oder Affen, aber auch Wirbellosen wie Bienen – werden komplexere Inhalte übermittelt, und die Interaktionspartner reagieren auf die empfangenen Informationen bzw. passen die gesendeten Informationen der Situation und der Umgebung an. Tierkommunikation beinhaltet nicht nur instinktgesteuerte, reflexhafte Gefühlsäußerungen, sondern entspricht dem Gesamt ihres jeweiligen Sozialverhaltens (vgl. SCHOLL 2018 als Überblick zu Affe-Mensch-Unterschieden).

Ein Unterschied zwischen Tierkommunikation und menschlicher Sprache ist, dass Tiersignale „nicht für eine Verständigung über abstrakte Dinge, über Fernliegendes, Vergangenes oder Zukünftiges geeignet (sind)“ (S. 38). Kuckenburg erklärt das mit dem Fehlen eines Selektionsdrucks, eine solche Fähigkeit zu entwickeln: „Im Leben und Denken der Tiere spielen solche Kategorien offenbar keine allzu große Rolle, weshalb sich auch kein entsprechendes kommunikatives Instrumentarium zu entwickeln brauchte“ (ibidem).¹

Informationsübermittlung durch tierische Kommunikation ist kaum erweiterbar, durch menschliche Sprache dagegen nahezu unbegrenzt.

Aber auch heute bleibt ein grundsätzlicher Unterschied zwischen Tierkommunikation und Menschen-sprache festzuhalten: Tierische Kommunikationssysteme sind sehr eng beschränkt – und abgeschlossen, nicht nennenswert erweiterbar. Sprache dagegen hat so gut wie keine Grenzen im Hinblick auf Art und Menge der übermittelbaren Informationen. Grund dafür ist die „doppelte Gliederung der Sprache“: Vielleicht maximal 60 für sich genommen bedeutungslose Grundlaute („Phoneme“) können zu einer großen Zahl von bedeutungstragenden Einheiten („Morphemen“) zusammengesetzt werden, die sich wiederum zu Worten und Sätzen syntaktisch kombinieren lassen. Weder die Bedeutungsinhalte noch die Regeln des Zusammensetzens sind vorgegeben, sondern sind das Ergebnis von Vereinbarungen.

Dieser Unterschied lässt sich nicht mit einem einzigen Ausdruck bezeichnen wie „menschliche Sprache ist abstrakt, tierische nicht“ (das stimmt nämlich nicht). In unserer Sprache gibt es vielmehr kein einzelnes geeignetes Wort, um diesen Unterschied zu beschreiben; das heißt aber nicht, dass es diesen Unterschied an sich gar nicht gäbe.

Was weiß man über die „Ursprache der Menschheit“? Nichts, und man wird nie viel wissen. Das ist eine der Schlussfolgerungen Kuckenburgs. Ihre historische Erforschung ist nur seit der Entstehung von Schrift empirisch möglich. Die heute existierenden Sprachen lassen sich zu Sprachfamilien zusammenfassen – Indogermanische Sprachen, Semitische Sprachen usw., deren jeweilige Stammsprache sich leidlich rekonstruieren lässt. Eine Zusammenfassung mehrerer – oder aller – Sprachstämme zu „Supersprachstämmen“ sei als Rekonstruktion 2. Ordnung mit so viel Unsicherheit behaftet, dass sie technisch nicht mehr möglich sei. Erfolgsversprechender sei es, nach dem „Wann“ und dem „Warum“ der Sprachentstehung zu fragen.

Über die „Ursprache der Menschheit“ wird man nie viel wissen.

In Kapitel 3 beschreibt Kuckenburg fossile Belege für die grundsätzliche Sprachfähigkeit von Neandertaler und *Homo erectus*. Das für die Artikulation von Sprache wichtige Brocazentrum ist wahrscheinlich bereits beim 500.000 radiometrische Jahre alten sogenannten „Sinanthropus“ (*Homo erectus*) nachweisbar, der Mund-Rachen-Raum des Neandertalers ermöglichte ihm wohl ähnlich wie dem *Homo heidelbergensis* – und anders als Großaffen – die Hervorbringung „menschlicher“ Sprachlaute.

In Kapitel 4 gibt Kuckenburg Belege für kulturelle Leistungen bereits von *Homo erectus*, welche nicht durch bloßes Nachahmen tradierbar sind, sondern verbale Anleitung benötigen: Lagerplätze mit Feuer- und Kochplätzen, Behausungen, teilweise komplexe Werkzeuge und Kleidungsstücke sowie kleine Kunstwerke und nicht zuletzt die berühmten Speerfunde in Schöningen, die modernen Sportwaffen nicht nachstehen. Dass Neandertaler nicht nur sprechen konnten, sondern es zweifellos taten, lässt sich an ihren Werkzeugen, Höhlenmalereien oder Totenbestattungen ablesen (und wurde schon oft beschrieben z.B. neuerdings BRANDT 2018).

Die Vorstellung, es könne ein einzelnes menschliches „Sprachgen“ (*FoxP2*) geben, geht an biologischen Elementarkonzepten vorbei – ähnlich wie die antike Suche nach dem Theriak, dem Medikament, das alle Krankheiten heilen kann, an medizinischen Elementarkonzepten vorbeigeht. Der Grund ist einsichtig: Sprache ist ein viel zu komplexes Phänomen, als dass es nur mit einem einzigen Gen korrespondieren könnte: *FoxP2* ist ein hochrangiges Regulatorgen, das einen Embryonalentwicklungsprozess anschaltet, aber bei weitem nicht hinreichend für Sprachfähigkeit ist.

Kuckenburg ist ein seriöser Autor und präsentiert im 5. und letzten der Sprachevolution gewidmeten Kapitel die fachlich richtigen Schlussfolgerungen zu Sprache und Sprachevolution. Aber er ist auch Journalist – und daher widmet er überproportional viel Raum allen möglichen fachlich unseriösen Erklärungsansätzen. Er stellt diese als erfolgsversprechender dar, als sie es sind, auch wenn er am Ende doch (kurz) immer die fachlich korrekten Schlüsse zieht, dass es keine Belege für Sprachevolution gibt.

Die linguistische Unterteilung des Phänomens „Sprache“ in Lexik, Morphologie („Formenlehre“) und Syntax fehlt in Kuckenburgs Buch vollständig und entsprechend fehlen Überlegungen, wie jede dieser „Teilkomponenten“ von Sprache entstanden sein könnte. Und trotz der seit 15 Jahren vorliegenden Gesamtdarstellung von LIEBI (2003) ist nie auch nur angedeutet, dass in allen bekannten Sprachen ständig morphologische Vielfalt verlorengeht – Kasus fallen in der Deklination weg, Tempora, Modi und Genera verschwinden in der Konjugation – das genaue Gegenteil von postulierter evolutionärer Höherentwicklung: Zum Beispiel hatte das rekonstruierte Indogermanisch 8 Kasus, Altgriechisch hat bei Mitzählung des bereits reduzierten Vokativs 5 und Neugriechisch noch 3. Ähnlich hatte Lateinisch 6 Kasus und (geschriebenes) Französisch noch 4, deren Endungen sich zudem so weit reduziert haben, dass sie meistens lautgleich sind.²

Die gewichtigsten Argumente gegen eine evolutionäre Sprachentstehung werden aber in diesem Buch nicht einmal erwähnt: Argumente aus der Bioinformatik. Mittlerweile gibt es mit viel menschlichem Fachwissen aufgebaute Spracherkennungssysteme, die dank viel Computerpower und hochkomplexen Algorithmen wenigstens einfache Sätze verstehen können. Und wenn wir heute eine recht gute Vorstellung haben, wie Spracherkennung und zentralnervöse Informationsverarbeitung funktioniert (Einführung z.B. CHURCHLAND & SEJNOWSKI 2016), so führt das doch aus Sicht des Rezensenten lediglich zu der Einsicht, dass wir erkennen, wieviel „Design“ nötig ist, um „sprechende“ technische Systeme zum Laufen zu bringen, und dass wir damit nur weiter als je zuvor von einer naturalistischen Erklärung von Sprache und Sprachfähigkeit entfernt sind: Es gibt ja noch nicht einmal brauchbare Hypothesen zur Entstehung von Neuronen, geschweige denn zur Genese ihrer Interaktion (WINKLER 2009).

Wolfgang B. Lindemann

Anmerkungen

¹ Ist dem wirklich so? Viele Tierpopulationen sind Schwankungen der ökologischen Ressourcen ausgesetzt – in jahreszeitlichen oder längeren Perioden. Wäre da nicht „Vorsorge“ und „Erfahrungsübermittlung“ von erfahrenen Alttieren ein Überlebensvorteil? Das geschieht ja auch nonverbal, z.B. durch Leitmühen in Elefantenherden.

² Eine detailliertere Darstellung dieses Sachverhaltes ist auf www.genesisnet.info geplant.

Literatur

- BRANDT M (2018) Frühe Homininen. Studium Integrale Special. Holzgerlingen.
- CHURCHLAND P & SEJNOWSKI T (2016) The computational Brain. MIT Press Verlag Boston USA 25th anniversary edition.
- LIEBI R (2003) Herkunft und Entwicklung der Sprachen: Linguistik contra Evolution. Holzgerlingen.
- SCHOLL B (2018) Affe = Mensch? Ein Überblick über verhaltensbiologische Unterschiede zwischen Affen und Menschen. W+W Special Paper B-18-1; http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-18-1_affe-mensch.pdf
- WINKLER N (2009) Der hat Nerven! – Woher kommen die Neuronen? Stud. Integr. J. 16, 108–109.

