

Einzigartiges Erbgut



Mendelsche
Artbildung



Supergene und
Schöpfung



Superschnelle
Wüstenameise

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.org**

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



Eine der Attraktionen bei botanischen Exkursionen im Laubwald des Frühjahrs ist der Blütenbau der Schlüsselblumen (Gattung *Primula*). Selbst viele Naturfreunde wissen nicht, welche interessanten und spannenden Details sich in diesen Blüten verbergen. Der aufmerksame Blick auf die Blüte von oben offenbart, dass es zwei Typen von Blüten gibt, die sich von Pflanze zu Pflanze unterscheiden, aber nicht an ein und derselben Pflanze. Am Eingang des Blütenschlundes sieht man nämlich entweder nur einen „Punkt“ in der Mitte der Röhre oder fünf kleine „Knubbel“. Der „Punkt“ ist die Narbe des Griffels und die „Knubbel“ sind fünf Pollenfächer. Der erste Gedanke angesichts dieser Entdeckung ist meist: Das ist eine zweihäusige Pflanze: Es gibt solche, deren Blüten nur Griffel und andere, deren Blüten nur Staubblätter besitzen.

Doch ein tieferer Blick ins Innere zeigt, dass dem nicht so ist. Alle Blüten haben sowohl Griffel als auch Staubblätter. Die Blüten, bei denen man in der Draufsicht nur die Narbe sieht, besitzen kurze, tiefstehende Staubfäden in der Blütenröhre, und die Blüten, bei denen von oben nur die Pollenfächer zu sehen sind, besitzen einen kurzen Griffel. Dieses Phänomen wird als „Heterostylie“ (Verschiedengriffigkeit) bezeichnet. Man kann sich denken, wofür das gut ist: Durch diese Konstellation soll Selbstbestäubung verhindert werden.

Interessanterweise sind bei der Heterostylie mehrere Merkmale miteinander gekoppelt. Die Pollengröße (groß oder klein) und die Beschaffenheit der Narben (mit kurzen oder langen Auswüchsen) sind auch auffällig verschieden, und in aller Regel treten alle Unterschiede in einem „Gesamtpaket“ auf und werden nicht beliebig kombiniert. Peter BORGER ist dem Phänomen der Heterostylie auf die Spur gegangen und hat festgestellt, dass sich dahinter spannende genetische Grundlagen verbergen, die interessante Aspekte des Erbguts offenbaren, nämlich sogenannte Supergene, und die für eine geplante Konstellation sprechen. Die molekulargenetischen Beobachtungen legen nahe, dass die zugrunde liegende Genetik als Beleg für programmierte Variabilität (Polyvalenz) gewertet werden kann.

Dass es starke Hinweise auf programmierte Vielfalt innerhalb genetischer Arten (Grundtypen) gibt, erläutert auch Nigel CROMPTON im zweiten Teil seiner Serie über Mendel'sche Artbildung. In Darwins Welt werden viele Zufallsmutationen benötigt, die sich allmählich durch Selektion in der Population durchsetzen müssen, um zu neuen Strukturen zu führen. Das ist sehr zeitaufwändig und benötigt ein sehr unwahrscheinliches Zusammenwirken vieler Mutationen. Nach Mendel sind Änderungen dagegen schnell möglich, weil auf bereits angelegte Variationen und Variationsprogramme zurückgegriffen werden kann. Dafür sind mehrere Mechanismen bekannt. Man kann diese Vorgänge so deuten, dass geschaffene Möglichkeiten abgerufen werden. Dieses präexistente Potential ermöglicht eine schlüssige Erklärung für die Entstehung der Arten innerhalb genetischer Familien (Grundtypen) – ohne Mutationen und in kurzer Zeit.

Auf molekularer Ebene zeigt die neuere Forschung immer wieder: Je mehr Details des Erbguts oder auch der Proteine und ihrer Wechselwirkungen untersucht werden, desto mehr Indizien werden entdeckt, die deutlich auf eine geplante Konstellation hinweisen. Allerdings wird immer wieder das Gegenteil behauptet: Es gäbe unverständliche Aspekte des Erbguts, wenn man von Schöpfung ausginge. Ein vielzitiertes Beispiel sind Pseudogene. Der Begriff „pseudo“ stammt aus dem griechischen „pseudein“ = belügen, täuschen. Pseudogene galten lange Zeit als funktionslos gewordene Gene – daher „pseudo“. Daher wurde über 40 Jahre lang die Suche nach Funktionen im Erbgut von Lebewesen vernachlässigt. Mittlerweile hat sich jedoch vielfach gezeigt, dass „Pseudogene“ oft überaus wichtige Funktionen erfüllen, wie man es erwarten würde, wenn eine durchdachte und geplante Situation vorliegt. Boris SCHMIDTGALL und Peter BORGER fassen einige neuere Ergebnisse zusammen und zeigen anhand von Zitaten außerdem, dass die vorschnelle Charakterisierung als „funktionslos“ oder als „DNA-Müll“ den wissenschaftlichen Fortschritt zeitweise gehemmt hat. Aber die Neugier der Forscher ist doch größer.

Dass der „DNA-Müll“ in Wirklichkeit wertvoll ist, konnte mittlerweile auch für DNA-Sequenzen mit häufig sich wiederholenden Strukturmotiven nachgewiesen werden: Es handelt sich um genetische Elemente, die die Information für die korrekte räumliche Anordnung der DNA im Zellkern speichern – eine zusätzliche Informationsebene in der DNA.

In ganz anderer Hinsicht spielen Moleküle des Lebens eine aufsehenerregende Rolle: Schon vor Jahren wurden Reste von Proteinen und Gewebereste in fossilen Dinosaurierknochen nachgewiesen. Nach Altersbestimmungen sind diese Fossilien jedoch viel zu alt, als dass man solche Befunde erwartet hätte. Es schlossen sich eine sehr kritische Diskussion, aber auch zahlreiche neue Untersuchungen an. Harald BINDER zeichnet die Entwicklungen nach und erläutert den aktuellen Stand dieses kontrovers diskutierten Forschungszweigs.

Die aktuelle Ausgabe von *Stodium Integrale Journal* verspricht also eine spannende Lektüre.

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

Das Erbmolekül DNA – hier in künstlerischer
Darstellung – erweist sich als umso faszinie-
render, je mehr man darüber forscht. In zwei
Beiträgen ab Seite 46 und 51 erfahren Sie
Näheres. (Bild: Adobe Stock, Anusorn)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

M. Brandt	Stammt der Mensch von einem bayerischen Menschenaffen ab? Funktionsmorphologische und evolutionstheoretische Spekulationen	4
N. Crompton	Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 2. Latente Information und präexistente genetische Programme	12
P. Borger	Primeln und Lungenkraut im Frühlingswald. Wie Supergene die Polyvalenz von Grundtypen nahelegen	20
H. Binder	Gewebereste und Zellbausteine in Dinosaurier-Fossilien	29



■ KURZBEITRÄGE

H.-B. Braun	Dynamische Lichtfänger – Original und Kopie	37
R. Junker	<i>Parmastega</i> – neuer erster Vierbeiner?	39
M. Brandt	Neuer <i>Australopithecus</i> -Fund und das Grundtypmodell	42
R. Junker	Wie Käfer zu ihren Hörnern kamen	44
B. Schmidtgal	Sind Pseudogene doch nicht „pseudo“? Wie ideologisch motivierte Begriffswahl den Fortschritt bremst	46
B. Schmidtgal	Dreidimensionale Informationsebene der DNA entdeckt	51
P. Borger & B. Schmidtgal	Das „Alphabet“ der Aminosäuren ist „optimal und vorgegeben“	54

■ STREIFLICHTER

Superschnelle Wüstenameise	56
Epigenetische Steuerung von Augenverlust bei Höhlenfischen	56
Der Belwal, ein Mischling aus Beluga und Narwal	57
Hunde haben einen Augenbrauenmuskel, der bei Wölfen nicht vorkommt	58
Kann vom Hirnschädel auf die Gehirnstruktur bei fossilen Homininen geschlossen werden?	59
<i>Asfaltovenator validadi</i> – ein Dinosaurier so seltsam wie sein Name	60
Noch älter: der mutmaßlich älteste Wald	62
Multitalent Gecko	63
Elektrostatik und der Ursprung des Sonnensystems	64
Tanzende Neptunmonde	65

Stammt der Mensch von einem bayerischen Menschenaffen ab?

Funktionsmorphologische und evolutionstheoretische Spekulationen

Der Ursprung des menschlichen zweibeinigen Ganges ist eine zentrale Frage im Evolutionsparadigma. Diese Fortbewegungsweise soll sich nach der Abspaltung des Schimpansen vom gemeinsamen Vorfahren mit dem Menschen entwickelt haben. Neu entdeckte fossile Überreste eines bisher unbekannten miozänen Primaten aus dem bayerischen Allgäu werden von Forschern nun jedoch als Beleg dafür angeführt, dass diese Evolution bereits bei sich in Bäumen fortbewegenden Großaffen begann. Ist diese Hypothese stichhaltig und wie könnte der neu entdeckte Menschenaffe *Danuvius guggenmosi* in einem Schöpfungsmodell gedeutet werden?

Michael Brandt

Einleitung

Bei der Erforschung des Ursprungs des Menschen stellt sich im Evolutionsmodell eine entscheidende Frage: Wann und wie hat sich der aufrechte Gang entwickelt? Die gewohnheitsmäßige Fortbewegung auf zwei Beinen wird als das Schlüsselmerkmal von Homininen angesehen. Homininen sind Wesen, die evolutionstheoretisch dem Menschen näherstehen als dem Schimpansen, der als nächster Verwandter des Menschen angesehen wird. Anders gesagt: Im Evolutionsmodell werden alle Wesen auf der phylogenetischen Linie zum Menschen nach der Abspaltung des Schimpansen vom letzten hypothetischen gemeinsamen Vorfahren zusammen mit dem Menschen als Homininen bezeichnet.

Heute wird angenommen, dass der Beginn der gewohnheitsmäßigen zweibeinigen Fortbewegung und damit Evolution des frühesten Homininen am Ende des Miozäns vor 5–7 Millionen Isotopenjahren stattfand (KIVELL 2019).

Welche Art der Fortbewegung hatte der letzte gemeinsame Ahne von Mensch und Schimpanse? Evolierte die regelmäßige zweibeinige Fortbewegung auf dem Erdboden ausgehend von einem Ahnen, der hauptsächlich in Bäumen lebte und dann herabstieg (top-down), oder ging

dieser hypothetische Ahne auf allen Vieren auf dem Erdboden, stand auf und lief dann auf zwei Beinen (bottom-up)?

BÖHME et al. (2019) meinen der Beantwortung dieser Frage entscheidend näher gekommen zu sein. Die Autoren berichten in *Nature* über den Fund eines bisher unbekannten fossilen Menschenaffen aus dem bayerischen Allgäu, den sie *Danuvius guggenmosi* nennen (Abb. 1, 2). Die Fossilien wurden aus Ablagerungen mit einem datierten Alter von 11,62 Millionen Jahren geborgen.

Die Veröffentlichung von BÖHME et al. (2019) hat große mediale Aufmerksamkeit erfahren. Ob diese auch gerechtfertigt ist, möge der Leser nach dem Studium dieses Artikels selbst beurteilen.

Fortbewegung von *Danuvius* als Ahnenmodell

Nach BÖHME et al. (2019) bewegte sich *Danuvius guggenmosi* auf eine zuvor unbekannte Art fort, die sie als „extended limb clambering (ELC)“, also Klettern mit gestreckten Gliedmaßen, bezeichnen. Es ist eine Kombination von Suspension (hangelnder Fortbewegung durch Baumkronen) und bipeder (zweibeiniger) Fortbewegung. Diese Art der Lokomotion ist

Die Fortbewegung von *Danuvius* repräsentiert nach BÖHME et al. (2019) ein Modell für den postulierten gemeinsamen Ahnen von Großaffe und Mensch.

nach BÖHME et al. (2019) ein Modell der Fortbewegung des letzten gemeinsamen Ahnen von Schimpanse und Mensch und ein Vorläufer der obligaten (gewohnheitsmäßigen) zweibeinigen Fortbewegung.

Im Folgenden werden die von BÖHME et al. (2019) festgestellten Knochenmerkmale von *Danuvius* und ihre funktionelle Deutung im Rahmen der Fortbewegung dargestellt und einer kritischen Bewertung unterzogen. Außerdem wird der neue Primat im Rahmen bestehender Ursprungsvorstellungen diskutiert.

Knochenüberreste und Fortbewegung nach BÖHME et al. (2019)

Die Fossilien von *Danuvius* umfassen Überreste von mindestens vier Individuen mit einem Teilskelett, das nach BÖHME et al. (2019) für die Beschreibung der Extremitäten und der Wirbelsäule sowie Körperproportionen ausreichend ist.

Danuvius hatte ein Körpergewicht von ca. 17 bis 31 kg und liegt damit zwischen dem des Siamang (Primatenart aus der Familie der Gibbons) und dem des Zwergschimpansen (Bonobo).

Die craniodentalen* Überreste von *Danuvius* sind ähnlich denen der *Dryopithecinen*, einer fossilen Menschenaffengruppe aus dem mittleren bis späten Miozän in Europa. Manche Forscher betrachten die *Dryopithecinen* als Ahnen der Afrikanischen Großaffen.

Das Körperstamm- und Extremitätenskelett von *Danuvius guggenmosi* ist jedoch einmalig im

Die craniodentalen Merkmale weisen *Danuvius* als *Dryopithecine* aus.

Vergleich mit bisher bekannten *Dryopithecinen*-funden, zum einen aufgrund von Funden zweier beinahe vollständig erhaltener Extremitätenknochen – einer Elle und eines Schienbeins – und zum anderen in der Kombination der Knochenmerkmale. Zusätzlich zu den beiden Extremitätenknochen sind vom Skelett einige Wirbel, ein Teil des Oberschenkels sowie Hand- und Fußknochen erhalten. Im Folgenden werden einige grundlegende Aspekte der Knochenmorphologie und Fortbewegung von *Danuvius* dargestellt.

Danuvius besitzt zum einen generalisierte Extremitätenproportionen ähnlich denen des Zwergschimpansen (Bonobo), zum anderen aber eine einmalige Kombination der Stellung von Knie, oberem Sprunggelenk, Ellenbogen und Handgelenk sowie stark greifende Extremitäten.

Das von BÖHME et al. (2019) für *Danuvius* postulierte „extended limb clambering (ELC)“ beinhaltet ein kraftvolles Greifen mit der



Abb. 1 Die 21 Knochen des Teilskeletts des am vollständigsten erhaltenen (männlichen) *Danuvius guggenmosi*. (Foto: Christoph JÄCKLE)

Kompakt

Madeline BÖHME und ihre Kollegen haben Ende 2019 mit *Danuvius guggenmosi* eine neue fossile miozäne Menschenaffenart beschrieben, die nach den Merkmalen der Zähne und der Knochenüberreste des Schädels aus dem Formenkreis der Dryopithecinen stammt. Der Affe aus dem bayerischen Allgäu wird auf 11,62 Millionen radiometrische Jahre datiert. Die Körperproportionen von *Danuvius* sind ähnlich denen des Zwergschimpansen. Im Bereich des Körperstamm- und Extremitätenskeletts zeigt der neue Primat aber eine bisher unbekannte Kombination von Merkmalen, die auf eine unbekannte Fortbewegungsweise schließen lässt. BÖHME et al. (2019) vermuten, dass es sich dabei um eine Kombination von Hangeln in Bäumen und einer zweibeinigen Fortbewegung mit gestreckten unteren Gliedmaßen gehandelt hat. *Danuvius* könnte nach den Autoren ein mögliches Modell der Fortbewegung des letzten gemeinsamen Ahnen von Großaffe und Mensch repräsentieren.

Viele fossile Großaffen aus dem Miozän weisen einen Mix von Skelettanpassungen auf, der unähnlich dem der lebenden Großaffen ist. Es lässt sich kaum näher bestimmen, wie sich diese Großaffen fortbewegten und wie viel Zeit sie dabei in Bäumen oder auf dem Erdboden verbrachten. Diese Einschätzung dürfte angesichts der einmaligen Merkmalskonstellation auch auf *Danuvius* zutreffen.

Falls *Danuvius* sich tatsächlich biped* mit gestreckten unteren Extremitäten in Bäumen fortbewegt hat, wie BÖHME und ihre Kollegen vermuten, entstand gemäß Evolutionsmodell der zweibeinige Gang schon bei den Menschenaffen lange vor Abspaltung der Homininen* vom gemeinsamen Großaffe-Mensch-Vorfahren, und dies geschah auch nicht in Afrika, wie bisher postuliert, sondern in Europa. Die Bipédie wäre damit nicht mehr das entscheidende Identifikationskriterium von Homininen. Die im Evolutionsmodell als frühe Homininen klassifizierten Primaten mit Kletteranpassungen könnten deshalb auch Großaffen mit einem heute nicht mehr zu beobachtenden Fortbewegungsmix gewesen sein.

Im Grundtypkonzept der Schöpfungslehre repräsentiert *Danuvius guggenmosi* eine ausgestorbene Art eines Menschenaffen-Grundtyps. Innerhalb von Grundtypen sind aufgrund angelegter (latenter) genetischer Programme zahlreiche Skelettmerkmalskombinationen zu erwarten. Menschenaffen, die sich in Bäumen hangelnd und mit gestreckten Beinen biped auf Baumzweigen abstützend fortbewegten, wie BÖHME et al. (2019) vermuten, sind in diesem Modell gut denkbar.

Großzehe, einen plantigraden (auf Sohlen gehenden) Fuß, gestreckte Hüfte und Knie, Beugung und Streckung sowie Einwärts- und Auswärtsdrehung des Ellenbogens in großem Umfang, ein bewegliches Handgelenk, gekrümmte Fingergrundglieder und ein stark gekrümmtes Daumengrundgelenk („deep first metacarpal joint“).

Danuvius unterscheidet sich nach BÖHME et al. (2019) von bisher bekannten Affen in seiner Körperhaltung. Plantigraden und palmigraden quadrupeden¹ Primaten (Altweltaffen und miozäner Menschenaffe *Ekembo*) fehlen suspensorische (hangelnde) Merkmale der Vorderextremitäten und die Streckmerkmale der Knie. Knöchelgehern (Schimpansen, Zwergschimpansen, Gorillas) fehlen gestreckte Knie, und die Fähigkeit von Großzehe und Daumen ist weniger kraftvoll entwickelt als bei *Danuvius*.

Den Fingergliedern von *Danuvius* fehlt die Robustheit, die typisch für Knöchelgeher ist.

Den in Bäumen herumturnenden Orang-Utans (*Pongo*) fehlen die gewichtstragenden Anpassungen am Knie- und oberen Sprunggelenk und ihre Vordergliedmaßen sind stärker an die suspensorische Fortbewegung angepasst als bei *Danuvius*.

Mit Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Die Kombination der Merkmale des Körperstamm- und Extremitätenskeletts von *Danuvius* ist einmalig unter den lebenden und fossilen Primaten.

Weiterhin unterscheidet sich der neu entdeckte Menschenaffe von allen bisher bekannten Altweltaffen in der Wirbelsäulenmorphologie. *Danuvius* besitzt eine funktionell elongierte (verlängerte) Lendenwirbelsäule kombiniert mit einer Lordose*, welche dazu führt, dass die Körpermasse über die vergrößerten oberen Schienbeingelenkflächen bewegt wird.

Die Einmaligkeit beim ELC von *Danuvius* besteht nach BÖHME et al. (2019) darin, dass nicht wie bei den meisten Primaten die Vorder- oder die Hinterextremität eine führende Rolle bei der Fortbewegung spielt, sondern dass beide in etwa gleichen Teilen daran beteiligt sind. Nach BÖHME et al. (2019) sind bei *Danuvius* Gelenkpositionen und Belastungsmuster einer homininen Bipédie mit Hinterextremitätenstreckung und Wirbelsäulenkrümmung und eine suspensorische großaffenähnliche Fortbewegung mit kraftvollen mobilen Vorderextremitäten kombiniert. ELC repräsentiert nach BÖHME et al. (2019) ein neues Modell der Körperhaltung des letzten gemeinsamen Ahnen der lebenden Großaffen und des Menschen (Abb. 2).

ELC, wie es *Danuvius* praktizierte, soll demnach ein Vorläufer der gewohnheitsmäßigen Bipédie gewesen sein.

Aus dieser Fortbewegung sollen sich dann die spezialisierteren Bewegungsformen entwickelt haben: Knöchelgang der Afrikanischen Großaffen (Gorilla, Schimpanse), das reine Schwingen des Orang-Utans und das gewohnheitsmäßige zweibeinige Schreiten des Menschen. Abb. 3 zeigt den evolutionären Stammbaum von Mensch und Großaffen und die zeitliche Position des neuen Menschenaffen *Danuvius guggenmosi*.

Im Folgenden werden die Deutungen der Knochenmerkmale von *Danuvius* im Rahmen der Fortbewegungsweise von BÖHME et al. (2019) einer kritischen Betrachtung unterzogen.

Kritische Beurteilung morphofunktioneller Schlüsse

Spekulative Schlüsse

BÖHME et al. (2019) schließen von zahlreichen Merkmalen des Körperstamm- und Extremitätenskeletts von *Danuvius* auf die Fortbewegungsweise von *Danuvius*. Einige dieser Schlüsse sind aufgrund der bekannten Datenbasis berechtigt, andere müssen jedoch als hochspekulativ eingestuft werden.

Je ähnlicher Knochenmerkmale und insbesondere Knochenmerkmalskomplexe fossiler Formen denen bekannter lebender Wesen sind und je stringenter dabei morphofunktionelle* Zusammenhänge nachgewiesen sind, desto sicherer können funktionelle Schlüsse von Knochen bei fossilen Formen gezogen werden. Auf dieser Basis dürfte die Fortbewegung von *Danuvius* in Bäumen unstrittig sein. Darauf weist zum einen das Längenverhältnis der Elle zum Schienbein hin, welches ähnlich dem von Zwergschimpansen ist, und zum anderen die Morphologie der Elle, die einen großen Bewegungsumfang und die deutliche Krümmung der Fingergrundglieder nahelegt. Bei vielen anderen Merkmalen, insbesondere die unteren Extremitäten betreffend, sind die Schlüsse von BÖHME et al. (2019) weit weniger sicher.

Zum einen sind die aufeinander aufbauenden knochenmorphologisch funktionellen Schlüsse von BÖHME et al. (2019) fraglich, da sie spekulativer Natur sind, insbesondere weil wir es mit heute unbekannten Merkmalsmosaiken zu tun haben. Als Beispiele für solche Schlussketten seien der obere Teil des Oberschenkelknochens, der untere Teil des Schienbeines und die Wirbelsäule aus der Arbeit von BÖHME et al. (2019) angeführt.

1. Proximaler Oberschenkelknochen: Von einem niedrigen Trochanter major, einem mehr vertikal ausgerichteten Hals und einer posterosuperioren* großen Kopf Gelenkfläche des Femurs wird auf ein gewohnheitsmäßig gestrecktes Hüftgelenk, ein nach außen gedrehtes Hüftbein und eine Kippung der Beckenschaukel nach inferolateral* geschlossen. Von dieser Knochenkonfiguration leitet man dann Glutealmuskeln* ab, die als Abduktoren* die Hüfte bei einer bipeden Haltung wie bei den Homininen stabilisiert haben sollen.

2. Distales Schienbein: Von einem mediolateral* kurzen vorderen trochlearen* Rand und einem mediolateral schmalen Malleolus* wird auf eine mehr gleichmäßige Verteilung der auf die Gelenkfläche wirkenden Kräfte und eine geringe Belastung des oberen Sprunggelenkes in Dorsalflexion* und Inversion* im Vergleich mit den lebenden Großaffen geschlossen.

3. Wirbelsäule: (1) Von einer gut entwickelten Gelenkfläche für die Artikulation* mit der Rippe eines Brustwirbels wird auf eine Position des Zwerchfells oberhalb des untersten Thorakalwirbels geschlossen. Von dieser Zwerchfellposition wird auf einen funktionell längeren unteren Rücken, von diesem wiederum auf eine Lordose* der Lendenwirbelsäule und von dieser schließlich auf eine (menschenähnlichere) effektive Position des Masseschwerpunktes über den gestreckten Hüften, Knien und den plantigraden Füßen geschlossen. (2) Von der dorsalen Ausrichtung

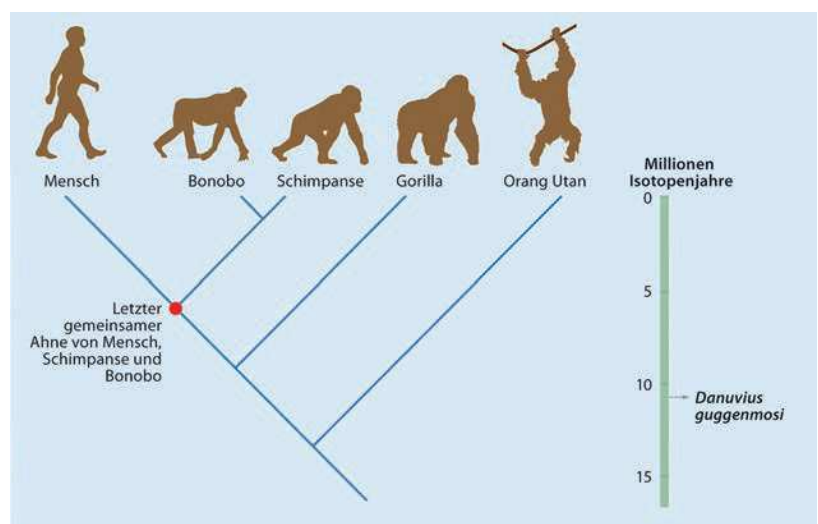


Abb. 2 Darstellung von *Danuvius guggenmosi* durch den Künstler Velizar SIMONOVSKI im Auftrag von Madelaine BÖHME und ihren Kollegen. (Aus KIVELL 2019, Abb. 2)

der Processus transversi* der Brustwirbel in Verbindung mit einem niedrigen Winkel der costalen* Gelenkflächenwinkel am ersten Brustwirbel wird auf einen mediolateralen Brustkorb und eine aufrechte Körperhaltung geschlossen. (3) Von der unterschiedlichen Neigung des Processus spinosus zwischen dem ersten und dem untersten Brustwirbel werden eine Lordose der Halswirbelsäule und eine Kyphose* der Brustwirbelsäule abgeleitet.

Wie spekulativ Vermutungen über Knochen-Funktionsbeziehungen gerade im Bereich der unteren Extremitäten sind, haben empirische Untersuchungen an zweibeinig gehenden Großaffen und Menschen eindrucksvoll gezeigt. Bisher ging man in der Forschung davon aus, dass der Mensch einen rigiden und die Großaffen einen mobilen Midfoot (vordere Fußwurzel)

Abb. 3 Der evolutionäre Stammbaum von Mensch und Großaffen und die zeitliche Position des neuen Menschenaffen *Danuvius guggenmosi*. (Nach KIVELL 2019)



Midfoot-Beweglichkeit, Längsfußgewölbe und die Evolution der zweibeinigen Fortbewegung – ein paläanthropologisches Lehrstück

Nach klassischer Vorstellung besitzt der Mensch im Gegensatz zu allen nichtmenschlichen Primaten ein anatomisch-statisches Längsfußgewölbe. Die Existenz des Längsfußgewölbes wird als die wichtigste Anpassung des menschlichen Fußes an das zweibeinige Gehen angesehen und soll in Beziehung zu bestimmten Merkmalen der an ihm beteiligten Knochen stehen. Weiterhin glaubte man, dass das Längsfußgewölbe des Menschen eine Verminderung der Bewegung, also eine Versteifung der Gelenke des Midfoot (vordere Fußwurzel), bewirkt und so einen stabilen Hebel für das effektive Abstoßen des Fußes beim zweibeinigen Gehen liefert. Diese Vorstellung geht auf die beiden Autoren ELFTMAN & MANTER aus dem Jahr 1935(a) zurück, wurde später von BOJSEN-MØLLER (1979) bestätigt und bis heute häufig zitiert.

Beim Schimpansen dagegen – so die Vermutung – ermöglichen die mobilen Midfoot-Gelenke ein effektives Greifen des Fußes bei der Fortbewegung in Bäumen. Auch diese Vorstellung geht auf die beiden Autoren ELFTMAN & MANTER ebenfalls aus dem Jahr 1935(b) zurück und wurde von anderen Autoren bestätigt (SUSMAN 1983, DE SILVA 2010) bzw. übernommen. Nach klassischer Vorstellung gibt es also eine funktionelle Dichotomie zwischen Großaffe und Mensch – mobiler versus rigider Midfoot.

Die größte Bedeutung beim zweibeinigen Gehen wird der letzten Phase, der Abstoßphase, zugemessen. Das Abstoßen des Fußes beginnt mit dem Abheben des Hackens vom Erdboden und endet, wenn die Zehen den Kontakt mit dem Erdboden verlieren. Während der menschliche Fuß nach dem Anheben des Hackens rigide (steif) bleibt, beugt sich der Fuß der Afrikanischen Großaffen leicht nach dorsal um die Midfoot-Gelenke (ELFTMAN & MANTER 1935b, D'AOÛT et al. 2002, VEREECKE et al. 2003, DE SILVA 2010). Diese Bewegung um die Midfoot-Gelenke wird „midtarsaler Bruch“ genannt (SUSMAN 1983). Man suchte nach knöchernen Gelenkstrukturen, die zur Einschränkung der Midfoot-Beweglichkeit beim Menschen beitragen, und fand sie auch. Dazu gehören ein Verschlussmechanismus zwischen dem Fersenbein und dem Würfelbein (BOJSEN-MØLLER 1979) und ein flaches Gelenk zwischen dem Würfelbein und dem Mittelfußknochen IV (DE SILVA 2010, PROCTOR 2013).

Bei den Afrikanischen Großaffen fehlen dagegen diese knöchernen Strukturen.

Man identifizierte außerdem Skelettmerkmale, welche mit der Existenz eines Fußgewölbes korrelieren (siehe BRANDT 2017). Bezeichnenderweise besteht heute unter Paläanthropologen aber wenig Konsens darüber, welche Skelettmerkmale auf ein Längsfußgewölbe hinweisen (siehe BRANDT 2017).

Bei fossilen Homininen wird anhand von Knochenmerkmalen auf den Beweglichkeitsgrad des Midfoot und auf die Ausprägung eines Längsfußgewölbes und damit auf den Entwicklungsgrad der zweibeinigen Fortbewegung auf der Evolutionsleiter zum Menschen hin geschlossen, z. B. bei *Australopithecus afarensis* (WARD et al. 2011) und „*Homo*“ *habilis* (OH 8) (SUSMAN 1983).

Die jahrzehntelang angenommene Dichotomie in der Midfoot-Mobilität und damit einhergehende Existenz oder das Fehlen eines Längsfußgewölbes bei Mensch und Großaffe, die eine Schlüsselrolle in der Debatte bezüglich der Evolution der zweibeinigen Fortbewegung bei fossilen Homininen spielt, wurde aber durch neue empirische Studien widerlegt.

2008 stellten LUNDGREN et al. überraschend fest, dass beim Menschen beim zweibeinigen Gehen eine große Beweglichkeit im Bereich des äußeren Längsfußgewölbes besteht.

Die Ergebnisse einer Studie von BATES et al. (2013) lassen zudem erhebliche Zweifel an der Vorstellung aufkommen, dass die Midfoot-Mobilität und das äußere Längsfußgewölbe zu einem wesentlichen Teil knöchern bedingt und deshalb bei fossilen Hominiden erkennbar seien.

BATES und seine Kollegen ließen Menschen, die gewohnheitsmäßig Schuhe tragen, auf einem Laufband gehen und maßen die Druckverteilung im Bereich der Fußsohle.

Entgegen bisheriger Vorstellungen war die Druckverteilung im Bereich des äußeren Midfoot beim Menschen sowohl intrasubjektiv, also Schritt für Schritt bei einem Individuum, als auch zwischen den Individuen hochvariabel. Dabei wurde mit der Sohle des Midfoot auch der Boden berührt. Es trat also auch beim Menschen ein midtarsaler Bruch auf, der bisher als ein ausschließlich nichtmenschliches Phänomen angesehen wurde. Auch DE SILVA & GILL (2013) haben dieses Phänomen beim Menschen nachgewiesen.

Aber auch zwei untersuchte Großaffen (Zwergschimpanse, Orang-Utan) zeigten wie der Mensch eine erhebliche Variation (Schritt-für-Schritt) des Druckes unter dem äußeren Midfoot. Die Druckverteilungen bei Menschen und bei Großaffen waren so variabel, dass sich die Werte sogar deutlich überlappten. Allerdings war der Mittelwert des Fußsohlendruckes des Menschen geringer als der der Großaffen. Nur dieses Ergebnis entsprach den Erwartungen, während alle anderen Ergebnisse bisherigen Vorstellungen widersprachen.

Die Studie von BATES et al. (2013) hat entgegen allen Erwartungen gezeigt, dass die Stabilität des äußeren Fußgewölbes beim Menschen nicht obligat, sondern oft nur vorübergehend

und ein äußeres Längsfußgewölbe auch bei Großaffen nachweisbar und variabel ausgebildet ist. Das bedeutet jedoch nicht zwangsläufig, dass die Knochenstruktur im Bereich des äußeren Längsfußgewölbes gar nichts mit dieser offensichtlich nur temporär funktionellen Struktur zu tun hat.

Ein äußeres Längsfußgewölbe in Verbindung mit gewohnheitsmäßig praktizierter zweibeinig terrestrischer Fortbewegung kann nicht von den Fußknochenstrukturen abgeleitet werden. Dies könnte auch erklären, warum unter Paläanthropologen, wie schon oben erwähnt, wenig Konsens darüber besteht, welche Skelettmerkmale auf ein Längsfußgewölbe hinweisen. BATES et al. (2013, 6) schreiben zu dieser Thematik: „Das Versagen der Knochenmorphologie als unzweideutiger Hinweis auf die Fußfunktion in einem terrestrischen Zusammenhang erklärt vielleicht, warum kaum oder kein Konsens über das Vorhandensein eines medialen Längsfußgewölbes und/oder eines stabilisierenden lateralen Midfoot bei allen fossilen Homininen vor *Homo erectus* existiert ...“

GREINER & BALL (2014) haben an Leichen des Menschen und Kadavern des Schimpansen überraschend festgestellt, dass deren Midfoot-Gelenke einen ähnlichen passiven Mobilitätsgrad besitzen. Allerdings ist dieser bei Makaken und Pavianen größer.

HOLOWAKA et al. (2017) sind in ihrer Untersuchung noch einen wesentlichen Schritt über GREINER & BALL (2014) hinausgegangen. Die Autoren untersuchten die Bewegungen des Midfoot von Menschen und Schimpansen beim zweibeinigen Gehen während der Standphase in drei Ebenen. Die Forscher kamen zu dem Ergebnis, dass der Mensch nicht wie bisher vermutet einen geringeren, sondern sogar einen größeren Bewegungsbereich in den Gelenken des Midfoot beim zweibeinigen Gehen aufweist als der Schimpanse.

Allerdings weist der Schimpanse beim zweibeinigen Gehen während der Abstützphase in der sagittalen Ebene eine größere Mobilität als der Mensch auf. Der Mobilitätsunterschied zwischen Mensch und Schimpanse in dieser Ebene ist aber viel geringer, als man vorher vermutet hatte.

Nicht primär die Gelenkmorphologie, sondern die Weichteilstrukturen mit ihren spezifischen Innervationen sind wahrscheinlich für die Versteifung des menschlichen Midfoot, die mit dem Anheben der Ferse stattfindet, verantwortlich, vermuten HOLOWAKA et al. (2017). Zusammenfassend ist festzustellen, dass der menschliche Fuß und der Großaffenfuß relativ mobil, aber auch zur Versteifung fähig sind. Die Kinematik des Fußes von Mensch und Großaffe beim bipeden Gehen unterscheidet sich. Die verschiedenen Weichteilstrukturen mit

ihrer unterschiedlichen Innervation dürften zumindest teilweise für diese Unterschiede verantwortlich sein.

Entgegen jahrzehntelanger scheinbar gesicherter biomechanischer Vorstellungen mit dazu passenden knochenmorphologischen Befunden kann die Mobilität der Midfoot-Gelenke nicht von der Knochenstruktur erschlossen werden.

Und auch wenn die Mobilität der Midfoot-Gelenke bekannt ist, kann von dieser nicht die spezifische Kinematik des Fußes beim zweibeinigen Gehen abgeleitet werden. Schon der Ausgangspunkt dieser Kette von nicht sicher möglichen Schlüssen, die tatsächliche Morphologie der Knochen, ist nicht selten Gegenstand kontroverser Diskussion.

Wenn eine Kette von Schlüssen mit der Knochenmorphologie als Ausgangspunkt und der spezifischen Kinematik der bipeden Fortbewegung am Ende selbst bei lebenden Primaten nicht möglich ist, dann gilt das umso mehr bei fossilen Primaten mit einem Knochenmerkmalsmosaik, für das es keine rezente Analogie gibt.

besitzen. Der rigide Midfoot wurde in Beziehung zu einem nur beim Menschen vorkommenden Längsfußgewölbe und als Voraussetzung für seinen einmaligen gewohnheitsmäßig schreitenden Gang auf zwei Beinen angesehen. Neuere Untersuchungen haben diese Vorstellungen völlig widerlegt.

Untersuchungen der Funktion des Fußes lebender Großaffen und Menschen haben bisherige von der Knochenstruktur abgeleitete funktionelle Vorstellungen grundlegend revidiert.

Das Längsfußgewölbe ist nicht wie bisher angenommen eine anatomisch-statische, sondern eine temporäre Struktur, die auch bei Großaffen auftritt. Damit einhergehend wurde gezeigt, dass nicht nur der Großaffen-Midfoot, sondern auch der menschliche Midfoot mobil ist, obwohl die Gelenkstruktur des Midfoot bei beiden sehr verschieden ist. Von der Gelenkmorphologie des Midfoot kann somit nicht auf seine Mobilität und von der Midfoot-Mobilität nicht auf die spezifische Kinematik des Fußes beim zweibeinigen Gehen geschlossen werden. Im Textkasten sind diese unerwarteten Untersuchungsergebnisse ausführlich dargestellt. Sie mahnen zu großer Vorsicht bei funktionellen Deutungen fossiler Knochenmerkmale, insbesondere bei Merkmalsmosaiken, für die es heute keine Analogie gibt.

Interessant in diesen Zusammenhängen und in Anbetracht der postulierten Bipedie mit gestreckten unteren Extremitäten von *Danuvius* ist die Tatsache, dass auch der Orang-Utan (*Pongo*) beim Stehen auf zwei Beinen in Bäumen in 90 % der Fälle seine Kniegelenke streckt. Allerdings stützt *Pongo* diese Haltung in 75 % der Fälle mit den Händen ab. Im Gegensatz zu *Pongo* sind beim Schimpanse in bipeder Haltung die Knie gebeugt (THORPE et al. 2007; Abb. 4). Beim Orang-Utan ist bemerkenswerterweise der äußere Condylus* des Schienbeins wie beim Schimpanse konvex geformt, bei *Danuvius* ist er dagegen flach ausgebildet (BÖHME et al. 2019). Von der Knochenstruktur kann man bei *Pongo* nicht auf die Fähigkeit zu einer bipeden

aufrechten Körperhaltung mit gestreckten Knien schließen. Auch dies zeigt, dass spezifische Schlüsse von Knochenmerkmalen auf die Fortbewegung kaum möglich sind.

Keine Korrelation zwischen Knochenansatz und Belastung von Bändern

Eine weitere grundsätzliche Kritik an den knochenmorphologisch-funktionellen Schlüssen von BÖHME et al. (2019) betrifft Aussagen bezüglich der Bandstrukturen. Nach BÖHME et al. (2019) weist die außergewöhnlich stark ausgebildete Eminentia intercondylaris (Erhebung zwischen den beiden Condylen des Schienbeins) bei *Danuvius* auf stark entwickelte Kreuzbänder hin. Außerdem erwähnen die Autoren kräftige Knochenkämme für den Ansatz der bindegewebigen Scheiden der Sehnen der Beugemuskulatur an den Fingergrundgliedern als Hinweis auf eine suspensorische Fortbewegung. Dies impliziert den Schluss von starken Knochenansätzen auf dort ansetzende stark ausgebildete bindegewebige Scheiden und von diesen wiederum auf starke Handbeugemuskeln. An der Großzehe schließen BÖHME et al. (2019) von gut entwickelten knöchernen Ansätzen auf gut entwickelte Muskeln.

Für diese Zusammenhänge gibt es keine Belege. Im Gegenteil, bisherige Untersuchungen konnten keinen Zusammenhang zwischen der

Glossar

Abduktor: Muskel, der vom Körper weg-führt

Artikulation: Gelenkverbindung

biped: zweibeinig

Condylus: Gelenkkopf eines Knochens

costal: zur Rippe gehörend

craniodental: zu den Zähnen und dem Schädel gehörend

Dorsalflexion: Beugung eines Bewegungssegments nach dorsal, d. h. zum Rücken, Handrücken oder Fußrücken hin.

Glutealmuskeln: Muskeln, die das Gesäß formen.

Homininen: Menschenähnliche; damit werden alle fossilen und lebenden Menschenformen einschließlich ihrer im

Evolutionsmodell vermuteten Vorläufer bezeichnet.

inferolateral: unten und seitlich

Inversion: Kombinationsbewegung aus Auswärtsdrehung, Heranführung an den Körper und Bewegung in Richtung der Sohlenrichtung des Fußes.

Kyphose: Krümmung nach hinten

Lordose: Krümmung nach vorn

Malleolus: hammerförmiger Knochen-vorsprung an Schienbein und Wadenbein

medioateral: zur Mitte und Seite hin

posteriosuperior: hinten und oben

Processus transversus: paariger Querfortsatz eines Wirbels

trochlear: rollenförmig

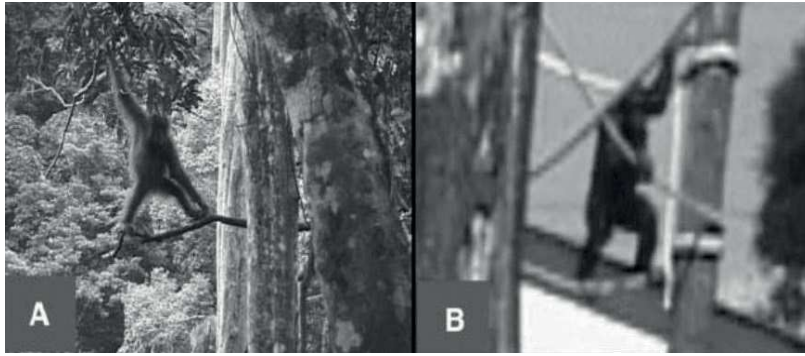


Abb. 4 Bipédie des Orang-Utans (*Pongo*) und des Schimpansen (*Pan*) beim Klettern. **A** Mit den Armen unterstützte Bipédie mit gestreckten Knien beim Orang-Utan. **B** Mit den Armen unterstützte Bipédie mit gebeugten Knien beim Schimpansen. (Nach THORPE et al. 2007, Abb. 1, A und D)

Muskelstärke und der Größe und Struktur des Knochenansatzes der Muskelsehne (Enthese) nachweisen. Es existiert somit keine Korrelation zwischen der Belastung und der Ausbildung der Entese, wie BÖHME et al. (2019) in ihrer Argumentation voraussetzen (ZUMWALT 2006, RABEY et al. 2015, WILLIAMS-HATALA et al. 2016, WALLACE et al. 2017).

Entgegen BÖHME et al. (2019) gibt es bis heute keinen Nachweis für die Korrelation zwischen der Ausbildung des Knochenansatzes und der Belastung durch die ansetzende Sehne.

BÖHME et al. (2019) vermuten weiter, dass die stark entwickelten Kreuzbänder Drehmomenten entgegenwirken, die durch Rotation des Körpers über die Knie entstehen. Sowohl die funktionelle Rolle der Kreuzbänder als auch die postulierte Rotation des Körpers über die Knie sind Spekulationen, ebenso die anderen oben angeführten knochenmorphologisch-funktionellen Kausalketten.

Bewertung von *Danuvius*

BÖHME und ihre Kollegen (2019) haben mit *Danuvius guggenmosi* eine neue fossile Menschenaffenart entdeckt, die nach den craniodentalen Merkmalen aus dem Formenkreis der Dryopithecinen stammt. Der Affe aus dem bayerischen Allgäu wird auf 11,62 Millionen Jahre datiert. Die Körperproportionen von *Danuvius* sind ähnlich denen des Zwergschimpansen. Im Bereich des Körperstamm- und Extremitätenskeletts zeigt der neue Primat eine bisher unbekannte Kombination von Merkmalen, die auf eine unbekannte Fortbewegungsweise schließen lässt. BÖHME et al. (2019) vermuten, dass sie eine Kombination von Suspension (Hangeln in Bäumen) und Bipédie mit gestreckten unteren Gliedmaßen war. *Danuvius* könnte nach BÖHME et al. (2019) ein mögliches Modell der Fortbewegung des letzten gemeinsamen Ahnen von Großaffe und Mensch repräsentieren. Als

realhistorisch letzter gemeinsamer Ahne von Schimpanse und Mensch ist *Danuvius* mit 11,6 Millionen Isotopenjahren zu alt, denn im heutigen Evolutionsmodell trennten sich Mensch und Schimpanse vor 5 bis 7 Millionen Isotopenjahren vom letzten gemeinsamen Ahnen.

Der Beginn der vermuteten Evolution des menschlichen zweibeinigen Gehens erfolgte nach BÖHME et al. (2019) fortbewegend in Bäumen. Nach heutigem Kenntnisstand weisen einige Merkmale von *Danuvius guggenmosi* eindeutig auf Fortbewegungsaktivitäten in Bäumen hin. Weitere Schlüsse zur Fortbewegung des neuen Menschenaffen sind jedoch sehr unsicher, da die knochenmorphologisch-funktionellen Ketten-schlüsse von BÖHME et al. (2019) spekulativ sind.

KIVELL (2019) weist in einem Begleitkommentar in *Nature* zu der Veröffentlichung von BÖHME et al. (2019) darauf hin, dass viele fossile Großaffen aus dem Miozän einen Mix von Skelettanpassungen aufweisen, der unähnlich denen der lebenden Großaffen ist. Oft könne man nur raten, wie sich diese Großaffen fortbewegten und wie viel Zeit sie dabei in Bäumen oder auf dem Erdboden verbrachten. Diese Einschätzung dürfte im Grundsatz auch auf *Danuvius* zutreffen, da dessen Gesamtfortbewegungsrepertoire aufgrund des einmaligen Merkmalsmixes ebenfalls nicht sicher zu bestimmen ist.

Falls *Danuvius* sich tatsächlich biped mit gestreckten unteren Extremitäten in Bäumen fortbewegt hat, wie BÖHME et al. (2019) vermuten, entstand gemäß Evolutionsmodell der zweibeinige Gang schon bei den Menschenaffen lange vor Abspaltung der Homininen vom gemeinsamen Großaffe-Mensch-Vorfahren und dies geschah auch nicht in Afrika, wie bisher postuliert, sondern in Europa. Die Bipédie wäre damit nicht mehr das entscheidende Identifikationskriterium von Homininen. Die im Evolutionsmodell als frühe Homininen klassifizierten Primaten mit Kletteranpassungen könnten deshalb auch Großaffen mit einem heute nicht mehr zu beobachtenden Fortbewegungsmix gewesen sein.

Im Grundtypkonzept der Schöpfungslehre repräsentiert *Danuvius guggenmosi* eine ausgestorbene Art eines Menschenaffen-Grundtyps. Innerhalb von Grundtypen sind aufgrund angelegter (latenter) genetischer Programme zahlreiche Skelettmerkmalskombinationen zu erwarten. Menschenaffen, die sich in Bäumen hangelnd und mit gestreckten Beinen biped auf Baumzweigen abstützend fortbewegten, sind in diesem Modell gut denkbar.

Literatur

BATES KT, COLLINS D, SAVAGE R, MCCLYMONT J, WEBSTER E, PATARY TC, D'AOUT K, SELLERS WI, BENNETT MR,

- CROMPTON RH (2013) The evolution of compliance in the human lateral mid-foot. *Proc. R. Soc. B* 280, 20131818.
- BÖHME M et al. (2019) A new Miocene ape and locomotion in the ancestor of great apes and humans. *Nature* 575, 489–493.
- BOJSEN-MÖLLER F (1979) Calcaneocuboid joint and stability of the longitudinal arch of the foot at high and low gear push off. *J. Anat.* 129, 165–176.
- BRANDT M (2017b) Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? *Australopithecus sediba* und sein merkwürdiges Merkmalsmosaik. In: BRANDT M: Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. *Stud. Integr. Special* 1, S. 7–48.
- D'AOÛT K, AERTS P, DE CLERCQ D, DE MEESTER K & VAN ELSACKER L (2002) Segment and joint angles of hind limb during bipedal and quadrupedal walking of the bonobo (*Pan paniscus*). *Am. J. Phys. Anthropol.* 119, 37–51.
- DESILVA JM (2010) Revisiting the “midtarsal break”. *Am. J. Phys. Anthropol.* 141, 245–258.
- DESILVA JM & GILL SV (2013) Brief communication: a midtarsal (midfoot) break in the human foot. *Am. J. Phys. Anthropol.* 151, 495–499.
- ELFTMAN H & MANTER J (1935a) Chimpanzee and human feet in bipedal walking. *Am. J. Phys. Anthropol.* 20, 69–79.
- ELFTMAN H & MANTER J (1935b) The evolution of the human foot, with especial reference to the joints. *J. Anat.* 70, 56–67.
- GREINER TM & BALL K (2014) Kinematics of primate mid-foot flexibility. *Am. J. Phys. Anthropol.* 155, 610–620.
- HOLOWKA NB, O'NEILL MC, THOMPSON NE & DEMES B (2017) Chimpanzee and human midfoot motion during bipedal walking and the evolution of the longitudinal arch of the foot. *Journal of Human Evolution* 104, 23–31.
- KIVELL TL (2019) Fossil ape hints at how bipedal walking evolved. *Nature* 575, 445–456.
- LUNDGREN P, NESTER C, LIU A, ARNDT A, JONES R, STACOFF A, WOLF P & LUNDBERG A (2008) Invasive in vivo measurement of rear-, mid- and forefoot motion during walking. *Gait Posture* 28, 93–100.
- PROCTOR DJ (2013) Proximal metatarsal articular surface shape and the evolution of a rigid lateral foot in hominins. *J. Hum. Evol.* 65, 761–769.
- RABEY KN, GREEN DJ et al. (2015) Locomotor activity influences muscle architecture and bone growth but not muscle attachment site morphology. *J. Hum. Evol.* 78, 91–102.
- SUSMAN RL (1983) Evolution of the human foot: evidence from Plio-Pleistocene hominids. *Foot Ankle* 3, 365–376.
- THORPE SKS, HOLDER RL & CROMPTON RH (2007) Origin of human bipedalism as an adaptation for locomotion on flexible branches. *Science* 316, 1328–1331.
- VEREECKE E, D'AOÛT K, DE CLERCQ D, VAN ELSACKER L & AERTS P (2003). Dynamic plantar pressure distribution during terrestrial locomotion of bonobos (*Pan paniscus*). *Am. J. Phys. Anthropol.* 120, 373–383.
- WALLACE IJ, WINCHESTER JM, SU A, BOYER DM & KONOW N (2017) Physical activity alters limb bone structure but not enthesal morphology. *J. Hum. Evol.* 107, 14–18.
- WARD CV, KIMBEL WH & JOHANSON DC (2011) Complete fourth metatarsal and arches in the foot of *Australopithecus afarensis*. *Science* 331, 750–753.
- WILLIAMS-HATALA EM, HATALA KG, HILES S & RABEY KN (2016) Morphology of muscle attachment sites in the modern human hand does not reflect muscle architecture. *Sci. Rep.* 6:28353.
- ZUMWALT A (2006) The effect of endurance exercise on the morphology of muscle attachment sites. *J. Exp. Biol.* 209, 444–454.

Anmerkung

- Bei der plantigraden vierfüßigen Fortbewegung wird die gesamte Fußfläche und bei der palmigraden vierfüßigen Fortbewegung die gesamte Handfläche auf die Unterlage aufgesetzt.

Anschrift des Verfassers:

*Dr. Michael Brandt, Zittauer Str. 20, 01099 Dresden;
E-Mail: michael-brandt@t-online.de*

■ Leserbrief

In *Studium Integrale Journal* 2/2019 findet sich ein Bericht über einen neu entdeckten Trick des Bienenwolfes zur Eindämmung der Mikroflora in seiner unterirdischen Brutkammer: Der im Ei befindliche Embryo produziert Stickstoffmonoxid und schafft so eine lebensfeindliche Atmosphäre in der Brutkammer. Der Bienenwolf fasziniert mich schon seit Jahren. Er wendet wie z. T. beschrieben noch mehrere andere Strategien an, um die Widersacher zu bremsen. So werden die als Nahrung für die Larve dienenden gelähmten Honigbienen mit einem wachsartigen Sekret überzogen, so dass sie trockener bleiben und schwerer von Schimmelpilzen befallen werden können. Außerdem wird die Wand der Brutkammer mit einer aus den Fühlern austretenden weißen Masse bestrichen. Darin enthalten sind neun Streptomycesarten (Bakterien), die Antibiotika produzieren. Das bremst die Vermehrung von Pilzen und Bakterien in der Brutkammer. Wenn die Larve den Kokon zur Verpuppung spinnt, werden diese Streptomyces von der Wand mit in den Kokon eingewebt. Es entsteht eine

mit Antibiotika bewehrte Puppenhülle. Diese auf sehr unterschiedlichen Wegen wirkenden Strategien hat der Bienenwolf in evolutionstheoretischer Lesart in einem langdauernden Wettstreit mit seinen Widersachern entwickelt, in sogenannter Koevolution. Um diese evolutionstheoretische Erwartung zu überprüfen, wäre es von großem Interesse, die Gemeinschaft von Pilzen und Mikroorganismen in der Brutkammer des Bienenwolfes näher zu untersuchen. Sind es besonders angepasste Arten oder sind es dieselben Arten, die auch außerhalb der Brutkammer vorkommen? Haben sie eine besondere Toleranz gegenüber Stickstoffmonoxid oder Antibiotika entwickelt? Diese Fragen sollten positiv zu beantworten sein, wenn der Bienenwolf seine Abwehrstrategien im ständigen Wettstreit mit seiner Begleitflora entwickelt hat. Die beeindruckende „Hochrüstung“ des Bienenwolfes lässt erwarten, dass auch bei seinen Begleitern einige interessante Gegenmaßnahmen zu finden sein werden.

Johann-Adalbert Hewicker, Dannenberg

Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten

2. Latente Information und präexistente genetische Programme

Es sind mehrere Mechanismen bekannt, durch die bereits angelegte Variationen und Variationsprogramme verborgen bleiben oder ausgeprägt werden können. Dieses präexistente Potenzial ermöglicht eine schlüssige Erklärung für die Entstehung der Arten innerhalb genetischer Familien (Grundtypen) – ohne Mutationen.

Nigel Crompton

Im ersten Teil unserer Serie wurde Mendels Gesetz über die Kombinationen von Merkmalen vorgestellt und gezeigt, dass latente (verborgene) genetische Informationen ein enormes Variationspotenzial beinhalten können. Wie aber werden die angelegten, schon vorhandenen (präexistenten) genetischen Variationsprogramme latent* gehalten und durch welche Mechanismen können sie abgerufen werden? Unterschiedliche Ausprägung dieser Information kann schließlich zu Artbildung* führen, also zur Bildung verschiedener Arten innerhalb einer genetischen Familie (Grundtyp).

Latente Information: Dominanz, Epistase und Transposition

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Wie wird die Information für die Merkmale im Erbgut latent gehalten, ohne ausgeprägt (exprimiert*) zu werden? Dass Information latent

vorhanden sein kann, ist für Biologen nichts Ungewöhnliches. So ist in den Chromosomen einer Zygote* Information latent vorhanden, und sie reicht aus, um für die vielen Merkmale zu codieren, die zur Herstellung aller weiteren Zellarten eines ganzen Organismus notwendig sind. Beispielsweise ist in den Zellen eines Kakteenstecks Information für die schönsten Blüten latent vorhanden. Oder in den Zellen von Raupen ist Information für farbenfrohe Schmetterlinge latent enthalten. In den Zellen unseres eigenen Körpers ist Information für das andere Geschlecht latent vorhanden. In ähnlicher Weise ist die Information latent (nicht exprimiert) vorhanden, die für die vielen Merkmalsausprägungen codiert, welche für die Bildung der vielfältigen von einem Organismus abstammenden Arten erforderlich sind.

Es sind mindestens drei Mechanismen bekannt, wie die Information für die Merkmalsausprägungen in einem latenten Zustand gehalten werden: Dominanz, Epistasis und Transposition.

Dominanz

Dominanz ist die erste Möglichkeit, wie phänotypische Information in einem latenten, nicht-exprimierten Zustand gehalten wird (Abb. 1). Von Mendel stammen die Begriffe „dominant“ und „rezessiv“. Er schrieb: „Der Ausdruck ‚recessiv‘ wurde deshalb gewählt, weil die damit benannten Merkmale an den Hybriden* zurücktreten oder ganz verschwinden, jedoch unter den Nachkommen derselben, wie später gezeigt wird, wieder unverändert zum Vorschein kommen.“ Häufig ist der Unterschied zwischen einem dominanten Allel und einem rezessiven Allel nur eine Frage der Funktionalität. Ein dominantes Allel führt zu einem funktionsfähigen Protein, während ein rezessives Allel ein Protein mit beeinträchtigter Funktion oder vielleicht gar kein Protein zur Folge hat. Alternative Eigenschaften können jedoch viel komplexer sein (vgl. Abb. 2).

Epistasie

Epistasie (Abb. 3, 4) ist eine spezielle Form der *Gen-Interaktion*. Die Wechselwirkung von Genen (bzw. ihren Proteinen – auch Gen-Interaktion genannt) wurde zuerst bei den Ausprägungen des Kamms des Hahnes beobachtet und damals bezeichnet als „Koexistenz in einer Zygote von Elementen, die zu verschiedenen allelomorphen Paaren gehören“ (BATESON & PUNNETT 1905). Zwei Gene mit jeweils zwei Allelen bringen vier Merkmalsausprägungen eines Merkmals hervor (Abb. 2). In diesem Fall handelt es sich allerdings nicht um Epistasie. Epistasie liegt dann vor, wenn zumindest eine der vier Merkmalsausprägungen fehlt. Sie unterscheidet sich von der Dominanz, bei der die dominante Merkmalsausprägung die rezessive Merkmalsausprägung einfach verdrängt. Bei Epistasie dagegen verbirgt das Vorhandensein einer Merkmalsausprägung eines Gens (bzw. eines Allels*), das man epistatisch nennt, die Merkmalsausprägungen eines *anderen* Gens, das man hypostatisch nennt. Hier handelt es sich immer noch um Mendel'sche Genetik und es gibt entsprechend dominante und rezessive Epistasie.

Dominante Epistasie liegt vor, wenn ein einzelnes dominantes Allel eines Gens die Expression* der Allele des hypostatischen Gens unterdrückt. Als klassisches Beispiel gelten hier die Fruchtfarben des Kürbisses mit den Merkmalen weiß, gelb oder grün. Bei dieser Situation, bei der die Merkmalsausprägung der Farbe durch zwei Gene bestimmt wird, würde man vier Merkmalsausprägungen erwarten; da aber nur drei beobachtet werden, weist das darauf hin, dass hier Epistasie stattfindet. Das Vorliegen nur eines einzelnen dominanten epistatischen



Allels bewirkt, dass nur weiße Früchte ausgebildet werden. Wenn das dominante epistatische Allel homozygot* (und damit fixiert) ist, werden nur weiße Früchte bei sich selbst kreuzenden Nachkommen beobachtet, gelbe und grüne Früchte werden nie produziert (die Ausprägung dieser Farben wird unterdrückt). Dennoch kann die Information für gelbe und grüne Früchte durchaus latent im Erbgut vorhanden sein und in Hybriden exprimiert werden.

Rezessive Epistasie liegt vor, wenn beide Allele des epistatischen Gens in rezessiver Form vorhanden sein müssen, um die Ausprägung des hypostatischen Gens zu unterdrücken. Ein klassisches Beispiel dafür ist die Fellfarbe des Labradors mit den Merkmalen gold, schwarz oder braun (Abb. 3). Auch hier erwartet man mit zwei Genen vier Merkmalsausprägungen, und weil

Abb. 1 Hybriden (Mitte, F1) aus Königspudel und Wolf (oben, P) zeigen eindrucksvoll, dass Merkmalsausprägungen der Eltern im Hybriden verborgen sein können. Diese latenten Merkmalsausprägungen können dann in den Nachkommen der Hybriden (unteres Bild, F2) in verschiedensten Weisen zum Vorschein kommen. (Universität Kiel)

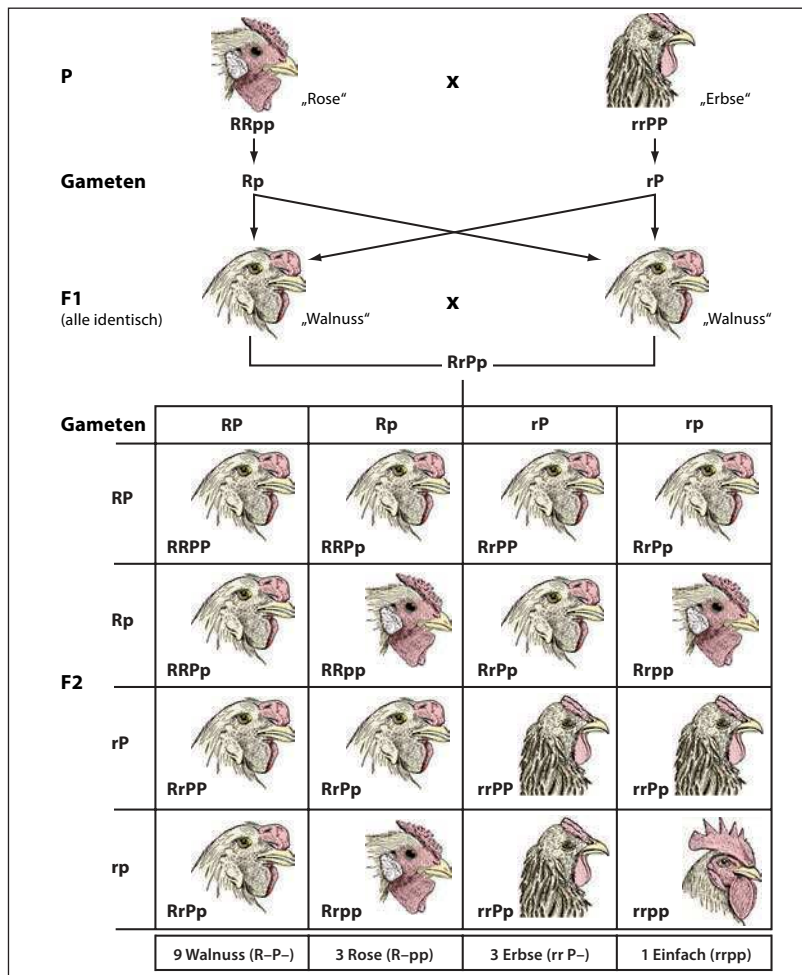


Abb. 2 Zwei Gene (jeweils mit zwei Allelen) wechselwirken miteinander, um vier Merkmalsausprägungen eines einzelnen Merkmals auszubilden – sogenannte Gen-Interaktion –, nach Studien der Genetiker Reginald PUNNETT und William BATESON von der Cambridge University. Gezeigt werden die Nachkommen der Selbstkreuzung von „Walnusskamm“, die wiederum durch eine Kreuzung von „Rosenkamm“ mit „Erbsenkamm“ entstanden ist. Hähne benutzen ihre Kämme zur Kühlung und zur Partnergewinnung. Hühner (bzw. Vögel im Allgemeinen) haben keine Schweißdrüsen und ihre Kämme (und Kehllappen) bieten eine große Oberfläche für den Wärmeaustausch. Die vier Hahnenkamm-Merkmalssausprägungen sind „Walnuss“, „Rose“, „Erbse“ und „Einfach“. Sie treten im vorhergesagten Mendel'schen Verhältnis von 9:3:3:1 auf. Bei Kreuzungsversuchen hat man nie Hybriden mit nur „Walnuss“ und „Einfach“ in den Nachkommen beobachtet, deshalb wurde zum ersten Mal eine Gen-Interaktion vorgeschlagen (BATESON & PUNNETT 1905). Mittlerweile betrachtet man Merkmalsausprägungen als Konsequenz von Wechselwirkungen zwischen Genen als normal. „Einfach“ ist der bekannte und auffällige Hahnenkamm. Die unregelmäßigen „Rosen“- und „Erbsen“-Kämme sind beide dominant über „Einfach“. Sie gehen auf Mutationen zurück, die durch eine unzweckmäßige Überexpression der zwei Gene *MRN2* und *SOX5* im Kopf des Embryos verursacht werden. „Rose“ und „Erbse“ wirken zusammen und bilden den stark reduzierten „Walnuss“-Kamm (IMSLAND et al. 2012; BOITE et al. 2012).

Kompakt

Es sind mehrere Mechanismen bekannt, durch die bereits vorhandene Erbinformation latent gehalten werden kann, also nicht ausgeprägt wird. Als Ursachen dafür werden Dominanz, Epistasie und Transposition beschrieben und an Beispielen erläutert. Dominante Gene können rezessive Gene im heterozygoten (mischerbigen) Zustand unterdrücken, die im reinerbigen (homozygoten) Zustand zur Ausprägung kommen können. Epistasie ist eine Form der Gen-Gen- (bzw. Protein-Protein-)Wechselwirkung und kann dazu führen, dass nicht nur einzelne Gene, sondern auch ganze Entwicklungsprogramme latent gehalten werden, wenn das hypostatische („unterdrückte“) Gen ein Regulationsgen ist. Transposition ist das Springen von Genen (Transposons) im Erbgut, das ebenfalls dazu führen kann, dass latente Geninformation zur Ausprägung gelangt; dieser Vorgang ist – anders als die Homozygotisierung – reversibel. Der Verlust der Mischerbigkeit kann zur Bildung verschiedener Arten innerhalb genetischer Familien* führen. Ausgehend von einem panheterozygoten Vorfahr (der in sehr vielen Merkmalen mischerbig ist) sind unterschiedlichste Kombinationen homozygot gewordener Gene und entsprechender Merkmalszustände denkbar, was einen enormen Pool an Möglichkeiten für spezialisierte Arten bildet. Die genetische Information ist bereits vorhanden und deshalb sind keine Mutationen nötig.

man nur drei sehen kann, weist dies darauf hin, dass Epistasie stattfindet. Wenn beide Allele des epistatischen Gens in rezessiver Form vorliegen, kommt nur die goldene Fellfarbe vor. Schwarze und braune Labradore werden in diesem Fall bei selbst kreuzenden Nachkommen nie zu sehen sein. Dennoch ist die Information für schwarze und braune Labradore latent im Erbgut vorhanden und kann in Hybriden exprimiert werden.

Warum ist die Epistasie für die Mendel'sche Artbildung so wichtig? Bei einfacher Dominanz ist eine der beiden Merkmalsausprägungen typischerweise nichtfunktional (z.B. geht die Farbe verloren) und tritt in rezessivem Zustand nicht in Erscheinung. Wenn jedoch eine Epistasie vorliegt, können auch komplette Entwicklungsprogramme latent gehalten werden, sofern das hypostatische Gen ein Regulationsgen ist, und die Aufhebung der Epistasie aktiviert diese dann. Ein Beispiel: *Arabidopsis* (Schmalwand) ist eine kleine krautige Pflanze aus der Familie der Kreuzblütler. Wenn zwei wichtige epistatische Suppressor-Gene ausgeschaltet werden, können sich ihre Nachkommen in einen Strauch wie eine Azalee verwandeln (MELZER et al. 2008; Abb. 5). Die Information für die Merkmalsausprägung ist zwar zuvor schon vorhanden, aber sie wird latent gehalten und wartet auf ihre Expression* durch

Ganze Entwicklungsprogramme können latent sein und durch epistatische Aufhebung ihrer Unterdrückung zur Ausprägung kommen.

Aufhebung der Epistasie. Von etwa 150 weiteren Kreuzblütlern in Mitteleuropa hat nur eine einzige Art, der im Jura-Gebirge vorkommende Felsen-Bauernsenf (*Iberis saxatilis*), einen holzigen Phänotyp. Eine Invasion von Inseln durch Arten krautiger Pflanzenfamilien wie Kreuzblütler, aber auch anderer Familien, führt jedoch zu einem unerwarteten Auftreten von vielen neuartigen holzigen Phänotypen (Arten und Gattungen) und auch anderen latenten Phänotypen wie latente Blütenfarben, Blütenstände oder Ausprägungen des Habitus (CARLQUIST 1971; 1974). Das Verholzungs-Programm und auch andere Programme sind also latent vorhanden und werden exprimiert, wenn die epistatische Unterdrückung ausgeschaltet wird.

Transposition

Von Transposition (Abb. 6) spricht man, wenn sich genetische Elemente (kurze DNA-Abschnitte) von einer Stelle in den Chromosomen zu einer anderen versetzen. Solche genetischen Elemente springen von einem Ort zum anderen.

Je nachdem, wie sie sich versetzen, werden sie entweder Transposons oder Retrotransposons genannt. Man hat herausgefunden, dass diese Versetzungen die Ursachen für bestimmte Merkmalsausprägungen sind. Zwar konnte Mendel diesen Mechanismus oder dessen Auswirkungen noch nicht kennen, aber die Transposition spielt eine einzigartige, zentrale Rolle bei der Erhaltung der Vielfalt. Ihr ist mindestens eines der von Mendel untersuchten Merkmale zu verdanken (die Samenform, siehe Textkasten).

Der Unterschied zwischen rotem und weißem Wein wird zum Beispiel durch ein Retrotransposon namens *Gret1* bewirkt, das in der Nähe eines Gens eingefügt wird, welches für die Regelung der Herstellung des roten Anthocyan-Pigments in Weintrauben zuständig ist. *Gret1* blockiert die Expression dieses Gens, welches für den Transkriptionsfaktor *VvmybA1* codiert. Wenn das Gen durch das Retrotransposon ausgeschaltet ist, wird kein Anthocyan mehr hergestellt und die Weintrauben werden nicht rot. Da nur eine funktionale Kopie des *VvmybA1* für die Synthese von Anthocyan erforderlich ist, müssen beide Kopien des Gens ausgeschaltet werden, was z.B. eine Selbstkreuzung erforderlich macht, um die homozygote Form mit ihren zwei Kopien von *VvmybA1* mit ausgeschaltetem *Gret1* zu bilden. Das ist bei weißen Weinsorten der Fall (Abb. 7). Wenn *Gret1* sich aber entfernt (herausspringt), erlangt das *VvmybA1*-Allel seine Aktivität zurück und es werden wieder rotes Pigment und rote Weintrauben erzeugt (KOBAYASHI et al. 2004).

Ein weiteres bemerkenswertes Beispiel für eine durch Transposition verursachte Merkmalsausprägung ist der Industriemelanismus bei Birkenspannern (Abb. 8), der sich aus der Einfügung eines großen Transposons in das erste Intron des *cortex*-Gens ergibt. In diesem Fall erzeugt das Transposon eine Verstärkung der *cortex*-Expression und dadurch eine dunklere Variante des Birkenspanners (VAN'T HOF et al. 2016).

Transposons und Mendel'sche Artbildung

Warum sind Transposons für die Mendel'sche Artbildung wichtig? Im Gegensatz zu alternativen Merkmalsausprägungen, die sich aus dem irreversiblen Verlust genetischer Informationen (durch Homozygotisierung) ergeben, können Transposons kommen und gehen oder sogar eine Feinregulierung der Genexpression bewirken. In diesen Fällen geht die Merkmalsinformation nicht verloren, wenn Gene homozygot „fixiert“ werden. Wenn sich die Transposons von einer bestimmten Position entfernen, wird die zuvor durch die Anwesenheit des Transposons unterdrückte Information wieder abgerufen. Die Transposition ermöglicht die vorübergehende

		Mutter		Vater	
					
		x EeBb			
F1					
	Gameten	EB	Eb	eB	eb
	EB	 EEBB	 EEBb	 EeBB	 EeBb
	Eb	 EEBb	 EEbb	 EeBb	 Eebb
F2	eB	 EeBB	 EeBb	 eeBB	 eeBb
	eb	 EeBb	 Eebb	 eeBb	 eebb

Abb. 3 Rezessive Epistasie am Beispiel der Fellfarbe dunkel (schwarz oder braun) und hell (goldfarben) beim Labrador. Es liegen zwei Gene zugrunde: B (B, b) und E (E, e). B ist dominant über b. Wenn wenigstens ein B vorliegt, ist das Fell schwarz, wenn b doppelt rezessiv ist, ist das Fell braun (BB, bB, Bb schwarz, bb braun). Das Gen E entscheidet, ob das Fell dunkel oder hell ist. Liegt wenigstens ein E vor, ist das Fell dunkel, ist e doppelt rezessiv, dann ist das Fell hell (goldfarben). Die helle Farbe entsteht dadurch, dass nur Phaeomelanin gebildet wird. Zur Ausprägung der dunklen Farbe muss Eumelanin produziert werden. In goldfarbenen Labradoren sind die Merkmalsausprägungen schwarz und braun vorhanden, bleiben aber latent. Das Allel B / b entscheidet also, welche der beiden dunklen Ausprägungen realisiert wird; das Allel E / e entscheidet, ob überhaupt dunkles Pigment (Eumelanin) produziert wird (nämlich dann, wenn wenigstens eines der Allele E ist). E ist somit rezessiv epistatisch über B, d.h. E kann B „ausschalten“, wenn es doppelt rezessiv vorliegt (ee); B verbleibt dann aber latent im Erbgut.

Unterdrückung von genetischer Information für eine oder mehrere Generationen ebenso wie die darauffolgende erneute Freigabe.

Die drei Mechanismen Dominanz, Epistasie und Transposition wirken zusammen, um alternative Merkmalsausprägungen zu erzeugen. Rezessive Merkmalsausprägungen können aus einer einfachen Inaktivierung dominanter Funktionen resultieren, wie z.B. durch Basenpaar-Substi-



Abb. 4 Epistasie kann auch doppelt auftreten, wie das Beispiel der Löffelenten zeigt, bei denen doppelte rezessive Epistasie (bzw. komplementäre Genwirkung) vorkommt. Die europäische Löffelente (*Spatula clypeata*, oben) und die Zimtene (*S. cyanoptera*, Mitte links) sind klar abgegrenzte eigenständige Arten. Interessanterweise sehen ihre Hybriden (unten) aus wie eine dritte Art, die australische Löffelente (*S. rhynchotis*, Mitte rechts). Besonders interessant ist der auffällige vertikale weiße Augestreifen der Hybriden, der bei keiner der beiden Elternarten ausgebildet ist, was Folge einer doppelten Epistasie ist. Die Information für die Ausprägung des Augestreifens ist also in den Elternarten vorhanden, dort jedoch latent. Im Hybriden dagegen wird sie ausgeprägt. (Aus SCHERER & HILSBURG 1982)

Abb. 5 Mitte: Polsterartige Formen des Pflanzenwuchses einer *soci1-3-* und *ful-2-* Mutante von *Arabidopsis thaliana* nach 8 Monaten Wachstum unter Kurztagbedingungen. Links: Habitus der nicht mutierten Wildpflanze nach wenigen kurzen Tagen. Rechts: Verholzung bei *Arabidopsis thaliana*. (Aus: MELZER et al. 2008, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

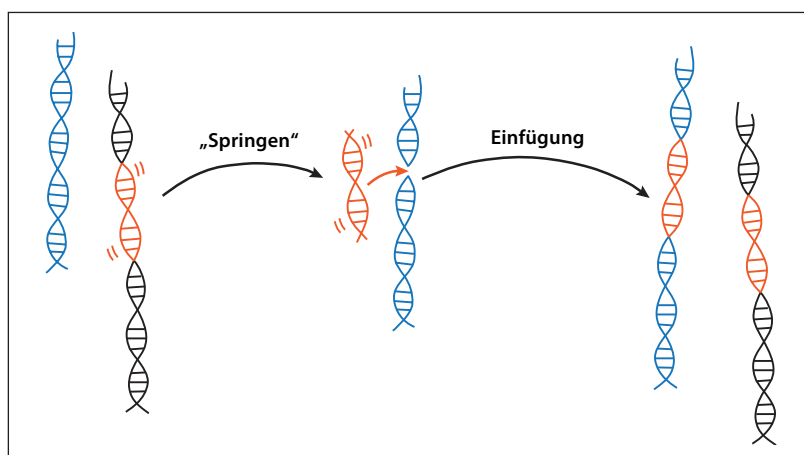


tution, d.h. durch Mutation. Weitaus flexibler ist der Einsatz von eingefügten genetischen Elementen (z.B. Transposons), die in der Lage sind, Genexpression auf eine fein dosierte Weise zu regulieren. Umfangreiche wissenschaftliche Forschung zeigt, wie diese genetischen Elemente die spezifische Stärke einer bestimmten Funktion (oder eines Merkmals) regulieren können, ebenso die spezifische Position in Organen und Geweben, wo eine Funktion aktiviert ist, und sogar, unter welchen spezifischen Umweltbedingungen die Expression stattfindet. Solche genetische Elemente sind nicht für die Ausbildung der Merkmale selbst erforderlich, können aber elegant ihre alternativen Ausprägungen ermöglichen.

Abb. 6 Schematische Darstellung der Transposition eines Transposons. Dargestellt sind zwei verschiedene Chromosomen (blau und schwarz) mit einem Transposon (rot, links). Dieses Transposon kann sich entweder herauschneiden oder eine Kopie von sich produzieren. Beim „Springen“ befindet sich das Transposon neben dem blauen Chromosom (Mitte) und kann sich in dieses Chromosom einfügen („Einfügung“) in das zweite (blaue) Chromosom, rechts). Beide Chromosomen erhalten ein Transposon nach dieser Form der Transposition.

Arten und genetische Familien

In der Geschichte der Biologie wurden viele Definitionen des Artbegriffs vorgeschlagen. Manche davon basieren auf der Genetik. Wenn jedoch (vor allem in der Feldforschung) für praktische Untersuchungen auf diesem Gebiet etwas „Handfestes“ benötigt wird, werden Merkmalskombinationen für die Artdefinition zugrunde gelegt. Dabei wird eine Art – mehr oder weniger – durch einen Satz von Merkmalsausprägungen festgelegt. Ein anderer Satz von Merkmalsausprägungen definiert eine andere Art.



Für die Definition einer Art gelten im Allgemeinen *einzelne* Merkmalsausprägungen nicht als ausreichend. Mendel schrieb, dass sich gute Arten durch *vielen* Merkmalsausprägungen unterscheiden: „Für die Versuche dienten grösstentheils Pflanzen, welche als gute Arten gelten und in einer grösseren Anzahl von Merkmalen verschieden sind.“ Er räumte allerdings ein, dass einige Erbsenvarianten als unabhängige Arten eingestuft werden könnten. Mendel bemerkte: „So wenig man eine scharfe Unterscheidungsline zwischen Hybriden und Varietäten zu ziehen vermag, ebenso wenig ist es bis jetzt gelungen, eine klare Grenze zwischen den Species selbst und ihren Varietäten aufzustellen.“ Wenn man bedenkt, dass eine große Anzahl von Merkmalsausprägungen eine gute Art von der nächsten unterscheidet, stellt sich die Frage, was eine Art überhaupt zu einer Art macht. Die berühmten Silberschwerter von Hawaii gehören zu einem Pflanzenverband von drei Gattungen und 30 Arten. Diese alle sind so eng miteinander verwandt, dass sie leicht Hybriden untereinander bilden. Alle zusammen gehören offenbar zu einer genetischen Familie, was sich in der Kreuzbarkeit der zugehörigen Arten zeigt. Doch die Arten innerhalb genetischer Familien unterscheiden sich durch viele Merkmalsausprägungen und weisen außergewöhnlich unterschiedliche Pflanzenformen auf. Diese Situation ist für viele eukaryotische Arten typisch.

Das lässt die Frage aufkommen, welcher Mechanismus der Artbildung für die Entstehung einer so großen Anzahl von unterschiedlichen Merkmalsausprägungen innerhalb genetischer Familien verantwortlich sein kann. Ganz bestimmt reichen dafür einfache Mutationen nicht aus (s.u.). Hier bietet die Mendel'sche Artbildung, eigentlich seine Entdeckung der meiotischen Rekombination, eine völlig überzeugende Lösung. Die Meiose* beeinflusst gleichzeitig alle Gene in einem Organismus und kann deshalb leicht innerhalb einer einzigen Generation umfassende Änderungen in einem Phänotyp* des Organismus bewirken.

Verlust der Mischerbigkeit

Hybridisierung führt zur Heterozygotie (Mischerbigkeit). Umgekehrt führt Fortpflanzungsisolation dazu, dass die Heterozygotie verloren geht (Abb. 9). Der Verlust der Mischerbigkeit führt allmählich dazu, dass neue differenzierende (heterozygot-hybride) Merkmalskombinationen zu neuartigen konstanten (homozygot-reinerbigen) Merkmalskombinationen werden. Mendels Gesetz über die Merkmalskombinationen bedeutet, dass n einzigartige Merkmale 2^n verschiedene Merkmalskombinationen hervorbringen kön-

nen, von denen nur eine mit der ursprünglichen Elternhybride identisch ist (vgl. Teil 1 der Artikelserie). Die Nachkommen behalten dieselbe Anzahl von Merkmalen (Genen) bei. Es sind die *Kombinationen* der dominanten und rezessiven Merkmalsausprägungen (Allele), die sich unterscheiden und zu neuen Arten führen. Wenn die Mischerbigkeit verloren geht, werden mit jeder Generation die vorherigen differenzierenden (heterozygoten*) Merkmale immer konstanter (homozygoter). Wenn in den Nachkommen einer ursprünglichen Hybride eine geeignete (Art-definierende) Mischung von konstanten (reinerbigen) Merkmalen entsteht, haben diese sich zu neuen Arten verwandelt. Verlust der Mischerbigkeit lässt Hybriden zu verschiedenen Arten werden.

Artbildung: Mutationen und präexistente genetische Information

Eine umfangreiche phänotypische Veränderung ist eine natürliche Folge der Meiose und der Mendel'schen Artbildung durch zunehmende Homozygotie (vgl. Abb. 9). Der alternative Mechanismus, die Entstehung der Arten zu erklären, dem in genetischen und biologischen Lehrbüchern die uneingeschränkte Deutungshoheit zugestanden wird, ist die Mutation*. Mutationen werden als die einzigen Quellen genetischer Information angesehen. Doch einzelne Mutationsereignisse können weitreichende phänotypische Änderungen alleine nicht erklären. *Zahlreiche* vorteilhafte Mutationen könnten möglicherweise tiefgreifende Veränderungen mit sich bringen. Allerdings sind die bisher beobachteten Beispiele von Ereignissen mit vielfachen Mutationen stets schädlich für die Organismen.¹ Das war schon immer die Achillesferse des Mutationsgeschehens. Mutationen sind ganz überwiegend mit Funktionsverlusten verbunden.

Latente genetische Information oder zahlreiche Mutationen als Basis für Artbildung?

Allgemein werden immer wieder folgende zwei Beobachtungen gemacht: Mutationen bilden keine neue phänotypischen Merkmale und Mutationen bilden keine neuen Arten (d.h. die nach Mendel „guten Arten“, s.o.). Vielfache nützliche Mutationen wären nötig, um auch nur ein einziges neues vorteilhaftes Merkmal zu erzeugen. Mehrfache Mutationen bringen jedoch erhebliche genetische und phänotypische Kollateralschäden mit sich. Denn Mutationen, die in latenter (rezessiver) Merkmalsausprägung als genetische Varianten akkumulieren, sind eine Quelle letztlich tödlicher Veränderungen. Akkumulierende Mutationsereignisse verschlechtern



tendenziell genetische Information (SCHOEN et al. 1998; UCHIMURA et al. 2017). Mutation ist in erster Linie eine Folge der Entropie in der biologischen Welt, die unerbittlich biologische Information beseitigt, insbesondere latente Information in Eukaryoten.

Abb. 7 Rote und weiße Traubensorten sind auf die Wirkung von Retrotransposons zurückzuführen (siehe Text). Links: U.S. Department of Agriculture – Agricultural Research Service (Gemeinfrei); Bild rechts: Kuschti (Gemeinfrei)

Prozesse, die zur Artbildung beitragen

Es gibt drei Prozesse, die zur Artbildung beitragen. Der erste Prozess, die meiotische Rekombination vorhandener Merkmalsinformation, führt zur Entstehung vielfacher neuer phänotypischer Merkmalskombinationen. Der zweite Prozess, die Fortpflanzungsisolation, ist notwendig, um die Hybridisierung zu vermeiden, die zur Heterozygotie zurückkehren und damit die phänotypische Vielfalt rückgängig machen würde, welche durch die meiotische Rekombination gewonnen wurde, und die bewirkt, dass ausgeprägte Merkmale wieder latent werden (vgl. Abb. 9). Der dritte Prozess, die Selektion, „erhält begünstigte Rassen“ (DARWIN 1859).

Der erste Prozess (**meiotische Rekombination**), der von MENDEL (1866) entdeckt wurde, führt zur Ausprägung latenter phänotypischer

Abb. 8 Die helle und die dunkle Form des Birken-spanners (*Biston betularia*) sind auf die Wirkung von Retrotransposons zurückzuführen (siehe Text).



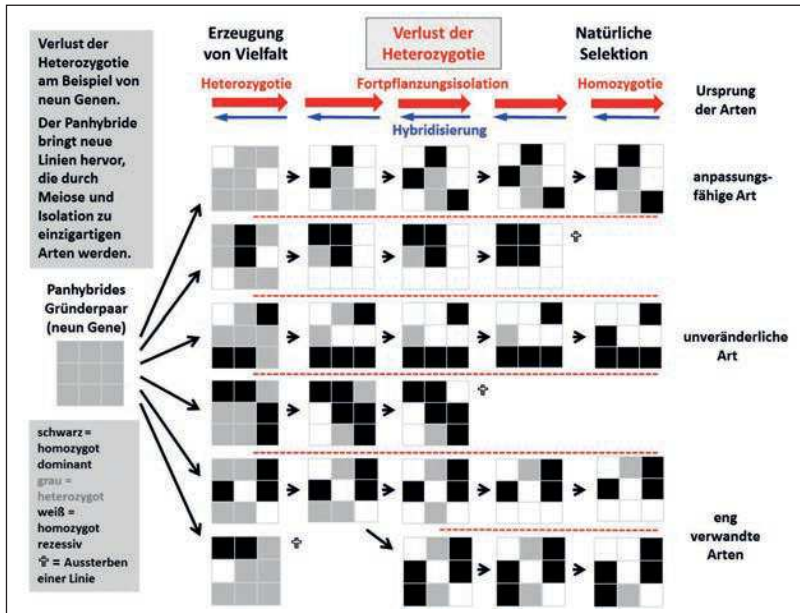


Abb. 9 Evolution eines Grundtyps (genetische Familie) mit neun Merkmalen. Genotypen der Population (bzw. Art) werden als 3x3-Matrizen dargestellt. Jede Spalte mit 3x3-Matrizen repräsentiert eine aufeinanderfolgende Generation und jede Zeile die evolutionäre Linie einer Population (bzw. Art). Jede Zelle in einer Matrix repräsentiert ein Merkmal: schwarz, homozygot dominant; grau, heterozygot; weiß, homozygot rezessiv. Nachdem die Populationen isoliert wurden (gestrichelte Linien), variieren nur heterozygote Merkmale (grau). Der Verlust der Heterozygotie führt zu einzigartigen Konstellationen homozygoter dominanter und rezessiver Merkmale, d. h. zur Entstehung von Arten. Populationen (Arten) sterben aus verschiedenen Gründen aus (☞). Die letzte Spalte stellt die heutigen Populationen (Arten) dar. Die meisten haben eine gewisse Heterozygotie und das Potenzial zur Diversifizierung bewahrt. Eine Art (3. Reihe) ist völlig homozygot und „unveränderlich“. Die Hybridisierung kann den Verlust der Heterozygotie (Pfeilkette) teilweise umkehren. In den beiden untersten Linien ist ein Verzweigungsereignis aufgetreten und die vorhandenen Nachkommen sind eng miteinander verwandt.

Merkmalsausprägungen. MENDELS Untersuchungen an Hybriden wurden an nahe miteinander verwandten Pflanzen durchgeführt, die sich in den Allelen eines, zweier oder dreier Gene unterscheiden. Eine Kreuzung kann jedoch auch zwischen Individuen verschiedener Gattungen erfolgen und diese können sich in den Allelen von Tausenden von Genen unterscheiden. Arten innerhalb einer genetischen Familie teilen gemeinsame kompatible Gene, und Kreuzungen kommen natürlicherweise vor, wenn sie auch gewöhnlich unterdrückt werden. Arten aus

separaten genetischen Familien besitzen jedoch inkompatible Garnituren von Genen; daher entstehen bei solchen Kreuzungen in der freien Natur keine Hybriden.

Der zweite Prozess, die **Fortpflanzungsisolierung**, ist für die Erhaltung neuer Merkmalskombinationen sehr wichtig, welche aus neuartigen Kombinationen homozygoter dominanter und rezessiver Allele entstehen (siehe dazu die dritte Folge dieser Artikelserie).

Der dritte Prozess, die **Selektion**, die von DARWIN (1859) so geschätzt und berühmt wurde, geschieht zwangsläufig. Selektion kommt in verschiedenen Formen vor: als natürliche, künstliche und sexuelle Selektion. Für die Entstehung neuartiger phänotypischer Merkmalsausprägungen bietet die Selektion allerdings keine Erklärung – sie beseitigt vorhandene Variation, erschafft sie aber nicht. Deshalb erklärt Selektion nicht die Entstehung der Arten. Sobald jedoch neuartige Merkmalsausprägungen aufgetreten sind, wird die Selektion, wenn diese Merkmalsausprägungen vorteilhaft sind, dafür sorgen, dass sie im Vergleich zu weniger vorteilhaften Merkmalsausprägungen innerhalb einer Population häufiger vorkommen. Falls die Merkmalsausprägungen aber unvorteilhaft oder weniger vorteilhaft als andere sind, wirkt die Selektion umgekehrt und entfernt diese Merkmalsausprägungen aus der jeweiligen Gruppe.

Latente genetische Information als entscheidende Quelle

Latente genetische Information (Mendels rezessive Elemente) bleibt die *alles entscheidende* Quelle für phänotypische Neuheiten. Die Wissenschaftlergemeinschaft erkennt dies immer mehr an. In Fällen, bei denen Merkmale sogenannte nicht-reduzierbare Komplexität aufweisen, muss eine Anzahl von funktionierenden Teilen gleichzeitig vorliegen und miteinander in Wechselwirkung stehen, damit das Ganze funktioniert. Es ist offensichtlich, dass Mutationsereignisse überhaupt nicht zufriedenstellend erklären können, wie solche nichtreduzierbar komplexen Merkmale entstanden sein könnten. In solchen Fällen wird Kooptation* als Erklärung vorgebracht; man kann das als eine Art Neuverwendung von vorhandener Information bezeichnen. Der Grund für die Erklärung durch Kooptation besteht darin, dass notwendige Information bereits vorhanden ist und somit problematische Szenarien mit unmöglichen Anzahlen von abgestimmten vorteilhaften Mutationsereignissen zum Erwerb neuer Information vermieden werden. Dieses Konzept läuft darauf hinaus, dass präexistente genetische Programme Artbildung möglich machen. So konnte z. B. gezeigt werden, dass die

Glossar

Allel: Variante ein und desselben Gens.
Artbildung: Aufspaltung einer Art (Spezi-
es) in zwei Tochterarten.
eukaryotisch: mit echten Zellkernen und
damit zur Meiose fähig.
Expression/exprimieren: Das Ablesen
und somit Nutzbarmachen von Genen.
exprimieren: → Expression.
genetische Familie: Familie, deren zuge-
hörende Arten durch verschiedene Merk-
malskombinationen einer präexisten-
ten Vielfalt charakterisierbar sind.
heterozygot: mischerbig (das Gen liegt
in zwei verschiedenen → Allelen vor.)
homozygot: gleicherbig (das Gen liegt in
zwei gleichen Allelen vor.)
Hybrid: Mischling.
Kooptation: Übernahme von Genen für

eine weitere Funktion.
latent: versteckt, verborgen.
Meiose: Reifeteilung, Bildung der Ge-
schlechtszellen.
Mutation: Spontane oder künstlich aus-
gelöste Änderung des Erbguts.
Phänotyp: äußere Erscheinungsform.
Splice-Stelle: Position in einem Gen, an
dem Teile des Gens vor der Bildung der
mRNA herausgeschnitten werden.
Transkriptionsfaktor: Regulationsprote-
in, das für die Initiation der RNA-Polyme-
rase bei der Transkription (Übersetzung
von DNA in mRNA) von Bedeutung ist.
Zygote: Zelle von → Eukaryoten, die
bei der geschlechtlichen Fortpflanzung
durch Verschmelzung von einer Eizelle
und einem Spermium entsteht.

außergewöhnliche Radiation der Buntbarsche der großen afrikanischen Seen aufgrund der schon vorhandenen Variation möglich wurde (BRAWAND et al. 2014). In anderen Worten, bei Tausenden von Artbildungsereignissen wurde auf präexistente genetische Programme zurückgegriffen, und diese waren von Anfang an im Erbgut der Buntbarsche vorhanden.

Präexistente Variationsprogramme erlauben also eine schlüssige Erklärung für die Ausprägung vielfältiger Merkmale und sind eine wichtige Voraussetzung für Artbildung innerhalb genetischer Familien. Wie aber können entstehende Arten voneinander isoliert werden? Das ist Thema des dritten Teils dieser Artikelserie.

Anmerkung

¹ Das Problem besteht darin, dass mehrere vorteilhafte Mutationen gleichzeitig erforderlich sind, um eine neue Funktion zu ermöglichen. Wenn sie sukzessiv auftreten, müssten sie aufeinander abgestimmt und jederzeit selektierbar sein. Das ist theoretisch nicht zu erwarten und in der Praxis nie beobachtet worden – im Gegenteil, wie die genannten Beispiele zeigen. Denn mit jeder neuen vorteilhaften Mutation ist die Wahrscheinlichkeit einer weiteren passenden Mutation nicht additiv weniger wahrscheinlich, sondern sogar exponentiell weniger wahrscheinlich und damit sehr bald praktisch unmöglich.

Literatur

- BATESON W & PUNNETT RC (1905) A suggestion as to the nature of “walnut” comb in fowls. *Proc. Camb. Phil. Soc.* 13, 165–168.
- BOIJE H, HARUN-OR-RASHID M et al. (2012) Sonic Hedgehog-signalling patterns the developing chicken comb as revealed by exploration of the Pea-comb mutation. *PLoS One* 7: e50890.
- BRAWAND D, WAGNER CE et al. (2014) The genomic substrate for adaptive radiation in African cichlid fish. *Nature* 513, 375–381.
- CARLQUIST S (1971) Wood anatomy of Macaronesian and other Brassicaceae. *Aliso* 7, 365–384.
- CARLQUIST S (1974) *Island Biology*. Columbia University Press, New York, NY.
- DARWIN C (1859) *On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life*. John Murray, London.
- IMSLAND F, FENG C et al. (2012) The Rose-comb mutation in chickens constitutes a structural rearrangement causing both altered comb morphology and defective sperm motility. *PLoS Genet* 8: e1002775.
- MELZER S, LENS F, GENNEN J, VANNESTE S, ROHDE A & BEEKHAM T (2008) Flowering-time genes modulate meristem determinacy and growth form in *Arabidopsis thaliana*. *Nature Genet.* 40, 1489–1492.
- MENDEL G (1866) Versuche über Pflanzenhybriden. *Verh. Naturforsch. Vereins Brünn* 4, 3–47.
- SCHERER S & HILSBURG T (1982) Hybridisierung und Verwandtschaftsgrade innerhalb der Anatidae — eine systematische und evolutionstheoretische Betrachtung. *J. Ornithol.* 123, 357–380.
- SCHOEN DJ, DAVID JL & BATAILLON TM (1998) Deleterious mutation accumulation and the regeneration of genetic resources. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 95, 394–399.
- UCHIMURA A, HIGUCHI M et al. (2017) Germline mutation rates and the long-term phenotypic effects of mutation

Mendels Versuchsergebnisse aus heutiger Sicht

Dominanz, Epistasie und Transposition waren Mendel nicht bekannt. Dennoch schrieb er über die „innere Beschaffenheit“ der Hybriden (ihren Genotyp), und was weitervererbt wurde, nannte er „Elemente“, also das, was wir heute als Gene oder Allele bezeichnen. Er schrieb, dass die Hybridisierung bei der Befruchtung „in der materiellen Beschaffenheit und Anordnung der Elemente begründet ist, die in der Zelle zur lebensfähigen Vereinigung gelangten“.

Was wissen wir heute über die materielle Beschaffenheit und Anordnung der von Mendel so bezeichneten „Elemente“, der alternativen Allele? Mendel untersuchte sieben Erbsenmerkmale. Das erste Merkmal war die Samenform. Reife Samen haben entweder eine runde oder runzelige Form. Runzelige Erbsen sind kommerziell interessanter, weil sie süßer sind als runde Erbsen. Die runzelige Form ist rezessiv (*r/r*). Sie wird von einem Transposon verursacht, das in das Gen eingefügt wird, welches das stärkespaltende Enzym codiert. Diese Einfügung führt zu einer Anreicherung einfacher Zucker, was schließlich zu einem stärkeren Schrumpfen der Keimblätter und zu einer runzeligen Erbse führt (BHATTACHARYA et al. 1990; RIED & ROSS 2011).

Das zweite Merkmal war die Samenfarbe. Die Samen sind entweder gelb oder grün. Die grüne Form ist rezessiv (*i/i*). Sie ergibt sich aus dem Einfügen von sechs Nukleotiden, wodurch das *sgr*-Gen ausgeschaltet wird, das für die mit der Seneszenz verbundene Spaltung der Chlorophyll-Moleküle zuständig ist (ARMSTEAD et al. 2007; SATO et al. 2007; AUBRY et al. 2008). Diese Einfügung von sechs Nukleotiden könnte anzeigen, wo ein Transposon entfernt wurde (SCOTT et al. 1996).

Das dritte Merkmal war die Farbe der Samenschale – die auch die Blütenfarbe beeinflusst. Die Blüten sind entweder violett oder weiß. Die weiße Form ist

rezessiv (*a/a*). Sie ergibt sich aus einer Mutation, und zwar einer Transition von Guanin nach Adenin bei einer Spleißstelle* im A-Gen, was zu einem verkürzten Transkriptionsfaktor* führt. Dieser wird verwendet, um die Expression von Genen zu regulieren, die für die Synthese von Anthocyanin (violetter Pigment) erforderlich sind (ELLIS et al. 2011). Das vierte, fünfte und sechste Merkmal wurde auf der molekularen Ebene noch nicht untersucht. Das siebte Merkmal war die Stängellänge. Die Pflanzen haben entweder eine normale Höhe oder sind zwergwüchsig. Die Zwergform ist rezessiv (*le/le*). Sie ergibt sich aus einer Transition von Guanin nach Adenin, die zu einer Substitution der Aminosäure Alanin zu Threonin führt, wodurch ein 3β-Hydroxylase-Enzym (= 3-Oxidase) nicht mehr in der Lage ist, aktives Gibberellin-Hormon zu bilden, was das Wachstum verhindert (LESTER et al. 1997; MARTIN et al. 1997).

Das sind vier lehrreiche Beispiele. Drei Änderungen ergeben sich aus einem Informationsverlust und unterstreichen damit, wie schädlich Mutationsereignisse sind. Mendels erstes Merkmal ergibt sich jedoch aus einem Transpositionereignis. In diesem Fall geht die Information nicht verloren, selbst wenn eine Population solcher Pflanzen isoliert und der *r/r*-homozygote Zustand fixiert war. Denn wenn das Transposon herauspringt, kann die ursprüngliche *R*-Gen-Funktion wiederhergestellt werden. Transposons sind allgegenwärtig und auf sie entfällt in den meisten Organismen ein sehr großer Anteil der DNA. Man kann vernünftigerweise davon ausgehen, dass sie bei der phänotypischen Vielfalt eine bedeutsame Rolle spielen.

Die Quellen zu diesem Kastentext finden Sie unter <https://www.si-journal.de/jg27/heft/mendel-2.pdf>

accumulation in wild-type laboratory mice and mutator mice. *Genome Res.* 25, 1125–1134.

VAN’T HOF AE, CAMPAGNE P et al. (2016) The industrial melanism mutation in British peppered moths is a transposable element. *Nature* 534, 102–105.

YAO JL, DONG YH & MORRIS BAM (2001) Parthenocarpic apple fruit production conferred by transposon insertion mutations in a MADS-box transcription factor. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 98, 1306–1311.

Anschrift des Verfassers:

Prof. Dr. Nigel Crompton, De Witt Center for Science and Technology, Cornerstone University, 1001 East Beltline Ave NE; Grand Rapids, MI 49525 USA, E-Mail: nigel.crompton@cornerstone.edu

Eine ausführlichere Version dieses Artikels ist als mittlerer Teil eines Internetartikels veröffentlicht unter: https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-3_mendel.pdf

Primeln und Lungenkraut im Frühlingswald

Wie Supergene die Polyvalenz von Grundtypen nahelegen

Naturfreunde staunen über die beiden Blütentypen der Schlüsselblumen (Primeln) und anderer Blütenpflanzen. Hinter dem Phänomen der Verschiedengrifflichkeit (Heterostylie) stecken aber auch spannende genetische Grundlagen, die interessante Aspekte des Erbguts offenbaren und für eine geplante Konstellation sprechen.

Peter Borger

Einleitung

Wer im Frühlingswald schon einmal Schlüsselblumen oder das Lungenkraut mit einer Lupe näher betrachtet hat, hat vielleicht die beiden unterschiedlichen Blütentypen entdeckt. Manche Blüten besitzen lange Griffel und tief

ansitzende Staubblätter, andere haben kurze Griffel und hoch ansitzende Staubblätter (Abb. 1). Der Einfachheit halber sollen die beiden Staubblatttypen als „kurz“ und „lang“ bezeichnet werden. Die Kombination aus langem Griffel mit kurzen Staubblättern nennt man den **L (Lang)**-Phänotyp (bzw. für „long“), während die Kombination aus einem kurzen Griffel und langen Staubblättern als **K (Kurz)**-Phänotyp* bezeichnet wird (bzw. üblicherweise **S** für „short“). Diese Zweiförmigkeit wird in der Botanik als Heterostylie (Verschiedengrifflichkeit) bezeichnet.

Kompakt

Heterostylie (Verschiedengrifflichkeit) ist ein faszinierendes Merkmal von Blüten in einer Vielzahl von Pflanzenfamilien und dient dazu, Inzucht zu verhindern. Bei der verbreitetsten Ausprägung der Heterostylie entwickeln Pflanzen entweder Blüten mit kurzem Griffel und oben in der Kronröhre ansitzenden Staubblättern (**K-Typ**) oder mit langem Griffel und unten in der Kronröhre ansitzenden Staubblättern (**L-Typ**). Die Tatsache, dass man ausschließlich Pflanzen mit entweder **K-** oder **L-Typen** beobachtet, deutet auf die Beteiligung nur eines einzigen Gens hin. Eine Besonderheit besteht jedoch darin, dass mehrere klar abgegrenzte Merkmale (Griffellänge, Staubblattposition, Pollenkorngroße) gleichzeitig ausgeprägt sind, was auf mindestens drei Gene schließen lässt. Es hat sich herausgestellt, dass Heterostylie durch einen einzigen genetischen Locus (Genort) mit fünf Genen bestimmt wird, der als ein einziges Supergen vererbt wird. Nach evolutionstheoretischen Vorstellungen ist dasselbe Supergen 6-mal unabhängig in unterschiedlichen Pflanzenfamilien entstanden, ein Phänomen, das als Konvergenz gedeutet wird. Die molekulargenetischen Beobachtungen legen jedoch nahe, dass die zugrunde liegende Genetik als Beleg für programmierte Variabilität (Polyvalenz) gewertet werden kann.

Eine kleine Geschichte der Heterostylie

Die erste Beschreibung dessen, was wir heute als Heterostylie bezeichnen, geht auf eine lateinische Veröffentlichung von Carolus Clusius, einem flämisch-niederländischen Botaniker des 16. Jahrhunderts, zurück. In einer frühen Veröffentlichung seines Buches *Rariorum aliquot Stirpium, per Pannoniam, Austriam, & vicinas quasdam Provincias observatarum Historia* beschreibt er im

Jahr 1583 die zwei unterschiedlichen Blütentypen, nicht nur für Primeln, sondern auch für mehrere andere Arten (einen Überblick über die Geschichte der Erforschung der Heterostylie liefert GILMARTIN 2015). Der berühmte Botaniker Carolus Linnaeus übersah offenbar die Heterostylie, denn in seiner Arbeit *Systema Naturae* von 1787 beschreibt er nur den **L**-Phänotyp für *Primula*. Auch in seinen anderen Werken finden sich keine Erwähnungen der unterschiedlichen Typen der Primelblüten. Erst 1818 präsentierte der französische Naturforscher Pierre Jean Francoise Turpin Bilder von Primeln, die die **L**- und **K**-Phänotypen zeigen, etwa zeitgleich mit dem britischen Botaniker J. S. Henslow, der 1826 beide Blütentypen zeichnete.

Obwohl mehrere Naturforscher die beiden Blütentypen beschrieben oder gezeichnet hatten, erkannten sie ihre Bedeutung nicht. Es erforderte einen ausgezeichneten Beobachter, der die typischen Blüten der Primeln interpretierte: Charles Darwin. Im Jahr 1860 schrieb Darwin in einer Reihe von Briefen an seinen Freund und Vertrauten J. D. Hooker und an den Botaniker J. S. Henslow, dass er zwei Primelarten untersucht hatte und dass diese konsequent zwei Blütentypen hervorbrachten. Henslow erzählte er weitere Details und berichtete, dass beide Arten in zwei Formen von etwa gleicher Anzahl existieren, die männlich oder weiblich zu sein schienen. Für die eine Form, das vermeintlich weibliche Exemplar, beschrieb Darwin kurze Staubfäden, kleine längliche Pollenkörner und einen über die Staubblätter hinausragenden langen Griffel mit langen Narbenpapillen. Von der zweiten Form, der vermeintlich männlichen, beschrieb er lange Staubfäden, große runde Pollenkörner und einen kurzen Griffel mit kurzen Narbenpapillen (Abb. 1).

Im November 1861 stellte Darwin seine Beobachtungen der Linnaean Society vor. Sein Artikel, *On the two forms, or dimorphic condition, in species of Primula, and on their remarkable sexual relations*, wurde ein Jahr später publiziert. Darwin erkannte, dass die verschiedenen Blütentypen unterschiedliche Fortpflanzungssysteme darstellen, die er „distily“ nannte. Er fand auch heraus, dass beide Blütentypen zwittrig sind und dass „Der Pollen von A für den Griffel von B angepasst ist, und umgekehrt“.¹ In den folgenden Jahren veröffentlichte Darwin weitere Arbeiten über Heterostylie, insbesondere dessen Vorkommen beim Lein (*Linum*) und bei den Weiderich-Arten (*Lythrum*). Im Jahr 1877 stellte er seine Forschungen zum Thema Heterostylie im Buch *Different Forms of Flowers* zusammen. Aufgrund dieser Arbeiten wird Darwin weithin als erster angesehen, der die Heterostylie bei Primeln näher untersuchte und die funktionelle Bedeutung der beiden Blütentypen herausfand (GILMARTIN 2015).

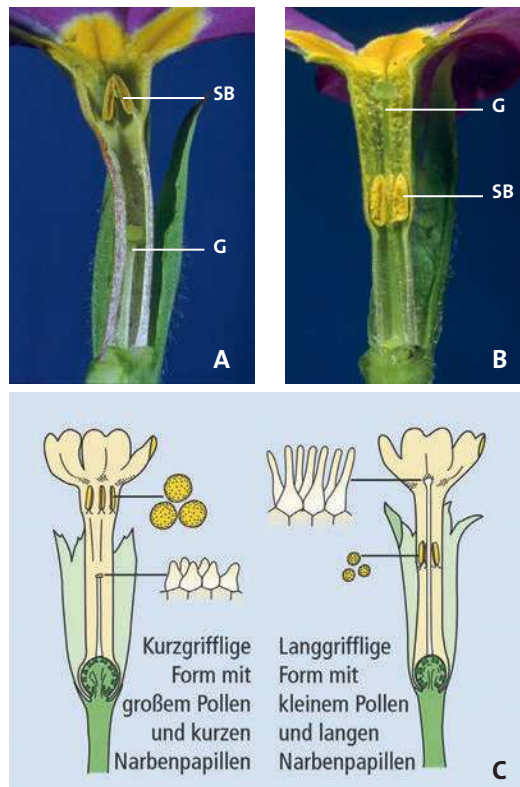


Abb. 1 Heterostylie bei Gartenprimeln.

A Längsschnitt durch eine Blüte des **K**-Typs. Die Blüte hat einen kurzen Griffel (G) und hoch platzierte Staubbeutel (SB).

B Längsschnitt durch eine Blüte des **L**-Typs. Die Blüte hat einen langen Griffel und niedrig platzierte Staubbeutel.

C Die zwei Blütentypen der Wald-Schlüsselblume in einem stark schematisierten Längsschnitt. Erläuterungen im Text. (Aus JUNKER & WISKIN 2017)

Funktion der Heterostylie

Pflanzen mit Heterostylie besitzen oft sogenannte Stieltellerblumen, deren unterer Teil röhrenförmig ausgebildet ist. Dabei sind die Staubfäden mit der Blütenröhre verwachsen. Beim **L**-Phänotyp führt dies dazu, dass die Staubbeutel in der

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Glossar

Allel: Erscheinungsform eines Gens.

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

Duplikation: Verdopplung einer DNA-Sequenz.

exprimieren: Ablesen und Nutzen von Genen.

Genom: Das gesamte Erbgut eines Organismus.

hemizygot: DNA-Region, die nur einmal (mono-allelisch) im diploiden Genom vorkommt.

heterozygot: Ein Organismus ist heterozygot für ein Merkmal, wenn zwei unterschiedliche Kopien (Allele) eines bestimmten Gens auf den homologen Chromosomen vorliegen.

homozygot: Ein Organismus ist homozygot für ein Merkmal, wenn zwei gleiche Kopien (→ Allele) eines bestimmten Gens auf den beiden homologen Chromosomen vorliegen.

Locus (Plural: Loci): In der Genetik die physische Position eines Gens im Genom.

Neofunktionalisierung: Hypothetischer Vorgang, bei dem eine duplizierte DNA-

Sequenz eine neue Funktion erwirbt (durch Ansammlung von Mutationen).

Phänotyp: Erscheinungsbild mit sämtlichen Merkmalen eines Organismus.

Phylogenetische Rekonstruktion: Ermittlung mutmaßlicher Abstammungslinien.

Polyvalenz: In Grundtypen ist nicht nur eine einzige, festgelegte genetische Ausstattung vorhanden, sondern das Erbgut ist ausgeprägt mischerbig und mit genetischen Programmen zur Variabilitäts-erzeugung ausgestattet.

Referenzgenomsequenz: Das öffentlich zugängliche, repräsentative, digital gespeicherte Musterbeispiel für den vollständigen Satz und die Reihenfolge der Gene einer Spezies.

Supergen: Chromosomenabschnitt mit mehreren hochverknüpften individuellen Genen, die zusammen einen integrierten Phänotyp mit mehreren Merkmalen steuern.

Transkriptom: Momentaufnahme der gesamten RNA-Transkripte, die in einer Zelle oder Gewebe vorhanden sind.

Transkriptomanalyse: Studie zur Bestimmung des → Transkriptoms.

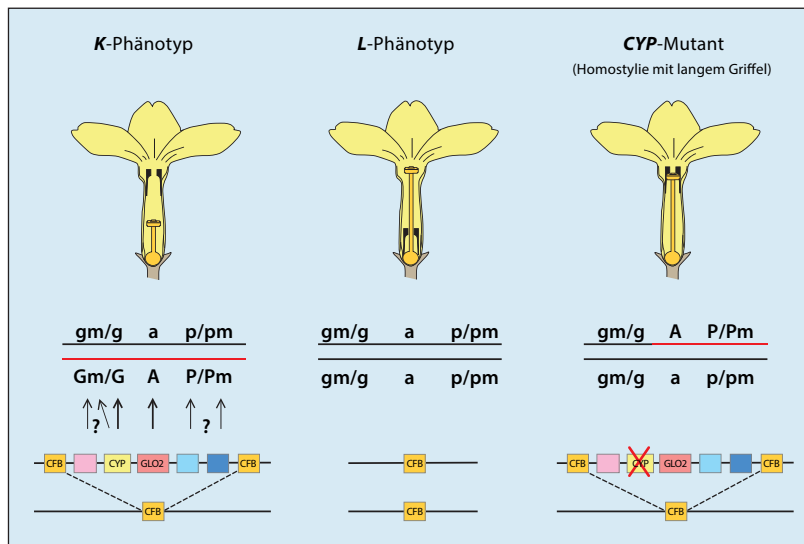


Abb. 2 Genetische Grundlagen der Heterostylie.

Oben: Schematische Darstellung des **K**-Phänotyps (links) und des **L**-Phänotyps (Mitte) zur Veranschaulichung der gegenseitigen Herkogamie (räumliche Trennung von Blütenorganen). Es gibt eine räumliche Übereinstimmung zwischen der Narbe des **K**-Typs und den Staubbeuteln des **L**-Typs sowie zwischen der Narbe des **L**-Typs und den Staubbeuteln des **K**-Typs.

Mitte: Das klassisch-genetische Modell für den **S**-Locus mit zwei Allelen, der fünf Gene enthält: G Griffellänge, Gm weibliche Unverträglichkeit, A Position der Staubblätter, P Pollengröße und Pm männliche Unverträglichkeit. Dominante Allele werden durch Großbuchstaben, rezessive Allele durch Kleinbuchstaben gekennzeichnet.

Unten: Schematische Darstellung der molekularen genetischen Struktur des **S**-Locus, in dem Gene als Kästchen dargestellt werden. Der dominante **K**-Phänotyp verfügt über den kompletten **S**-Locus mit fünf Genen (links), während der rezessive **L**-Phänotyp durch ein völliges Fehlen des **S**-Locus gekennzeichnet ist (Mitte). Seltene homostylische Formen können durch Mutationen in den Genen des **S**-Locus entstehen (rechts). Verlustmutationen des **CYP**-Gens wurden mit langen homostylen Blüten in Verbindung gebracht. (Nach KAPPEL 2017)

Blütenröhre in einer niedrigen Position befestigt sind. In Blüten des **K**-Phänotyps sind die Staubbeutel dagegen viel weiter oben in Richtung der Öffnung der Blütenröhre positioniert (GANDERS 1979). Man kann sich schon denken, wozu diese Einrichtung gedacht ist: Blüten besuchende Insekten transportieren den Pollen von den kurzen Staubblättern zu den Blüten mit kurzen Griffeln; entsprechend erfolgt der Transport des Pollens bei den Blüten mit langen Staubblättern und langen Griffeln. Die Höhe der kurzen bzw. langen Blütenorgane ist passend aufeinander abgestimmt, so dass der Pollen gezielt auf das Narbengewebe gelangen kann. Nur der Fremdpollen ist in der Lage, auf den Narben auszukeimen. Die Selbstbestäubung wird zusätzlich dadurch verhindert, dass die beiden Blütentypen verschieden gestaltete Pollenkörner produzieren und

die Narbenoberflächen unterschiedlich gestaltet sind: Kurzgrifflige Blüten besitzen oben in der Kronröhre positionierte Staubbeutel, in denen viel größere Pollenkörner gebildet werden als in den in der Mitte positionierten Staubbeuteln der langgriffligen Blüten. Und die Narben der letzteren haben lange Papillen, die der ersteren kurze. Die Blütenorgane der beiden Blütentypen sind also genauestens aufeinander abgestimmt (JUNKER & WISKIN 2017, 43).

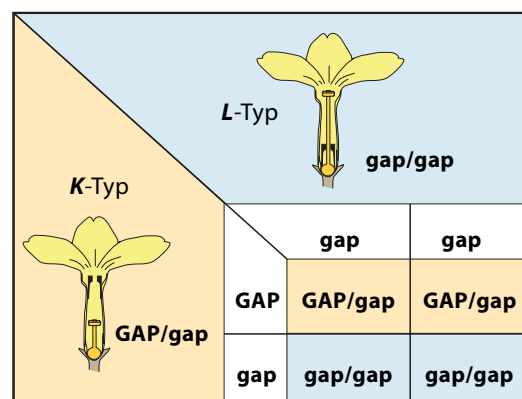
Heterostylie hat einen doppelten Nutzen: Es verhindert die Selbstbestäubung und fördert die sexuelle Fortpflanzung.

Die räumliche Trennung der an der Bestäubung beteiligten Fortpflanzungsorgane (Griffel und Staubblätter) innerhalb einer Blüte, wie sie z.B. bei *Primula* vorliegt, bezeichnet man auch als Herkogamie. Im vorliegenden Fall handelt es sich um *reziproke Herkogamie*, d.h. die Position der männlichen und weiblichen Organe bei den Blüten der beiden verschiedenen Morphen stimmt überein (Abb. 1 und 2). Diese Konstellation ist speziell darauf ausgelegt, Pollenverschwendung zu reduzieren und die Fremdbestäubung zu fördern. Heterostylie hat also einen doppelten Nutzen: Sie verhindert die Selbstbestäubung und fördert die sexuelle Fortpflanzung. In evolutionärer Deutung heißt es, die Heterostylie fördere sowohl die männliche als auch die weibliche *Fitness* (BARRETT & SHORE 2008).

Das Supergen

Das Erstaunliche bei der geschilderten Situation der Primeln ist, dass entweder die Merkmalskombination „langer Griffel, niedriger Staubblattansatz, kleine Pollenkörner, lange Narbenpapillen“ auftritt oder aber das entsprechende Gegenstück, aber normalerweise nie eine Situation irgendwie dazwischen. Dies legt nahe, dass die zugehörigen Erbanlagen in sehr diskreten Paketen vorliegen, nämlich an einem einzigen Genort. Dass die genetische Erbinformation quantisiert (gleichsam in Paketen) ist und ihre Vererbung nach mathematischen Regeln erfolgt, wurde 1866 erstmals von Gregor Mendel beschrieben (MENDEL 1866). Mendel wurde jedoch ignoriert und seine Forschungsergebnisse gerieten in Vergessenheit, vor allem, weil seine Gesetze belegten, dass Variationen unveränderlich und vorhersehbar sind, eine Feststellung, die dem darwinistischen evolutionären Zeitgeist widersprach. Es sollte mehrere Jahrzehnte dauern, bis Mendels Erkenntnisse von mehreren Biologen wie Hugo de Vries, Carl Correns und William

Abb. 3 Veranschaulichung der mutmaßlichen Vererbung des Supergens auf klassisch-genetische Weise. Kreuzungen zwischen dem heterozygoten **K**-Phänotyp (Allele **GAP** und **gap**) und dem homozygoten **L**-Phänotyp (Allele **gap** und **gap**) erzeugen immer **K**- und **L**-Phänotypen im Verhältnis 1:1. Dass es kein physisches **gap**-Allel gibt, wurde erst vor Kurzem entdeckt (siehe Abb. 2).



Bateson wiederentdeckt wurden. Bald nach der Wiederentdeckung der Mendel'schen Gesetze zeigten die britischen Genetiker Bateson und Gregory, dass die Heterostylie, wie sie bei Primeln vorliegt, von einem einzigen Locus* kontrolliert wird (BATESON & GREGORY 1905). Von diesem sog. **S-Locus** existieren ein dominantes Allel* (**S**) und ein rezessives Allel (**s**). Nun konnte die Vererbung der Phänotypen auf Mendel'sche Weise verstanden werden.

In den meisten experimentellen Kreuzungen mit Primeln wird die Konstellation des jeweiligen Blütentyps so vererbt, als ob sie auf ein einziges Allelpaar (**S** und **s**) zurückzuführen wäre. Primeln des **K-Phänotyps** sind also **S/s-Heterozygoten***, während solche des **L-Phänotyps** als **s/s-Homozygoten*** verstanden werden können. Dennoch findet man ab und zu auch sog. homostyle Blüten, in denen sich die Narbe und die Staubbeutel auf gleicher Ebene befinden (Abb. 2). Diese Blütentypen zeigen, dass die Besonderheiten der Blüte durch mindestens zwei getrennte, aber eng miteinander verknüpfte Gene festgelegt werden. In der klassischen Mendel'schen Genetik wird deswegen die Griffellänge durch die Allele **G** und **g** bestimmt, die Länge der Staubblätter durch **A** und **a**. Die Verwendung der Großbuchstaben bedeutet, dass **G** und **A** dominant sind über **g** und **a**. Der **K-Phänotyp** hat also den Genotyp **GA/ga**, der **L-Phänotyp** **ga/ga** (FORD 1971).²

Dann tauchten in Kreuzungsexperimenten einige sehr seltene und ungewöhnliche Blütentypen auf, von denen einige lange Staubblätter und kleine Pollenkörner, andere kurze Staubblätter und große Pollenkörner aufwiesen, also eine normalerweise nicht ausgebildete Kombination. Sie belegen, dass die Pollenkorngroße auch unabhängig vererbt werden kann und daher als unabhängiges genetisches Merkmal bewertet werden muss. Die neuen Blütentypen mussten durch neue Allele im **S-Locus** verursacht werden, was zu dem Schluss führte, dass der **S-Locus** in Wirklichkeit mindestens drei verschiedene, aber sehr eng miteinander verknüpfte Gene repräsentiert, die die verschiedenen Merkmale der Heterostylie bestimmen (ERNST 1936).

Bis in die 1990er-Jahre herrschte die Ansicht vor, dass der **S-Locus** mindestens drei verschiedene Gene enthält, die als dominante und rezessive Allele vorhanden waren. Das erste Gen (mit den Allelen **G** und **g**) bestimmte demnach die Länge der Griffel und der Narbenpapillen, das zweite Gen (mit den Allelen **A** und **a**) die Position der Staubblätter, während das dritte Gen (mit den Allelen **P** und **p**) die Pollenkorngroße und damit die männliche Kompatibilität festlegte. Der **L-Phänotyp** hat somit den Genotyp **GAP/gap** und der **K-Phänotyp** **gap/gap**. Kreuzungen zwischen **GAP/gap**- und

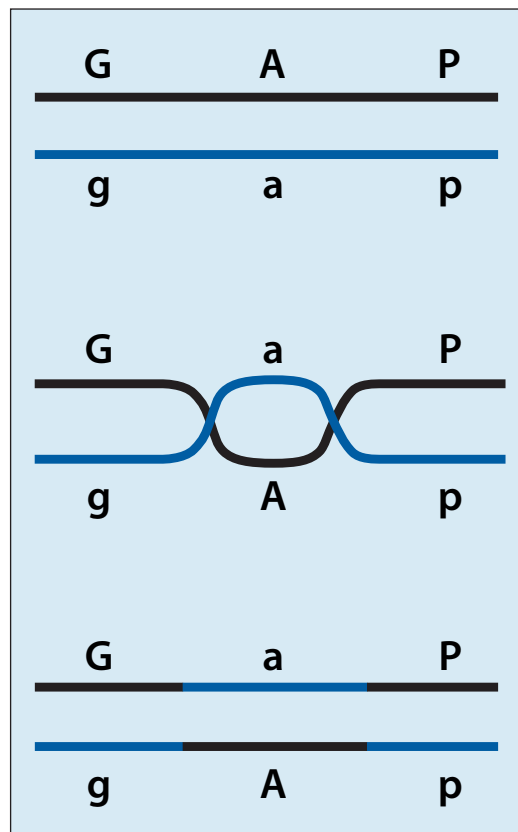
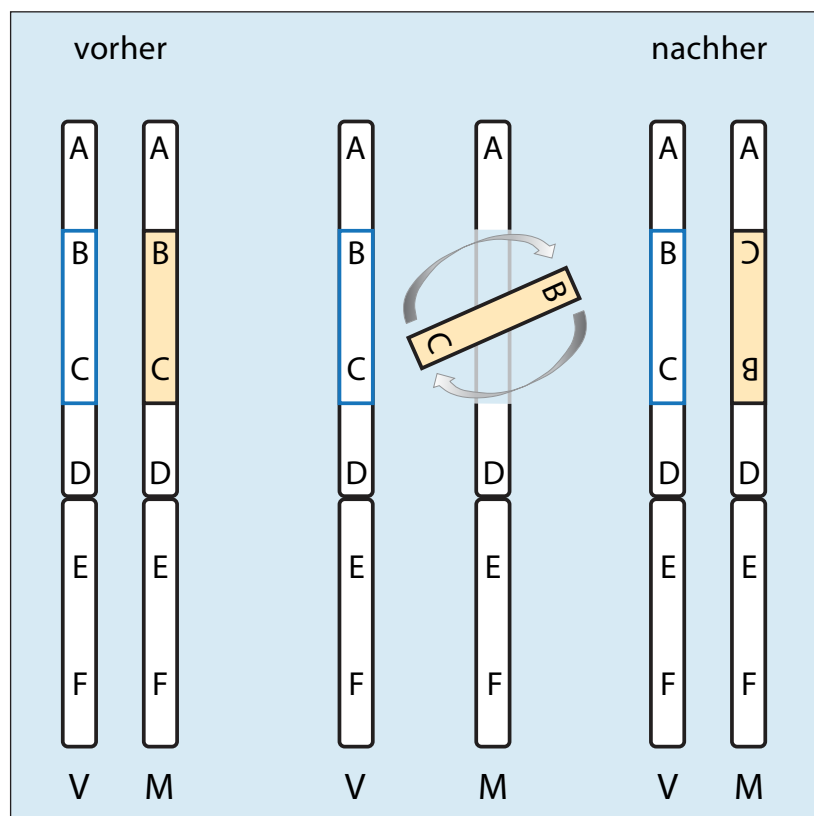


Abb. 4 Rekombination zweier Chromosomen. Veranschaulichung der mutmaßlichen doppelten Überkreuzung zweier Chromosomen, wobei der seltene homostyle Phänotyp entstehen sollte. Dass es kein physisches *gap*-Allel gibt, wurde erst vor Kurzem entdeckt. Anstatt einer solchen Überkreuzung werden homostyle Blüten durch Verlustmutationen verursacht (siehe Abb. 2).

gap/gap-Pflanzen produzieren immer **K**- und **L**-Phänotypen im Verhältnis 1:1 (Abb. 3), was den Beobachtungen in der Natur entspricht. Man vermutete, dass die extrem seltenen homostylen Blüten auf ein Rekombinationsereignis der Chromosomen zurückzuführen sind, bei dem die Gene ausgetauscht werden und auf diese Weise die atypische Kombination gebildet

Abb. 5 Veranschaulichung einer chromosomalen Inversion. Normalerweise sind die von Vater (V) und Mutter (M) vererbten Chromosomen kollinear, d.h. die Gene sind auf beiden Chromosomen in genau der gleichen Reihenfolge vorhanden. Die Inversion des mütterlichen Chromosoms verändert die Ausrichtung der Gene abrupt. Nach der Inversion können die Chromosomen zwischen A und D (im gelben Bereich) keine Information mehr austauschen, da sie nicht mehr kollinear sind und deswegen nicht mehr rekombinieren können.



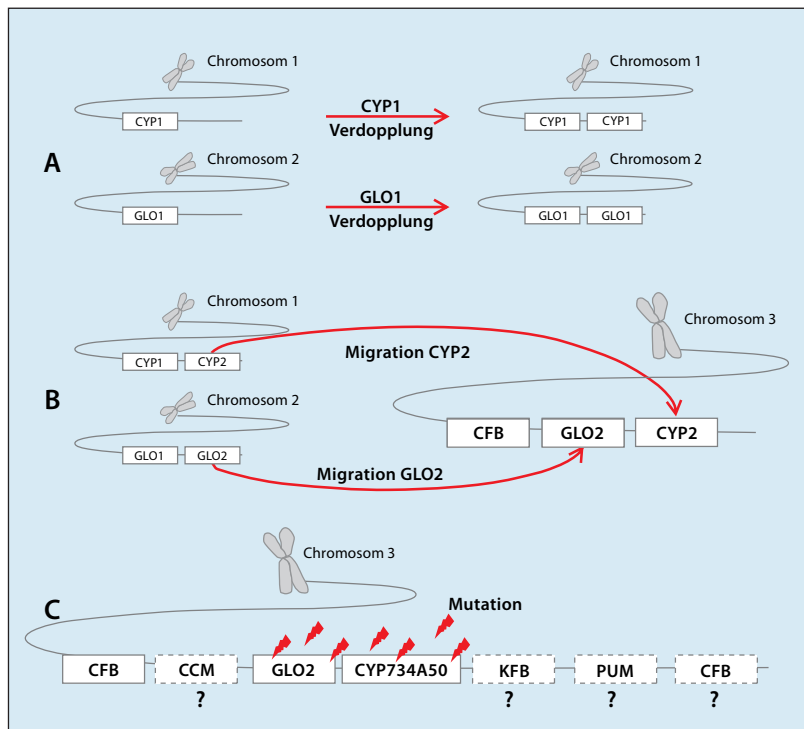


Abb. 6 Hypothetische evolutive Entstehung des *S*-Locus. **A** Im Genom der Pflanzen befinden sich *CYP1* und *GLO1* auf unterschiedlichen Chromosomen.

B Durch zufällige Verdopplungen entstehen die Vorläufer von *CYP734A50* (*CYP2*) und *GLO2*.

C Die duplizierten Gene wandern zum gleichen chromosomalen Ort neben das *CFB*-Gen. Um den *S*-Locus zu bilden, müssen sich noch weitere Gene mit völlig ungeklärtem Ursprung (*PUM*, *KFB* und *CCM*) an diesem Ort ansiedeln.

Während dieser mutmaßlichen Prozesse verwandelten sich die Gene *CYP2* und *GLO2* in die heutigen Gene *CYP734A50* und *GLO2* durch eine zufällige Anhäufung von Mutationen. Auch Evolutionsbiologen halten dieses Szenario für sehr unwahrscheinlich. (Nach KAPPEL 2017)

wird (Abb. 4). Die homostylen Pflanzen werden sich allerdings kaum durchsetzen können, da die Pollenkorngröße und die Narben mit den *L*- und *K*-Phänotypen nicht kompatibel sind.

Außerdem wurde vermutet, dass noch zwei weitere Gene existieren, die für die weibliche und männliche Inkompatibilität verantwortlich sind, da es unwahrscheinlich ist, dass ein einziges Gen sowohl morphologische als auch Inkompatibilitätsaspekte der Blüten kontrollieren würde (KAPPEL 2017). Der *S*-Locus ist also ein sog. Supergen*, d.h. ein chromosomales Segment mit mehreren ziemlich strikt verknüpften individuellen Genen, die zusammen einen integrierten Phänotyp mit mehreren Merkmalen steuern. Supergene werden immer als eine einzige Gruppe vererbt. Sie sind ein weit verbreitetes genetisches Design-Prinzip, das evolutionstheoretisch durch nur ein einziges genetisches Ereignis erklärt wird, in der Regel eine genomische Inversion (Abb. 5). Inversionen können sofort zu einem völlig neuen Phänotyp führen, ohne dass neue genetische Information hinzugefügt werden muss.

Supergene ermöglichen programmierte Anpassungen, die in nur einem oder wenigen Schritten freigegeben werden können. Sie erklären Mimikry in Schmetterlingen und Sexualdimorphismus bei Kampfläufern sowie Anpassungen bei Honigbienen und Zebrafischen (PENNISI 2017). Das Supergen in Primeln erklärt nicht nur die Heterostylie, sondern auch das Vorkommen der sehr seltenen Phänotypen, einschließlich der homostylen Blütentypen und der Polleninkompatibilität. Die Identität und die Funktion der im *S*-Locus vorhandenen Gene sowie eine Erklärung für die dominanten und rezessiven Allele blieben jedoch zunächst noch ungeklärt.

Mittlerweile konnte der molekulargenetische Ursprung der Heterostylie jedoch ermittelt werden. Er ist recht überraschend. Es stellte sich heraus, dass der dominante Phänotyp auf einem Supergen beruht, das fünf Gene enthält, während die rezessive Ausprägung auf die völlige Abwesenheit dieser Gene zurückzuführen ist. Das heißt: Dieses Merkmal wird auf hemizygoter Weise vererbt. Die Einzelheiten dieses erstaunlichen Designs sind im Kasten auf Seite 25 beschrieben.

Generatio spontanea (Selbst-Entwicklung) der Heterostylie?

Nach evolutionären Erkenntnissen muss Homostylie als sekundärer Zustand interpretiert werden; sie hat sich demnach als eine Ansammlung von selektierbaren Mutationen des DNA-Moleküls, darunter Genduplikationen (Verdopplungen) und Punktmutationen, entwickelt. Wie stellen sich Evolutionsbiologen die Selbstentwicklung des Supergens vor? Als erster Schritt in der Evolution von Heterostylie wird der Erwerb einer dominanten Mutation vermutet, durch die der Griffel verkürzt wurde, gefolgt von einer zweiten Mutation zur Veränderung der Staubblattposition. Erst danach hätte sich die Selbstinkompatibilität entwickelt, wahrscheinlich als Anpassung der Pollenschläuche an das Wachstum in den verschiedenen Narbengeweben (LLOYD & WEBB 1992). Es wurde auch der umgekehrte Weg vorgeschlagen, d.h. die Evolution der Selbstinkompatibilität war zuerst, gefolgt von Anpassungen der Griffel- und Staubblattlänge (CHARLESWORTH & CHARLESWORTH 1979). Letzteres wird von den meisten Evolutionsbiologen allerdings infrage gestellt und man bevorzugt das erste Szenario. Keines dieser Modelle gibt jedoch Auskunft über molekulare oder genetische Details.

Wir wissen heute, dass die Verkürzung des Griffels ein neues gewebespezifisches Cytochrom-C-Gen erfordert: *CYP734A50* (siehe Kasten). Dieses Gen darf nur im Griffel von *K*-Blüten exprimiert werden, damit die Zellwachstumshormone inaktiviert werden und ein kurzer Griffel entsteht. Ebenso benötigt es das gewebespezifische *GLO2*-Gen. Insgesamt benötigt der *S*-Locus fünf neue Gene, einschließlich aller regulatorischen Schalter-Sequenzen für eine abgestimmte und kontrollierte Expression dieser Gene. Diese Erkenntnisse erfordern sehr anspruchsvolle Bedingungen für ein tragfähiges Modell für die chromosomale Evolution des Supergens im *S*-Locus. Es ist klar, dass diese Gene nicht nach dem Zufallsprinzip aus einer nicht-codierenden Region stammen können.

Eine Gruppe von Botanikern der Universität Potsdam argumentiert, dass das *CYP734A50*-Gen durch eine Duplikation* entstand, gefolgt

vom Erwerb von griffelspezifischen Expressionselementen (genetische und epigenetische Schalter). Dieses komplexe genetische Ereignis soll in der Stammpopulation der Familie der Primelgewächse (Primulaceae) stattgefunden haben und wird als die oben erwähnte dominante griffelreduzierende Mutation interpretiert. Die Tatsache, dass ein ähnliches *CYP*-Gen außerhalb des *S*-Locus gefunden wird, soll die Hypothese von der mutmaßlichen Duplikation stützen (HUU 2016). Ebenso geht man davon aus, dass das *GLO2*-Gen durch Duplikation aus *GLO1* entstand (KAPPEL 2017). Zudem zeigen phylogenetische Rekonstruktionen*, dass der anzunehmende gemeinsame Vorfahr der gesamten Gattung *Primula* bereits das Supergen besaß (MAST 2006).

Ein Szenario der schrittweisen Gen-für-Gen-Duplikation, bei dem die Duplikate zufällig nebeneinander gelangen, wird allerdings als äußerst unwahrscheinlich betrachtet (Abb. 6), auch von den Potsdamer Forschern. Daher schlagen sie die Duplikation eines großen DNA-Segments um das *GLO1*-Gen vor, aus denen sich beide Gene, *CYP734A50* und *GLO2*, entwickeln konnten. Das verdoppelte Segment wurde so zum Vorläufer des *S*-Locus (Abb. 7). Man würde nun erwarten, dass man im Bereich des ursprünglichen *GLO1*-Gens ähnliche Gene findet wie

Ohne Zielvorgabe ist eine schrittweise Entstehung unplausibel, aber Evolution kennt keine Ziele.

im heutigen *S*-Locus. Diese Erwartung ist nicht weit hergeholt, denn nach dem vorgeschlagenen Szenario lieferte die DNA um das *GLO1*-Gen auch die Sequenzen für die anderen Gene des *S*-Locus. Die Tatsache, dass solche Sequenzen jedoch nicht im *GLO1*-Genbereich angetroffen werden (NOWAK 2015), steht im Widerspruch zu diesem Vorschlag.

Um eine evolutive Entstehung des *S*-Locus zu modellieren, muss man von zusätzlichen Genverlusten, Neofunktionalisierung* und Mutationen ausgehen (KAPPEL 2017). Das bedeutet, dass man Ereignisse annehmen muss, die keine Spuren im Genom* hinterlassen haben. Dies würde eine schrittweise Evolution des Supergens jedoch nicht plausibler machen. Man kann sich zwar immer ein Schritt-für-Schritt-Szenario ausdenken, um alle erforderlichen genetischen Elemente, die im *S*-Locus vorhanden sind, anzuhäufen, doch funktioniert dies nur, wenn ein Ziel vorgegeben ist, an dem jeder Schritt selektiv bewertet werden kann. Evolutionstheoretisch wird eine Zielvorgabe jedoch ausdrücklich ausgeschlossen. Die Tatsache, dass der dominante *S*-Locus von *CFB*-Genen

Molekulargenetische Grundlage der Heterostylie

Im 20. Jahrhundert ermöglichten molekulargenetische Untersuchungen an Primeln die Erstellung einer Genkarte des *S*-Locus. Zudem führte die genetische Forschung an *Primula veris* zu einer Referenzgenomsequenz* aus einem Pool von *L*- und *K*-Phänotypen. Außerdem identifizierten Transkriptomanalysen* die Gene, die in beiden Blütentypen am stärksten exprimiert* werden (NOWAK et al. 2015; HUU et al. 2016). Diese Studien bildeten die Grundlage für zwei wichtige Durchbrüche in unserem Verständnis von Heterostylie in Primeln: zum einen die Identifizierung und zum anderen die funktionelle Beschreibung des kompletten *S*-Locus in den *L*- und *K*-Phänotypen (LI et al. 2016; BURROWS & MCCUBBIN 2017). Sie zeigen auf, dass sich der *S*-Locus direkt neben dem Centromer* des größten Chromosoms befindet. Das erklärt, warum im *S*-Locus kaum Rekombinationen auftreten. Wenn Genetiker von Rekombination sprechen, dann meinen sie den Austausch von Allelen, die auf verschiedenen Chromosomenarmen vorhanden sind (Abb. 4). Der Austausch wird als mechanischer Prozess verstanden, dessen Häufigkeit von der Länge des chromosomalen Armes abhängt. Befindet sich ein Gen jedoch in der Nähe des Centromers, kommt es kaum zu Rekombinationen, und der genetische Austausch ist selten. Dadurch verhält sich die Vererbung des gesamten Merkmalskomplexes wie ein einziger Mendel'scher Locus (also so, als ob es nur ein Merkmal wäre) und diese Situation hat zur Folge, dass die *L*- und *K*-Phänotypen in etwa gleichen Mengen bestehen bleiben. Erst in jüngster Zeit wurden die Gene identifiziert, die die Heterostylie in Primeln koordinieren. Im Jahr 2016 wurde beschrieben, wie bei Blüten des *K*-Phänotyps mehrere einzigartige Gene exprimiert werden, die im *L*-Phänotyp nicht vorhanden waren (HUU 2016). Wie erwartet wurden die Gene für Griffellänge, Staubblattlänge und Pollengröße im dominanten *S*-Locus vorgefunden, außerdem Sequenzen für weibliche und männliche Inkompatibilität. Von den fünf identifizierten Genen waren zwei zuvor schon bekannt gewesen: *CYP734A50* und

GLO2. Das *CYP734A50*-Gen codiert für ein Cytochrom-P450-Enzym, das eine Klasse von Zellwachstumshormonen (die sog. Brassinosteroide) inaktiviert, wodurch verständlich wird, dass ein mutiertes *CYP734A50*-Gen mit langen homostylen Blüten verbunden ist. Im Gegensatz dazu war ein inaktives *GLO2*-Gen mit kurzen Staubblättern assoziiert worden. Das *GLO2*-Gen gehört zu einer Familie von morphogenetischen Genen, die genetische Programme in Bezug auf Form und Größe steuern.

Das *CYP734A50*-Gen bestimmt also die Griffellänge und möglicherweise die weibliche Inkompatibilität, während das *GLO2*-Gen für die Länge der Staubblätter verantwortlich ist (KAPPEL 2017). Diese zwei Gene bilden damit die Grundlage für die *G/g*- und *A/a*-Allele der klassischen Genetik. Die restlichen drei Gene codieren für ein *Kelch-repeat F Box Protein* (*KFB*), ein *Pumilio-like RNA-Binding Protein* (*PUM*) und für ein *Protein mit einer stark konservierten C-terminalen Domäne* (*CCM*). Es ist noch nicht völlig geklärt, wie diese Gene mit dem Phänotyp zusammenhängen, obwohl *KFB* und *PUM* für die Pollengröße und männliche Inkompatibilität verantwortlich zu sein scheinen (KAPPEL 2017). Darüber hinaus wurde auf beiden Seiten des dominanten *S*-Locus das Gen *CBF* gefunden (Abb. 2). Die faszinierendste Beobachtung war aber, dass der rezessive *s*-Locus um etwa 280.000 DNA-Buchstaben kürzer war als der dominante *S*-Locus. Im Gegensatz zum dominanten *S*-Locus enthielt der rezessive *s*-Locus nur ein einziges *CFB*-Gen, von den anderen Genen gab es keine Spur (KAPPEL 2017). Der *S*-Locus in Primeln ist somit ein hemizygoter* Locus, d.h. eine einzigartige DNA-Region, die nur einmal (mono-allelisch) pro Genom* vorkommt. Diese Erkenntnis liefert eine elegante Erklärung für die unterdrückte Rekombination, da es auf dem *s*-Locus kein entsprechendes Gegenstück zum Austausch von Genen gibt. Mendels rezessive Eigenschaften werden hier also nicht durch Gene verursacht, sondern durch das Fehlen von Genen!

flankiert wird (Abb. 2), könnte man als Beleg für ein einziges Rekombinationsereignis bewerten, bei dem der gesamte *S*-Locus auf einmal im Genom integriert wurde. Manche Rekombinationen hinterlassen genau dieses flankierende Markenzeichen.

Angesichts der aktuellen Erkenntnisse über den *S*-Locus sind die vorgeschlagenen evolutionären

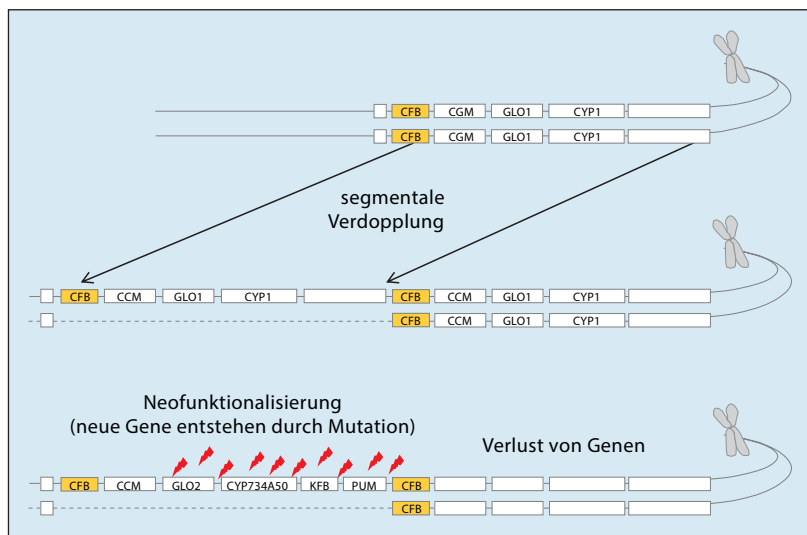


Abb. 7 Alternative hypothetische evolutive Entstehung des **S**-Locus.

Oben Im Genom der Pflanzen befinden sich die Gene *CCM*, *CYP1* und *GLO1* bereits kolinear auf einem Chromosom.

Mitte Durch eine zufällige segmentale Verdopplung soll der Vorläufer des **S**-Locus mit den Genen *CCM*, *CYP2* und *GLO2* entstanden sein.

Unten Durch eine Anhäufung von Mutationen verwandeln sich die duplizierten *CYP2*- und *GLO2*-Gene in die heutigen Gene *CYP734A50* und *GLO2*. Zusätzliche duplizierte Sequenzen (offene Kästchen) erwerben neue Funktionen und werden zu *PUM* und *KFB* mutiert.

Es ist fraglich, ob dieser evolutionäre Vorgang plausibler ist als der in Abb. 6 beschriebene. (Nach KAPPEL 2017)

Szenarien höchst unwahrscheinlich, wenn nicht gar unmöglich. Was einen zufälligen Entwicklungsprozess noch schwieriger macht, ist die Tatsache, dass sich evolutionstheoretisch gesehen das Supergen immer wieder neu entwickelt haben müsste. Darauf kommen wir im nächsten Abschnitt zu sprechen.

Konvergenz

Das Supergen im **S**-Locus und seine Wirkungsweise wurden überwiegend in der Genforschung bei Primeln entschlüsselt. Dieses interessante Phänomen kommt jedoch nicht nur bei Primeln, sondern u. a. auch beim nicht näher verwandten Lungenkraut (*Pulmonaria officinalis*) vor (Abb. 8). Vergleicht man die Blüten vieler weiterer Arten miteinander, so fällt immer wieder Heterostylie auf, auch bei Arten, die weit entfernt voneinander im System der Blütenpflanzen stehen. Nach gängiger evolutionstheoretischer Vorstellung ist die Heterostylie mindestens 20 Mal unabhängig in 28 Pflanzenfamilien entstanden (GANDERS 1979; KAPPEL 2017). Selbst innerhalb von Familien, wie beispielsweise den Raublattgewächsen (Boraginaceae), zu denen das Lungenkraut (Abb. 8) gehört, werden mehrere unabhängige Ursprünge angenommen (COHEN 2011). Die Frage ist nun: Wird die Heterostylie in diesen Pflanzen auch von einem Supergen gesteuert?

In insgesamt sechs bisher untersuchten Gattungen scheint die Heterostylie tatsächlich von einem einzigen Locus kontrolliert zu werden, der dem Supergen von Primeln sehr ähnlich ist (LEWIS & JONES 1992). So konnte beispielsweise in Safranmalven (*Turnera* spp.) Homostylie auf ein neuartiges Allel im **S**-Locus zurückgeführt werden, das sowohl lange Griffel als auch lange Staubblätter verursacht (SHORE & BARRETT 1985). Auch im Buchweizen (*Fagopyrum*) waren die Homostylie-Mutanten auf ein hemizygoten*

Supergen zurückzuführen (MATSUI et al. 2003). Dies bedeutet, dass die Supergene für Heterostylie – evolutionstheoretisch gesehen – immer wieder unabhängig entstanden sein müssen. Evolutionsbiologen bezeichnen eine solche unabhängige Entstehung ähnlicher struktureller oder genetischer Konstellationen als *Konvergenz* und gehen davon aus, dass natürliche Selektion immer wieder zu den gleichen oder sehr ähnlichen Supergenen führen kann. Konvergenz ist in diesem Fall umso erstaunlicher, als ohnehin unklar ist, welcher Selektionsdruck die ausgefeilte Supergen-Konstruktion überhaupt ein einziges Mal begünstigt haben sollte. Die von dem Supergen vermittelte Fremdbestäubung und Förderung der sexuellen Fortpflanzung würden eher zu einem Evolutionsstillstand führen als der Weiterentwicklung von Arten zu verhelfen.³

Polyvalenz und Schöpfung

Der **S**-Locus in Primeln ist eindeutig eine polyvalente* DNA-Region mit mindestens fünf Genen und unterstützt somit das Polyvalenz-Konzept der Schöpfungslehre und das Grundtypkonzept. Dieses Konzept beinhaltet einerseits die Annahme von separat erschaffenen Grundtypen, andererseits die Annahme, dass die Grundtypen von Anfang an mit einem breiten Variationsspektrum ausgestattet waren (JUNKER & SCHERER 2013, Kapitel VII.16). Grundtypen waren genetisch vielseitig und verfügten über Mechanismen zur schnellen Anpassung und Bildung neuer Arten. Einer dieser Mechanismen ist die Polyvalenz, was bedeutet, dass Grundtypen nicht eine einzige, fixe genetische Ausstattung hatten, sondern dass das Erbgut vermutlich ausgeprägt mischerbig und mit genetischen Programmen zur Variabilitätserzeugung ausgestattet war (vgl. CROMPTON 2019; BORGER 2018).

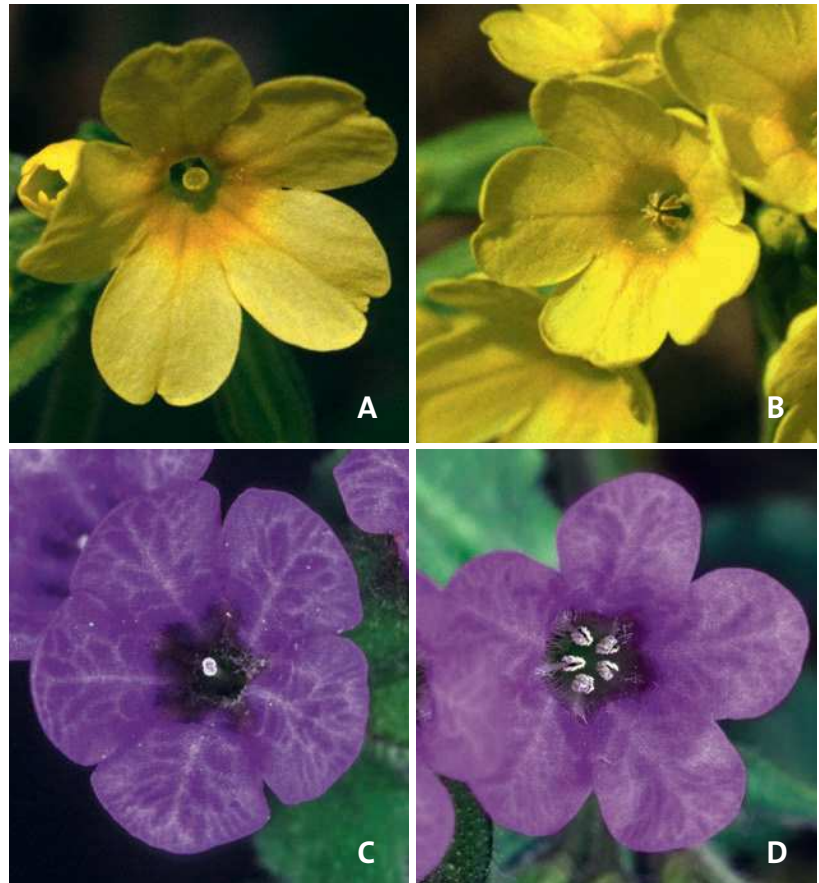
Bis vor Kurzem wurde stillschweigend davon ausgegangen, dass Individuen einer Art etwa die gleiche Anzahl von Genen haben sollten. Dies liegt daran, dass nach der Darwin'schen Theorie natürliche Selektion der Antrieb für Entstehung, Veränderung und Erhaltung des Erbguts ist. Diese Vorstellung hat sich jedoch als falsch erwiesen. Die jüngere Molekulargenetik belegt, dass die Genome von Organismen, die zur selben Art gerechnet werden, so variabel sind, dass Genetiker heute davon ausgehen, dass es so etwas wie ein Spezies-Genom nicht gibt. So sind beispielsweise in den wilden Formen der Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*) etwa vier Prozent der Gene völlig anders als im Referenzgenom oder in diesem gar nicht vorhanden (CLARK 2007). Etwas sehr Ähnliches ist bei den **K**- und **L**-Phänotypen der Primeln

zu beobachten. Vergleicht man die Genome der beiden Phänotypen, stellt man fest, dass mindestens fünf Gene in den *L*-Pflanzen fehlen: *GLO2*, *CYP734A50*, *KFB*, *PUM* und *CCM*. Die Aufteilung dieser hemizygoten Gene auf verschiedene Chromosomen ist ein klarer Beleg für Polyvalenz, also für programmierte Variationsmöglichkeiten, besonders auch da es keine plausible evolutionäre Erklärung für die Existenz und das mehrfach unabhängige Vorkommen dieser Gene (Konvergenz, s. o.) gibt.

Genetische Entropie

Unter genetischer Entropie versteht man die langsame, aber anhaltende Ansammlung von schwach schädlichen Mutationen, die nicht durch Selektion ausgemerzt werden, was letztendlich zu einem genomischen Zusammenbruch führen wird (SANFORD 2005). Die Tatsache, dass nur der *S*-Locus die fünf für die Heterostylie erforderlichen Gene enthält (Hemizygotie), macht das Merkmal sehr anfällig für Verlustmutationen. Dies ist leicht zu verstehen, wenn man sich Folgendes klar macht: Sexuell sich vermehrende Organismen haben normalerweise zwei Kopien von jedem Gen (abgesehen von Geschlechtschromosomen). Eine Kopie wurde vom Vater geerbt, die andere von der Mutter. Wenn eine der Kopien durch Mutation beschädigt wird, ist die andere weiterhin funktionsfähig. Dieses Backup-System verhindert einen unmittelbaren genetischen Zusammenbruch durch Mutationen. Für den hemizygoten *S*-Locus (nur einmal vorhanden) gibt es dagegen kein Backup, sodass sich genetische Verluste sofort phänotypisch auswirken.

Vor diesem Hintergrund ist zu erwarten, dass viele Pflanzenarten die Heterostylie als Familienmerkmal verloren haben. Eine aktuelle Studie zeigt nun, dass dies tatsächlich der Fall ist. In praktisch allen heterostylen Familien ist Homostylie mehrfach durch Verlustmutationen entstanden, überwiegend durch Inaktivierung der Gene *CYP734A50* und *GLO2* (ZHONG et al. 2019). So ist das ausgefeilte Design des Supergens dazu verurteilt, durch Mutationen zu verschwinden, und die natürliche Auslese scheint nicht in der Lage zu sein, diesen degenerativen Prozess zu unterbinden. Damit bleiben zwei offene Fragen. Erstens, kann derselbe degenerative Prozess, den wir heute beobachten, in Zukunft ein Supergen erzeugen? Zweitens, wie war die natürliche Selektion an der Entstehung des Supergens überhaupt beteiligt? Die Erkenntnisse der aktuellen Biologie zeigen, dass evolutionäre Erklärungen unzureichend sind, und rechtfertigen Modellierungen und Deutungen im Rahmen einer Schöpfungslehre.



Mendel und die genetische Entropie

Mendel führte schätzungsweise 28.000 Kreuzungsexperimente mit Erbsen durch und untersuchte dabei sieben klar abgegrenzte Merkmale (vgl. CROMPTON 2019). Durch die Erforschung der Vererbung der Farbe der Samenschale fand er heraus, dass die gelbe Farbe über die grüne dominierte. Im Jahr 2007 wurde festgestellt, dass das sog. *Stay Green* (*STG*)-Gen die Samenfarbe bestimmt. Dieser Name ist etwas irreführend, weil das *STG*-Gen ein Enzym produziert, das das grüne Pigment während der Reifung entfernt, damit sich die gelben Samen bilden. Wenn das *STG*-Gen durch Mutationen ausfällt, wird das grüne Pigment nicht mehr entfernt und die Erbse bleibt grün. Jetzt verstehen wir, warum Gelb dominant ist und Grün rezessiv: Gelbe Samen werden durch ein funktionales Gen verursacht, dessen Genprodukt das grüne Pigment aktiv entfernt. Die Samen bleiben also grün, wenn das Gen kein funktionierendes Protein produziert. Das Ergebnis ist, dass man entweder gelbe oder grüne Samen beobachtet, nicht irgendeine Mischfarbe.

Wenn Gene verloren gehen müssen, damit rezessive Merkmale ausgeprägt werden können, wie sind dann diese Gene ursprünglich entstanden?

Abb. 8 Konvergenz der gleichen genetischen Prozesse oder geplantes Design? Heterostylie bei Wald-Schlüsselblume (*Primula elatior*, oben) und beim Lungenkraut (*Pulmonaria officinalis*, unten). Deutlich erkennbar sind die Narben des langen Griffels in den *L*-Phänotypen (A und C) und die Pollenfächer der langen Staubblätter im *K*-Phänotyp (B und D). (Fotos: R. WISKIN)

Mendel zeigte, dass die Genetik quantisiert ist, d.h. in „Pakete“ gegliedert, und wir wissen heute, dass die individuellen Informationspakete durch Gene definiert sind. Dominante und rezessive Merkmale werden dann einfach als das Vorhandensein und Fehlen von funktionalen Genen verstanden. Wird ein defektes Gen von nur einem Elternteil vererbt, kann es durch das Gen des anderen Elternteils kompensiert werden. Das läuft darauf hinaus, dass eine Merkmalsausprägung, die mit einem bestimmten Gen verbunden ist, dominant ist. Ein rezessives Merkmal wird erst dann ans Licht gebracht, wenn ein Individuum von beiden Elternteilen defekte Kopien erhält.

Diese neuen Erkenntnisse haben schwerwiegende Auswirkungen auf unser Verständnis von Biologie. Wenn Gene verloren gehen müssen, damit rezessive Merkmale ausgeprägt werden können, wie sind dann diese Gene ursprünglich entstanden? Offensichtlich gibt es im Genom viel mehr Gene, als sich durch die bekannten Evolutionsmechanismen erklären lassen. Die Gesetze von Mendel zeigen sich bei Genen, die für das Überleben des Organismus nicht unbedingt notwendig sind. Sie dürfen sogar defekt oder auch gar nicht vorhanden sein, ohne dass dies zu schweren Schäden führt. Verlustmutationen sind der Grund, warum Mendel kurze und lange Pflanzen, weiße und rosa Blüten, gelbe und grüne Samen fand. Verlust von Genen bzw. Allelen (Homozygotisierung) ist ein eleganter Mechanismus, um Variationen, Anpassungen und neue Arten zu erzeugen. Da es sich aber um einen Zerfallsmechanismus handelt, sprechen die Zerfallstendenzen des Erbguts (genetische Entropie) dagegen, dass auf diesem Wege neue genetische Information hervorgebracht werden kann.

Anmerkungen

- 1 Original: „The pollen of A is fitted for stigma of B, and conversely.“ (In einem Brief an den Botaniker Asa Gray im Jahr 1861)
- 2 Dies könnte darauf hindeuten, dass die Blüten ursprünglich mit kurzen Griffeln und langen Staubblättern gestaltet waren.
- 3 Das hängt damit zusammen, dass Mutanten im heterozygoten Zustand meist rezessiv sind, sich daher nicht auswirken und nicht selektiv festgehalten werden können. Auf diese Problematik soll hier aber nicht weiter eingegangen werden.

Literatur

- BARRETT SC (2002) The evolution of plant sexual diversity. *Nat. Rev. Genet.* 3, 274–284.
- BARRETT SCH & SHORE JS (2008) New insights on heterostyly: Comparative biology, ecology and genetics. In: FRANKLIN-TONG VE (ed) *Self-incompatibility in flowering plants: evolution, diversity and mechanisms*, Berlin: Springer, pp 3–32.

- BATESON W & GREGORY RP (1905) On the inheritance of heterostyly in *Primula*. *Proc. R. Soc. Lond. B* 76, 581–586.
- BORGER P (2018) *Darwin Revisited. Or how to understand biology in the 21st century*. Scholars' Press.
- BURROWS BA & MCCUBBIN AG (2017) Sequencing the genomic regions flanking S-linked PvGLO sequences confirms the presence of two GLO loci, one of which lies adjacent to the style-length determinant gene CYP734A50. *Plant Reproduction* 30, 53–67.
- CLARK RM, SCHWEIKERT G et al. (2007) Common sequence polymorphisms shaping genetic diversity in *Arabidopsis thaliana*. *Science* 317, 338–342.
- COHEN JI (2011) A phylogenetic analysis of morphological and molecular characters of *Lithospermum* L. (Boraginaceae) and related taxa: evolutionary relationships and character evolution. *Cladistics* 27, 559–580.
- CROMPTON N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-19-3_mendel.pdf
- CHARLESWORTH D & CHARLESWORTH B (1979) A model for the evolution of distyly. *Amer. Nat.* 114, 467–498.
- ERNST A (1936) Heterostylie-Forschung: Versuche zur genetischen Analyse eines Organisations- und „Anpassungs“-merkmals. *Z. Ind. Abst. Vererb. Lehre* 71, 156–230.
- FORD EB (1971) *Ecological Genetics*. Chapman & Hall, London.
- GANDERS FR (1979) The biology of heterostyly. *New Zealand J. Bot.* 17, 607–635;
- GILMARTIN PM (2015) On the origins of observations of heterostyly in *Primula*. *New Phytol.* 208, 39–51.
- HUU CN, KAPPEL C, KELLER B, et al. 2016. Presence versus absence of CYP734A50 underlies the style-length dimorphism in primroses. *eLife* 5, e17956.
- JUNKER R & SCHERER S (Hg., 2013) *Evolution. Ein kritisches Lehrbuch*. Gießen.
- JUNKER R & WISKIN R (2017) *Der Natur auf der Spur im Frühlingwald*. CV Dillenburger, 4. Auflage.
- KAPPEL C, HUU CN & LENHARD M (2017) A short story gets longer: recent insights into the molecular basis of heterostyly. *J. Exp. Bot.* 68, 5719–5730.
- LEWIS D & JONES DA (1992) The genetics of heterostyly. In: BARRETT SCH (ed) *Evolution and function of heterostyly*, Berlin Heidelberg: Springer, pp 129–150.
- LI J, COCKER JM, WRIGHT J et al. 2016. Genetic architecture and evolution of the S locus supergene in *Primula vulgaris*. *Nature Plants* 2, 16188.
- LLOYD DG & WEBB CJ (1992) The evolution of heterostyly. In: BARRETT SCH (ed) *Evolution and function of heterostyly*, Berlin Heidelberg: Springer, pp 151–178.
- MAST AR, KELSO S & CONTI E (2006) Are any primroses (*Primula*) primitively monomorphic? *New Phytologist* 171, 605–616.
- MATSUI K, TETSUKA T, NISHIO T & HARA T (2003) Heteromorphic incompatibility retained in self-compatible plants produced by a cross between common and wild buckwheat. *New Phytologist* 159, 701–708.
- MENDEL G (1866) Versuche über Pflanzen-Hybriden. *Verh. Naturforsch. Ver. Brünn* 4, 3–47. http://www.deutschestextarchiv.de/book/view/mendel_pflanzenhybriden_1866?p=14.
- NOWAK MD, RUSSO G, SCHLAPBACH R, HUU CN, LENHARD M & CONTI E (2015) The draft genome of *Primula veris* yields insights into the molecular basis of heterostyly. *Genome Biology* 16, 12.
- PENNISI E (2017) 'Supergenes' drive evolution. *Science* 357, 1083.
- SANFORD S (2005) *Genetic Entropy & The Mystery of the Genome*. Elim Publishing, Lima NY.
- ZHONG L, BARRETT SCH et al. (2019) Phylogenomic analysis reveals multiple evolutionary origins of selfing from outcrossing in a lineage of heterostylous plants. *New Phytol.* 224, 1290–1303.

Anschrift des Verfassers:

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

Gewebereste und Zellbausteine in Dinosaurier-Fossilien

Bild: Fabio © Adobe Stock

Organische Gewebereste und sogar Proteinreste wurden in fossilen Dinosaurierknochen nachgewiesen. Diese wurden aus Sedimentschichten geborgen, denen ein Alter von über 60 Millionen radiometrischen¹ Jahren zugesprochen wird; das ist völlig unerwartet und steht im Widerspruch zu den Erfahrungen, die mit diesen Stoffen im Labor gemacht werden. Durch beharrliche Arbeit haben Wissenschaftler diese überraschenden Befunde erhärtet. Wie ist die Spannung zwischen bisherigen Erfahrungen und den neuen Ergebnissen zu erklären?

Harald Binder

Dinosaurier repräsentieren für viele Zeitgenossen eine spannende Epoche der Geschichte der Lebewesen auf der Erde. Diese Geschichte ist uns indirekt durch Hinweise zugänglich, die in den verschiedenen Disziplinen der Geowissenschaften untersucht, beschrieben und interpretiert werden, z.B. Fossilien, geologische Schichten oder Isotopenverteilungen chemischer Elemente. Da eine direkte Beobachtung nicht möglich ist, können wir nicht wissen, wie exakt unsere derzeitige Kenntnis erdgeschichtlicher Abläufe ist. Beispielsweise ist nicht bekannt, wie vollständig die damalige Lebenswelt fossil repräsentiert ist.

Vom Organismus zum Fossil – einige grundsätzliche Vorüberlegungen

Mit dem Eintritt des Todes erlischt das typische Verhalten des Lebewesens und seine Körper-

funktionen gehen unwiederbringlich verloren. Der Körper des Lebewesens liegt unmittelbar nach Eintritt des Todes zwar in einer Form vor, die von dem kurz zuvor noch lebenden Organismus praktisch nicht zu unterscheiden ist;

Unter stabilen ökologischen Bedingungen sollte ein Lebewesen keine körperlichen Spuren hinterlassen.

die organischen Strukturen zerfallen jedoch und lösen sich auf, der Körper geht in die Verwesung über. Dieser natürliche Zerfallsprozess kann beeinflusst werden, in dem man die körperlichen Überreste z.B. einbalsamiert und dadurch Körper mumifiziert. In natürlicher Umgebung kann der Verwesungsprozess unter bestimmten Bedingungen ebenfalls verlangsamt oder blockiert werden, z.B. bei Moor- oder Gletscherleichen, d.h. durch tiefe Temperaturen oder spezielle chemische Randbedingungen (Abwesenheit von Sauerstoff, was bewirkt, dass z.B. viele auf O₂ angewiesene

Kompakt

Die amerikanische Paläontologin Mary SCHWEITZER und ihre Mitarbeiter, aber auch andere internationale Arbeitsgruppen, haben seit über 15 Jahren in außerordentlich gut erhaltenen Dinosaurierfossilien flexible und elastische Gewebereste und sogar Bruchstücke von Eiweißen nachgewiesen. Durch unterschiedlichste analytische Nachweismethoden haben sie Messdaten vorgelegt, die es sehr wahrscheinlich machen, dass tatsächlich organische Komponenten aus den Lebewesen, die im Mesozoikum* gelebt haben, erhalten geblieben sind. Damit würden molekulare Informationen zur Verfügung stehen, die uns erlauben, diese Daten aus der Erdgeschichte mit denen aus heutigen Lebewesen zu vergleichen.

Eine große Herausforderung besteht darin, dass bisher noch keine plausible Erklärung für die Erhaltung von empfindlichen Körperbestandteilen von Dinosauriern über die Zeiträume der Erdgeschichte vorliegen. Viele Autoren vermuten noch unbekannte Konservierungsmechanismen, andere schlagen vor, dass Eisen-Ionen, Mineraloberflächen oder Bräunungsreaktionen von Bedeutung gewesen sein könnten. Die Befunde weisen darauf hin, dass wir im Blick auf die Erdgeschichte und die erhaltenen Fossilien grundlegende Aspekte noch wenig verstanden haben.

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Mikroorganismen fehlen, die an der Verwesung beteiligt sind).

Unter natürlichen Bedingungen sollte ein Lebewesen langfristig also keine körperlichen Spuren hinterlassen, vor allem in einem Lebensraum, der ökologisch stabil ist und in dem ein Kadaver den Verwesungsprozessen – einschließlich Aasfressern – zugänglich bleibt. Anders sieht es aus, wenn irgendeine Konstellation oder eine Störung des Lebensraums die Verwesungsprozesse unterbricht. Die Ursachen und das Ausmaß solcher Störungen während der Erdgeschichte sind uns in der Regel unbekannt. Wir können nur nach geologischen Indizien für mögliche Faktoren suchen, die dazu geführt haben könnten, dass wir Spuren ehemaliger Lebewesen ausgraben können.

Sehr gut erhaltene Fossilien mit mikroskopischen Strukturen

Wenn wir Fossilien von Dinosauriern, diesen besonderen Echsen aus dem Mesozoikum*, in sehr guter Erhaltung finden, sogar mit mikroskopisch auflösbaren Strukturen, dann ist das ein seltener Glücksfall. Über die Bedingungen, die zu einer solch exzellenten Erhaltung führen, wissen wir bisher sehr wenig. 1966 veröffentlichten PAWLICKI und Mitarbeiter mikroskopische Befunde von Kollagenstrukturen und

Knochenzellen in fossilen Dinosaurierknochen (s. auch SCHWEITZER & HORNER 1999 und dort zitierte Arbeiten). In den Veröffentlichungen zu diesen außerordentlich gut erhaltenen Fossilien beschreiben und dokumentieren die Autoren auch Gewebe- und Gefäßstrukturen aus dem Inneren, dem schwammartigen, porösen Bereich der massiven Knochen. Knochen und Zähne sind Körperbestandteile, die im Vergleich zum Gewebe der Weichteile gute Voraussetzungen bieten, fossil erhalten zu werden. Sie stellen bezüglich ihrer materiellen Zusammensetzung sogenannte Kompositmaterialien* dar. Sie bestehen aus anorganischen, mineralischen Komponenten, die eine Art Gerüst oder eine Matrix darstellen, in der organische Komponenten enthalten sind. In Knochen sind auch Zellen eingelagert (Osteozyten und -klasten), die den Knochen auf- und abbauen.

Die eben genannten ersten Veröffentlichungen fanden keine besondere Beachtung. Im Vergleich dazu glich die Veröffentlichung von SCHWEITZER et al. (2005) einem Paukenschlag. Diese Arbeit über kleine, flexible Gewebereste (Abb. 1), die sie und ihr Mitarbeiterteam aus dem fossilen Femur (Oberschenkelknochen) eines *Tyrannosaurus rex* gewinnen konnten, erregten großes Aufsehen. Bevor wir darauf zu sprechen kommen, sollen einige Angaben zur zeitlichen Einordnung der Funde gemacht werden.

Altersangaben für die mesozoischen Fossilien

Für die beiden Fossilien, die in diesem Artikel hauptsächlich zur Sprache kommen, sind in der Literatur folgende Alter angegeben:

Tyrannosaurus rex: Dieses Fossil wurde aus dem unteren Bereich der Hell Creek Formation in Montana, USA, geborgen, 8 m über dem Fox Hill-Sandstein in der geologischen Formation der Kreide (oberste Formation des Mesozoikums*). Die Fundlokalität ist geowissenschaftlich charakterisiert und datiert; das Alter wird mit ca. 68 MrJ* angegeben (Abb. 2).

Brachylophosaurus canadensis: Der für die Untersuchungen genutzte fossile Femur* dieses Entenschnablsauriers wurde 2007 unter

Abb. 1 Flexible und elastische Gewebepartikel aus dem Femur des *Tyrannosaurus rex*, nachdem Proben aus dem Bereich des Knochenmarks demineralisiert worden waren. (SCHWEITZER et al. 2005)



einer 7 m mächtigen Sandstein-Formation (Judith River-Formation) geborgen. Von einer 10–12 cm dicken Sandsteinmatrix umgeben, wurde das Fossil erst im Labor freipräpariert und unmittelbar danach wurden die Proben genommen. Als radiometrisches Alter geben die Autoren ca. 80 MrJ an.

Es liegen aber auch ^{14}C (Radiokarbon)-Datierungen vor. Von einer Radiokarbon-Datierung von Fossilien aus mesozoischen Sedimentschichten würde man eigentlich ein quasi-unendliches ^{14}C -Alter erwarten, d.h. keine zuverlässig nachweisbaren Mengen an ^{14}C . Weil vom Kohlenstoff-Isotop mit der Masse 14 u nach 5730 $\pm$ 40 Jahren die Hälfte der Atome radioaktiv zerfallen ist (Halbwertszeit), kann man bei einem Probenalter von über 60.000 Jahren wegen der äußerst geringen Menge verbliebenen ^{14}C keine vertrauenswürdigen Daten mehr erwarten. Dennoch haben MILLER et al. (2019) Daten aus ^{14}C -Datierungsexperimenten von Saurierfossilien vorgelegt. Die Datierungen ergeben ^{14}C -Alter von 22.000 bis 41.000 radiometrischen Jahren. Diese Befunde werden in aktuellen Fachpublikationen allerdings nicht erwähnt und nicht diskutiert.

Erste überraschende und aufsehenerregende Befunde

Aus Fragmenten, die bei der Bergung eines sehr gut erhaltenen fossilen Femurs eines *T. rex* angefallen waren, hatte Mary SCHWEITZER Proben präpariert, um diese mikroskopisch untersuchen zu können. Der Fokus lag dabei vor allem auf der Suche nach Hinweisen auf die Gewebestruktur in den fossilen Knochen. Erste Resultate dieser histologischen* Studien lieferten Hinweise auf rote runde Körperchen innerhalb von Gefäßstrukturen (verzweigte Kanalsysteme; Abb. 3). Dabei entsprachen die Größenverhältnisse denjenigen von roten Blutkörperchen (Erythrozyten). So etwas war zuvor noch nicht beschrieben worden, und das Vorliegen solcher Strukturen entsprach in keiner Weise den Erwartungen. Solche biologischen Systeme können nach bisher etablierten wissenschaftlichen Vorstellungen bei Fossilien aus dem Mesozoikum nicht erhalten bleiben.

Es folgten viele Versuche, die gefundenen mikroskopischen Strukturen in dem fossilen *T. rex*-Femur-Fragment als Artefakte zu erweisen; also als irgendwelche z.B. durch Fossilisationsprozesse erzeugte Formen, die Gefäße und Erythrozyten nur vortäuschen. Alle Bemühungen, die Interpretation der fossilen mikroskopischen Strukturen als Blutgefäße und Erythrozyten zu widerlegen, schlugen fehl und erhärteten im Gegenteil den ursprünglichen Eindruck.



Schließlich wurden pulverisierte Proben des fossilen Materials in ein Lösungsmittel (einen Komplexbildner) gegeben, das die mineralischen Komponenten der Probe auflöst. Im Rückstand der demineralisierten Probe fanden sich Gewebereste, die Größen von bis zu wenigen Millimetern aufwiesen. Diese Gewebereste waren flexibel und elastisch. Außerdem konnten verzweigte Gefäßfragmente mit erythrozytenartigen Körperchen isoliert und dokumentiert werden.

Abb. 2 Fundsituation bei der Bergung des fossilen *T. rex*-Femur (weißer Pfeil) und nach erfolgter Präparation. (Foto Fundstelle: J. R. HORN; Museum of the Rockies, Montana, USA; mit freundlicher Genehmigung; Foto Femur: Mary H. SCHWEITZER, mit freundlicher Genehmigung)

Glossar

Femur: Oberschenkelknochen

Histologie: das gr. Wort *histos* steht für Webstuhl, Kette, Gewebe. Histologie ist die Lehre vom körperlichen Gewebe.

Immunochemie: In der Immunochemie werden die biochemischen Prozesse und Strukturen untersucht, die in Organismen zwischen körpereigenen und -fremden Komponenten unterscheiden (Immunreaktion).

Kompositmaterial: Vereinigung unterschiedlicher Materialien, wobei die Komponenten ihre jeweilige Mikrostruktur beibehalten und dennoch im

Verbund neue Eigenschaften zeigen (z. B. Stahlbeton)

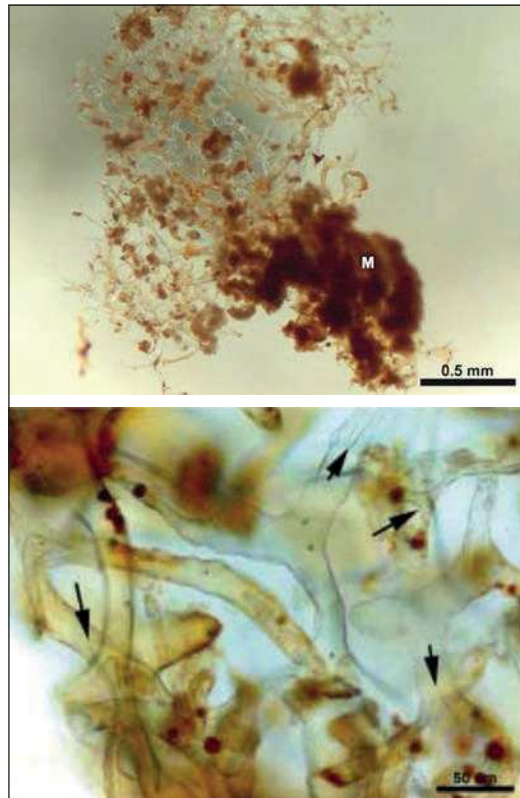
Kovalent: Durch gemeinsam genutzte Elektronen (Atombindung) miteinander verknüpfte Atome bzw. Moleküle.

marin: Zum Meer gehörig, z. B. marines Lebewesen.

Mesozoikum: Sogenanntes „Erdmittelalter“, geologische Periode mit den Formationen Trias, Jura und Kreide. Die hier diskutierten Fossilfunde stammen aus der Oberkreide.

MrJ: Millionen radiometrische Jahre (Altersbestimmung mithilfe der Radiometrie)

Abb. 3 Nach vollständiger Demineralisierung von Proben aus der Rinde des Femurs von *T. rex* werden flexible und transparente Gefäßsysteme erkennbar. Diese ähneln weder Pilzhypen noch Pflanzenteilen. In der Vergrößerung sind in den Hohlräumen der Gefäße runde, rote Körperchen zu erkennen. (Aus SCHWEITZER et al. 2005)



Vergleichende Untersuchungen an Knochen von Kühen und von Straußen lieferten vergleichbare Daten und unterstützten damit die Interpretation der Befunde als organische Komponenten aus den fossilen *T. rex*-Knochen. SCHWEITZER et al. (2005) dokumentieren in ihrer Veröffentlichung auch parallel orientierte Fasern, die zellähnliche Strukturen umgeben. Durch Vergleich mit Präparaten aus Knochen eines rezenten Vogels Strauß deuten die Forscher an, dass es sich dabei um Kollagenfasern und Osteozyten (Knochenzellen) handeln könnte. Abschließend wird in der Publikation erwähnt, dass die Autoren in Extrakten aus den Fossilien Proteine identifiziert

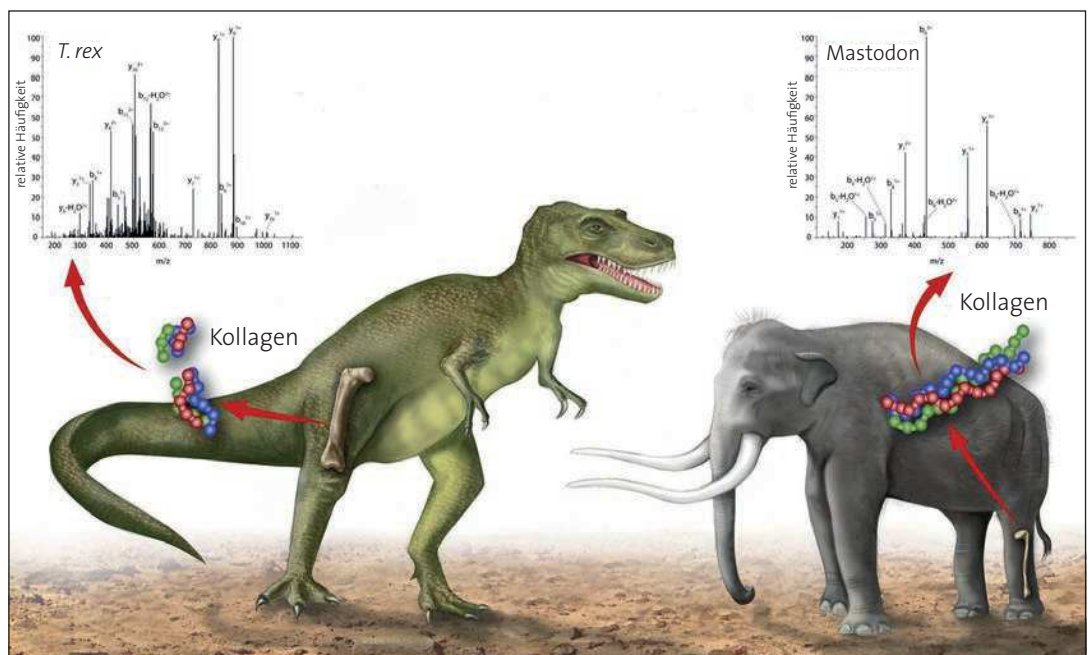
haben, die Hinweise auf immunochemische* Reaktionen zeigen.

In dieser aufsehenerregenden Arbeit legen die Autoren somit eine Reihe von Belegen für die völlig unerwartete Erhaltung organischer Bestandteile in fossilisierten Dinosaurierknochen vor. Sie sind in ihren Schlussfolgerungen aber auffallend zurückhaltend, wohl in dem Wissen um die etablierte Vorstellung, dass organische Reste aus der Zeit des Mesozoikums nicht bis in die Gegenwart erhalten werden können.

Die etablierten wissenschaftlichen Vorstellungen sperren sich gegen die Akzeptanz von organischen Resten in Fossilien aus dem Mesozoikum.

Zwei Jahre später konnte die Arbeitsgruppe um Mary SCHWEITZER weitere Befunde vorlegen, die ihre bisherige Interpretation der Daten unterstützen (SCHWEITZER et al. 2007). An denselben Fossilien, die bereits für die Arbeiten zur Veröffentlichung von 2005 verwendet wurden, wurden Präparationen mit rasterkraftmikroskopischen Methoden (AFM) untersucht. Damit konnte gezeigt werden, dass die einzelnen Fasern selbst eine sich wiederholende Unterstruktur enthalten, deren Periodizität bei 70 nm lag. Dieses Merkmal passt zum molekularen Aufbau von Kollagenfasern. Präparate aus modernen Knochen eines Emus wiesen in vergleichenden Studien dieselben Merkmale auf. Immunologische Untersuchungen erhärteten die Vermutung, dass Kollagen I in den mesozoischen Dinosaurierfossilien vorliegt. Außerdem wurden typische Komponenten, die am Aufbau von Kollagen I beteiligt sind (wie z. B. die Aminosäuren Glycin und Prolin), mittels Massenspektrometrie nachgewiesen.

Abb. 4 Massenspektrometrischer Nachweis von Kollagenfragmenten aus Fossilien von *T. rex* (68 MrJ) und Mastodon (0,5 MrJ), einer ausgestorbenen Elefantenart. (© Zina DERETSKY, National Science Foundation)



In einer Publikation, die in derselben Ausgabe von *Science* unmittelbar im Anschluss an die Arbeit von SCHWEITZER et al. (2007) erschien, legt dieselbe Arbeitsgruppe weitere ausführliche Daten von vergleichenden massenspektrometrischen Untersuchungen von Proteinsequenzen aus Fossilien von *T. rex* und einem Mastodon (*Mammut americanum*) aus pleistozänen Ablagerungen vor (ASARA et al. 2007; Abb. 4). Darin werden Fragmente der Kollagen-Eiweißkette durch Vergleich mit entsprechenden synthetischen Peptiden nachgewiesen. Die beiden zuletzt genannten Publikationen stießen auf großes Interesse, wurden aber auch sehr kritisch und kontrovers diskutiert (s. BINDER 2009). In der Kritik wird vor allem auf den Widerspruch zwischen den neuen Befunden und den etablierten Kenntnissen über die Geschwindigkeit von Zerfallsprozessen und auf die Gefahr von Kontamination verwiesen. Damit wird die Vermutung geäußert, dass die dokumentierten Proteine nicht aus den Dinosaurierknochen stammen, sondern aus der Umgebung der Fossilien oder im Verlauf ihrer Bergung und Präparation oder bei der Analyse aus anderen Quellen hinzugekommen seien. Die analytisch dokumentierten Peptide wären damit Verunreinigungen.

Als weitere Quelle der Proteine werden auch Mikroorganismen angeführt, die als Biofilm bei Fossilisationsprozessen eine Rolle spielen können, im Sediment aber auch während der gesamten Handhabung der Fossilien (Bergung, Präparation usw.) allgegenwärtig sind. Auch im Blick auf einige Ungereimtheiten bei den massenspektrometrischen Untersuchungen und der damit im Zusammenhang stehenden Nutzung von Datenbanken und bioinformatischen Methoden wurde Kritik geübt.

Die Autoren um Mary SCHWEITZER sind auf die geäußerte Kritik detailliert eingegangen, haben ihre Argumente in den Er widerungen geschärft und argumentieren bis heute sehr nüchtern und eher zurückhaltend; die Kritik an Methoden und experimentellen Details haben sie in weiteren Arbeiten berücksichtigt und aufgenommen. An ihren Einschätzungen hat sich dadurch nichts Wesentliches geändert.

2009 veröffentlichten SCHWEITZER et al. die Ergebnisse von Untersuchungen an Fossilien eines Entenschnabelsauriers (Hadrosaurier) *Brachylophosaurus canadensis*. Diese waren 2007 unter großen Vorsichtsmaßnahmen mit dem umgebenden Sediment (Sandsteinmatrix) geborgen und unter sterilen Bedingungen im Labor präpariert worden (Abb. 5). Mit den in dieser Arbeit dokumentierten Daten konnten die Autoren zeigen, dass die an den *T. rex* gewonnenen Resultate kein Einzelfall waren. Auch an diesen außerordentlich gut erhaltenen Fossilien



Abb. 5 Femur des Entenschnabelsauriers (*Brachylophosaurus*) mitsamt der Hülle aus umgebendem Sediment und Gipsbinden, die im Gelände angebracht wurden. Zu sehen ist der Bereich, an dem die Proben für die chemischen Analysen genommen wurden. (© Mary H. SCHWEITZER)

konnten nach Demineralisierung mikroskopisch faserige Strukturen in der Knochenmatrix nachgewiesen werden. Verzweigte Gefäße mit roten runden Körperchen darin wurden ebenso gefunden wie auch Knochenzellen mit ihren charakteristischen Ausstülpungen, den Filipodia. In chemischen Extrakten konnten Kollagen I und weitere Proteine (Laminin und Elastin, die ebenfalls Bestandteile von Blutgefäßen sind) immunologisch nachgewiesen werden. Der immunohistochemische Nachweis gelang auch direkt an den demineralisierten Präparaten durch sogenannte „in situ“-Analysen. Massenspektrometrisch konnten an den Fossilien von *B. canadensis* acht Peptidsequenzen dokumentiert werden, die bis zu max. 33 Aminosäuren enthielten.

2014 untersuchten CLELAND et al. gezielt Proteine aus flexiblen Gefäßen von mesozoischen Fossilien. Dazu hatten sie aus den Fossilien von *B. canadensis* die zuvor beschriebenen Gefäße isoliert. Daran erhielten sie positive immunochemische Hinweise auf die Strukturproteine Actin, Tubulin, Myosin und Tropomyosin. Sie konnten deren Vorkommen aufgrund von Proteinfragmenten auch massenspektrometrisch aufzeigen. Die erhaltenen Peptidsequenzen passen zu jenen, die aus Knochen vom heute lebenden Huhn und Vogel Strauß gewonnen wurden, und nicht zu Proteinen aus Bakterien, Biofilmen und Pilzen. Außerdem stammten die massenspektrometrisch bestimmten Proteinfragmente genau aus den Bereichen der Fossilien, in denen mittels Antikörper Proteinstrukturen lokalisiert worden waren.

2017 veröffentlichte ein Autorenteam um Mary SCHWEITZER eine Wiederholung der Analysen an den Fossilien des Hadrosauriers von 2009. Dabei wurden die in der Zwischenzeit gewonnenen Erfahrungen und weiterentwickelte Methoden in der Probenherstellung und -präparation angewendet (SCHROETER et al. 2017). In dieser Studie konnten wieder acht Kollagen I-Fragmente erfasst werden, davon waren zwei identisch mit den 2009 nachgewiesenen. Sechs

Nachweis von Proteinfragmenten in gut erhaltenen Dinosaurierfossilien

Bei den Bemühungen um einen Nachweis, dass die gefundenen Proteinfragmente ursprünglich zum lebenden Organismus gehörten, also endogen sind und an dessen Aufbau beteiligt waren, wurden bisher vor allem die beiden Strukturproteine Kollagen und Keratin sehr intensiv untersucht.

Kollagen in Fossilien

Unter Kollagen werden verschiedene Proteine zusammengefasst, die im Körper von Tier und Mensch für Festigkeit sorgen und die man daher als Struktur- oder Skleroproteine bezeichnet (*skleros* (gr.) = trocken, hart, rau). Kollagen, ein faserbildendes Protein, findet sich in großen Mengen (ca. 30 % des Proteinanteils im menschlichen Körper) in Knochen, Zähnen, Sehnen, Bändern und der Haut (also vor allem in dem, was man gemeinhin als Bindegewebe bezeichnet, einschließlich der beim Menschen in jüngerer Zeit so viel beachteten Faszien).

Kollagen wird in unterschiedliche Typen eingeteilt, Kollagen I ist der häufigste Typ. Die einzelnen Proteinketten können aus einigen Hundert bis wenigen Tausend Aminosäuren bestehen. In großen Bereichen (sog. Domänen) weist die Abfolge der Aminosäuren ein typisches, sich wiederholendes Triplet der Form G-X-Y auf. Dabei steht G für die kleinste Aminosäure Glyzin, X für die Aminosäure Prolin; das Y steht für ein zweites Prolin, das mit einer OH-Gruppe versehen ist und Hydroxyprolin genannt wird. Aus drei Proteinketten wird eine rechtsgängige Helix, eine Tripelhelix, gebildet, die man als Tropokollagen bezeichnet. Die

Tripelhelix hat einen Durchmesser von ca. 1,5 nm (1 nm ist 1 Millionstel Millimeter). Die Kollagen-Tripelhelices können zu sogenannten Mikrofibrillen zusammengelagert werden, in denen die einzelnen Tropokollagen-Bausteine regelmäßig, etwa um ein Fünftel ihrer Länge (67 nm) gegeneinander verschoben, aneinander gelagert sind. Die Mikrofibrillen haben einen Durchmesser von 20–40 nm. Die Mikrofibrillen können sich ihrerseits zu noch größeren Aggregaten, den Fibrillen (300 bis 500 nm Durchmesser), zusammenlagern und diese erneut zu Fasern (4–12 µm Durchmesser).

Die durch die gestaffelte Zusammenlagerung der Tripelhelices in den Mikrofibrillen bewirkten Dichteunterschiede können als typisches Muster der Fibrillen elektronenmikroskopisch dargestellt werden. Auf diese Weise kann Kollagen mikroskopisch nachgewiesen werden. Die besonders dichte Packung der Kollagenproteine und die kovalente* Verknüpfung der Tropokollagen-Tripelhelices in den Mikrofibrillen sind die Ursache dafür, dass Kollagen als Strukturprotein im Vergleich zu anderen Proteinen robust ist. Kollagen ist also gegenüber Abbauprozessen (Hydrolyse) oder auch enzymatischem Abbau widerstandsfähiger als z. B. viele Enzyme, deren Aktivität aufgrund struktureller Veränderungen in Pufferlösungen und durch Hydrolyse z. T. sehr rasch abfallen kann. In vielen Tieren, auch in Menschen und Mikroorganismen, sind Enzyme – Proteasen – bekannt, die die Bindung zwischen Prolin und anderen Aminosäuren spalten und als Kollagenasen bezeichnet werden.

Peptidsequenzen waren neu. Mit diesen Befunden liefern die Autoren erneut Argumente dafür, dass in Fossilien aus der Kreide Proteinfragmente erhalten sind, die heute analytisch nachgewiesen werden können.

Weitere Befunde

LINDGREN et al. (2011) untersuchten einen sehr gut erhaltenen fossilen Oberarmknochen (Humerus) eines Masosauriers (ausgestorbenes, im Meer lebendes Reptils, auch als Maasechse bezeichnet) aus einem marinen* Sediment, das der Kreide zugeordnet wird (70 MrJ). Durch Kombination verschiedener Techniken – optische Mikroskopie, Elektronenmikroskopie, Immunochemie, Massenspektrometrie und IR-Spektrometrie – konnten sie überzeugen-

de Argumente liefern, dass organische Moleküle, einschließlich Kollagenfragmente, in den faserigen Geweberesten des fossilen Humerus vorliegen. In dieser und auch den folgenden Studien wurden die organischen Komponenten nicht extrahiert, sondern direkt in den mikroskopisch charakterisierten erhaltenen Geweberesten nachgewiesen.

Eine chinesisch-taiwanesishe Arbeitsgruppe hat aus unteren jurassischen Sedimentschichten (Dawa, Provinz Yunnan, China) geborgene Fossilien eines Echtenbeckensauriers (Sauropodomorpha), *Lufengosaurus*, auf Hinweise nach Kollagen untersucht (LEE et al. 2017). Für das Alter geben die Autoren 190 bis 197 MrJ an. In einer fossilisierten Rippe dokumentieren sie mikroskopisch Blutgefäße, aus denen sie transparentes Material auswaschen konnten. Darin wiesen sie mit einer speziellen Methode der Infrarot-Spektroskopie, in der sie Synchrotron-Strahlung nutzen, Proteinfragmente nach. In diesen Gefäßen fanden sie auch Kügelchen aus Hämatit (Durchmesser: 6–8 µm), ein Eisenoxid-Mineral ($\alpha\text{-Fe}_2\text{O}_3$). Die Autoren äußern die Vermutung, dass das Eisenmineral für die Konservierung eine wichtige Rolle spielen könnte. 2013 legte dasselbe Autorenteam eine vergleichbare Untersuchung an einem in China gefundenen fossilen Dinosaurierembryo vor (Unterjura, Süden Chinas; 190–197 MrJ; REISZ et al. 2013). Auch in dieser Studie konnten sie organische Proteinfragmente nachweisen.

SURMIK et al. (2016) publizierten eine Untersuchung an Fossilien von im Meer und an Land lebenden Sauriern, die aus Sedimentgestein der frühen und mittleren Trias (247,2 MrJ) in Polen geborgen worden waren. Auch sie dokumentieren Blutgefäße aus fossilisiertem Knochen. Darin weisen sie durch eine Kombination von mikroskopischen und spektroskopischen Methoden Aminosäuren nach, die für das Vorhandensein von Kollagenfragmenten sprechen. Die Autoren nehmen in Anspruch, damit den bisher ältesten Nachweis von komplexen organischen Molekülen aus Fossilien von Wirbeltieren aus marinen Lebensräumen beschrieben zu haben.

Rezeption der Funde von Kollagen in Dinosauriern aus dem Mesozoikum

Inzwischen liegen zahlreiche Veröffentlichungen von Studien vor, in denen Proteinstrukturen in Fossilien nachgewiesen werden, was bei den jeweils zugeordneten Altern aufgrund von Laborerfahrungen nicht zu erwarten ist. Sie erhärten den Eindruck, dass die Interpretation der Proteinreste als vom ursprünglichen Lebewesen stammend plausibel ist.

Dennoch gibt es nach wie vor kritische Stimmen, die als Ursache für die Protein-Nachweise Kontaminationen vermuten. Die Gefahr von Verunreinigungen ist während der Bergung, der Präparation und auch während der Handhabung im Labor gegeben. Auch werden von manchen Autoren nach wie vor Mikroorganismen bzw. aus ihnen gebildete Biofilme als eigentliche Quelle der Proteine angesehen (SAITTA et al. 2019, BUCKLEY et al. 2017), eben weil die Erhaltung von Proteinstrukturen, aufgrund von Erfahrungen im Umgang mit Proteinen im Labor, über so lange Zeiten nicht zu erwarten sei.

Um zukünftige Untersuchungen von Proteinen oder überhaupt organische Biomoleküle aus Fossilien besser abzusichern, haben verschiedene Arbeitsgruppen Beiträge geleistet und Vorsichtsmaßnahmen zusammengestellt und veröffentlicht (HENDY et al. 2018, SCHWEITZER et al. 2019). Damit sollen die Befunde zukünftiger Studien an Vertrauenswürdigkeit gewinnen.

Auf der Suche nach plausiblen Erklärungen

Mary SCHWEITZER und andere Kollegen sind intensiv auf der Suche nach möglichen Erklärungen für das Vorkommen von Gewebestrukturen und Zellbestandteilen in mesozoischen Fossilien. Man vermutet diese Erklärungen in der kompakten Struktur der Kollagenfibrillen oder auch in günstigen geochemischen Randbedingungen. Jüngst wurden auch Bräunungsreaktionen (Maillard-Reaktionen) angeführt. Die bisher geäußerten Vorschläge ändern nichts daran, dass die Erhaltung von organischen Makromolekülen über einen Zeitraum von über 60 Millionen Jahren bisher nicht verstanden ist.

Diskussion

SCHWEITZER et al. (2009) schreiben, nachdem ihre erste Veröffentlichung über flexible und elastische Gewebereste in *T. rex*-Fossilien aus der Kreide (SCHWEITZER et al. 2005) kontrovers diskutiert worden war: „Die einfachste (sparsamste) und bisher nicht widerlegte Erklärung ist, dass in manchen Fossilien von Dinosauriern aus der Kreide ursprüngliche Moleküle [eigentlich: Fragmente davon; H. B.] erhalten geblieben sind. Die Chemie, die diese Erhaltung bewirkt, ist noch unbekannt.“² Die Hypothese, dass Proteinstrukturen in Fossilien aus der Kreide und aus noch älteren Sedimentgesteinen heute noch analytisch nachgewiesen werden können, ist durch mehrere Befunde verschiedener Arbeitsgruppen erhärtet worden. Allerdings gilt auch noch der zweite Satz aus dem Zitat, dass

bis heute noch kein plausibler Mechanismus aufgezeigt worden ist, der diese Befunde verständlich machen würde.

Die aus Labordaten abgeschätzte Lebensdauer von Kollagen (BUCKLEY et al. 2008) beläuft sich maximal auf wenige 100.000 Jahre unter günstigen Bedingungen (wie niedere Temperatur, wenig Feuchtigkeit und weitgehende Abwesenheit von Mikroorganismen).

Eingangs der Veröffentlichung von SCHWEITZER et al. (2014) bemerken die Autoren: „Die Langlebigkeit von ursprünglichem Gewebe in fossilen Knochen aus dem Mesozoikum wird durch aktuelle chemische Modelle für deren Abbau nicht erklärt.“³ Viele Autoren postulieren mit Mary SCHWEITZER einen derzeit noch unbekannten Mechanismus zu Konservierung von Proteinfragmenten in mesozoischen Fossilien. Bis ein solcher Mechanismus aufgezeigt und gut begründet ist, stellt das eine Spekulation dar, die zukünftig zu prüfaren Hypothesen zugespitzt werden sollte. Selbst wenn im Labor Konservierungsmechanismen aufgezeigt werden könnten, wissen wir dadurch nicht, was sich bei den Fossilisationsprozessen im Verlauf der Erdgeschichte wirklich abgespielt hat, denn die Vergangenheit ist unserer Empirie nicht direkt zugänglich.

Mechanistisch ist die Erhaltung von organischen Makromolekülen über einen Zeitraum von über 60 Millionen Jahren nicht verstanden.

Grundsätzlich ist anzumerken, dass das Erklärungsdefizit für die Erhaltung von Proteinfragmenten in Fossilien aus dem Mesozoikum erheblich verringert würde, wenn die dem Mesozoikum und dem Känozoikum zugeschriebenen Alter komprimiert würden. Denkansätzen dieser Art stehen etablierte Vorstellungen zur Erdgeschichte entgegen. Aber die noch junge Geschichte der Erforschung von Proteinfragmenten in alten Fossilien lehrt: Es gibt Beobachtungen, die bei sorgfältiger und intensiver Prüfung etablierte Vorstellungen überwinden können. Dies gilt in dem hier verhandelten Fall auch dann, wenn noch großer Erklärungsbedarf besteht. Mary SCHWEITZER hat mit ihren Kollegen eindrucksvoll gezeigt, dass durch anhaltende und sorgfältige Forschung etablierte Betrachtungsweisen herausgefordert und überwunden werden können.

Insgesamt aber zeigen die hier vorgestellten Forschungen, dass wir im Blick auf ein Verständnis der Erdgeschichte immer wieder mit Überraschungen rechnen müssen und offen bleiben müssen für neue Befunde, ihre Erklärung und ihr Verständnis.

Eine ausführlichere Version dieses Artikels ist als Internetartikel veröffentlicht unter: https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-20-2_dinosaurier.pdf

Anmerkungen

- ¹ In den Fachpublikationen wird das auf Messung der Verhältnisse von Radioisotopen basierende Alter als kalendarisches Alter dargestellt. Dabei werden die so bestimmten radiometrischen Alter also mit Kalenderjahren gleichgesetzt. Im Text wird durch den Zusatz „radiometrisch“ auf diesen Sachverhalt hingewiesen.
- ² „The most parsimonious explanation, thus far unfalsified, is that original molecules persist in some Cretaceous dinosaur fossils. Still unknown is the chemistry behind such preservation.“
- ³ „The persistence of original soft tissue in Mesozoic fossil bone is not explained by current chemical degradation models.“

Literatur

- ALLENTOFT ME, COLLINS M et al. (2012) The half-life of DNA in bone: measuring decay kinetics in 158 dated fossils. *Proc. R. Soc. B* doi: 10.1098/rspb.2012.1745
- ASARA JM, SCHWEITZER MH, FREIMARK LM, PHILLIPS M & CANTLEY LC (2007) Protein sequences from Mastodon and *Tyrannosaurus rex* revealed by mass spectrometry. *Science* 316, 280–285.
- BAILLEUL AM, O'CONNOR J & SCHWEITZER MH (2019) Dinosaur paleohistology: review, trends and new avenues of investigation. *PeerJ*, doi:10.7717/peerj.7764.
- BERTAZZO S, MAIDMENT SCR et al. (2015) Fibres and cellular structures preserved in 75-million-year-old dinosaur specimens. *Nat. Comm.* 6:7325
- BINDER H (2009) Neue Befunde zu alten Proteinen aus Dinosaurierfossilien. *Stud. Int. J.* 16, 104–107.
- BUCKLEY M et al. (2008) Weighing the mass spectrometric evidence for the authentic *Tyrannosaurus rex* collagen. *Science* 319, 33.
- BUCKLEY M, WARWOOD S, VAN DONGEN B, KITCHENER AC & MANNING PL (2017) A fossil protein chimera; difficulties in discriminating dinosaur peptide sequences from modern cross-contamination. *Proc. R. Soc. B* 284:20170544; doi: 10.1098/rspb.2017.0544.
- CLELAND TP, SCHROETER ER et al. (2014) Mass spectrometry and antibody-based characterization of blood vessels from *Brachylophosaurus canadensis*. *J. Proteome Res.* Doi: 10.1021/acs.jproteome.5b00675
- CLELAND TP & SCHROETER ER (2018) A comparison of common mass spectrometry approaches for paleoproteomics. *J. Prot. Res.* 17, 936–945.
- DEMARCHI B et al. (2016) Protein sequences bound to mineral surfaces persist into deep time. *eLife* 2016;5:e17092; doi: 10.7554/eLife.17092.
- HENDY J, WELKER F, DEMARCHI B, SPELLER C, WARINNER C & COLLINS MJ (2018) A guide to ancient protein studies. *Nature Ecol. Evol.* 2, 791–799.
- LEE Y-C, CHIANG C-C et al. (2017) Evidence of preserved collagen in an early Jurassic sauropodomorph dinosaur revealed by synchrotron FTIR microspectroscopy. *Nat. Commun.* 8:14220; doi: 10.1038/ncomms14220.
- KOTULLA M (2019) Ausbruch des Laacher-See-Vulkans. *Stud. Int. J.* 26, 19–26.
- LINDGREN J, UVDAL P et al. (2011) Microspectroscopic evidence of Cretaceous bone Proteins. *PlosOne* 6: e19445; doi:10.1371/journal.pone.0019445
- MILLER H, BENNET R et al. (2019) The search for solutions to mysterious anomalies in the geologic column. *Geol. Earth Mar Sci.* 1, 1–15.
- PAWLICKI R, KORBEL A & KUBIAK H (1966) Cells, collagen fibrils and vessels in dinosaur bone. *Nature* 211, 655–657.
- REISZ RR, HUANG TD et al. (2013) Embryology of early Jurassic dinosaur from China with evidence of preserved organic remains. *Nature* 496, 210–214.
- RUPPEL E & SCHWEITZER M (2014) Not so dry bones: An interview with Mary Schweitzer on July 21, 2014; <https://biologos.org/articles/not-so-dry-bones-an-interview-with-mary-schweitzer> (abgerufen am 18. 3. 2020)
- SAN ANTONIO JD, SCHWEITZER MH et al. (2011) Dinosaur peptides suggest mechanisms of protein survival. *PLOSone* 6: e20381; doi: 10.1371/journal.pone.0020381.
- SAITTA ET, LIANG R et al. (2019) Cretaceous dinosaur bone contains recent organic material and provides an environment conducive to microbial communities. *eLife* 8: e46205; doi: 10.7554/eLife.46205
- SCHROETER ER, DEHART et al. (2017) Expansion for the *Brachylophosaurus canadensis* Collagen I sequence and additional evidence of the preservation of Cretaceous protein. *J. Proteome Res.*; doi: 10.1021/acs.jproteome.6b00873
- SCHWEITZER MH, MARSHALL M et al. (1997) Heme compounds in dinosaur trabecular bone. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 94, 6291–6296
- SCHWEITZER MH & HORNER JR (1999) Intravascular microstructures in trabecular bone tissue of *Tyrannosaurus rex*. *Ann. Paléontol.* 85, 179–192.
- SCHWEITZER MH, HILL CL, ASRA JM, LANE WS & PINCUS SH (2002) Identification of immunoreactive material in mammoth fossils. *J. Mol. Evol.* 55, 696–705.
- SCHWEITZER MH, WITTMAYER JL, HORNER JR & TOPORSKI JK (2005) Soft-tissue vessels and cellular preservation in *Tyrannosaurus rex*. *Science* 307, 1952–1955.
- SCHWEITZER HM (2011) Blutspuren aus der Kreidezeit. *Spektrum der Wissenschaft*; <https://www.spektrum.de/news/blutspuren-aus-der-kreidezeit/1072452>
- SCHWEITZER HM, SUO Z et al. (2007) Analysis of soft tissue from *Tyrannosaurus rex* suggest the presence of protein. *Science* 316, 277–280.
- SCHWEITZER MH, ZHENG W et al. (2009) Biomolecular characterization and protein sequences of the Campanian Hadrosaur B. *Canadensis*. *Science* 324, 626–631.
- SCHWEITZER MH, ZHENG W et al. (2014) A role of iron and oxygen chemistry in preserving soft tissues, cells and molecules from deep time. *Proc. R. Soc. B* 281:20132741; doi: 10.1098/rspb.2013.2741
- SCHWEITZER HM, SCHROETER ER, CLELAND TP & ZHENG W (2019) Paleoproteomics of Mesozoic dinosaurs and other Mesozoic fossils. *Proteomics* doi: 10.1002/pmic.201800251.
- SERVICE RF (2017) Keeping the faith. *Science* 357, 1088–1091.
- SIATTA ET, LIANG R et al. (2019) Cretaceous dinosaur bone contains recent organic material and provides an environment conducive to microbial communities. *eLife* 8; doi: 10.7554/eLife.46205
- SURMIK D, BOCZAROWSKI A et al. (2016) Spectroscopic studies on organic matter from Triassic reptile bones, Upper Silesia, Poland. *PLOSone* 11; e0151143; doi:10.1371/journal.pone.0151143

Anschrift des Verfassers:

Dr. Harald Binder, Taborweg 8, 78467 Konstanz,

E-Mail: harald.binder@wort-und-wissen.de

Dynamische Lichtfänger – Original und Kopie

In Zeiten der Energiewende wird es immer wichtiger, Lichtenergie effektiv zu „ernten“. Dem Beispiel der Sonnenblume folgend haben Materialwissenschaftler „SunBOTs“ erschaffen: kleine Stäbchen, die sich dynamisch, selbst-reguliert und reversibel entsprechend der Richtung des einfallenden Lichts ausrichten können.

Hans-Bertram Braun

Photovoltaikanlagen auf Dächern oder Feldern können das Sonnenlicht oft nur sehr suboptimal einfangen. Das gilt besonders in unseren Breitengraden, in denen sich der Sonnenstand über den Tag, aber auch über die Jahreszeiten, sehr stark ändert. Oft sind die Anlagen völlig statisch, sodass nur einmal am Tag eine möglichst große Fläche optimal beschienen wird, wobei dieser Zeitpunkt auch noch über das Jahr hinweg variiert. Dynamische Ausrichtung nach der Lichtrichtung dagegen erfordert ausgefeilte Regeltechnik und robuste Mechanik, einschließlich energieverbrauchender Motoren, um jedes Paneel der Sonne nachzuführen. Eine Gruppe von Material- und Energieforschern aus drei Institutionen in Kalifornien und Arizona hat es sich deshalb zum Ziel gesetzt, Materialien zu entwickeln, die ohne externe Steuerung und Energieversorgung autonom in der Lage sind, sich nach einer Lichtquelle auszurichten, um neben vielen anderen potenziellen Anwendungsmöglichkeiten in Zukunft mit hoher Effizienz dynamisch Lichtenergie ernten zu können (XIAOSHI 2019). Sie orientierten sich dabei am Beispiel der Sonnenblume.

Der französische Name der Sonnenblume, „le tournesol“ (frei übersetzt: dreht zur Sonne), erklärt, warum sich die Materialforscher diese Pflanze als Vorbild und Namenspaten¹ ausgesucht haben: Die Korbb Blüten junger Sonnenblumen

folgen dem Sonnenstand über den Tag vom Osten über den Süden bis in den Westen, nachts drehen sie sich Richtung Osten zurück. Dieses Verhalten wird „Phototropismus“ genannt. Sein Zweck ist nicht wirklich offensichtlich. Einerseits scheint es zu besserer Biomasseproduktion zu führen, denn Pflanzen, deren Phototropismus künstlich durcheinandergebracht wurde, produzierten in einem Experiment etwa 10% weniger Pflanzenmaterial. Ältere Sonnenblumen stellen die Verfolgung der Sonne ein, indem sie sich über Tag immer weniger nach Westen wenden, die Ostdrehung bei Nacht aber beibehalten. Ihre Köpfe neigen sich deshalb bei der Reife nach Osten, was man an Sonnenblumenfeldern gut selbst überprüfen kann. Es wird deshalb vermutet – und Daten deuten in diese Richtung –, dass die Ausrichtung der jungen Blütenstände Richtung Sonne die Temperatur der Blütenkörbchen erhöht und damit Befruchtern ein heimeliges Umfeld bietet (ATAMIAN 2016), während die befruchtete, reife Pflanze diesen Aufwand nicht mehr benötigt. Andererseits kann die Ausrichtung auf die Sonne bei hohen Temperaturen und starker Sonneneinstrahlung einen Nachteil darstellen und zu Lichtstress und Wasserverlust führen (KUTSCHERA 2016).

Ein wirklich durchschlagender selektiver Vorteil des aufwändigen Phototropismus gegenüber ähnlichen Pflanzen, die diesen Aufwand

nicht betreiben, ist bisher genauso wenig klar wie die naheliegende Frage, welchen Vorteil die finale Orientierung nach Osten bietet gegenüber einer nach Westen (VANDENBRINK 2014).

Der Sonne folgen – nicht so einfach

Die Prozesse, die Phototropismus ermöglichen, sind äußerst komplex. Naheliegender erscheint zunächst, dass Lichtrezeptoren eine Rolle spielen müssen. Es wurde gezeigt, dass Lichteinfall auf den Stängel zelluläre und hormonelle Prozesse anstößt, die zu einem Verteilungsgradienten von Wachstumsfaktoren von beschienener zu unbeschienener Seite des Stängels führen. Dieser Gradient bedingt verstärktes Wachstum auf der lichtabgewandten Seite, was die Neigung Richtung Lichtquelle verursacht. Dieser Mechanismus erscheint einleuchtend für die Bewegung der Blüte über den Tag. Bemerkenswerterweise drehen sich die Blüten aber in der Nacht relativ schnell wieder nach Osten zurück, sodass sie schon lange vor Sonnenaufgang bereit sind, die Sonne am östlichen Horizont wieder „zu begrüßen“. Wenn die Nächte im Sommer kürzer sind, erfolgt die nächtliche Rückdrehung schneller als im Herbst, wenn die Nächte länger sind. Offensichtlich kann bei dieser Rückdrehung das Licht selbst nicht die allein entscheidende Rolle spielen. Experimente, bei denen Sonnenblumen nach einiger Zeit auf dem Feld nicht mehr mit wanderndem Sonnenlicht, sondern mit statischem künstlichem Licht beschienen wurden, zeigten, dass der sogenannte zircadiane (ungefähr tägliche) Rhythmus, der nicht nur in Pflanzen,

Die Mechanismen der Bewegungen der Sonnenblume sind sehr komplex.

sondern auch in sehr vielen Lebewesen, einschließlich uns Menschen, abläuft, eine wichtige Rolle beim Phototropismus spielt. Pflanzen, die vom Feld in künstliches Licht überführt werden, behalten ihre tägliche Bewegung nämlich zunächst weiter bei, auch wenn die künstliche Lichtquelle sich nicht mehr bewegt. Wie bei anderen circadianen Rhythmen dämpft sich diese Bewegung über die Zeit ohne externen Zeitgeber, in Form von regelmäßiger Stimulation der Lichtrezeptoren, ab.

Die molekularen Prozesse hinter dem circadianen Rhythmus wiederum sind komplex und involvieren tageszeitenabhängige Schwankungen in der Ablesung von Genen. Dabei unterdrücken die Genprodukte die eigene Ablesung konzentrationsabhängig und führen damit zu einem regelmäßigen zirkulären Rhythmus, der so getaktet ist, dass er ungefähr, aber nicht genau, dem 24-Stunden-Tag entspricht. Bei durch die

Jahreszeiten normal verlängerten oder verkürzten Tagen wird mithilfe der Lichtrezeptoren der Rhythmus auf die aktuelle Tageslänge eingestellt, bei Pflanzen wie auch bei uns Menschen. Setzt man Sonnenblumen aber absichtlich deutlich verlängerten Tageslängen von 30 Stunden aus, wird der Rhythmus erratisch und die Einsteuerung durch die Lichtrezeptoren funktioniert nicht mehr (ATAMIAN 2016).

Der natürliche Phototropismus der Sonnenblume ist also sehr komplex, er involviert sowohl lichtabhängige Pflanzenhormon-Signalwege als auch die zircadiane Uhr, die zusammen das Wachstum der Pflanze auf den verschiedenen Seiten des Stängels steuern, um die Blüte Richtung Sonne zu drehen. Die Mechanismen sind noch nicht in Gänze verstanden, auch der Zweck des Phototropismus ist nicht eindeutig geklärt.

Vereinfachte Nachahmung

Im Vergleich zu seinem pflanzlichen Vorbild ist das Design der amerikanischen Materialforscher sehr „lean“, deutlich reduziert. Sie entwickelten verschiedene Materialien, die auf lokalen Lichteinfall mit Schrumpfen der entsprechend beleuchteten Regionen reagieren. In Anlehnung an Pflanzenstängel formten sie das Material in 1 mm dicke, ca. 10–15 mm lange Säulchen. Dabei dienen winzige Gold-Nanopartikel, reduziertes Graphen-Oxid (ultradünnes Material aus Kohlenstoff), Polypyrrol, Polyanilin oder Indigo-Farbstoff in Form von Einlagerungen als Hilfsstoffe, die Lichteinfall detektieren und in Wärme umsetzen. Die Wärme führt zur Überschreitung einer polymerspezifischen kritischen Lösungstemperatur, bei der sich das formgebende Polymer-Hydrogel oder Flüssigkristall-Elastomer an der beschienenen Seite reversibel innerlich verflüssigt und dadurch schrumpft. Auf diese Weise beugen sich die Säulchen durch Schrumpfung der dem Licht zugewandten Seite (also nicht durch Verlängerung der lichtabgewandten, wie bei den Sonnenblumen) in Richtung auf die Lichtquelle. Diese Beugung hört auf, sobald das Säulchen direkt auf die Lichtquelle zielt und damit sich selbst beschattet, was das Hydrogel in beschatteten Teilen sich wieder ausdehnen lässt, das aber sofort wieder schrumpft, wenn der Lichteinfall wieder höher wird. Dieser selbstregulierende negative Feedback-Mechanismus hält das Säulchen in Position, solange die Richtung der Lichtquelle gleich bleibt.

Die Reaktion in Richtung des Lichts, auch in Verfolgung einer bewegten Lichtquelle, erfolgt dabei erstaunlich schnell, das Wieder-Aufrichten nach Abschalten der Lichtquelle etwas langsamer. Ein sehr breiter räumlicher Winkel (–150 bis +150°) kann dabei abgedeckt werden. In

Versuchen mit kleinen Feldern von Säulchen konnten die Wissenschaftler zeigen, dass die Ausrichtung der SunBOTS zur Lichtquelle wie erwartet die Effizienz der Energieaufnahme bei wechselnden Einfallswinkeln gegenüber Flächen, die sich nicht Richtung Licht ausrichten, deutlich verbessert. Sie berechneten, dass SunBOTS in geographischen Breiten wie den unseren die Energieaufnahme um 30–110 % verbessern. Die Autoren haben die Prozesse bezüglich Umwandlung von Licht in Temperatur, Temperaturdiffusion, Massendiffusion und mechanischer Deformierung so weit theoretisch modelliert und verstanden, dass sie sich in der Lage sehen, gewünschte Designs robust gegen ein breites Spektrum an Umweltfaktoren gezielt zu erstellen. Wegen der großen Auswahl an möglichen Lichtrezeptoren und reversibel thermisch verformbaren Polymermaterialien und Polymerstrukturen sowie der physikalischen Einfachheit ihres Design-Prinzips des „Künstlichen Phototropismus“ versprechen sich die Autoren ein potenziell weites Einsatzgebiet in Energiegewinnung, Robotik und Umwelt. Um von den kleinen SunBots zu selbst-anpassenden Signalempfängern, smarten Fenstern, selbst-steuernder Robotik, Solarpanels für Raumschiffe, gesteuerten medizinischen Operationen, selbstregulierenden optischen Geräten und intelligenter Energiegewinnung durch Solarzellen und Bio-Treibstoffe mit Algen zu gelangen, ist allerdings mit Sicherheit noch einiges an Ingenieursleistung erforderlich.

Beim Vergleich von natürlichem Original und künstlicher Kopie will man nicht glauben,

Das Original ist sehr viel komplizierter als die mit großem Aufwand entwickelte Nachahmung.

dass das sehr viel kompliziertere und noch nicht komplett verstandene Original durch zufallsgetriebene und naturgesetzliche Prozesse entstanden sein soll, während der erste Prototyp der künstlichen Kopie doch schon ein erhebliches Maß an designerischen Fähigkeiten und geballter Intelligenz mehrerer wissenschaftlicher Institutionen, honoriert mit einer *Nature*-Publikation, erforderte.

Anmerkung

- ¹ SunBOT steht für „Sunflower-like biomimetic omnidirectional tracker“. In Deutsch in etwa „sonnenblumenähnliche, der Natur nachempfundene, richtungsunabhängige Nachführeinrichtung“ (die Abkürzung lohnt sich wirklich).

Literatur

- XIAOSHI Q. et al. (2019) Artificial phototropism for omnidirectional tracking and harvesting of light. *Nature Nanotechnology* 14, 1048–1055. Videos unter: <https://www.nature.com/articles/s41565-019-0562-3>
- ATAMIAN HS et al. (2016) Circadian regulation of sunflower heliotropism, floral orientation, and pollinator visits. *Science* 353, 587–590.
- KUTSCHERA U & BRIGGS WR (2016) Phototropic solar tracking in sunflower plants: an integrative perspective. *Ann. Bot.* 117, 1–8.
- VANDENBRINK JP et al. (2014) Turning heads: The biology of solar tracking in sunflower. *Plant Sci.* 224, 20–26.

Parmastega – neuer erster Vierbeiner?

Der neu entdeckte fossil erhaltene Vierbeiner (Tetrapode) *Parmastega* weist ein unerwartetes Merkmalsmosaik auf. Unter den gut erhaltenen Tetrapoden ist *Parmastega* zwar die geologisch älteste Gattung, weist aber mehrere markante Merkmale auf, die einer basalen Position deutlich widersprechen, allen voran ein weitgehend knorpeliges Skelett und ungewöhnlich hochstehende Augen. Das gesamte Merkmalsmosaik wird leichter verständlich, wenn man wie im Rahmen von Schöpfungsmodellen von einer freien Kombinierbarkeit von Merkmalen ausgeht.

Reinhard Junker

Einleitung

Wenn fossile Arten neu entdeckt werden, wird häufig behauptet, sie würden immer wieder die Evolutionstheorie bestätigen oder füllen Lücken im evolutionären Stammbaum. Diese Aussage ist fast trivial, denn wenn man von

einem gemeinsamen Stammbaum aller Arten ausgeht, wird jeder Fund automatisch eine Lücke füllen. Die interessantere Frage ist aber, ob neue Fossilien an zuvor erwarteten Stellen im bis dato geltenden Stammbaum eingeordnet werden können. Diese Frage muss bei neuen Funden sehr oft verneint werden. Vielmehr erfordern



Abb. 1 Rekonstruktion von *Parmastega*. (© Mikhail SHEKHANOV/Ukhta Local Museum)

sie häufig die Hinzunahme eines neuen Astes im hypothetischen Stammbaum. Und nicht selten muss angenommen werden, dass bestimmte Merkmale konvergent entstanden sind, also zwei- oder mehrfach unabhängig, weil das gesamte Merkmalsmosaik der betreffenden Art nicht an eine Stelle des bisherigen Stammbaumes passt, oder es muss eine Rückentwicklung (Reversion) postuliert werden. Solche Fälle, in denen Ähnlichkeiten nicht auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt werden (können), werden unter „Homoplasien“[★] zusammengefasst. Sowohl das Auftreten von Homoplasien als auch die Notwendigkeit, eine zusätzliche evolutionäre Linie annehmen zu müssen, kann jedoch nicht als „Bestätigung der Evolutionstheorie“ gelten (wenn man umgekehrt auch nicht von Widerlegung sprechen kann).

Jeder Fund füllt eine Lücke – aber auch an einer erwarteten Stelle im zuvor geltenden Stammbaum?

Man kann immer, egal welche Merkmalsmosaiken neue Funde liefern, Cladogramme erstellen; das sind Ähnlichkeitsbäume, die nach bestimmten Vorschriften bzw. Verfahren auf der Basis einer Merkmalsanalyse und der Verteilung von Merkmalen und Merkmalsausprägungen erstellt werden. Bestehende Cladogramme werden durch neue Funde oft umorganisiert. Eine Infragestellung der zugrunde liegenden Evolutionsanschauung ist auf diese Weise methodisch aber nicht möglich. Man kann nur eine Art Gütekriterium anwenden: Je mehr Homoplasien in einem Cladogramm auftreten, desto problematischer ist eine solche Situation für evolutionstheoretische Modellierungen.¹

Parmastega

Die geschilderte Situation trifft beispielhaft auf einen neuen Fund eines geologisch alten Vierbeiners (Tetrapoden) zu: den auf 372 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) datierten *Parmastega aelidae* aus dem Oberdevon (unteres Famennium) Russlands (BEZNOSOV et al. 2019). Der Fund gilt als das älteste gut erhaltene Fossil eines frühen Tetrapoden; es wurden allerdings deutlich ältere Vierbeiner-Fußspuren (s.u.) und einige geringfügig ältere kleinere Knochenfragmente mutmaßlicher Tetrapoden gefunden, die jedoch keine Rekonstruktionen des Körperbaus ermöglichen. Zu den bisher geologisch ältesten gut erhaltenen Tetrapoden-Fossilien gehören das berühmte *Ichthyostega* und *Acanthostega*, die auf 360 MrJ datiert werden.

Von *Parmastega* wurden mehr als 100 gut erhaltene Knochen vor allem des Schädels und des Schultergürtels gefunden, die von vielen Individuen stammen und aus denen sich ein ca. ein Meter langes Tier rekonstruieren lässt, das wesentliche Merkmale der Tetrapoden im Bereich des Schädels aufwies. Allerdings fällt ein Merkmal des Schädels ziemlich aus dem Rahmen: Auf der Oberseite des Kopfes saßen größere Augen in einer Position, wie man sie bei Krokodilen kennt. Daher vermuten die Forscher, dass *Parmastega* an der Wasseroberfläche schwamm, ähnlich wie heute die Krokodile, und dort vermutlich auf Beute lauerte. Für seine räuberische Lebensweise spricht sein großes Maul mit spitzen, langen Zähnen.

Anders als bei heutigen Krokodilen war die Position der Nasenöffnung jedoch tief in der Nähe der Kiefer und somit im Wasser, woraus eine Kiemenatmung erschlossen wird. *Parmastega* besaß in seinem Schädel aber auch ein großes Atemloch (Spiraculum, Spritzloch), was eine Luftatmung ermöglicht haben könnte.

Beine anstelle paariger Flossen wurden allerdings nicht gefunden; ihre Existenz wurde vielmehr aus dem Bau der erhaltenen Teile des Schultergürtels erschlossen (BEZNOSOV et al. 2019). Da die Schultern nur teilweise und Wirbel gar nicht verknöchert waren, glauben die Wissenschaftler, dass *Parmastega* trotz Besitz von Beinen nicht an Land gehen konnte. Auffällig sei außer der Abwesenheit von Beinknochen auch das Fehlen von Rippen, Wirbeln oder Hüftknochen trotz augenscheinlich guter Erhaltungsbedingungen. Wären diese Skeletteile verknöchert gewesen, wären also auch fossile Reste davon zu erwarten. Die fossile Abwesenheit dieser Skeletteile spreche daher dafür, dass auch diese Skelettelemente nicht verknöchert, sondern knorpelig waren. Wenn *Parmastega* aufgrund eines relativ weichen Skeletts nicht an Land gehen konnte, stellt sich allerdings die Frage, wozu unter

Glossar

Cladistik, Cladogramm: Methode des Vergleichs verschiedener Arten (oder höherer Taxa) anhand gemeinsamer abgeleiteter Merkmale zum Zwecke einer Stammbaumrekonstruktion, die in einem Cladogramm (Verzweigungsschema)

dargestellt wird.

Homoplasie: Sammelbegriff für mehrfach unabhängige gleichsinnige Änderungen: Konvergenzen (unabhängige Entstehung ähnlicher Merkmale); Parallelismen und Rückbildungen.

diesen Umständen Tetrapodenbeine ausgebildet waren. Für ein Leben im Wasser spricht, dass im Bereich des Schädels das Seitenlinienorgan gut ausgebildet war; dieses Organ enthält Sensoren, mit denen Wasserströmungen wahrgenommen werden können.

Insgesamt ist die Lebensweise von *Parmastega* etwas rätselhaft: Die hochstehenden Augen machen nur Sinn, wenn der Blick über die Wasseroberfläche ging und es eine Interaktion mit der Umgebung auf dem Land gab (BEZNOSOV et al. 2019, 530). Aber was soll *Parmastega* dort gesucht haben? Da das Tier vermutlich nicht landgangtauglich war, mutmaßen die Forscher, dass es im Wasser gelauert und am Ufer trinkende oder ruhende Beute ins Wasser gezogen haben könnte – ähnlich wie Krokodile das heute tun. Nach gängigen evolutionstheoretischen Vorstellungen gab es aber noch keine größeren Landlebewesen als geeignete Beute (FRÖBISCH & WITZMANN 2019, 494). Die Ausstattung mit großen Reißzähnen spricht jedenfalls klar dafür, dass größere Tiere erbeutet wurden; vielleicht auch am Ufer liegende Kadaver. Hier gibt es offensichtlich noch ein Rätsel zu lösen: Wie war die Fortbewegungsweise von *Parmastega* wirklich, und gab es wirklich noch keine größeren landlebenden Tiere? Immerhin sind eindeutige Vierbeinerspuren bekannt, die auf bis zu 390 Millionen radiometrische Jahre und somit 18 Millionen Jahre älter als *Parmastega* datiert werden (NIEDZWIEDZKI et al. 2010; AHLBERG 2018; vgl. JUNKER 2019).

Evolutionstheoretische Betrachtungen

In der von BEZNOSOV et al. (2019) durchgeführten cladistischen Analyse wird *Parmastega* an der Basis aller anderen Tetrapoden platziert, allerdings ist diese Position nicht sonderlich stabil und die Auflösung des Cladogramms schwach. Die Position von *Parmastega* im Cladogramm wird auf der Basis des gesamten vorliegenden Merkmalspektrums ermittelt und auf dieser Basis passt sie zu den gegenwärtigen evolutionstheoretischen Vorstellungen. Nimmt man jedoch *einzelne Merkmale* in Augenschein, ergibt sich ein deutlich anderes Bild: Einen teilweise krokodilartigen Kopf hätte man bei einem frühen Tetrapoden evolutionstheoretisch sicher nicht erwartet. FRÖBISCH & WITZMANN (2019, 494) kommentieren überrascht: „This eye shape and position is surprising because it indicates that this water dweller was looking above the surface of the water.“ Noch rätselhafter finden BEZNOSOV et al. (2019, 530), dass ein größerer Teil des Ske-

letts knorpelig ausgebildet ist, denn alle näher verwandten Formen – mutmaßliche Vor- und Nachfahren – haben ein gut verknöchertes Skelett, sodass *Parmastega* in dieser Hinsicht völlig aus dem phylogenetischen Rahmen fällt.

Der Hirnschädel von *Parmastega* ist morphologisch zwischen dem von *Ichthyostega*, von *Acanthostega* und *Ventastega* angesiedelt und könnte als hypothetische Ausprägung eines Vorfahren dieser recht verschiedenen Gattungen interpretiert werden, doch eine darauf aufgebaute Phylogenie führt zu einer „nicht-trivialen Homoplasie“ entweder beim Hirnschädel oder bei anderen Teilen des Skeletts (BEZNOSOV et al. 2019, 530), d.h. zu Merkmalswidersprüchen. BEZNOSOV et al. (2019, 530) kommen daher zum Schluss, dass *Parmastega* phylogenetisch zwar am ehesten an der Basis der gut erhaltenen Tetrapoden steht, jedoch nicht unbedingt charakteristisch für die primitiven Bedingungen für die Gruppe sei.² Und sie sprechen von „erheblichen morphologischen Homoplasien unter devonischen Tetrapoden“ (S. 530f.).

Das Merkmalsmosaik von *Parmastega* passt zur Vorstellung einer freien Kombinierbarkeit von Merkmalen.

Damit erweist sich *Parmastega* als ausgeprägte Mosaikform, die keineswegs eine bisher bestehende Lücke im Stammbaum füllt, sondern eher neue Lücken aufreißt und evolutionstheoretisch als weitere Seitenlinie angesehen werden muss. Das gilt auch, weil wie oben erwähnt viel älter datierte eindeutige Tetrapoden-Fußspuren bekannt sind. Auch daher scheidet *Parmastega* genauso wie andere frühe Tetrapoden als evolutionäre Übergangsform aus. Allem Anschein nach war *Parmastega* adaptiv für eine bestimmte Lebensweise optimiert und nicht „auf dem Weg zu irgendetwas“ (eine Formulierung von AHLBERG 2018, der dies über die den Tetrapoden nahe stehenden Elpistostegiden sagt). FRÖBISCH & WITZMANN (2019, 495) kommentieren: „Diese Entdeckung erinnert uns auch daran, dass im nächsten spannenden Kapitel dieser Detektivgeschichte noch viel zu lernen bleibt.“

Das Merkmalsmosaik von *Parmastega* passt besser zur Vorstellung einer freien Kombinierbarkeit von Merkmalen bzw. Merkmalskomplexen und zu netzförmigen Ähnlichkeitsbeziehungen, die aus einer Schöpfungsperspektive leichter verständlich sind. Dagegen haben stammesgeschichtliche Rekonstruktionen mit *Parmastega* mit weiteren teils schwerwiegenden Homoplasien zu kämpfen, was nicht den evolutionstheoretischen Erwartungen entspricht (vgl. Anmerkung 1).

Anmerkungen

- ¹ Der Grund dafür ist: Bei der Erstellung von Cladogrammen soll die Anzahl der anzunehmenden Konvergenzen bzw. Homoplasien minimiert werden, weil Homoplasien als evolutionstheoretisch unwahrscheinlich gelten. Cladogramme werden auf der Basis gemeinsamer abgeleiteter („höherentwickelter“) Merkmale erstellt, die als Marker für gemeinsame Vorfahren verwendet werden. Diese werden als Synapomorphien bezeichnet. Wenn Synapomorphien genauso wahrscheinlich wären wie Homoplasien, könnten cladistische Analysen gar nicht stammesgeschichtlich interpretiert werden.
- ² „*Parmastega* is phylogenetically the least-crownward of all of the non-fragmentary tetrapods, but it is not necessarily representative of the primitive conditions for the group.“

Literatur

- AHLBERG PE (2018) Early Vertebrate Evolution. Follow the footprints and mind the gaps: a new look at the origin of tetrapods. *Earth Environ. Sci. Trans. R. Soc. Edinb.*, 1–23. doi:10.1017/S1755691018000695
- BEZINOSOV PA, CLACK JA, LUKŠEVIČS E, RUTA M & AHLBERG PD (2019) Morphology of the earliest reconstructable tetrapod *Parmastega aelidae*. *Nature* 574, 527–531.
- FRÖBISCH NB & WITZMANN F (2019) Early tetrapods had an eye on the land. *Nature* 574, 494–495.
- JUNKER R (2019) Entstehung der Vierbeiner – doch kein glatter Übergang. *Stud. Integr. J.* 26, 106–108.
- NIEDZWIEDZKI G, SZREK P, NARKIEWICZ K, NARKIEWICZ M & AHLBERG PE (2010) Tetrapod trackways from the early Middle Devonian period of Poland. *Nature* 463, 43–48.

Neuer *Australopithecus*-Fund und das Grundtypmodell

Ein neuer Schädel Fund von *Australopithecus anamensis* zeigt völlig unerwartet ein ausgeprägtes Merkmalsmosaik. Mit diesem Fund ist die bisherige evolutionstheoretische Deutung von *Australopithecus anamensis* als Vorläuferart von *Australopithecus afarensis* hinfällig. Die Merkmale von *Australopithecus anamensis* sind besser im Grundtypmodell der Schöpfungslehre als in einem evolutionären Stufenleitermodell zu verstehen.

Michael Brandt

Bisherige Überreste von *Australopithecus anamensis* aus Kenia und Äthiopien, zu denen Zähne sowie Kiefer- und Extremitätenknochen gehören, zeigen „primitivere“ Merkmale als das entsprechende Material von *Australopithecus afarensis*. Die Australopithecinen werden im Evolutionsmodell als Vormenschen, im Schöpfungsmodell dagegen als separater Großaffen-Grundtyp gedeutet. Ausgehend von den „primitiven“ Merkmalen und der früheren zeitlichen Stellung (3,9 bis 4,2 Millionen Isotopenjahre) wurde *Australopithecus anamensis* im evolutionären Stammbaum der Paläanthropologie als Ahne von *Australopithecus afarensis* eingestuft und damit auch in die zum Menschen führende Ahnenreihe gestellt.

Erstmalige Untersuchungsergebnisse der Wirbelsäule versetzten dieser Deutung einen ersten „Knacks“, denn MEYER & WILLIAMS (2019) stellten am ersten, zweiten und sechsten Halswirbel sowie ersten Brustwirbel von *Australopithecus anamensis* „fortschrittlichere“ anatomische Merkmale gegenüber *Australopithecus afarensis* fest. Endgültig obsolet wurde die bisherige phylogenetische Deutung nun durch die

Entdeckung eines nahezu vollständigen Schädels von *Australopithecus anamensis* in Woranso-Mille, Äthiopien.

Der auf 3,8 Millionen Jahre datierte Schädel MRD-VP-1/1 (Abb. 1) weist eine völlig unerwartete Kombination von Merkmalen auf (HAILE-SELASSIE et al. 2019).

Die Merkmalskombination des neuen Fundes widerspricht einer linearen Abfolge.

MRD besitzt einerseits „primitive“ Merkmale. Dazu gehören ein Schädelvolumen von nur 365–370 cm³ (zum Vergleich: Schimpansen haben ein Gehirnvolumen von durchschnittlich 385 cm³) und eine niedrige, nur leicht gekrümmte Sutura squamosa (Schuppennaht). Beide Merkmale teilt der neue Schädel Fund nur mit dem frühen Homininen¹ *Sahelanthropus tchadensis*. Weiterhin zeigt MRD eine gegenüber *Australopithecus afarensis* stärkere Einschnürung hinter der Augenhöhle (postorbitale



Konstriktion). Der Ausprägungsgrad ist bei *Australopithecus anamensis* ähnlich dem des oben erwähnten *Sahelanthropus tchadensis* und dem des Homininen *Ardipithecus ramidus*, welche als sehr „primitiv“ eingeschätzt werden.

Das ausgeprägte Merkmalsmosaik von *Australopithecus anamensis* ist überzeugender im Grundtypkonzept als in einem evolutionären Stufenleitermodell zu verstehen.

Im Gesicht weist der neue Schädel Fund dagegen Merkmale auf, die zum einen vergleichbar denen bei *Australopithecus afarensis* sind, zum anderen aber bei den robusten Australopithecinen (*Paranthropus*) und *Australopithecus africanus* zu finden sind, welche als „fortschrittlich“ eingeschätzt werden.

Mit diesem ausgeprägten, für eine lineare Abfolge widersprüchlichen Merkmalsmosaik und der Tatsache, dass *Australopithecus anamensis* und *Australopithecus afarensis* in Äthiopien wenigstens 100.000 Isotopenjahre (MRD-VP-1/1 und als Vertreter von *A. afarensis* BEL-VP-1/1) gleichzeitig lebten, muss nach HAILE-SELASSIE et al. (2019) die bisherige Vorstellung einer linearen graduellen Evolution von *Australopithecus anamensis* zu *Australopithecus afarensis* fallen gelassen werden. In welcher Verwandtschaftsbeziehung standen aber *Australopithecus anamensis* und *Australopithecus afarensis*?

HAILE-SELASSIE et al. (2019) verbleiben bei der Beantwortung dieser Frage im Vagen. Sie schreiben lediglich, dass *Australopithecus afarensis* nicht aus einer einzigen Ahnenpopulation („single ancestral population“) evolviert sei, und

meinen damit wohl, dass *Australopithecus afarensis* nicht auf eine einzige Vorläuferart zurückgeht. Wie sie sich das genauer vorstellen, bleibt völlig unklar (Hybridisierung?). Eine alternative und wesentlich überzeugendere Deutung des ausgeprägten Merkmalsmosaiks von *Australopithecus anamensis* ergibt sich im Rahmen des Grundtypkonzepts der Schöpfungslehre.

Im Grundtypmodell entfällt der Zwang, die *Australopithecus*-Spezies in einem Stammbaum auf einer Stufenleiter mit unterschiedlichen phylogenetischen Niveaus von „primitiv“ zu „fortschrittlich“ hin anzuordnen. Stattdessen gehören alle *Australopithecus*-Arten zu einem Grundtyp, d.h. sie sind bei gleicher Entwicklungshöhe miteinander verwandt und ihre unterschiedlichen Merkmalsausprägungen entstammen einem gemeinsamen Pool angelegter Möglichkeiten, die in unterschiedlichsten Weisen kombiniert werden können. Danach sind *Australopithecus anamensis* und *Australopithecus afarensis* keine unterschiedlich hoch entwickelten Arten gewesen und das Merkmalsmosaik von *Australopithecus anamensis* ist ein gut erklärbarer Befund.

Anmerkung

¹ Hominine: Menschenähnliche – alle fossilen und lebenden Menschenformen einschließlich ihrer im Evolutionsmodell vermuteten Vorläufer.

Literatur

HAILE-SELASSIE Y, MELILLO SM et al. (2019) A 3.8-million-year-old hominin cranium from Woranso-Mille, Ethiopia. *Nature* 573, 214–219.
MEYER MR & SA WILLIAMS (2019) Earliest axial fossils from the genus *Australopithecus*. *J. Hum. Evol.* 132, 189–214.

Abb. 1 Der neu entdeckte Schädel MRD-VP-1/1 von *Australopithecus anamensis*. Der auf 3,8 Millionen Jahre datierte Fund weist einen unerwarteten Mix aus „primitiven“ und „fortschrittlichen“ Merkmalen auf. (© Dale OMORI, Cleveland Museum of Natural History)

Wie Käfer zu ihren Hörnern kamen

Hörner von Käfern galten bisher als Paradebeispiele für evolutionäre Neuheiten. Genetische Untersuchungen zeigen aber viel gemeinsame Nutzung von Genen für Flügel und Hörner. Sind die Hörner also doch nicht so neu? Und wie könnte dieser Befund aus der Schöpfungsperspektive gedeutet werden?

Reinhard Junker

Hörner von Käfern könnten nach Ansicht von Forschern aufgrund neuer Untersuchungen zu einem Umdenken über Makroevolution führen: Wie entstehen evolutionäre Neuheiten? Entgegen vielen anderslautenden Behauptungen ist dieses Problem nach wie vor nicht gelöst. Eine Forschergruppe, die sich mit dieser Frage am Beispiel der Hörner von Käfern beschäftigt, stellt eingangs ihres Artikels dazu fest: „Wie neue komplexe Merkmale entstehen, ist eine grundlegende, aber weitgehend ungelöste Frage der Evolutionsbiologie“ (Hu et al. 2019¹).

Eine Reihe von Käfern, z.B. Dungkäfer und Nashornkäfer (Familie Scarabaeidae), besitzt Hörner am ersten Brustsegment. Sie werden für Verteidigung und Kampf mit Rivalen bei der Partnersuche eingesetzt. Am zweiten und dritten Brustsegment setzen die Flügel an.

Hörner als evolutionäre Neuheit

Die Hörner gelten als typisches Beispiel für eine evolutionäre Neuheit, also für eine Struktur, deren Entstehung einen makroevolutionären

Schritt erfordert, da eine neuartige Struktur mit neuer Funktion vorliegt. In der Evolutionsbiologie wird „Neuheit“ meist so definiert, dass die betreffende Struktur in wesentlichen Aspekten keine Homologie zu einer anderen Körperstruktur aufweist, d. h. keine Bauplan-ähnlichkeit aufweist und nicht durch Abwandlung aus anderen Körperteilen entstanden ist. Sie müsste also gleichsam aus dem Nichts entstanden sein.

Nun haben genetische Untersuchungen gezeigt, dass die Hörner in gewisser Hinsicht nicht so „neu“ sind wie gedacht. Ein Team um den Entwicklungsbiologen Yonggang Hu von der Indiana University in Bloomington konnte nämlich zeigen, dass bei der Ausbildung der Hörner auf eine ganze Reihe von Genen zurückgegriffen wird, die auch für die Flügel benötigt werden (Hu et al. 2019). Sie inaktivierten bei den Larven und Puppen dreier *Onthophagus*-Arten jeweils eines von sechs Genen, die bei der Entwicklung der Flügel aktiviert werden. Dabei zeigte sich, dass mit Ausnahme des Gens *nubbin* nicht nur die Flügel missgebildet waren oder ganz fehlten, sondern dass auch die Hörner in Mitleidenschaft gezogen wurden. Diese Gene sind also zugleich auch für die formgerechte

Abb. 1 Gehörntes Männchen des Dungkäfers *Onthophagus taurus*. (© Igor SIWANOWICZ, photo.net)

Abbildung online nicht verfügbar

Bei der Ausbildung von Hörnern und Flügeln werden zum Teil dieselben Gene genutzt.

Entwicklung der Hörner erforderlich. Schon zuvor war bei vier anderen Genen gezeigt worden, dass sie sowohl an der Ausbildung der Flügel als auch der Hörner gleichermaßen beteiligt sind.² Andere Gene, die die genaue Struktur und Position der Hörner beeinflussen, werden erst später aktiv (vgl. NIJHOUT 2019). Ein weiterer besonders interessanter Befund ist, dass die Hörner durch Manipulationen anderer Gene in flügelartige Strukturen umgewandelt werden konnten. Dies zeige, so Hu et al. (2019, 1004), eine serielle Homologie zwischen Flügeln und Hörnern (Homologie innerhalb des Organismus).

Die Forscher interpretieren diese Befunde so, dass ein gemeinsamer genetischer Ursprung von Flügeln und Hörnern angenommen werden müsse und dass das gleiche Gen-Netzwerk an der Ausbildung der Strukturen an allen drei Segmenten beteiligt ist.

Auch bei anderen Insekten sitzen am ersten Brustsegment markante Strukturen, z. B. der Helm von Zikaden oder der Halsschild der Wanzen, und teilweise gleiche genetische Grundlagen für die verschiedenen Strukturen waren schon bisher bekannt (PRUD'HOMME 2011; vgl. BINDER 2011). Möglicherweise liegt allen diesen Strukturen dasselbe Gen-Netzwerk zugrunde.

Aufgrund dieses Befundes sehen sich die Biologen veranlasst, die Definition von morphologischer Neuheit in der Evolution zu überdenken. Denn in Bezug auf einen Teil der genetischen Grundlagen sind die Hörner keine Neuheit. Wenn das Vorliegen von „Neuheit“ das Fehlen von Homologien mit Vorläuferstrukturen beinhaltet, treffe dies auf Hörner bei Käfern nicht zu. Dagegen kann man jedoch argumentieren, dass zwar teilweise eine genetische Verwandtschaft vorliege, aber die Hörner dennoch eine strukturelle Neuheit darstellen.

Was bedeuten diese Befunde?

Die Forscher beschäftigt nun die Frage, was die ursprüngliche Funktion des Gen-Netzwerks gewesen sein könnte, das den verschiedenen Strukturen (Flügel, Schilde, Hörner u.a.) gleichermaßen zugrunde liegt. Denn sie nehmen an, dass es bereits existiert hat, bevor Flügel und Hörner entstanden sind, vielleicht sogar schon, bevor es Insekten gab (HU et al. 2019, 1007). Aber welchem Zweck diene es? Das ist unklar (NIJHOUT 2019, 947). Diese Annahme wirft die weitere Frage auf, wie das Gen-Netzwerk – ausgehend von der Situation bei einem mutmaßlichen gemeinsamen Vorfahren – für die verschiedenen neuen Aufgaben (Flügel, Hörner) verwendet (verschaltet) oder wiederverwendet werden konnte (vgl. dazu die kritischen Bemerkungen von BINDER [2011] zu den Anhängen bei Buckelzirpen). Ein evolutionäres „plug and play“ – anschließen und loslegen – kann schließlich nicht angenommen werden. NIJHOUT (2019, 946) spricht in seinem Kommentar zwar von „Mechanismen“, die ermittelt worden seien, aber der mutmaßliche evolutionäre Prozess ist nicht Gegenstand der Untersuchungen der Forscher. Vielmehr wird der Befund der weitgehenden Gleichheit des Gen-Netzwerks gleichsam

evolutionstheoretisch übersetzt, ohne einen Mechanismus dafür zu beschreiben. Die Nutzung einzelner Gene für „neue“ Aufgaben ist keine Erklärung, sondern erfordert Erklärungen dazu, wie diese Mehrfachnutzung gesteuert und fein austariert werden kann, damit der Organismus nicht zugrunde geht.

Ein evolutionäres „plug and play“ – anschließen und loslegen – kann nicht angenommen werden. Wie wurde also die Mehrfachnutzung ermöglicht?

„Plug and play“ und Mehrfachverwendung machen dagegen Sinn in einem schöpfungstheoretischen Kontext. Für beides muss nämlich vorgeplant werden. Ein „Zusammenstecken“ funktioniert nur, wenn die Gesamtstruktur dafür passend konstruiert ist. An den Gen-Netzwerken „hängen“ komplexe Strukturen, besonders im Falle der Flügel. Und gerade eine Mehrfachverwendung erfordert ausgeklügelte Planung, umso mehr, wenn es sich um zentrale Teile eines komplexen Gebildes handelt. NIJHOUT (2019) kommentiert, die Ergebnisse von HU et al. zeigten, „dass ein überraschend kleiner Werkzeugkasten von regulatorischen Genen die Entwicklung außergewöhnlich vielfältiger und scheinbar unverbundener Strukturen kontrolliert.“ Eine solche Situation ergibt aus der Perspektive einer Schöpfung Sinn.

Anmerkungen

- 1 Original: „How novel complex traits originate is a fundamental yet largely unresolved question in evolutionary biology.“
- 2 Es ist also zwar möglich, Zusammenhänge zwischen Genen und Strukturen (Flügel, Hörner) aufzuzeigen, aber was die Gene genau bewirken, wie sie zur Ausbildung der Strukturen beitragen, wie sie verschaltet sind und vieles mehr ist weitgehend unverstanden.

Literatur

- HU Y, LINZ DM & MOCZEK AP (2019) Beetle horns evolved from wing serial homologs. *Science* 366, 1004–1007.
- BINDER H (2011) Buckelzirpen – wie entstehen spektakuläre Körperanhänge? *Stud. Integr. J.* 18, 96–98.
- PRUD'HOMME B, MINERVINO C, HOCINE M, CANDE JD, AOUEANE A, DUFOUR HD, KASSNER VA & GOMPEL N (2011) Body plan innovation in treehoppers through the evolution of an extra wing-like appendage. *Nature* 473, 83–86.
- NIJHOUT F (2019) The multistep morphing of beetle horns. *Science* 366, 946–947.

Sind Pseudogene doch nicht „pseudo“?

Wie ideologisch motivierte Begriffswahl den Fortschritt bremst

Pseudogene galten lange Zeit als funktionslos gewordene Gene. Daher wurde über 40 Jahre lang die Suche nach ihren Funktionen im Erbgut von Lebewesen vernachlässigt. Erst im Verlauf der vergangenen 10 Jahre stieg das Interesse an diesen genetischen Elementen – mit dem vielfach bestätigten Ergebnis, dass „Pseudogene“ oft überaus wichtige Funktionen erfüllen. Ein weiteres Mal zeigt sich zweierlei: 1. Die voreilige Aufstellung von Kategorien, ausgehend von der sicher geglaubten Evolutionslehre, ist irreführend. 2. Einordnungen genetischer Elemente als funktionslos gewordene Relikte der Evolution können ein beträchtliches Hindernis für den wissenschaftlichen Fortschritt sein.

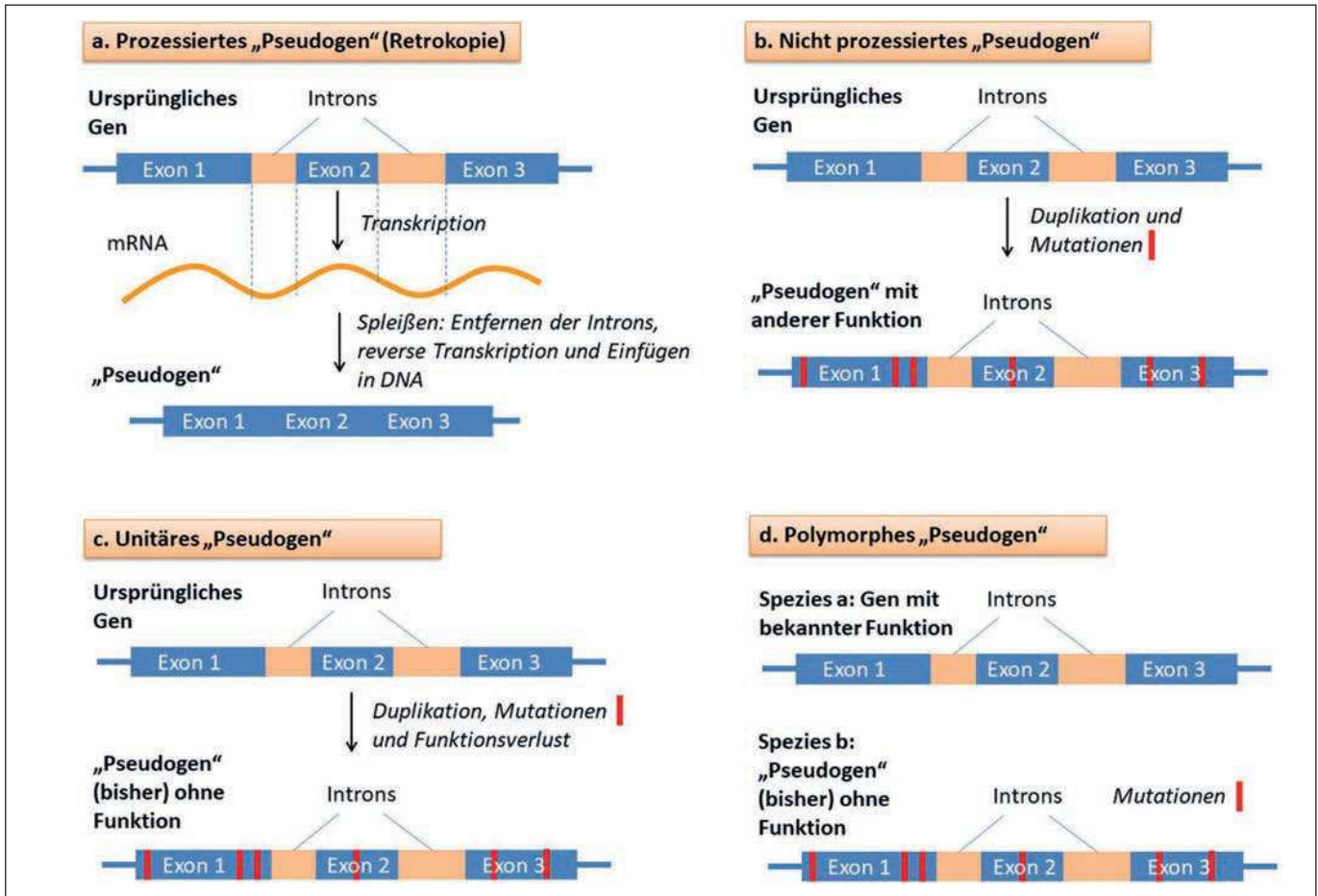
Boris Schmidtgal

Einer der prägnantesten und am meisten zitierten Sätze aus der Bibel steht am Beginn des Johannesevangeliums: „Am Anfang war das Wort ...“. Ihre Einprägsamkeit verdankt diese Wendung der untrüglichen Erfahrung eines jeden Menschen, dass vor einem jeden sinnvollen Schaffen ein Gedanke, Plan oder Konzept steht. Solche Dinge werden von Menschen vor dem Schaffensprozess in Worten ausgedrückt – in vergleichbarer Weise, wie dies auch für die Schöpfung gilt, die Gott durch sein Wort hervorbrachte. In diesem Zusammenhang liegt es nicht fern, dass eine genaue Wortwahl eine unverzichtbare Voraussetzung für ein erfolgreiches Schaffen ist. Das gilt ebenso für die Beschreibung bereits vorhandener Naturgegenstände. Dies wird auch als „Aufstellen einer Nomenklatur“ oder als „Schaffen einer Terminologie“ bezeichnet – ein essenzieller Bestandteil der naturwissenschaftlichen Forschung. Besonders wichtig ist hierbei eine große Sorgfalt bei der Wahl von Schlüsselbegriffen, da sie zentrale Stützen eines vermittelten Konzepts sind. Eine lässige oder falsche Begriffswahl zieht hingegen oft ernste Probleme nach sich.

Ein aktuelles Anschauungsbeispiel zu diesem Sachverhalt liefert eine Entwicklung im Bereich

der Genetik. Schon in den 1960er- und 1970er-Jahren, als diese junge Wissenschaftsdisziplin noch in den Kinderschuhen steckte, wurden wegweisende Schlüsselbegriffe gewählt, um Sachverhalte zu beschreiben, die sich auf der Ebene der Makromoleküle der Zelle abspielen. Einige Begriffe haben sich bis heute als gut geeignet bewährt. So kann nach wie vor kein Einwand dagegen erhoben werden, dass die DNA ein „Informationsspeicher“ ist und dass bei der Proteinbiosynthese demnach ein „codierter Informationstransfer“ stattfindet. Dazu gehören auch Bezeichnungen wie „Transkription“ (Informationstransfer von der DNA zur RNA) oder „Translation“ (Informationstransfer von RNA zum Protein). Diese zentralen Begriffe haben trotz ihrer schöpfungsfreundlichen Implikationen die Zeit überdauert.

Es wurden damals allerdings auch Begriffe gewählt, die sich mittlerweile als teilweise oder gänzlich unbrauchbar erwiesen haben. Ein besonders auffälliges Beispiel ist der Terminus „junk-DNA“ (Müll-DNA). Dieser Schlüsselbegriff wurde voreilig in der Überzeugung gewählt, dass es sich bei vielen DNA-Abschnitten, für die keine Übersetzung in Proteine nachgewiesen



werden konnte, um evolutiven Müll handelt, der sich im Laufe vieler Millionen Jahre angesammelt hat. Doch spätestens seit den wegweisenden Ergebnissen des ENCODE-Projekts hat sich der leichtfertige Umgang mit dem Begriff „junk DNA“ als irrig erwiesen (PENNISI 2012). Gegenwärtig werden solche Kategorisierungen daher zunehmend vorsichtig vorgenommen (LEE 2019).

„Pseudogene“ – Befunde führen zu Umdenken

Ein ähnlich gelagerter Fall ist die Bezeichnung „Pseudogen“. Eingeführt wurde dieser Terminus in einer Publikation, die die nähere Untersuchung bis dahin unbekannter Elemente des Genoms des afrikanischen Krallenfrosches (*Xenopus laevis*) thematisierte (JACQ et al. 1977). In der betreffenden Arbeit berichten die Autoren über die Entdeckung verkürzter Kopien des 5S-ribosomalen Gens*, für die sie keinen eindeutigen Beleg für die Transkription finden konnten. Daraus schlossen die Forscher *a priori*¹, dass es sich wahrscheinlich um ein evolutionäres Relikt handeln müsse, das keine Funktion hat. Sie bezeichneten dieses Gen daher als „Pseudogen“, was man etwa als „scheinbares Gen“ übersetzen könnte (wörtlich „Lügen-Gen“). Seither steht die Bezeichnung „Pseudogen“ generell für einen

für defekt gehaltenen genetischen Abschnitt, der einer funktionalen Gensequenz ähnelt.

In den letzten zehn Jahren sind allerdings vermehrt Befunde gemacht worden, die ein Umdenken oder zumindest eine differenziertere Betrachtungsweise der „Pseudogene“ nahelegen. Erst kürzlich veröffentlichte die Forschergruppe um CHEETHAM in der einflussreichen Wissenschaftszeitschrift *Nature* (2019) zu diesem Thema einen Übersichtsartikel, der an vielen Stellen überraschend offen die Probleme dieser Begriffswahl benennt und analysiert. Schon der Titel „Herausforderungen und Dogmen überwinden, um die Funktionen von Pseudogenen besser zu verstehen“ wirft einige Fragen auf. Gibt es in der Genetik Dogmen, die ein mentales Hindernis für den Fortschritt darstellen? Und

Die Forscher schlossen *a priori*, dass es sich bei dem 5S-ribosomalen Gen um ein evolutionäres Relikt ohne Funktion handeln müsse.

wenn ja, woher rühren sie? Wie kann überhaupt noch von „Pseudogenen“ gesprochen werden, wenn es, wie der Titel impliziert, nur darum geht, ihre Funktionen besser zu verstehen? Dass „Pseudogene“ eine ganze Reihe an überaus wichtigen Funktionen ausführen, ist mittlerweile unbestritten. CHEETHAM und Mitautoren äußern

Abb. 1 Bisher übliche Klassifizierung von „Pseudogenen“:

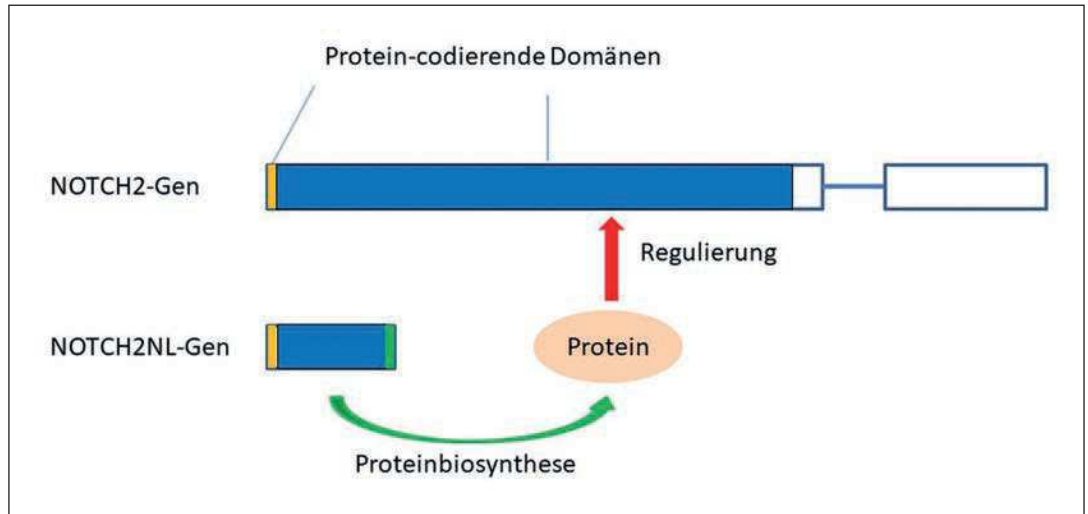
a Prozessierte (verarbeitete) „Pseudogene“ werden auf reverse Transkription aus gespleißter mRNA und nachfolgendes Einfügen in die DNA zurückgeführt. Diese Abschnitte enthalten daher keine Introns.

b Nicht prozessierte „Pseudogene“ sollen durch Duplikation entstanden sein. Durch eine Vielzahl an Mutationen soll ihre Brauchbarkeit für die Proteinbiosynthese verloren gegangen sein.

c Unitäre „Pseudogene“ sollen ebenfalls das Resultat von Duplikationsvorgängen sein, wobei für solche Gene (bisher) keine Funktion bekannt ist. Zudem existiert kein funktionales Duplikat von unitären „Pseudogenen“.

d Polymorphe „Pseudogene“ sind Genabschnitte, die bei einigen Lebewesen eine nachweisbare Funktion ausüben, während sie bei anderen Organismen Mutationen enthalten und (bisher) keine nachweisbare Funktion aufweisen.

Abb. 2 Qualitativer Vergleich der Strukturen von *NOTCH2* und *NOTCH2NL*. Die grün markierte Domäne von *NOTCH2NL* unterscheidet sich hinsichtlich der Sequenz deutlich von *NOTCH2*. *NOTCH2NL* codiert für ein Protein, welches die Aktivität des *NOTCH2*-Gens reguliert.



sich dazu wie folgt: „Dort, wo Pseudogene näher untersucht wurden, ist oft nachgewiesen worden, dass sie quantifizierbare biologische Funktionen aufweisen.“ Die Funktionsweisen sind dabei keineswegs von einheitlicher Natur, sondern vielmehr in Abhängigkeit vom jeweiligen Typ des „Pseudogens“ recht verschieden.

Der am häufigsten vorkommende Typ von „Pseudogen“ wird auch als Retrokopie bezeichnet (prozessiertes Pseudogen, Abb. 1a). Das sind genetische Abschnitte, deren Ursprung auf reverse Transkription* aus verarbeiteten (prozessierten) messenger RNA (mRNA) zurückgeführt wird, das heißt aus mRNA, aus der bereits durch den Spleißvorgang* die Introns* entfernt worden sind – die RNA-Transkripte wurden also in DNA zurück übersetzt. Retrokopien innerhalb der DNA werden folglich daran erkannt, dass sie keine Introns enthalten. Einer Schätzung zufolge besteht das menschliche Genom zu 8,9% aus solchen Abschnitten (CHEETHAM et al. 2019). Sie stellen bei vielzelligen Lebewesen u. a. wichtige Regulatoren der Virenabwehr und neuronaler Netzwerke* dar. Inzwischen hat es sich erwiesen, dass nicht wenige Retrokopien in Proteine übersetzt werden, womit sie hinsichtlich ihrer Funktion von gewöhnlichen Genen nicht unterscheidbar sind. Ein Beispiel ist das menschliche Gen *PGK2*, welches für die Synthese eines Enzyms codiert, das spezifisch im Kontext der Spermatogenese* einen Teilschritt der Glykolyse (Zuckerabbau) beschleunigt (CHEETHAM et al. 2019). Demnach ist in diesem und in ähnlichen Fällen die Bezeichnung „Pseudogen“ eindeutig unzutreffend. In diesem Kontext stellen CHEETHAM et al. verwundert fest, dass, „obwohl einzelne Retrokopien neu klassifiziert worden sind, viele [andere] intakte Retrokopien weiterhin die Bezeichnung ‚Pseudogen‘ beibehalten.“

Eine andere Klasse von „Pseudogenen“ stellen genetische Regionen dar, die durch Duplikationen bereits vorhandener Genabschnitte hervorgegangen sein sollen (nicht prozessiertes

Pseudogen, Abb. 1b). Häufig sind diese Regionen als „Pseudogene“ bezeichnet worden, weil sie im Vergleich mit dem Original verkürzt sind (wie im o. g. Beispiel von JACQ et al.) oder viele Mutationen aufweisen und daher nicht in Proteine translatiert* werden. Ungeachtet dieser Veränderungen haben auch solche Einheiten oftmals wichtige Funktionen. Ein interessantes Beispiel hierfür ist ein als *NOTCH2NL* bezeichnetes Human-spezifisches „Pseudogen“. Es weist ein hohes Maß an Ähnlichkeit zum *NOTCH2*-Gen auf, welches für die Entwicklung des neuronalen Netzwerks in der Großhirnrinde relevant ist. Es konnte nachgewiesen werden, dass das gegenüber *NOTCH2* stark verkürzte *NOTCH2NL* für die Synthese eines Proteins verwendet wird, das durch Wechselwirkung mit *NOTCH2* regulatorisch fungiert (FIDDES 2018; SUZUKI 2018). Ausgehend von einer evolutionstheoretischen Sichtweise vermuten die Autoren der Studien, dass diese verkürzte Kopie und drei weitere paraloge* Sequenzen nützliche Hinweise auf die Evolution des menschlichen Gehirns sein könnten. Allerdings hat sich gezeigt, dass Veränderungen von *NOTCH2NL* zu erheblichen Beeinträchtigungen der neuronalen Entwicklung führen können. Deletionen* in diesem Gen sind mit Schizophrenie und Wachstumsstörungen des Gehirns im Embryonalstadium in Verbindung gebracht worden (FIDDES 2018). Eine erhöhte Anzahl an *NOTCH2NL*-Kopien steht im Verdacht, Autismus auszulösen (FIDDES 2018). Es sieht also nicht danach aus, als sei dieses Gen eine Art „Spielwiese der Evolution“, wie oft in Bezug auf duplizierte Gene vermutet wird.

Ein weiteres besonders beeindruckendes Beispiel eines „Pseudogens“ stellt das *HBB1*-Gen dar, welches sich als *cis*-regulatorisches* Element in Bezug auf den kurz vor der Geburt einsetzenden Umstellungsvorgang von fetalem Hämoglobin auf adultes erwiesen hat (HUANG et al. 2017). Die Ähnlichkeit dieser „Pseudogene“ bei Mensch und Schimpanse wurde lange Zeit

als Argument für deren gemeinsame Abstammung angeführt (CHANG & SLIGHTOM 1984). Mit der Entdeckung der funktionalen Relevanz dieser Gene wird diese Argumentation allerdings hinfällig, da ihre Interpretation als evolutionäres Relikt nicht mehr schlüssig ist (ANDERSON 2011).

Zur Kategorie der „Pseudogene“ werden auch genetische Einheiten gezählt, die nicht aus Duplikationen hervorgegangen sind und bei denen es durch Mutationen zu einem Funktionsverlust gekommen sein soll (unitäre Pseudogene, Abb. 1c). Solche Gene werden als „unitär“ bezeichnet, da keine entsprechende intakte Kopie vorhanden ist. In einigen Fällen wurden durch Mutationen funktionsunfähig gewordene genetische Abschnitte zu den „Pseudogenen“ gezählt, die bei anderen Lebewesen nachweislich eine Funktion haben (polymorphe Pseudogene, Abb. 1d). Unitäre „Pseudogene“ und solche, die durch Mutationen eine bei anderen Lebewesen beobachtete Funktion vermutlich verloren haben, sind deutlich seltener als die weiter oben angesprochenen Retrokopien und verkürzte Genkopien. Auf diese Minderheit soll im Folgenden nicht weiter eingegangen werden.

Wie bereits erwähnt, sind die bisher entdeckten Funktionsweisen von als „Pseudogenen“ bezeichneten Genabschnitten vielfältig. Neben den bereits erwähnten Protein-codierenden „Pseudogenen“ (Protein-basierte Funktion) sind vor allem solche gefunden worden, die regulatorisch aktiv sind. Einige „Pseudogene“ nehmen Einfluss auf die Proteinbiosynthese, indem sie die Struktur des Chromatins* durch Kontakt verändern (DNA-basierte Funktion), andere dienen zwar nicht als Informationsquellen für die Synthese von Proteinen, werden aber in RNA-Moleküle transkribiert (umgeschrieben), die anschließend regulatorisch in die Proteinbiosynthese eingreifen (RNA-basierte Funktion). Dazu zählen z.B. microRNA oder small interferingRNA, die durch Aktivierung des Proteinkomplexes RISC (RNA induced silencing complex) die Zersetzung bestimmter mRNA-Moleküle auf dem Weg vom Zellkern zum Ribosom katalysieren* (GRISHOK et al. 2001). Auf diese Weise können Gene stillgelegt werden, obwohl sie transkribiert werden.

Ursachen und Folgen der ungeeigneten Begriffswahl „Pseudogen“

Angesichts der wachsenden Zahl an mittlerweile entdeckten Funktionen der vormals für funktionslos gehaltenen „Pseudogene“ stellt sich die Frage: Weshalb hat es so lange gedauert, bis die Funktionen der Pseudogene ans Licht kamen? Denn seit der Entdeckung verkürzter Genkopien

Glossar

Chromatin: kompakt angeordneter Komplex aus DNA und bestimmten Proteinen (Histonen)

cis-regulatorisches Element: Das „cis“ steht für „diesseits“. Es handelt sich um Abschnitte der DNA, die eine regulatorische Funktion aufweisen, ohne vorher in RNA oder Proteine umgeschrieben worden zu sein. Diese Abschnitte wirken direkt, z.B. durch Wechselwirkung mit anderen Abschnitten der DNA.

Deletion: Verlust. Liegt vor, wenn in einer DNA-Sequenz ein einzelnes oder mehrere DNA-Bausteine im Vergleich zu einer ansonsten identischen anderen DNA-Sequenz fehlen.

Exon: → Spleißvorgang

Intron: → Spleißvorgang

katalysieren: eine chemische Reaktion beschleunigen

5S-ribosomales Gen: Gen, das für eine Komponente codiert, die die Struktur des Ribosoms stabilisiert und so die Proteinsynthese verbessert.

neuronales Netzwerk: aus Nervenzellen bestehendes Netzwerk

paraloge Gene (Sequenzen): Durch Duplikation entstandene Gene oder Genabschnitte, die hinsichtlich ihrer Sequenz

sehr ähnlich sind.

reverse Transkription: Synthese von DNA-Molekülen ausgehend von RNA-Vorläufern durch das Enzym Reverse Transkriptase. Dieser Vorgang stellt eine wichtige Ausnahme zum sog. zentralen Dogma der Molekularbiologie dar, dem zufolge der Informationsfluss nach dem Schema DNA → RNA → Protein verläuft.

Spermatogenese: Erzeugung von Spermien

Spleißvorgang: Ein Prozess, bei dem das mRNA-Molekül nach erfolgter → Transkription am Spleißosom (großer Proteinkomplex) verarbeitet wird. Hierbei werden aus der mRNA bestimmte Segmente (Introns) ausgeschnitten und entfernt, während die restlichen Segmente (Exons) zu einer neuen mRNA zusammengefügt werden. Dieses reife mRNA-Molekül gelangt anschließend zum Ribosom und wird zur Proteinsynthese verwendet.

Transkription: Umschreiben von DNA in mRNA (messenger RNA)

Translation (auch translatiert): Synthese der RNA ausgehend von der DNA durch das Enzym Transkriptase

bis zur aktuell anschwellenden Welle an Veröffentlichungen zu „Pseudogenen“ sind über 40 Jahre vergangen. Die Autoren um CHEETHAM geben hierfür folgende Erklärung: „Wir sind der Auffassung, dass ein ausgeprägtes Missverstehen von Pseudogenen, welches teilweise durch die abwertende Schlussfolgerung aus dem Begriff ‚Pseudogen‘ aufrechterhalten wurde, dazu geführt hat, dass sie [die Pseudogene] häufig von Beurteilungen bezüglich einer Funktion und von Genomanalysen ausgeschlossen wurden.“ An anderer Stelle fügen die Autoren hinzu: „Wir [...] beschreiben, wie methodologische Einschränkungen und größtenteils willkürlich getroffene Annahmen die Erforschung von als Pseudogen bezeichneten Genregionen behinderten.“

Der Begriff „Pseudogen“ stellte ein mentales Hindernis dar, das den Erkenntnisfortschritt im Bereich der Genetik eingeschränkt hat.

Es ist also offenkundig, dass die ungeeignete Begriffswahl im Hinblick auf bestimmte Elemente des Genoms von Lebewesen dazu geführt hat, dass sie über mehrere Jahrzehnte in der Forschung unberücksichtigt blieben. Darüber hinaus bestätigen CHEETHAM et al., dass diese Begriffswahl wohl auch die Entwicklung

von Schlüsseltechnologien zur Erforschung von „Pseudogenen“ gehemmt hat: „Zusätzlich zu der Demotivation, die Funktion von Pseudogenen zu erforschen, die von der *a-priori*-Annahme ihrer Funktionslosigkeit herrührte, wurde ihre systematische Erforschung durch einen Mangel an soliden Technologien behindert, die es ermöglicht hätten, biologische Aktivitäten der Pseudogene von denjenigen [gewöhnlicher Gene] zu unterscheiden, von denen sie abgeleitet werden.“ Dass es technisch schwierig ist, diese Genregionen zu erforschen, liegt offensichtlich daran, dass die Entwicklung von Technologien hauptsächlich auf die Identifikation und Untersuchung proteincodierender Genregionen fokussiert war. Es wird also deutlich, dass der Begriff „Pseudogen“ tatsächlich ein mentales Hindernis darstellte, das zu einem nicht unerheblichen Ausmaß den Erkenntnisfortschritt im Bereich der Genetik eingeschränkt hat.

Was der Artikel von CHEETHAM et al. nicht klar zur Sprache bringt

Den Autoren um CHEETHAM ist es hoch anzurechnen, dass sie den Mut aufgebracht haben, ein herrschendes Paradigma infrage zu stellen, das aufgrund von neuen Befunden zunehmend an Legitimation verliert. Sie geben darüber hinaus offen zu, dass das Pseudogen-Paradigma willkürlich gesetzt worden ist: „Zusätzlich zu der ungeprüften Hypothese, dass die Evolution uns mit einer Gegensätzlichkeit von Genen und Pseudogenen zurückgelassen hat, stellt der Begriff ‚Pseudogen‘ durch seine taxonomische Konstruktion ein Paradigma der Nichtfunktionalität auf.“ Ferner ist CHEETHAM et al. uneingeschränkt zuzustimmen, dass „[...] es ein übergeordnetes Prinzip sein sollte, dass die Terminologie dem Endverbraucher keine unbegründete Annahme aufzwingen sollte.“

Der irreführende Terminus „Pseudogen“ und das dazugehörige Konzept beruhen auf der Evolutionslehre.

Allerdings genügt es nicht, die Ursache für die Einschränkung des Fortschritts allein bei einem Schlüsselbegriff zu suchen, denn das eigentliche Problem liegt in dem Konzept, welches hinter dem Begriff steht. Schließlich beruht das Denken, welches dazu geführt hat, dass der irreführende Terminus „Pseudogen“ und das dazu gehörige Konzept sich in der wissenschaftlichen Literatur etabliert haben, auf der Evolutionslehre, wie die eingangs geschilderte Entstehungsgeschichte des Begriffs verdeutlicht. An keiner Stelle im Artikel von CHEETHAM et al.

wird kritisch reflektiert, dass dieser unmittelbare Zusammenhang besteht und letztlich die tiefere Ursache der bedauerlichen Fehlentwicklung von Teilen einer Wissenschaftsdisziplin ist. Die Kritik von CHEETHAM et al. verlässt nicht den ebenfalls willkürlich gesetzten Rahmen der evolutionistischen Weltanschauung, obwohl das Pseudogen-Konzept sich zunehmend offenkundig zu den gescheiterten evolutionstheoretischen Argumentationsmustern wie der evolutionären Flickschusterei (z.B. Linsenauge) oder der Dichotomie von Homologie und Konvergenz gesellt. Es ist daher leicht vorherzusehen, dass sich vergleichbare Szenarien künftig wiederholen werden. Schließlich ist das Scheitern des Pseudogen-Konzepts schon vor einiger Zeit von Forschern, die die Schöpfungslehre befürworten, vorhergesagt worden (WOODMORAPPE 2003; WELLS 2011).

Anmerkung

¹ Hier kann natürlich der Einwand erfolgen, dass der Schluss nicht *a priori* erfolgte, da das „Pseudogen“ ja erst als solches bezeichnet wurde, nachdem alle Untersuchungen auf Transkription keine positiven Belege ergaben. Dennoch war die Bezeichnung als „evolutionäres Relikt“ ohne Funktion eine *a priori* Festlegung, da bei weitem nicht alle funktionalen Möglichkeiten untersucht worden waren.

Literatur

- ANDERSON (2011) Shared Mutations in the human and chimpanzee β -globin pseudogenes is not evidence for creation. *J. Creation* 25, 10–12.
- CHANG LY and SLIGHTOM JL (1984) Isolation and nucleotide sequence analysis of the β -type globin pseudogene from human, gorilla and chimpanzee. *J. Mol. Biol.* 180, 767–784.
- CHEETHAM SW et al. (2019) Overcoming challenges and dogmas to understand the functions of pseudogenes. *Nat. Rev. Genet.* 1–11, doi:10.1038/s41576-019-0196-1.
- FIDDES IT et al. (2018) Human-specific *NOTCH2NL* genes affect Notch signaling and cortical neurogenesis. *Cell* 173, 1356–1369.
- GRISHOK et al. (2001) Genes and mechanisms related to RNA interference regulate expression of the small temporal RNAs that control *C. elegans* developmental timing. *Cell* 106, 23–34.
- HUANG P et al. (2017) Comparative analysis of three-dimensional chromosomal architecture identifies a novel fetal hemoglobin regulatory element. *Gen. Dev.* 31, 1704–1713.
- JACQ C et al. (1977) A pseudogene structure in 5S DNA structure of *Xenopus laevis*. *Cell* 12, 109–120.
- LEE H et al. (2019) Long noncoding RNA and repetitive elements: junk or intimate evolutionary partners? *Trends in Genetics* 35, 892–902.
- PENNISI E (2012) ENCODE Project writes eulogy for junk DNA. *Science* 337, 1159–1161.
- SUZUKI IK (2018) Human-specific *NOTCH2NL* genes expand cortical neurogenesis through delta/notch regulation. *Cell* 173, 1370–1384.
- WELLS J (2011) The myth of junk DNA. Discovery Institute Press, p47–55.
- WOODMORAPPE J (2003) Pseudogene function: regulation of gene expression. *J. Creation* 17, 47–52.

Dreidimensionale Informationsebene der DNA entdeckt

In der Vergangenheit wurden weite Teile im Erbgut der Lebewesen als „junk-DNA“ gewertet, d. h. als funktionslose genetische Einheiten, die Spuren einer lange zurückliegenden Evolution sein sollen. Für diese genetischen Regionen werden jedoch zunehmend wichtige Funktionen gefunden. Dies gilt auch für DNA-Sequenzen mit häufig sich wiederholendem Strukturmotiv: die Isochoren. Der Molekularbiologe BERNARDI zeigt in einer aktuellen Veröffentlichung, dass es sich um genetische Elemente handelt, die die Information für die korrekte räumliche Anordnung der DNA im Zellkern speichern.

Boris Schmidt Gall

Zweifelsohne ist das Erbmaterial aller Lebewesen, die DNA, eines der faszinierendsten Moleküle überhaupt. Nicht lange nach der Charakterisierung ihrer dreidimensionalen Helix-Struktur (1953) soll James WATSON gesagt haben: „Ich glaube, nur wenige Entdeckungen waren von so perfekter Schönheit.“ Wie es scheint, haben sich die Überraschungsmomente im Zusammenhang mit der Untersuchung der DNA auch bis heute nicht erschöpft – nach knapp 70 Jahren intensiver Forschung. Nachdem in den 1960er- und 1970er-Jahren der genetische Code entschlüsselt und die Verpackung der DNA charakterisiert wurde, wurde von einigen einflussreichen Experten die Auffassung verbreitet, dass nur die ca. 2% proteincodierenden DNA-Sequenzen funktional seien. Die restlichen 98% wurden ausgehend von der Evolutionslehre als „junk-DNA“ titulierte, d. h. als im Zuge vieler Jahrmillionen des evolutiven Wandels funktionsunfähig gewordener genetischer Abfall (OHNO 1972). Allerdings ist diese Auffassung im Verlauf der vergangenen 20 Jahre zunehmend in die Kritik geraten, da eine Vielzahl an Befunden dafür spricht, dass mindestens 80% des menschlichen Genoms funktional sind (ENCODE 2012). Der wesentliche Irrtum der junk-DNA-Hypothese bestand in der voreiligen Annahme, dass genetische Abschnitte, die nicht für die Synthese von Proteinen verwendet werden, gar keiner Funktion dienen. Es wurde nämlich vermehrt herausgefunden, dass die früher für funktionslos gehaltenen Gensequenzen vor allem regulatorische Funktionen ausüben. Der häufig in diesem Kontext verwendete Begriff „Pseudogen“ hat sich daher oft als unzutreffend erwiesen (SCHMIDTGALL 2020). Auch Introns, die früher für evolutionäre Überbleibsel gehalten wurden, haben sich bei näherer Untersuchung als funktional erwiesen (PARENTEAU et al. 2019).

Isochoren*: von „Müll-DNA“ zu unverzichtbaren DNA-Abschnitten

Eine andere Klasse von genetischen Abschnitten, die lange Zeit ebenfalls der Kategorie „junk-DNA“ zugeordnet wurden, sind die Isochoren¹. Dies sind lange repetitive (ein häufig sich wiederholendes Strukturmotiv enthaltende) DNA-Abschnitte, die bis jetzt vor allem für Relikte von Viren gehalten wurden (PALAZZO & GREGORY 2014). Doch kürzlich berichtete der italienische Molekularbiologe Giorgio BERNARDI in einem Übersichtsartikel darüber, dass die Isochoren offenbar sehr wichtige Funktionen für die gesamte Zelle ausüben (BERNARDI 2019). Demnach wurde über diese DNA-Untereinheiten herausgefunden, „[...] dass diese Strukturen, die wesentlich auf der Verteilung und Topologie* kurzer DNA-Sequenzen basieren, primäre Chromatin*-Domänen* formen und die Bindungsweise von Nucleosomen* definieren“. Vereinfacht ausgedrückt heißt das, dass die Isochoren, je nachdem wie sie strukturell beschaffen sind, einen erheblichen Einfluss auf die Struktur der Verpackung der DNA im Zellkern ausüben. BERNARDI spricht in diesem Zusammenhang von einem „genomischen Code“ – also einer codierten Information darüber, wie die DNA

Glossar

Chromatin: kompakt angeordneter Komplex aus DNA und bestimmten Proteinen (Histonen).

Domäne: Bestimmter Bereich/Abschnitt im Erbgut.

exprimieren: „ausprägen“; Synthetisieren von Proteinen am Ribosom, ausgehend von der Information der DNA

GC-arme DNA-Sequenzen: DNA-Sequen-

zen, die nur wenige G-C(Guanosin-Cytosin)-Basenpaare enthalten.

Isochore: Lange DNA-Sequenz mit häufig sich wiederholendem Strukturmotiv.

Nucleosomen: Kugelförmige Art der DNA-Verpackung mit Proteinen.

Topologie: Dreidimensionale Anordnung bestimmter Objekte im Raum

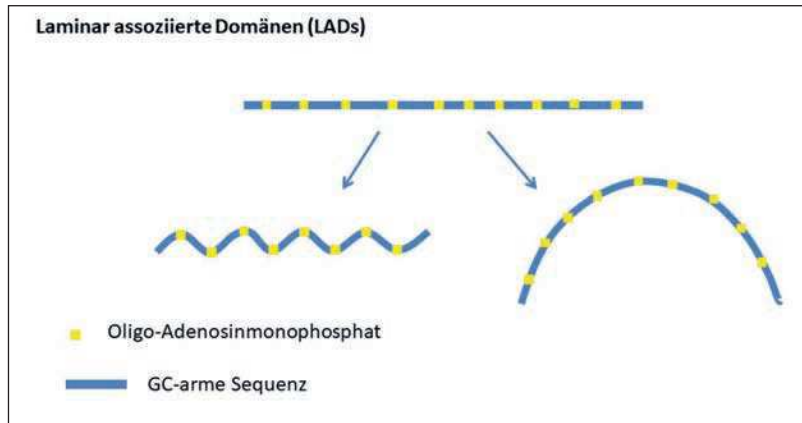


Abb. 1 Schematische Darstellung der Struktur motive von laminar assoziierten Domänen (LADs). Es handelt sich dabei um GC-arme genetische Regionen, die mit Oligo-Adenosinmonophosphat-Einheiten bestückt sind, d. h. Serien von mehreren aufeinander folgenden Adenosinmonophosphat-Bausteinen enthalten. Diese Einheiten bewirken lokale Kurven- oder Bogenstrukturen in der DNA.

im Zellkern dreidimensional angeordnet werden soll: „Zudem ist der genomische Code allgegenwärtig im Genom und löst daher alte herausragende Probleme wie ‚nicht-codierende DNA‘, ‚junk-DNA‘ oder ‚egoistische DNA‘“. Demnach ist der Effekt der Isochoren keinesfalls lokal begrenzt, sondern betrifft die gesamte Struktur der Erbmoleküle im Zellkern.

Die Isochoren weisen keine einheitlichen Zusammensetzungen auf und werden daher in fünf Untergruppen eingeteilt (L1, L2, H1, H2, H3). Entscheidend für die Einteilung in die Untergruppen der Isochoren ist der Gehalt an GC-Basenpaaren (G = Guanin, C = Cytosin). In den zwei Unterklassen L1 und L2 sind GC-arme* Isochore eingegliedert. Diese genetischen Regionen sind arm an exprimierten* Abschnitten („Gen-Wüsten“) und befinden sich hauptsächlich an der Innenseite der Zellwand des Zellkerns. Sie stellen eine Art Verankerung des Chromatins an der Zellwand des Zellkerns dar (LOCHS 2019). Diese Verankerung wird als laminar assoziierte Domäne (LAD) bezeichnet und fördert die korrekte räumliche Anordnung des Chromatins im Zellkern (Abb. 1). Einen deutlich

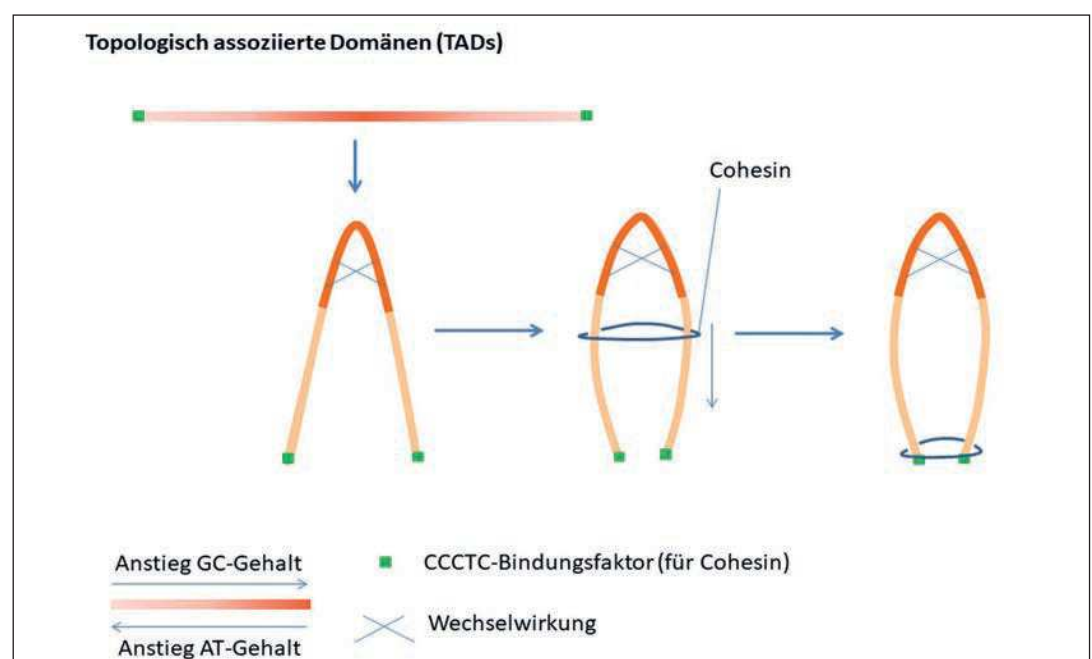
höheren GC-Gehalt weisen die Isochoren der Klassen H2 und H3 auf. Sie ragen ins Innere des Zellkerns, wo sie durch gegenseitige Wechselwirkungen die Struktur der topologisch* assoziierten Domänen (TAD) formen – eine Funktion, die das Chromatin in der richtigen dreidimensionalen Form hält. Darüber hinaus beinhalten die GC-reichen Isochoren deutlich mehr proteincodierende Abschnitte als die GC-armen Abschnitte der Klassen L1 und L2. Details der Funktionsweisen von LAD und TAD sind noch nicht gründlich untersucht, aber es ist bekannt, dass Veränderungen dieser Strukturen schwere Erkrankungen hervorrufen können (z.B. Krebs) (LOCHS 2019).

Weiterer Hinweis auf mehrschichtige Informationsspeicherung

Der Umstand, dass dieselben DNA-Sequenzen sowohl Proteine codieren als auch eine genomische Codierung enthalten können, bedeutet eine Überlappung zweier Informationsebenen. Hier ist also eine hohe Informationsdichte sehr effizient verwirklicht worden. Dabei ist das Vorliegen mehrerer überlappender Informationsebenen auf der DNA schon in anderen Zusammenhängen erkannt worden. Ein anderes Beispiel sind intrinsisch unstrukturierte Proteine, die mehrere spezifische Faltungen annehmen können – eine

Dieselben DNA-Sequenzen codieren sowohl Proteine als auch die räumliche Anordnung der DNA. Diese Überlappung zweier Informationsebenen ist ein sehr belastbares Design-Indiz.

Abb. 2 Modell der Faltung von TADs: Durch interne Wechselwirkungen in der GC-reichen Region wird zunächst eine Schleifen-Struktur geformt. Anschließend wird diese Anordnung durch ein Cohesin (ringförmiges Protein) weiter befestigt. Das Cohesin gleitet von der GC-reichen Region bis zum CCCTC-Bindungs faktor, wo es schließlich bindet.



Eigenschaft, die entsprechende mehrschichtige Informationsspeicherung auf der Erbsubstanz voraussetzt (SCHMIDTGALL 2018). Die überaus hohe Informationsdichte auf der DNA ist ein sehr belastbares Design-Indiz.

Mit den Isochoren lässt sich darüber hinaus noch ein anderer Sachverhalt sinnvoll erklären: Die Variabilität der dritten Position von DNA-Codons. Dies soll anhand eines Beispiels erläutert werden: Die Aminosäure Arginin wird durch die Nucleotid-Kombinationen CGT, CGC, CGA, CGG codiert, d.h. die dritte Position ist hier redundant. Ausgehend von der Evolutionslehre wurde vermutet, dass die letzte, variable Position unwichtig sei und eine Art Hinweis auf die ungerichteten Naturkräfte, die den genetischen Code hervorgebracht haben sollen. Doch mit dem Wissen um den genomischen Code wird deutlich, dass die letzte Position offenbar dazu da ist, den genomischen Code zu speichern – parallel zur Codierung der Struktur von Proteinen. So kann zwar die gleiche Aminosäure in unterschiedlichen genetischen Abschnitten codiert sein, aber die letzte Position kann durch die Wahl von A/T oder G/C darüber bestimmen, ob es sich bei dem genetischen Abschnitt um eine im LAD fungierende Einheit handelt oder um eine Sequenz, die am TAD wirksam ist.

Widersprüchliches Festhalten am evolutionären Bekenntnis

BERNARDI folgert an mehreren Stellen in seinem Übersichtsartikel, dass mit der Entdeckung des „genomischen Codes“ das evolutionäre Konzept „junk DNA“ sehr fraglich wird. Allerdings versucht er dennoch, den Ursprung der genetischen Information auf Evolution zurückzuführen: „Am Ende der 1980er-Jahre hat uns das Wissen um die Organisation der Isochoren im menschlichen Genom dazu gebracht, die Vorstellung zu verwerfen, die DNA sei gewissermaßen ein ‚Erbsenbeutel‘, also eine Ansammlung von Genen, die zufällig über große Bereiche von Müll-DNA verstreut waren. Es konnte aber auch gezeigt werden, dass das Genom ein integriertes, strukturiertes, funktionales und evolutionäres System ist.“²

Es ist gezwungen und unpassend, das Erbgut-System als „evolutionär“ zu bezeichnen, da es wesentliche Merkmale des Geschaffenseins trägt.

Der zitierte Satz wirkt an sich durchaus schlüssig, bis das Wort „evolutionär“ eingefügt wird. In diesem Satz ist dieses Wort aber völlig überflüssig. Der Begriff „evolutionär“ ergibt

sich hier nicht sinnvoll aus dem vorher Gesagten, sondern stellt lediglich ein weltanschauliches Bekenntnis des Autors da. Angesichts der beschriebenen Befunde ist es jedoch gezwungen und unpassend, das System als „evolutionär“ zu bezeichnen. Denn wie soll ein System zugleich wesentliche Merkmale eines geschaffenen Gegenstandes aufweisen (integriert, strukturiert, funktional) und dennoch aus ungerichteten Naturvorgängen hervorgegangen sein? Diese Gegensätzlichkeit tritt besonders oft im Zusammenhang mit Entdeckungen aus dem Bereich der Molekularbiologie auf und wird in keinem Fall aufgelöst. Das liegt möglicherweise daran, dass kaum ein Fachgebiet so deutliche Indizien für Schöpfung liefert wie die Molekularbiologie bzw. Genetik. Daher kann die evolutionäre Weltsicht in diesem Kontext nur durch rhetorische Verschleierung aufrechterhalten werden.

Es bleibt zu hoffen, dass sich künftig Wissenschaftler finden, die aufrichtig und mutig genug sind, dem ideologischen Diktat der Bildungs- und Medieneinrichtungen nicht zu folgen und auf Bekenntnisse zum Naturalismus zu verzichten, um sich auf die Befunde und die daraus sich zwingend ergebenden Schlussfolgerungen zu fokussieren.

Anmerkungen

- ¹ Von griech. *isos* = gleich, *chorodia* = Fülle, Volumen, diese Bezeichnung wurde aufgrund der global ähnlichen Zusammensetzung der Abschnitte aus den vier genetischen Bausteinen A, C, G, T vergeben.
- ² „By the end of the 1980s, our knowledge of the isochore organization of the human genome had not only rejected what had been called the ‚bean-bag‘ view of the genome, that is, a collection of genes randomly scattered over vast expanses of ‚junk DNA‘; but it had also indicated that the genome is an integrated structural, functional, and evolutionary system.“

Literatur

- BERNARDI G (2019) The genomic code: a pervasive coding/molding of chromatin structures. *BioEssays* 41, 1900106.
- LOCHS SJA et al. (2019) Lamina Associated Domains and Gene Regulation in Development and Cancer. *Cells* 8, doi:10.3390/cells8030271.
- OHNO S (1972) So much „junk“ DNA in our genome. In: SMITH HH (ed) *Evolution of genetic systems*. New York: Gordon and Breach, pp 366–370.
- PALAZZO AF & GREGORY TR (2014) The case for junk DNA. *PLoS Genetics* 10, e1004351.
- PARENTEAU J et al. (2019) Introns are mediators of cell response to starvation, *Nature*, doi: 10.1038/s41586-018-0859-7.
- SCHMIDTGALL B (2018) Intrinsisch unstrukturierte Proteine. *Stud. Integr. J.* 25, 84–91.
- SCHMIDTGALL B (2020) Sind Pseudogene doch nicht pseudo? Wie ideologisch motivierte Begriffswahl den Fortschritt bremst. *Stud. Integr. J.* 27, 46–50.

Das „Alphabet“ der Aminosäuren ist „optimal und vorgegeben“

Die 20 kanonischen Aminosäuren sind unverzichtbare Bausteine aller Organismen. Die Wahrscheinlichkeit für die Entstehung dieser Kombination von Aminosäuren durch ungerichtete Vorgänge erweist sich als verschwindend gering. Einmal mehr zeigt sich, dass die molekulare Grundausstattung der Lebewesen ein sehr starkes Schöpfungsindiz darstellt. Evolutionstheoretische Spekulationen über ihre Entstehung täuschen darüber nicht hinweg.

Peter Borger & Boris Schmidt Gall

Seit über 20 Jahren wissen wir, dass der genetische Code optimal ist, um schädlichen Auswirkungen von zufälligen Mutationen entgegenzuwirken. Der Code ist so konstruiert, dass zufällige Mutationen in der DNA in der Regel nur geringfügige Auswirkungen auf die Funktion des codierten Proteins haben (FREELAND 2000). Obwohl die Minimierung von Fehlern ein deutliches Zeichen für Voraussicht und damit für intelligentes Design ist, wird diese Konstellation wie üblich ohne nähere Begründung der natürlichen Selektion zugeschrieben. Vor einigen Jahren haben Wissenschaftler anhand von Computersimulationen festgestellt, dass auch der Satz von 20 Aminosäuren, der in allen Lebewesen vorkommt, optimal beschaffen ist (ILARDO 2015; SCHMIDTGALL 2015).

Alles Leben, von Blaualgen über Blauwale bis hin zu Blaumeisen, verwendet einen fast universellen Satz von 20 Aminosäuren zur Konstruktion von Proteinen. Die durch DNA-Triplets codierten Aminosäuren haben jeweils einzigartige Eigenschaften, die über die Faltung der durch sie aufgebauten Proteine bestimmen. Schon lange beschäftigte Wissenschaftler die Frage, wie es zur Bildung des kanonischen Aminosäuresatzes kam. Ausgehend von der evolutiven Weltsicht kann nicht angenommen werden, dass die kanonischen Aminosäuren die einzigen Aminosäuren sind, die in der hypothetischen Ursuppe existierten. Es muss gemäß den Prinzipien der Evolutionslehre Tausende Varianten von diesem Molekültyp gegeben haben. Die Variation betrifft dabei die Gestalt der Seitenkette der Aminosäuren, während der für diese Moleküle typische Aufbau aus einer Aminogruppe und einer Carboxy-Einheit unverändert bleibt.

Entstehung des kanonischen Aminosäuresatzes

Kürzlich hat das oben erwähnte internationale und interdisziplinäre Team, das am Earth-Life

Science Institute (ELSI) am Tokyo Institute of Technology tätig ist, erneut über den kanonischen Satz der Aminosäuren berichtet. Die Wissenschaftler erfassten die grundlegenden Bausteine der Biologie modellmäßig und stellten fest, dass sie möglicherweise besondere Eigenschaften aufweisen, aus denen die heutige Auswahl an Aminosäuren verständlich wird (ILARDO 2019). Sie nehmen an, dass der kanonische Satz während der allerersten Phase der Evolution standardisiert worden sein muss; vor dem Erscheinen des letzten gemeinsamen Vorfahren allen Lebens. Sie postulieren, dass kleinere Aminosäuresätze nach und nach erweitert wurden, als die Organismen neue Fähigkeiten zum Korrektur Lesen und Codieren entwickelten. Während also ILARDO et al. (2015) nach ihrer ersten Studie von der nahezu perfekten Beschaffenheit des Aminosäure-Satzes berichteten, war es im Rahmen der aktuellen Studie (ILARDO et al. 2019) das Ziel, einen hypothetischen Weg zur Entwicklung dieses Satzes aufzuzeigen.

Nach ihren Simulationsergebnissen sind Millionen Arten von Aminosäuren möglich – jede mit ihren eigenen charakteristischen chemischen Eigenschaften. Es ist allgemein bekannt, dass es die chemischen Eigenschaften der Aminosäuren sind, die den Proteinen ihre einzigartigen biologischen Eigenschaften und Funktionen verleihen. Das Team hat berechnet, wie groß die Anzahl von Aminosäure-Sätzen mit vergleichbaren Eigenschaften wie der kanonische Satz ist, im Vergleich zur Anzahl von irgendwelchen zufälligen Mengen von Aminosäuren. Dabei ergab sich, dass nur etwa eine von einer Milliarde zufälliger Mengen chemische Eigenschaften hat, die so ungewöhnlich verteilt sind wie diejenige der in der Natur vorkommenden kanonischen Aminosäuren.

Das Team stellte dann die Frage, wie frühere, kleinere codierte Sätze in Bezug auf ihre chemischen Eigenschaften ausgesehen haben könnten und wie sie zur Bildung des kanonischen Satzes geführt haben könnten. Das Team modellierte

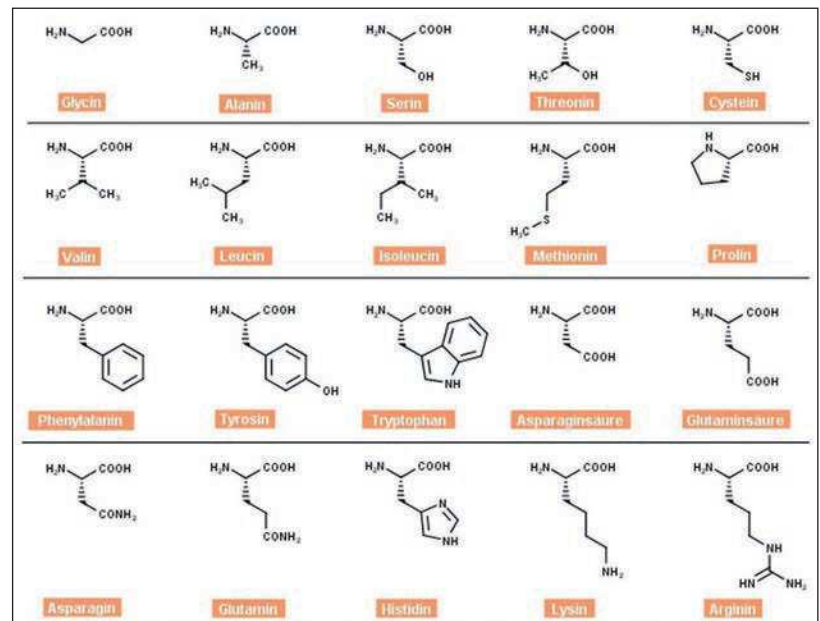
Nur eine von einer Milliarde möglichen Kombinationen weist die chemischen Eigenschaften wie der kanonische Aminosäuresatz auf.

die möglichen Wege zur Herstellung einer Kombination von 3–20 Aminosäuren mit Hilfe einer speziellen Datenbank von 1913 strukturell verschiedenen Aminosäuren. Die Wissenschaftler fanden heraus, dass es 10^{48} Möglichkeiten gibt, Sätze von 20 Aminosäuren herzustellen. Zum Vergleich: Es gibt nur etwa 10^{19} Sandkörner auf der Erde und nur etwa 10^{24} Sterne im gesamten Universum (Science Daily 2019).

Da diese Zahl so groß ist, verwendeten ILARDO et al. statistische Methoden, um den Anpassungswert der kombinierten physikalisch-chemischen Eigenschaften des tatsächlich gegebenen Aminosäure-Satzes mit denen von Milliarden von Zufallssätzen von drei bis 20 Aminosäuren zu vergleichen. Sie schlussfolgerten aus ihren Modellrechnungen, dass der kanonische Satz möglicherweise während der Evolution aufgrund seiner einzigartigen adaptiven chemischen Eigenschaften selektiv konserviert wurde, da er die Erzeugung optimal gefalteter Proteine ermöglicht, was wiederum Organismen, die diese Proteine produzieren, lebensstaulicher macht.

Evolutionäres Storytelling statt Erklärungen

Es fällt auf, dass die Autoren um ILARDO keine wirkliche Erklärung für die erstaunliche Beobachtung liefern, dass es sich bei dem kanonischen Satz der Aminosäuren um die bestmögliche Zusammenstellung aus einer fast unendlichen Zahl an Möglichkeiten handelt. Stattdessen enthält der Artikel das übliche und obligatorische evolutionäre Storytelling in Form von Mutmaßungen und unbegründeten Behauptungen. Die Wissenschaftler stellten fest, dass selbst hypothetische zufällig erzeugte Sätze, die nur eine oder mehrere kanonische Aminosäuren enthielten, die Proteinfaltung verbesserten. Es war jedoch äußerst schwierig, Sätze zu finden, die die gleichen einzigartigen chemischen Eigenschaften wie das kanonische Sortiment aufweisen. Die Forscher glauben, dass „jedes Mal, wenn eine kanonische Aminosäure entdeckt und im Laufe der Evolution in den biologischen Baukasten eingegliedert wurde, diese unter einer Vielzahl von Alternativen einen ungewöhnlichen Anpassungswert lieferte, und dass jeder selektive Schritt so zur Fixierung und schließlich zum modernen Satz beigetragen haben könnte“ (Science Daily 2019). Dabei übergehen sie aber, dass jedes Mal,



wenn dies passiert sein sollte, der Proteincodex und/oder der Translationsmechanismus neu geschrieben werden musste, um die neue Aminosäure einzugliedern.

Die Forscher spekulieren, ausgehend von ihren Computersimulationen, dass sich das entwickelnde Leben ungeachtet der großen Vielfalt der Ausgangspunkte am Ende auf einen ähnlichen Satz von Aminosäuren zubewegen könnte. Da dieses Modell auf den unveränderlichen physikalischen und chemischen Eigenschaften der Aminosäuren selbst basierte, könne dies bedeuten, dass sogar außerirdisches Leben dem modernen Leben auf der Erde sehr ähnlich sein könnte. Co-Autor Rudrarup BOSE, der am Max-Planck-Institut für molekulare Zellbiologie und Genetik in Dresden tätig ist, bemerkt weiter: „Leben ist vielleicht nicht nur eine Reihe von zufälligen Ereignissen. Vielmehr kann es einige universelle Gesetze geben, die die Evolution des Lebens bestimmen“ (Science Daily 2019). Weisen die Daten wirklich darauf hin? Zeigen sie nicht vielmehr, dass nicht nur das Universum und die Naturgesetze auf das Leben abgestimmt sind, sondern dass auch die Biologie alle Merkmale eines intelligenten Designs aufweist?

Abb. 1 Die kanonischen 20 Aminosäuren, die in den Proteinen aller Lebewesen verwendet werden.

Literatur

- FREELAND SJ, KNIGHT RD, LANDWEBER LF & HURST LD. (2000) Early fixation of an optimal genetic code. *Mol. Biol. Evol.* 17, 511–518.
- ILARDO M, BOSE R et al. (2019) Adaptive properties of the genetically encoded amino acid alphabet are inherited from its subsets. *Sci. Rep.* 9:12468.
- ILARDO M, MERINGER M et al. (2015) Extraordinarily adaptive properties of the genetically encoded amino acids. *Sci. Rep.* 5: 9414.
- Science Daily (2019) Scientists find biology's optimal 'molecular alphabet' may be preordained. <https://www.sciencedaily.com/releases/2019/09/190910080017.htm>
- SCHMIDTGALL B (2015) Ist das Alphabet der Aminosäuren perfekt? *Stud. Integr. J.* 22, 118.

Streiflichter

■ Superschnelle Wüstenameise

Ameisen genießen große Aufmerksamkeit von Biowissenschaftlern, z.B. werden auffällige und außergewöhnliche Verhaltensweisen an diesen sozial lebenden Insekten untersucht. Ameisen besiedeln die unterschiedlichsten Lebensräume und weisen eine enorme Vielfalt an dafür geeigneten Ausstattungen auf (auch an dieser Stelle wurden bereits wiederholt entsprechende Untersuchungen vorgestellt). Wüstenameisen leben in einem extremen Habitat, z.B. in Bezug auf Temperatur, Wasser, Nahrung etc. So lebt *Cataglyphis bombycina* in den Sanddünen der Nordafrikanischen Sahara und zeigt nach Untersuchungen von PFEFFER et al. (2019) mit 855 mm/s die höchste Geschwindigkeit, die bisher für solche Tiere gemessen wurde. Die Ameise legt bei diesem Tempo in einer Sekunde eine Strecke zurück, die dem 100-Fachen ihrer Körperlänge entspricht. Übertragen auf einen Menschen mit einer Kör-

pergröße von 1,80 m würde das einer Geschwindigkeit von 180 m/s entsprechen. Usain Bolt, der 2009 in Berlin den aktuellen Weltrekord über 100 m in 9,58 s aufstellte, könnte da nur staunen; er musste aber auch eine sehr viel größere Masse beschleunigen.

Diese extrem hohe Geschwindigkeit erreichte *C. bombycina* mit kürzeren Beinen als die bisher geführte Rekordhalterin *C. fortis*. Die Analyse von Videos aus Hochgeschwindigkeitsaufnahmen lieferte Hinweise auf eine sehr hohe Schrittfrequenz (< 40 Hz) und extrem schnelle Bewegung beim Schwingen der Beine (bis zu 1400 mm/s). Bei diesen schnellen Bewegungen sind die Beine sehr gut synchronisiert, und zwar so, dass immer drei Beine aus Vorder- und Hinterbein einer Seite mit dem mittleren Bein der anderen Seite einen Dreibeinstand zeigen. Die Beine berühren den Untergrund nur sehr kurze Zeit (7 ms) und die Ameise befindet sich vor dem folgenden Dreibeinstand ohne Boden-

berührung in der Luft, sie „fliegt“ quasi. Diese „Flugphasen“ treten bereits auf, bevor die Höchstgeschwindigkeit erreicht wird.

Für die Wüstenameise, die tagaktiv ist und in der Mittagshitze bei wenig Verkehr im Wüstensand auf Nahrungssuche geht, sind diese Fähigkeiten sehr hilfreich: So ist sie nicht unnötig lange der lebensfeindlichen Hitze ausgesetzt. Im Übrigen scheint sie die hohen Temperaturen für ihre Höchstgeschwindigkeit zu benötigen, im Labor bei kühlen 10 °C erreichten die Ameisen nur Geschwindigkeiten von 57 mm/s. Die beiden von PFEFFER et al. verglichenen Wüstenameisen *C. bombycina* und *C. fortis* erreichen die auffällig hohen Geschwindigkeiten bei ihrer Fortbewegung auf unterschiedliche Weise (Beinlänge, Schrittfrequenz und -länge) und sind doch beide für ihren Lebensraum gut ausgerüstet.

[PFEFFER SE, WAHL VL, WITTLINGER M & WOLF H (2019) High-speed locomotion in the Saharan silver ant, *Cataglyphis bombycina*. J. Exp. Biol. 222, doi:10.1242/jeb.198705] H. Binder



Abb. 1 *Cataglyphis bombycina*, die schnellste Ameise der Welt. (Foto: Harald Wolf, mit freundlicher Genehmigung)

■ Epigenetische Steuerung von Augenverlust bei Höhlenfischen

Blinde Höhlenfische sind ein viel zitiertes Beispiel für Rudimentation (Rückbildung von Organen). Schon lange wird der in Teilen Nordamerikas und Mexikos lebende blinde Höhlensalmir *Astyanax mexicanus* (Familie Characidae) untersucht. Die Fische leben in stockfinsternen Höhlen, in denen die besten Augen nichts nützen würden. Daher ist es nicht verwunderlich, dass ihre Augen rückgebildet sind, obwohl die Gründe dafür nicht sicher geklärt sind: Vorteil durch Materialersparnis? Weniger Angriffsfläche für Infektionen, bloße Folge von Verlustmutationen durch Wegfall der Selektion? (vgl. Diskussion bei JUNKER 2002, 125–127; MORAN et al. 2015) Als Ausgleich für den Verlust des Sehannes sind andere Sinnesorgane optimiert, der Stoffwechsel verändert

und andere Anpassungen erfolgt. Die Höhlenformen besitzen z.B. einen sehr viel größeren Bereich mit Geschmacksknospen um das Maul herum (PETERS 1990). Im Großen und Ganzen sind blinde Höhlenfische und die normalen Formen genetisch sehr ähnlich und sie können problemlos Mischlinge bilden.

Die Augen werden bei den blinden Höhlenfischen zunächst weitgehend normal angelegt und beginnen zwei Tage nach der Befruchtung zu verkümmern. Dieser Verlauf hängt damit zusammen, dass die Augenanlage bei Wirbeltieren eine formbildende Funktion bei den ersten Stadien der Kopfausformung hat. Eine zu frühe Störung durch Mutationen führt zu Missbildungen im Kopfbereich.

Die genetischen Ursachen für die Rückbildung der Augen waren bis vor kurzem ziemlich unklar. Es gab zwar Hinweise, dass mehrere Gene betroffen sind und Änderungen im Bereich der Regulationsgene vorliegen (WILKENS 1988), aber es konnten keine Genmutationen sicher identifiziert werden, die für die Augenentwicklung wichtig sind.

Nun konnte eine Forschergruppe zeigen, dass überraschenderweise genetische Änderungen (Mutationen der DNA) nicht ursächlich für den Augenverlust sind, sondern zahlreiche epigenetische Veränderungen (GORE et al. 2018, KOCH 2018). Dabei wird das Erbgut selbst nicht verändert, sondern es werden Gene ein- oder ausgeschaltet, was typischerweise reversibel ist und oft nur einige Generationen anhält (anders als in der Regel bei Mutationen). Epigenetische Änderungen werden durch Umweltfaktoren sozusagen bedarfsgerecht beeinflusst; es handelt sich nicht wie bei den meisten Mutationen um ein Zufallsgeschehen mit gelegentlichen glücklichen Treffern, sondern um eine programmierte Situation. Das Ein- und Ausschalten der Gene erfolgt durch DNA-Methylierung; dabei werden Methylgruppen an DNA-Basen angefügt, was die Inaktivierung der betreffenden Gene bewirkt. Für die Methylierung ist hier das Enzym DNA-Methyltransferase (DNMT3B) zuständig.



Abb.1 Die blinde Form des Höhlensalmers *Astyanax mexicanus* (H. ZELL, CC BY-SA 3.0)

Es stellte sich heraus, dass die Einschränkung der Augenentwicklung bei den *A. mexicanus*-Fischen durch eine epigenetische Stilllegung vieler Gene bewirkt wird. Von diesen Genen werden 26 Gene auch im menschlichen Auge exprimiert (genutzt), und 19 davon sind mit Erkrankungen des menschlichen Auges verbunden. Die Höhlenfische weisen in ihren sich entwickelnden Augen einen höheren Gehalt an DNMT3B auf. Eine Mutation des DNMT3B-Gens beim Zebrafisch führt interessanterweise zu einer höheren Aktivität von Augen und zu größeren Augen. Die Ergebnisse deuten damit insgesamt darauf hin, dass bei den blinden Höhlenfischen eine genetische Veränderung eintrat, die zu erhöhten DNMT3B-Werten führt, was zu einer epigenetischen Unterdrückung vieler Gene für die Augenentwicklung führt. Insgesamt handelt es sich damit um ein Zusammenspiel einer Regulationsmutation, die vielfache epigenetische Änderungen auslöst.

Das Beispiel der blinden Höhlenfische zeigt, dass Veränderungen in der DNA-Methylierung als wichtige molekulare Auslösemechanismen dienen können, die Vielfalt in der Merkmalsausprägung erzeugen. Möglicherweise ist hier eine der Quellen für schnelle Anpassungen zu suchen, denn epigenetisch verursachte Änderungen können – da durch äußere, hier z.B. durch Umweltbedingungen ausgelöst – schnell

eine ganze Population betreffen. Die zeitraubende Fixierung mutierter günstiger Allele (Genausprägungen) entfällt. Und sofern es sich um eine programmierte Situation handelt – optionale Regulierungswege scheinen programmiert zu sein – entfällt auch eine lange Wartezeit auf gelegentlich günstige Mutationen.

[GORE AV, TOMINS KA et al. (2018) An epigenetic mechanism for cavefish eye degeneration. *Nat. Ecol. Evol.* 2, 1155–1160 • JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten – Rudimente Atavismen. *Studium Integrale*. Holzgerlingen • KOCH L (2018) All eyes on rapid adaptive evolution. *Nat. Rev. Genet.* 19, 472 • PETERS N (1990) Regressive und rekonstruktive Evolution bei Höhlenfischen – zwei Formen besonders schnellen phylogenetischen Wandels. *Z. zool. Syst. Evolut.-forsch.* 28, 1–11 • MORAN D, SOFTLEY R & WARRANT EJ (2015) The energetic cost of vision and the evolution of eyeless Mexican cavefish. *Sci. Adv.* 1, e1500363] R. Junker

■ Der Belwal, ein Mischling aus Beluga und Narwal

Im Jahr 1990 wurde in Westgrönland ein ungewöhnlich aussehender Schädel eines Gründelwals (Familie Monodontidae) gefunden und an die Universität Kopenhagen (Dänemark) geschickt, wo er mehrere Jahrzehnte lang aufbewahrt wurde. Aufgrund seines intermediären Schädelbaus wurde angenommen, dass es sich um einen Mischling aus Beluga und Narwal handelt. Erst letztes Jahr wurde der Walschädel genauer untersucht. Die 2019 veröffentlichten



Abb. 1 Narwale (*Monodon monoceros*), die „schwimmenden Einhörner“ in ihrem Lebensraum – arktischen Gewässern. (© Glenn WILLIAMS; mit freundlicher Genehmigung von M. NWEIEIA.)

DNA-Analysen zeigen, dass es sich um einen männlichen Hybriden der ersten Generation zwischen einem weiblichen Narwal und einem männlichen Beluga handelt (SKOV-RIND et al. 2019). Der Walmischling ist zu 54 Prozent ein Beluga und zu 46 Prozent ein Narwal. Es ist das erste Mal, dass Forscher einen Mischling aus diesen beiden Arten identifiziert haben. Nach der Konvention ist der Name, den solche Hybriden erhalten, eine Kombination der ersten Silbe der väterlichen Linie und derjenigen der mütterlichen Linie, wobei die Silbe der väterlichen Art zuerst kommt. Wir haben es also mit einem *Belwal* zu tun, nicht mit einer *Narluga*.

Der markante weiße Beluga (*Delphinapterus leucas*) und der dunkel gefleckte graue Narwal (*Monodon monoceros*) sind die einzigen lebenden Angehörigen der Monodontidae (Gründelwale). Obwohl sie mit 4-5 Metern Länge ähnlich groß sind und im gleichen Gebiet leben, sind sie verschieden genug, um in zwei unterschiedliche Gattungen eingeteilt zu werden. Insbesondere ihre Ober- und Unterkiefer sowie ihre Zähne sind sehr unterschiedlich. Belugas können bis zu 40 Zähne haben, während in Narwalen – abgesehen vom ungewöhnlichen linken oberen Stoßzahn (Abb. 1) –

keine Zähne gefunden werden. Der Stoßzahn, der überwiegend, aber nicht ausschließlich, bei Männchen vorkommt, ist spiralförmig gewunden und kann bis zu 2,5 Meter lang werden. In seltenen Fällen findet man einen zweiten kürzeren rechten Stoßzahn. Interessanterweise hatte der Hybrid ungewöhnliche Zähne, die horizontal nach außen ragten und eine ähnliche Spiralförmigkeit hatten wie der Stoßzahn des Narwals.

Die Forscher verwenden Analysen stabiler Kohlenstoff- und Stickstoffisotope, um die Nahrungsnische des Hybriden zu untersuchen. Sie fanden einen höheren $\delta^{13}\text{C}$ -Wert als in Belugas und Narwalen, was auf eine Ernährungsstrategie hindeutet, die sich von den beiden Elternarten unterscheidet. Der Mischling besetzte offenbar eine andere Nische. Die Forscher vermuten, dass der Belwal auf dem Meeresboden nach Nahrung sucht, während Narwal und Beluga näher an der Wasseroberfläche jagen.

Beluga und Narwal sollen sich vor etwa 5 Millionen Jahren von einem gemeinsamen Vorfahren abgetrennt haben (SKOV-RIND et al. 2019). Zudem deuteten frühere Genomanalysen darauf hin, dass der genetische Austausch zwischen den beiden Familien vor etwa 1,25 und 1,65 Millionen Jahren abgebrochen wurde. Somit entwickelten sich die beiden Familien seit mehr als einer Million Jahren unabhängig voneinander. In der wissenschaftlichen Gemeinschaft stieß die Hybridisierung auf großes Erstaunen. Nach der Spezies-Definition von Ernst MAYR gehören Organismen, die sich untereinander fortpflanzen können, zur gleichen Spezies; somit müssten Beluga und Narwal zu ein und derselben Art gerechnet werden. Die unerwartete Hybridisierung der beiden Gattungen ist ein bemerkenswerter Beleg dafür, dass die beiden Arten zum gleichen Grundtyp gehören. Es zeigt auch, dass durch die Kombination bereits vorhandener genetischer Informationen neue Varianten, Arten und sogar sehr unterschiedliche Gattungen entstehen können. Dies kann als Evolution interpretiert werden; man muss dann aber davon ausgehen, dass die deutlich unterschiedlichen Ausprägungen des Gebisses beider

Arten bereits im Erbgut des Grundtyps latent vorhanden waren. Wie sich die Unterschiede zwischen den beiden Gattungen ausgeprägt haben, ist bis jetzt ungeklärt. Jedenfalls war der Hybride ein voll funktionsfähiger Organismus und sofort an eine neue ökologische Nische angepasst.

[SKOV-RIND M, CASTRUITA JAS et al. (2019) Hybridization between two high Arctic cetaceans confirmed by genomic analysis. *Sci Rep.* 9(1):7729, doi: 10.1038/s41598-019-44038-0 • SAEY TH (2019) DNA confirms a weird Greenland whale was a narwhal-beluga hybrid. <https://www.sciencenews.org/article/dna-confirms-greenland-whale-narwhal-beluga-hybrid>] P. Borger

■ Hunde haben einen Augenbrauenmuskel, der bei Wölfen nicht vorkommt

Der *New Scientist* berichtete im Juni 2019: „Hunde haben einen speziellen Muskel entwickelt, der es ihnen ermöglicht, Welpenhundeaugen auszubilden“ (PAGE 2019). Mit „Welpenhundeaugen“ ist gemeint, dass Hunde Menschen so ansehen können, dass sie ihre Herzen schmelzen lassen. Das Anheben der Augenbraue kann dem Hund sogar einen etwas traurigen Blick verleihen. Das funktioniert durch einen Muskel, der es dem Hund ermöglicht, seine innere Augenbraue anzuheben, was sein Auge größer erscheinen lässt. Der Welpenhundeaugen-Blick ist zweifelsohne der Grund, warum sich viele Kinder in einen Hund verlieben und immer wieder um einen Hund als Geschenk betteln. Interessant ist, dass es sich bei diesem verführerischen Merkmal um ein spezifisches Hundemerkmal handelt, das bei dem Vorfahren des Hundes, dem Wolf, nicht vorkommt. Es handelt sich also um eine Besonderheit, die erst vor kurzem, nach der Abspaltung der Hunde von Wölfen, entstanden sein muss.

Bei den Wölfen, die ihre Augenbrauen nicht heben können, existiert dieser Muskel nicht. An seiner Stelle befindet sich stattdessen eine kleine Sehne, die teilweise mit einem anderen Muskel verbunden ist. Es wird angenommen, dass die Menschen Hunde bevorzugten, die

den beschriebenen Gesichtsausdruck zeigen, und so wurde dieses bevorzugte Merkmal selektiert. Es ist davon auszugehen, dass der Muskel das Ergebnis eines kompletten genetischen Pakets ist, also ein ganzheitliches Bauplanelement bildet, und nicht auf eine einzige Mutation zurückgeht. Die Konstruktion der neuen Eigenschaft war demnach vermutlich ein unmittelbares ganzheitliches Ereignis. Eine Anhäufung mehrerer ungerichteter winziger genetischer Veränderungen, wie sie die darwinistische Theorie vorschlägt, ist mathematisch-informationstheoretisch höchst unwahrscheinlich, da der Muskel ein hochgradig integrierter physikalisch-neuronaler Komplex ist.

Der neue Muskel ist umso bemerkenswerter im Zusammenhang mit einem Welpen, der 2018 im sibirischen Permafrost gefunden wurde (LITVINOVA & KUTUKOV 2019). Der Welpen, der in einer Schicht aus gefrorenem Schlamm konserviert wurde, ist extrem gut erhalten, so gut, dass Nase, Fell und Zähne des Tieres aussehen, als wäre es erst vor wenigen Tagen gestorben. Ein Team von Wissenschaftlern aus Russland und Schweden untersuchte die Überreste eingehend, um Details über Alter, Geschlecht und Zeitpunkt der Hundedomestizierung herauszufinden. Mit Hilfe der ^{14}C -Datierung bestimmten die Experten, dass der Welpen vor etwa 18.000 radiometrischen Jahren gelebt haben muss. Eine 2016 veröffentlichte genetische Studie zeigte, dass sich Wölfe und Hunde vor 11.000 bis 16.000 Jahren voneinander getrennt haben (FREEDMAN et al. 2016). Nach einer Studie aus dem Jahr 2017 sollen Hunde dagegen bereits vor 20.000 bis 40.000 Jahren domestiziert worden sein (BOTIGUÉ et al. 2017). Nach beiden Studien wäre der tiefgefrorene sibirische Welpen einer der ersten Hunde gewesen. Damit bietet der Welpen perfektes Probenmaterial, um das Erbgut dieses sehr frühen Zeitpunkts des Übergangs vom Wolf zum Hund zu untersuchen. Sowohl Hunde als auch Wölfe haben ihre eigenen spezifischen genetischen Kennzeichen, die sich leicht in genetischen Analysen nachweisen lassen. So wurde schon festgestellt, dass der Welpen männlich



Abb. 1 Aus dem Permafrost geborgener hundähnlicher Wolf oder wolffähnlicher Hund. Genetische Studien sind nicht schlüssig, ob es sich um einen Hund oder einen Wolf handelt. (Sergei Fyodorov/ The Yakutsk Mammoth Museum)

ist. Trotz umfangreicher DNA-Tests konnte jedoch bisher nicht nachgewiesen werden, ob das Tier ein Hund oder ein Wolf war. Das ist sehr überraschend, denn normalerweise ist es relativ einfach, den Unterschied zwischen den beiden Arten zu erkennen. David STANTON, einer der beteiligten paläogenetischen Experten, erklärt es wie folgt: „Wir haben bereits viele Daten, und bei dieser Datenmenge wird man erwarten, dass man erkennt, ob es sich um einen Wolf oder einen Hund handelt. Die Tatsache, dass wir das nicht können, könnte darauf hindeuten, dass der Welpen aus einer Population stammt, die sowohl für Hunde als auch für Wölfe der Stammvater war.“

Hunde und Wölfe scheinen von einem Vorfahren abzustammen, der genetische Marker für Wölfe und Hunde hat, aber nicht als Wolf oder Hund bezeichnet werden kann. Es muss eine genetische Mischung beider Arten gewesen sein, die heutzutage nicht mehr existiert. Die Tatsache, dass es umso schwieriger ist, zwischen Arten oder Rassen zu unterscheiden, je weiter man in der Zeit zurückgeht, steht im Einklang mit der Grundtypenlehre.

[BOTIGUÉ LR, SONG S et al. (2017) Ancient European dog genomes reveal continuity since the Early Neolithic. *Nat. Comm.* 8:16082 • FREEDMAN AH, LOHMUELLER KE & WAYNE RK (2016) Evolutionary history, selective sweeps, and deleterious variation in the dog. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 47, 73–96 • LITVINOVA D &

KUTUKOV R (2019) Russian scientists present ancient puppy found in permafrost. <https://apnews.com/gfc66ba09db4a19a79c6f3369569f77> • PAGE ML (2019) Dogs evolved a special muscle that lets them make puppy dog eyes. *New Scientist*, No. 3235, <https://www.newscientist.com/article/2206696-dogs-evolved-a-special-muscle-that-lets-them-make-puppy-dog-eyes/>] P. Borger

■ Kann vom Hirnschädel auf die Gehirnstruktur bei fossilen Homininen geschlossen werden?

Der moderne Mensch besitzt im Gegensatz zu den anderen Mitgliedern der Gattung *Homo* relativ große und kugelig geformte Scheitelbeinknochen. Bisher gingen viele Forscher davon aus, dass Form und Größe der Scheitelbeinknochen mit der Ausdehnung der darunterliegenden kortikalen parietalen Hirnareale korrelieren. Der Zusammenhang zwischen Merkmalen des Gehirnschädels und der Hirnstrukturen ist aber bisher nicht untersucht worden.

WARREN et al. (2019) haben mit Magnetresonanz und Computertomografie bei Menschen und Schimpansen Gehirnmerkmale (hauptsächlich Hirnfurchen) sowie innere und äußere Hirnschädelmerkmale (hauptsächlich Nähte und Öffnungen) in allen drei Raumebenen untersucht. Die gewonnenen Daten wurden benutzt, um die

JAHRGANG 27 | 1-2020

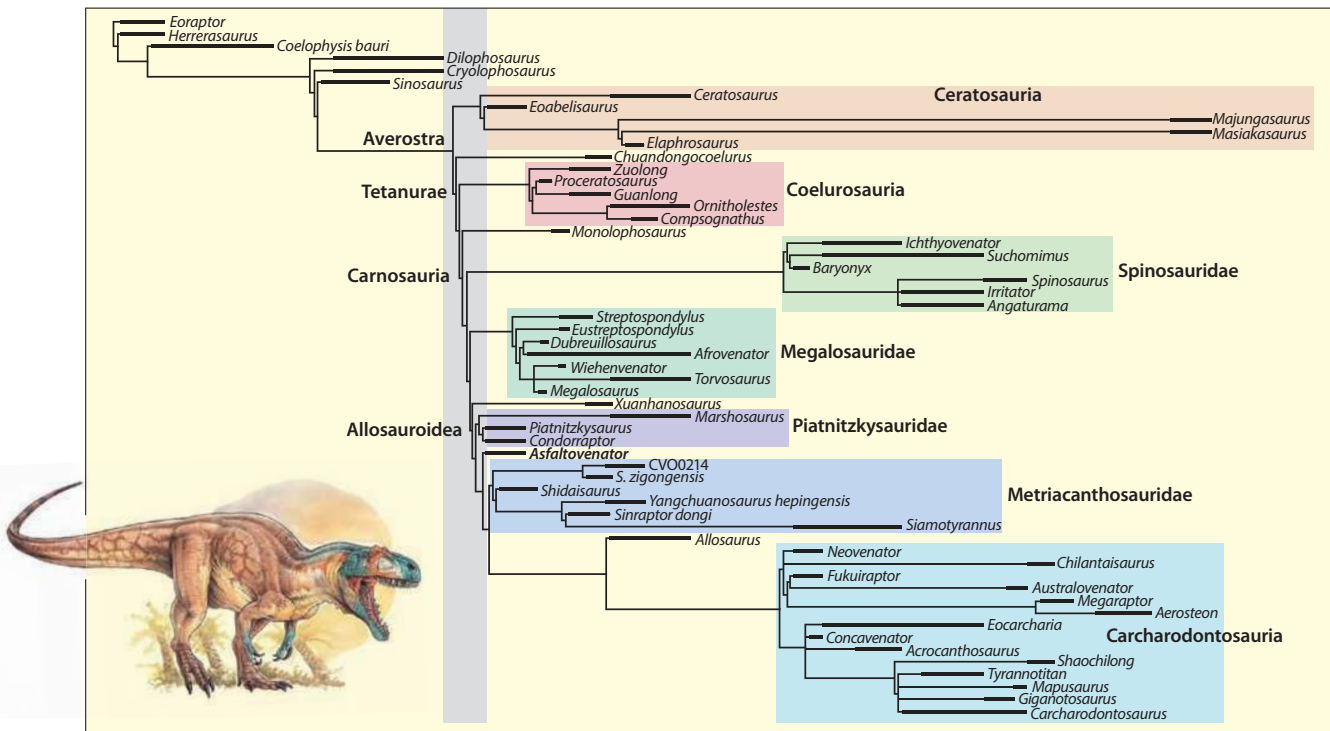


Abb. 1 Rekonstruktion von *Asfaltovenator* (Zeichnung: Gabriel Lio) und ein Cladogramm der Tetanuren-Dinosaurier. Demnach muss evolutionstheoretisch eine sehr schnelle Aufspaltung verschiedener Dinosaurier-Formen angenommen werden (graue Unterlegung). (Nach RAUHUT & POL 2019)

gehört. „Tetanurae“ bedeutet „starre Schwänze“, eine größere Gruppe zweibeiniger Dinosaurier, zu denen bekanntere Formen wie *Tyrannosaurus rex*, *Allosaurus* oder *Velociraptor* gehören; aus dieser Gruppe sollen auch die Vögel entstanden sein. *Asfaltovenator* war etwa 8 m lang; erhalten sind außer dem 80 cm langen Schädel die gesamte Wirbelsäule, vollständige Arme und Teile der Beine.

Ungewöhnlich und für die Wissenschaftler überraschend ist die Kombination von Merkmalen, die bisher als apomorph (evolutionär abgeleitet, spezialisiert) für verschiedene Gruppen gehalten wurden. So vereinigt *Asfaltovenator* Merkmale der Megalosauroidea, der Allosauroidae und verschiedener einzelner Gattungen (RAUHUT & POL 2019, 6). Eine Gattung, die an die Basis einer Gruppe gestellt wird, sollte aus evolutionstheoretischer Sicht jedoch idealerweise nur primitive (ursprüngliche) Merkmale besitzen. Und von diesen beginnend sollten sich in verschiedenen Linien allmählich unterschiedliche abgeleitete Merkmale entwickeln, aus denen die Abstammungsverhältnisse erschlossen werden. Stattdessen findet sich bei *Asfaltovenator* eine zusammengewürfelte Mischung von abgeleiteten Merkmalen ver-

schiedener Gruppen. In Beziehung zur Verteilung der Merkmale bei anderen Gattungen erfordert der Befund die Annahme extrem häufiger Konvergenzen und Parallelismen bei den verschiedenen Dinosauriergruppen (RAUHUT & POL 2019, 7). Das heißt: Viele Merkmale müssten sich mehrfach unabhängig in verschiedenen Linien entwickelt haben. Ihre Verteilung stellt sich ziemlich unsystematisch dar. Folge ist einmal mehr, dass Ähnlichkeiten keine sicheren Indizien hinsichtlich eines gemeinsamen Vorfahren sind. Das liegt daran, dass manche Ähnlichkeiten, die bisher für homolog (abstammungsbedingt) gehalten wurden, nun als konvergent (unabhängig entstanden) eingestuft werden müssen. Die Autoren stellen selber fest, dass diese Situation es schwierig mache, Abstammungszusammenhänge an der Basis größerer Linien zu ermitteln. Verlässliche Rückschlüsse auf die stammesgeschichtlichen Beziehungen der Hauptgruppen und ihrer Untergruppen seien derzeit nicht möglich. Und dies sei auch bei anderen Hauptgruppen der Wirbeltiere verbreitet der Fall.

RAUHUT & POL (2019) vermuten schnelle, fast explosive Evolutionsprozesse (Abb. 1) infolge eines vorangegangenen Aussterbeereignisses (des

sog. „Toarcian Anoxic Event“) als Ursache dieser eigenartigen Merkmalsverteilung. Aufgrund der freigeordneten Lebensräume und damit einhergehender geringerer Selektionsdrücke habe es als Resultat eine experimentelle Phase der Evolution gegeben. Bemerkenswert ist auch, dass die in Abb. 4A ihrer Arbeit gezeigte chronostratigraphische Tabelle nicht nur das explosive Auftreten zeigt, sondern auch, dass Phylogenie (vermutete Abstammungsbeziehungen) und Stratigraphie (fossiles Auftreten in der Schichtenfolge) weithin nicht zusammenpassen.

Kommentar. Weder verursachen unbesetzte Nischen oder geringe Selektionsdrücke evolutive Neuheiten noch gibt es im Rahmen von Evolution „Experimente“. Solche Begriffe und Mutmaßungen kaschieren ein grundsätzliches evolutionstheoretisches Problem: Warum sollten auf der Basis ungerichteter Prozesse vielfach ähnliche Bauplanmodule entstehen, die unsystematisch auf verschiedene Linien verteilt sind? Genau solche Befunde werden evolutionstheoretisch nicht erwartet (deshalb sind sie für die Wissenschaftler überraschend). Es ist keine neue kausale Theorie der Evolution als Lösung in Sicht, die eine solche durch vielfache Konvergenzen ge-

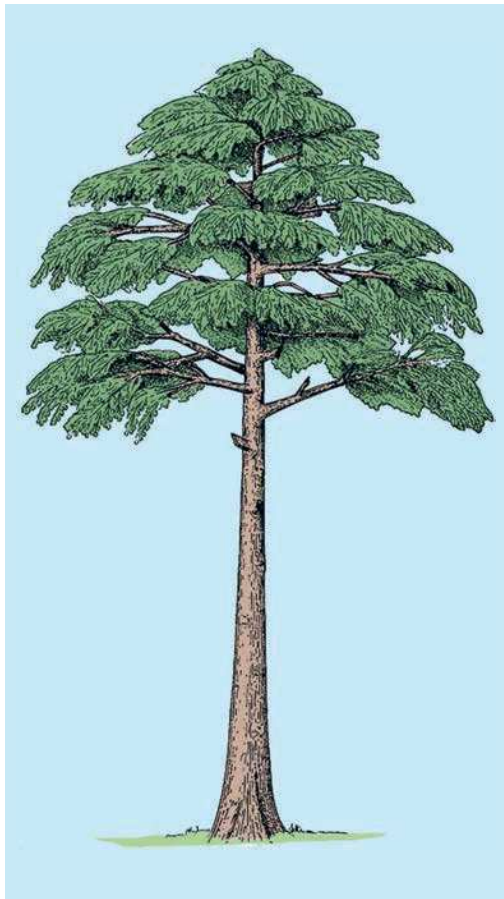


Abb. 1 Rekonstruktion von *Archaeopteris*, einem bestandsbildenden Baum der Wälder des Oberdevons. (Nach SCHWEITZER 1990, verändert)

prägte Merkmalsverteilung erklären könnte.

Dagegen könnten solche Befundkonstellationen recht gut zum Konzept polyvalenter Grundtypen im Rahmen eines Schöpfungsmodells passen. Ausgehend von Tiergruppen mit einem großen Potenzial bereits angelegter Merkmalsausprägungen könnten schnelle Radiationen im Rahmen einer Neubesiedlung katastrophisch zerstörter Ökosysteme verständlich gemacht werden. Das wäre dann aber kein evolutiver Prozess im klassischen Sinne, sondern ein Ausschöpfen bereits vorhandener Anlagen, ausgelöst möglicherweise durch Umweltreize. Dafür gibt es aus der heutigen Biologie empirisch nachvollziehbare Beispiele (vgl. CROMPTON 2019).

[CROMPTON N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. Internetartikel, http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-19-3_mendel.pdf • RAUHUT OWM & POL D (2019) Probable basal allosauroid from the early Middle Jurassic Cañadón Asfalto Formation of Argentina highlights phylogenetic uncertainty in tetanuran theropod dinosaurs. *Sci. Rep.* 9:18826; doi:10.1038/s41598-019-53672-7] R. Junker

■ Noch älter: der mutmaßlich älteste Wald

In den vergangenen Jahren wurden einige Entdeckungen über erdgeschichtlich früh etablierte Wälder bzw. Bäume gemacht, die als „überraschend“ bezeichnet wurden – überraschend bzw. überraschend schnell im Rahmen des evolutionären Paradigmas. So wurden vor wenigen Jahren im unteren Oberdevon Chinas Baumstümpfe der ausgestorbenen Pflanzengruppe der Cladoxylopsida entdeckt, deren Stämme komplexer gebaut waren als die Stämme aller anderen fossil bekannten oder heutigen Bäume (XU et al. 2017); zugleich gehören diese Bäume fast zu den stratigraphisch ältesten Bäumen. Einige Jahre zuvor hatte sich herausgestellt, dass der noch etwas älter datierte Gilboa-Wald aus dem Mitteldevon Nordamerikas mit unterschiedlichen Gehölzen sehr viel komplexer war als zuvor angenommen (STEIN et al. 2012).

Nun berichten STEIN et al. (2019) von einem neuen „Altersrekord“ eines fossil erhaltenen mutmaßlichen Waldes. In mitteldevonischen Schichten bei der Kleinstadt Cairo im US-Bundesstaat New York wurde ein ausgedehntes Wurzelsystem von Bäumen entdeckt, dem durch Korrelation mit anderen geologischen Formationen ein Alter von 385 Millionen radiometrischen Jahren zugewiesen wurde und das teilweise anders zusammengesetzt war als der Gilboa-Wald. Bis heute wurden etwa 3.000 m² Oberfläche des sedimentierten Wurzelsystems freigelegt. Die Fundstelle in Cairo beherbergt drei einzigartige Wurzelsysteme, weshalb STEIN und sein Team diesen mutmaßlichen Mitteldevon-Wald als ähnlich heterogen wie heutige Wälder einstufen. Zum einen wurde ein System aus relativ einfachen Wurzeln mit kurzer Reichweite entdeckt, das zur Gattung *Eospermatopteris* (Cladoxylopsida) gehörte, die auch aus dem oben erwähnten Gilboa-Wald bekannt ist und einen den Samenfarne ähnlichen palmenähnlichen Wuchs besaß. Die Wurzeln waren nach Einschätzung der Forscher kurzlebig. Des Weiteren wurden

mutmaßlich langlebige unterirdische Organe entdeckt, die typisch sind für *Archaeopteris*, einen großen Baum, der zur ausgestorbenen Pflanzengruppe der Progymnospermen gestellt wird (Abb. 1). Die Arten dieser Gruppe pflanzten sich einerseits wie Farne mit Sporen fort (nicht durch Samen) und hatten andererseits eine Reihe von Merkmalen mit heutigen Samenpflanzen gemeinsam (Blätter, Bau des Holzes; Wurzelsystem).

Die Forscher beschreiben die Wurzeln als hoch entwickeltes Wurzelsystem, das im Wesentlichen mit modernen Samenpflanzen vergleichbar ist: „Die Wurzelsysteme ... scheinen sich im Wesentlichen nicht von denen zu unterscheiden, die bei modernen Samenpflanzen beobachtet werden können“ (STEIN et al. 2019, 9). Schließlich konnten die Forscher – allerdings nur bei einem einzelnen Fund – ein drittes Wurzelsystem nachweisen, das Stigmarien glich; das sind charakteristische basale Organe, die von den vor allem im Karbon bekannten Schuppenbäumen, aber auch von den kleineren Isoetales bekannt sind, die zur Klasse der Bärlappgewächse gehören. Dieser Fund war besonders überraschend, und weitere Funde wären zur Bestätigung wünschenswert.

Die Bäume der devonischen Wälder sind insgesamt sehr verschieden von heutigen Bäumen; sie sind zwar nicht „primitiver“, jedoch in mancher Hinsicht anders gebaut. Mit der neuen Fundstelle wird das evolutionäre Problem des sehr schnellen Auftretens von Bäumen und Wäldern weiter verschärft. Man muss sich vor Augen halten, dass in unterdevonischen Schichten vorwiegend krautige Landpflanzen fossil überliefert sind. Die Mitte des 20. Jahrhunderts von AXELROD (1959) diskutierte Hypothese, dass es sich bei den devonischen Lebensräumen nicht um Evolutionsstadien, sondern um ökologische Abfolgen und Einwanderungen in Überlieferungsgebiete handeln könnte, sollte nach wie vor bedacht werden. Dazu kommt, dass nach STEIN et al. (2019, 2) alle im Mitteldevon fossil überlieferten Bäume „unsichere evolutionäre

Beziehungen haben und unvollständig verstanden sind“.

[AXELROD DI (1959) Evolution of the psilophyte paleoflora. *Evolution* 13, 264–275 • STEIN WE, BERRY CM et al. (2019) Mid-Devonian *Archaeopteris* roots signal revolutionary change in earliest fossil forests. *Curr. Biol.* 30, 421–431 • STEIN WE, BERRY CM, VANALLER HERNICK L & MANNOLINI F (2012) Surprisingly complex community discovered in the mid-Devonian fossil forest at Gilboa. *Nature* 483, 78–81 • XU HH, BERRY CM, STEIN WE, WANG Y, TANG P & FU Q (2017) Unique growth strategy in the Earth's first trees revealed in silicified fossil trunks from China. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 114, 12009–12014] R. Junker

■ Multitalent Gecko

Geckos sind eher für ihre Fähigkeit bekannt, die sprichwörtlich glatte Wand hoch„gehen“ zu können. Nun wurde beobachtet, dass sie auch über Wasser laufen können.

In unserer mobilen Zeit wird einem erst dann klar, wenn der Ausfall einer Brücke in einem Ballungsgebiet zum Verkehrschaos führt, was für ein unüberwindliches Hindernis eine relativ schmale Wasseroberfläche darstellen kann. Ähnliches trifft auf kleinere landlebende Lebewesen in ihrem natürlichen Lebensraum zu, in dem es auch regelmäßig Wasserflächen zu überwinden gilt. Kleinere Tiere wenden dazu teils sehr unterschiedliche Strategien an, meist andere als größere Tiere.

Mehr als 1000 verschiedene Arten von Lebewesen, darunter Insekten, Fische, Reptilien und Säugetiere, sind in der Lage, sich mehr oder weniger lange auf der Wasser-Luft-Grenzfläche aufzuhalten. Viele der kleinen, leichten Arten verlassen sich dabei vollständig auf die Oberflächenspannung des Wassers, die das Gewicht des „Leichtgewichts“ tragen kann. Die bekannten Wasserschläufer, wie man sie auf jedem Teich beobachten kann, sind ein Beispiel dafür. Dabei kommt ihnen ein ausgefeiltes Miniatur-Luftkissensystem an ihren Füßen zugute (GAO & JIANG 2004). Wasservögel schwimmen, weil sie leicht und gut imprägniert sind. Das Extrem an Aufwand, sich über das Wasser zu erheben, stellen Renntaucher dar, also Wasservögel, die als Teil eines Balzverhaltens auf dem Wasser laufen, und Delphine,

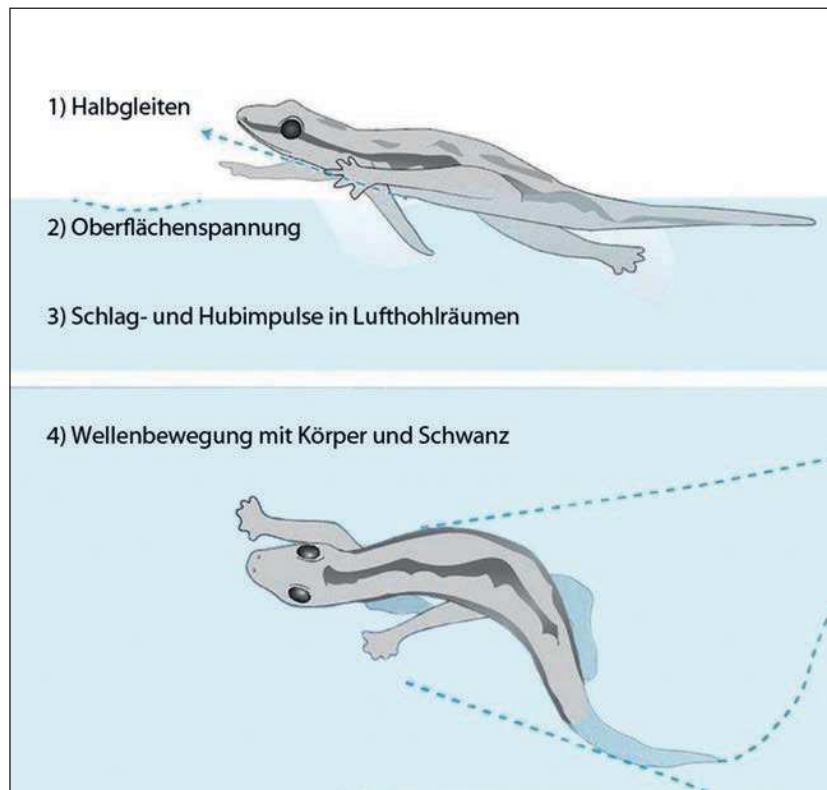


Abb. 1 Geckos nutzen mehrere Mechanismen, um über die Wasseroberfläche zu laufen. (Nach NIRODY et al. 2018, CC BY-NC-ND 4.0)

die mit ihren intensiv hin und her schlagenden Schwanzflossen so viel Auftrieb erzeugen, dass sie für kurze Zeit im Wasser „stehen“ können.

Als eigentlich landlebendes Lebewesen, das auch über Wasser laufen kann, ist die sogenannte „Jesus-Echse“, bekannt, der Stirnklappen-Basilisk. Er hat die Fähigkeit, mit hoher Geschwindigkeit über eine Wasseroberfläche zu rennen. Er taucht dabei nur die Hinterfüße ins Wasser ein, der restliche Körper bleibt beim zweibeinigen Rennen übers Wasser in der Luft. Geschwindigkeit ist dabei alles, faszinierend anzusehen.

Haus-Geckos dagegen praktizieren aufgrund ihrer kürzeren Beine und kleineren Füße eine andere Art der Fortbewegung „auf“ Wasser. Indem sie mehrere Strategien kombinieren, schaffen sie es, immerhin etwa drei Viertel des Körpers über Wasser zu bringen: Die Geckos schlagen abwechselnd mit den vier Beinen aufs Wasser und schaffen dabei Luftpolster, wie sie auch bei den Stirnklappen-Basilisken beobachtet werden. Wenn diese gegen das Wasser nach unten und hinten gedrückt werden, geben sie dem Tier Auf- und Vortrieb. Der Rhythmus der schlängelnden Bewegung des

gesamten Körpers entspricht dabei dem Ablauf der Bewegung auf Land: Diagonal gegenüberliegende Beine schlagen gleichzeitig aufs Wasser, ein anderes Muster, als es bei schwimmenden Reptilien beobachtet wird. Der hintere Teil des Körpers und der Schwanz befinden sich knapp unter Wasser, der Schwanz wird hin und her bewegt, um zusätzlich Vortrieb zu erzeugen und den Körper im Wasser zu stabilisieren. Die Geckos bewegen sich mit etwa 0,6 bis zu fast einem Meter pro Sekunde übers Wasser fort, eine Geschwindigkeit, bei der zusätzlich eine Art Aqua-planing die Tiere teilweise aus dem Wasser hebt. Außerdem scheint es auch eine Rolle zu spielen, dass die Geckos eine sehr wasserabweisende Haut haben; so hilft zusätzlich auch die Oberflächenspannung des Wassers, das Tier zu tragen. Letzteres kann man daran erkennen, dass die Fortbewegungsgeschwindigkeit auf dem Wasser auf die Hälfte reduziert wird, wenn man Detergenzien hineingibt, die die Oberflächenspannung stark reduzieren. Eine Manipulation, die die schnelle „Jesus-Echse“ dagegen nicht in Verlegenheit bringt.

Geckos verwenden also eine komplizierte Kombination von

Strategien, um sich übers Wasser bewegen zu können (Abb. 1). Sie kombinieren dabei Fortbewegungsmechanismen, die sonst entweder von kleineren oder von größeren Tieren benutzt werden, zu einem erfolgreichen Mix. Die Autoren der Studie regen an, das Design des Geckos bei der Bewegung auf Wasser als Beispiel zu nehmen, um Roboter zu entwerfen, die sowohl auf Land als auch auf Wasser laufen können!

[NIRODY ET AL. (2018) Geckos Race Across the Water's Surface Using Multiple Mechanisms, *Current Biology*, <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.10.064> • JUNKER R (2005) Noch ein „Wasserläufer“: die Jesus-Echse. *Stud. Int. J.* 12, 41–46 • GAO X & JIANG AL (2004) Biophysics: Water-repellent legs of water striders. *Nature* 432, 36] H.-B. Braun

■ Elektrostatik und der Ursprung des Sonnensystems

Die Nebularhypothese, die zuerst von dem französischen Rationalisten Pierre-Simon Laplace im 18. Jahrhundert vorgeschlagen wurde, ist immer noch die aktuelle Standard-Erklärung für den Ursprung unseres Sonnensystems. Danach ist das Sonnensystem durch den gravitationellen Kollaps einer Gas- und Staubwolke entstanden, was zu einer ähnlichen Struktur wie die heute beobachtbaren Saturnringe geführt haben soll (BRASSER & MOJZSIS 2020). Obwohl die Nebularhypothese weithin akzeptiert ist, gibt es immer noch Probleme, die die Astronomen bisher nicht lösen konnten, zum Beispiel die Ausrichtung der Rotationsachse der Planeten. Die Rotationsachse der meisten Planeten im Sonnensystem ist nämlich mehr oder weniger geneigt. Bei der Erde beträgt die Neigung 23 Grad und sie ist für die Jahreszeiten verantwortlich. Nach der Nebularhypothese müssten alle Planeten um einen Stern in gleicher Weise geneigt sein. Das ist aber nicht der Fall. Um diese Unterschiede zu erklären, müssen Ad-hoc-Hypothesen wie das Passieren von anderen Himmelskörpern und Kollisionen mit ihnen aufgestellt werden.

Die klassische Schwäche dieser Theorie ist jedoch, dass sie nicht erklärt, wie Staub und Gas kollabieren und sich zu größeren Körpern zusammenlagern konnten, sodass die Schwerkraft sie zu Planeten zusammenschmieden konnte. Wenn die frühen Proto-Planeten unseres Sonnensystems mit den Ringen des Saturn vergleichbar sind, ist die Nebularhypothese in großen Schwierigkeiten. Denn Planetenforscher haben entdeckt, dass die Ringe des Saturn nicht zu immer größeren Körpern werden, sondern im Laufe der Zeit verschwinden. Neue Daten belegen sogar, dass sie für kosmische Verhältnisse sehr schnell verschwinden (PAILER 2019). Die Beobachtungen der Cassini-Huygens-Raumsonden, die vor wenigen Jahren am Saturn vorbeiflogen, deuten darauf hin, dass das gesamte Ringsystem in maximal 300 Millionen Jahren verschwunden sein wird (O'DONOGHUE et al. 2019). Anstatt neue Monde zu bilden, werden sich die Ringe auflösen und von Saturn absorbiert werden.

Nach der Nebularhypothese bestehen die allerersten Planetensamen aus mikrometergroßen Staubkörnern, die aneinanderstoßen und zu winzigen Körperchen zusammenwachsen, bis sie sich zu größeren Klumpen verdichten. Dabei ist aber problematisch, dass die Schwerkraft eine sehr schwache Kraft und nicht in der Lage ist, Gase und Staub zu größeren Körpern zusammenzulagern. Wenn Staubklumpen von etwa einem Millimeter Größe kollabieren, werden sie wie Billardkugeln voneinander abprallen. Die Abprallkräfte sind größer als die Anziehungskraft der Schwerkraft und verhindern so die Verdichtung zu größeren Körpern. Simulationen und mathematische Analysen deuten darauf hin, dass sich in der inneren protoplanetaren Scheibe keine größeren Teilchen bilden könnten, um die zur Planetenbildung notwendige Zusammenlagerung zu fördern. Wie konnten sich also Planeten aus Staubringen bilden?

Da sich positiv und negativ geladene Teilchen viel stärker als die Schwerkraft gegenseitig anziehen,

vermuten Wissenschaftler der Universität Duisburg-Essen nun, dass elektrische Kräfte die Erzeugung von Planeten begünstigt haben (STEINPLIZ et al. 2019). Um zu untersuchen, wie sich fallende Objekte in der Mikrogravitation des Weltraums verhalten, nutzten sie den 120 Meter hohen Bremer Fallturm. Mit dem eingebauten Katapult des Turms schossen sie eine Vakuum-Kammer mit 0,4 Millimeter großen Glasperlen in Richtung Turmspitze und ließen sie dann fallen, wobei sie die Perlen mit einer in der Fallkammer installierten Hochgeschwindigkeitskamera beobachteten. Sie stellten fest, dass sich die Perlen durch statische Elektrizität elektrisch aufladen und in Bündeln von bis zu mehreren Zentimetern Durchmesser zusammenklebten. Die Forscher vermuten, dass zusammenstoßende und aneinanderreibende Partikel in Weltraum-Staubringen auf ähnliche Weise elektrisch geladen werden und Aggregate bilden können. Kollisionen zwischen Teilchen in einem Geschwindigkeitsbereich, der in protoplanetaren Scheiben zu finden ist, können Aggregate von mehreren Zentimetern Größe erzeugen; vorausgesetzt, dass es Partikel mit positiven und negativen elektrischen Ladungen gab, die durch Partikelkollisionen erzeugt wurden – auf ähnliche Weise wie im Fallturm. Die Aggregate können sich danach mit Hilfe der Schwerkraft noch weiter verklumpen und schließlich zu Planeten werden (O'DONOGHUE et al. 2019). Ob dies geschieht, hängt von den relativen Raten der Aufladung gegenüber der Entladung und der Partikelkollisionen gegenüber der Dispersion ab.

Auch wenn elektrische Kräfte zur Bildung größerer Staubansammlungen beitragen können, zeigen die allmählich verschwindenden Ringe des Saturn, die aus kleineren und größeren Trümmerblöcken bestehen, dass es nicht in jedem Fall zu einer weiteren Aggregation kommt. Es ist offensichtlich, dass die Aufklärung der Details der Beziehungen zwischen Aufladung und Aggregation in protoplanetaren Scheiben beträchtliche zusätzliche Studien erfordert (STEINPLIZ et al. 2019).

[BRASSER R & MOJZSIS SJ (2020) The partitioning of the inner and outer Solar System by a structured protoplanetary disk. *Nat. Astron.*, <https://doi.org/10.1038/s41550-019-0978-6> • PAILER N (2019) Das kurze Leben des Saturnrings. *Stud. Integr. J.* 26, 4–11 • O'DONOGHUE J, MOORE L, CONNERNEY J, MELIN H, STALLARD TS, MILLER S & BAINES KH (2019) Observations of the chemical and thermal response of 'ring rain' on Saturn's ionosphere. *Icarus* 322, 251–260 • STEINPILZ T, JOERI K, JUNG MANN F. et al. (2019) Electrical charging overcomes the bouncing barrier in planet formation. *Nat. Phys.*, [doi:10.1038/s41567-019-0728-9](https://doi.org/10.1038/s41567-019-0728-9)] P. Borger

■ Tanzende Neptunmonde

In unserem Sonnensystem birgt fast jede neue Entdeckung Überraschungen wie zum Beispiel das Magnetfeld von Merkur, Wasser auf dem Mars und auf dem Mond oder Asteroiden mit einer Atmosphäre. Dies zeigt, dass das gängige Verständnis des Ursprungs und der Beschaffenheit des Sonnensystems noch sehr limitiert ist. Eine Forschergruppe in USA (BROZOVIC 2019) entdeckte kürzlich ein weiteres interessantes Phänomen in den Bahnbewegungen einiger Monde des Planeten Neptun: Zwei der fünf inneren Monde tanzen förmlich umeinander herum, während sie gemeinsam um den Planeten rasen.

Neben dem schon 1846 entdeckten großen Mond Triton umkreisen 13 kleinere Monde diesen entfernten Gasplaneten am Rande unseres Sonnensystems, der etwa 30 Mal so weit von der Sonne entfernt ist wie die Erde. Sechs Monde befinden sich nahe am Neptun innerhalb der Umlaufbahn von Triton, die anderen viel weiter außen als Triton.

Bei den beiden besagten Monden handelt es sich um die beiden innersten Monde Naiad und Thalassa, die 67 bzw. 81 Kilometer groß sind. Sie bewegen sich in Bahnen, die nur ca. 50.000 km von Neptun entfernt sind. Neptun hat einen etwa ebenso großen Äquatordurchmesser, was die große Nähe verdeutlicht. Naiad braucht sieben Stunden, um Neptun zu umrunden, während Thalassa siebeneinhalb Stunden benötigt. Die beiden Bahnen sind nur 1.850 km voneinander entfernt, weshalb die

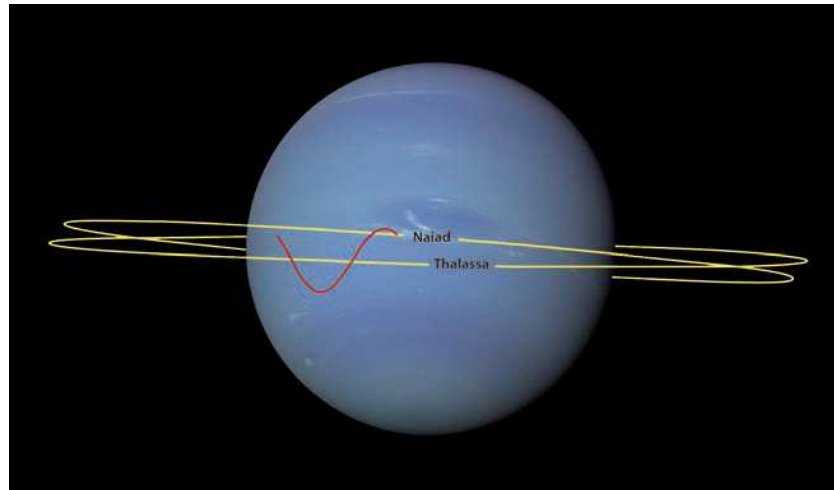


Abb. 1 Neptuns innerster Mond Naiad bewegt sich in Schlangenlinien um seinen Nachbarmond Thalassa, wie aus Daten des Weltraumteleskops Hubble hervorgeht. (© NASA/JPL)

beiden Monde sich gefährlich nahe kommen könnten und dabei gegenseitig ihre Umlaufbahn so stören, dass beide in den Neptun stürzen würden.

Aber genau das passiert nicht. Im Vergleich zu Thalassa ist die Umlaufbahn von Naiad um etwa fünf Grad geneigt. Dadurch verbringt Naiad die Hälfte ihrer Umlaufzeit über Thalassa und die Hälfte unter Thalassa in einer verknüpften Umlaufbahn, die mit keiner anderen bislang bekannten Beobachtung vergleichbar ist. „Wir bezeichnen dieses sich wiederholende Muster als Resonanz“, sagt die Physikerin Marina BROZOVIC vom NASA Jet Propulsion Laboratory in SCIENCEdirect (NIELD 2019). „Es gibt viele verschiedene Arten von Tänzen, die Planeten, Monde und Asteroiden ausführen können, aber dieser wurde noch nie zuvor gesehen.“

Die Umlaufbahnen der beiden kleinen Monde sind perfekt abgestimmt und so choreografiert, dass sie sich gegenseitig ausweichen. Etwa alle fünf Tage überrundet der etwas schnellere Naiad den Nachbarmond Thalassa. Wenn Sie auf Thalassa stationiert wären, würden Sie Naiad, wenn er Sie überholt, zweimal über sich sehen, dann zweimal unter sich. Die Forscher sagen, dass diese Manöver die Umlaufbahnen stabil halten, und sprechen von einem „Tanz der Vermeidung“.

„Wir freuen uns immer über solche gegenseitigen Abhängigkeiten zwischen Monden“, sagt Mark SHOWALTER vom SETI-Institut (NIELD 2019). „Naiad und Thalassa

sind in dieser Konfiguration wahrscheinlich schon seit langer Zeit zusammengeschlossen, weil dadurch ihre Umlaufbahnen stabiler werden. Sie bewahren den Frieden, indem sie sich niemals zu nahe kommen.“ Da Naiad Thalassa ca. alle 5 Tage überrundet, kommt es schon in weniger als 1.400 Jahren zu 100.000 potenziell kritischen Begegnungen der beiden Monde.

Das Team verwendete Daten, die zwischen 1981 und 2016 von Teleskopen auf der Erde, Voyager 2 und dem Hubble-Weltraumteleskop gesammelt wurden, um zu bestimmen, wie Naiad und Thalassa den Eisriesen umrunden. Auf die spannende Frage, wie es zu dieser Konstellation gekommen ist, mutmaßen die Forscher, dass der große Mond Triton dabei eine Rolle gespielt haben könnte. Welche Rolle das ist, ist allerdings unsicher. Die beiden Monde könnten beim Einfangen des Mondes Triton durch Neptun und die um 5° geneigte Bahn von Naiad durch spätere Störungen von weiteren Triton-Überbleibseln entstanden sein.

[BROZOVIC M et al. (2019) Orbits and resonances of the regular moons of Neptune. *Icarus* 338, Article 113462 • BROZOVIC M et al. (2019) Orbits and resonances of the regular moons of Neptune. <https://arxiv.org/ftp/arxiv/papers/1910/1910.13612.pdf> • NIELD D (2019) NASA Has Detected Weird Orbital Movement From Two of Neptune's Moons. <https://www.sciencelalert.com/neptune-moons-are-caught-in-one-of-the-weirdest-orbits-ever-seen> • NASA Jet Propulsion Laboratory (2019) Neptune Moon Dance (animation). <https://youtu.be/WESiSZtIDyI>] P. Korevaar

