

STUDIUM

INTEGRALE



Eiszeit und Gletscherschmelze



Strategien
der Hummeln



Bernstein-
Einschlüsse



Plutos
Atmosphäre

Überraschende Befunde zum Alter der Menschheit

Bevölkerungswachstum und Steinwerkzeuge des Frühmenschen

Michael Brandt:

Wie alt ist die Menschheit?

Demographie und Steinwerkzeuge mit überraschenden Befunden

SCM Hänssler, 6. Aufl. 2020

Hardcover, Format 16,5 x 24

253 Seiten, 45 Abbildungen, 31 Tabellen,

ISBN 978-3-7751-5666-0

14,95 EUR [D]/15,45 EUR [A]/23,20 CHF

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

Erweiterte
Neuaufgabe 2020



Michael Brandt präsentiert erstmals eine umfassende Gesamtschau der Daten zum Bevölkerungswachstum der Steinzeit und den gefundenen Werkzeugmengen. Die Daten lassen sich nur dann befriedigend erklären, wenn für die gesamte Steinzeit statt 2 Millionen Jahren eine Dauer von nur wenigen tausend Jahren veranschlagt wird. Der Autor plädiert für eine beträchtliche Korrektur der frühen Menschheitsgeschichte. Das Buch bietet sehr starke Argumente für eine kurze Menschheitsgeschichte; es gibt weltweit keine vergleichbare Übersichtsarbeit zu diesem Thema. Die Recherchen sind wissenschaftlich fundiert; das Buch ist aber auch für Laien gut lesbar. Der Leser erhält zudem viele interessante Einblicke in die Lebensumstände der Menschen der Steinzeit. Das Buch richtet sich an alle an der Vorgeschichte der Menschheit Interessierten, Fachleute wie Laien.

Erhältlich auch bei:

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



Das wohl aufsehenerregendste wissenschaftliche Forschungsobjekt ist Leben an sich. Kaum eine wissenschaftliche Disziplin hat in den vergangenen 100 Jahren eine vergleichbare Entwicklung erfahren wie die Lebenswissenschaften. Oft veranlassen neue Entdeckungen in der Molekularbiologie Wissenschaftler dazu, in ihren Artikeln ihr tiefes Erstaunen über die „genialen Konstruktionen und ausgeklügelten Erfindungen“ des Lebens auszudrücken. Und immer wieder geben Wissenschaftler nachdenklich zu – vor allem gegen Ende ihrer Laufbahn –, dass wir noch an der Oberfläche dessen kratzen, was wir Leben nennen.

Da erscheint es unbegreiflich, dass die große Mehrheit der Wissenschaftler weiterhin unumstößlich daran glaubt, dass der Ursprung des Lebens in gewöhnlichen natürlichen Vorgängen zu verorten ist. Wenn die richtigen chemischen Zutaten vorhanden waren und sich zufällig die notwendigen Bedingungen einstellten, soll Leben entstanden sein – auf welche Weise auch immer. Diese Denkweise pflanzt sich darüber hinaus in der jungen Forschungsdisziplin der Astrobiologie fort – der Suche nach Leben außerhalb unseres Planeten. Dabei wird erwartet, dass Leben irgendwo im Universum sogar auf absolut lebensfeindlichen Planeten oder Monden entstanden sein könnte.

Erst kürzlich meldeten mehrere populärwissenschaftliche Magazine, dass es möglicherweise Leben auf der Venus gibt. Anlass für diese Vermutung ist nicht mehr als ein indirekter Hinweis auf das Vorhandensein des Gases Phosphan (PH_3) in der Venusatmosphäre. Auf der Erde wird die Entstehung von Phosphan gemäß bisherigem Wissen nur auf biologische Quellen wie Klärschlamm oder Abwässer zurückgeführt. Daher wird darauf geschlossen, dass es auch auf unserem heißen Nachbarplaneten auch biologische Ursachen haben könnte. Dass Lebewesen auf der Venus je nach Wahl des Habitats entweder Temperaturen von ca. 400°C (in der tieferen Atmosphäre) oder 90% Schwefelsäure (in den Wolken) aushalten müssten, scheint kein Ding der Unmöglichkeit zu sein.

Wenn Leben auf einem extrem heißen Planeten vermutet werden kann, dann auch auf einem sehr kalten. Kürzlich meldete eine Forschergruppe, dass sie auf dem Saturnmond Enceladus Lebewesen vermuten, dessen Oberfläche ca. -200°C kalt ist. Eine beteiligte Wissenschaftlerin antwortete in einem Interview auf die Frage, welche Voraussetzungen für Leben erfüllt sein müssten, mit den Worten: „Es braucht flüssiges Wasser, das ist ganz wichtig. Dann braucht es organische Verbindungen aus Kohlenstoff und Sauerstoff, aber auch aus Stickstoff, Phosphor und Schwefel. Und es braucht Energie. Zudem sollte es über einen langen Zeitraum stabil bleiben, damit Lebewesen sich entwickeln können.“

Jedem, der auch nur den Versuch unternommen hat, molekulare Bausteine von Lebewesen wie DNA oder Proteine im Labor nachzubauen, dürften solche Annahmen als Gipfel der Irrationalität vorkommen. Denn die Synthese solcher Moleküle braucht vor allem eines: eine intellektuelle Höchstleistung.

In dieser Ausgabe widmen wir uns in drei Beiträgen dem Thema „Lebensentstehung“, die erneut bestätigen, dass Plan und Zielsetzung entscheidend sind. Angesichts des Scheiterns bisheriger Modelle, die alleine physikalisch-chemische Gesetzmäßigkeiten zugrunde legen, werden immer wieder neue Orte eines Lebensursprungs ins Spiel gebracht, so neuerdings Räume tief unter der Erde, wie Boris SCHMIDTGALL berichtet. Er zeigt dabei auch eine auffällige Diskrepanz zwischen der Deutung der Ergebnisse und den zugrundeliegenden Daten auf. Auch Hinweise von möglichem Leben in Meteoriten erweisen sich als höchst fragwürdig, wie derselbe Autor in einem weiteren Beitrag erläutert. Peter BORGER berichtet über Arbeiten mit sich selbst vervielfältigenden chemischen Systemen, die ebenfalls im Zusammenhang der Lebensentstehungsfrage diskutiert werden. Es bewahrheitet sich regelmäßig: Nur wenn Forscher zielorientiert eingreifen, kommen brauchbare Ergebnisse zustande.

Die Frage, was die bekannten Evolutionsmechanismen zu leisten imstande sind, wenn Leben einmal da ist, ist Gegenstand weiterer Beiträge über die Entstehung neuer Gene, über Artbildungsprozesse und das Langzeit-Evolutionsexperiment. Peter BORGER erläutert Indizien, die dafür sprechen, dass neue Gene nicht wirklich neu sind, sondern auf Programmierung beruhen. Nigel CROMPTON zeigt, dass Artaufspaltungen auf der Basis von programmierter Vielfalt erfolgen und dadurch innerhalb weniger Generationen erfolgen können. Und Daniel VEDDER präsentiert die neuesten Ergebnisse des seit 1988 laufenden Langzeit-Evolutionsexperiments, aus denen hervorgeht, dass die bedeutendste beobachtete Veränderung in diesem Experiment sich nicht als evolutionäres Sprungbrett für neuartige Fähigkeiten erweist, sondern eher als ein „Tanz am Rande des Abgrunds“.

Viele weitere aufschlussreiche Beiträge laden zu einer erhellenden Lektüre ein.

Ihre Redaktion **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL**

■ IMPRESSUM

Herausgeber

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

Redaktion

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

Korrespondenzadresse

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

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

Produktion

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

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen

Die Zeitschrift erscheint 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

Dass Eis nicht ewig ist, hat sich herum-
gesprochen. Dass es am Ende der Eiszeit
möglicherweise sehr viel schneller ab-
getaut ist, als bisher angenommen, wird
in unserem Beitrag ab S. 107 diskutiert.
(Foto: © hecke71 - stock.adobe.com)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

R. Junker	Vogelmerkmale bei Dinosauriern. Vorläuferstadien oder Konvergenzen?	68
N. Crompton	Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 3. Fortpflanzungsisolation und adaptive Radiationen	76
P. Borger	<i>De novo</i> – Gene aus dem Nichts? Interpretationsfehler oder komplexes Genom?	88

■ LESERDEBATTE

„Pseudogene“ – welchen Namen wir ihnen auch geben, der Genverlust ist real und wichtig (Z. Ardern)	131
Der Genverlust ist unbezweifelbar und eine treffende Terminologie unverzichtbar (B. Schmidtgall)	132



■ KURZBEITRÄGE

H.-B. Braun	El Cóndor Pasa	97
R. Junker	Hummeln lösen Blütenbildung aus	99
H. Binder	Bernsteininkluden – Einblicke in frühe Pflanzen-Bestäuber-Beziehungen	101
M. Kotulla	Eiszeit: Gletscher- und Eisschmelze in wenigen Jahrhunderten?	105
P. Korevaar	Plutos schwindende Atmosphäre	108
H. Binder	Mann und Frau – auch im Gehirn unterschiedlich	110
B. Schmidtgall	Leben aus der Tiefe der Erde: Fortschritt in der Lebensursprungsfrage?	112
D. Vedder	Citratnutzung bei <i>Escherichia coli</i> : Kein evolutionäres Sprungbrett	117

■ STREIFLICHTER

Proteom-basierter Stammbaum mit interessanten Resultaten	119
Schildkrötenameisen: Abruf vorhandener Optionen statt Evolution?	120
„Schnabeltier der Krabbenwelt“	121
Springende Genialität	122
Homologien: keine Beweise für Evolution	123
Gemeine Napfschnecke – Spezialistin für flexibles Kleben	124
Frauen mit „Neandertaler-Genvarianten“ haben weniger Fehlgeburten	126
Ceres' verborgener Wasserozean	127
Neues über Lebensentstehung? Oder von der Überinterpretation einfacher chemischer Systeme	128
Proteine in Meteoriten – heiße Spur außerirdischer Lebewesen?	129

Vogelmerkmale bei Dinosauriern

Vorläuferstadien oder Konvergenzen?

„Vögel sind Dinosaurier“ – das ist heute die kaum angefochtene Lehrmeinung zum Ursprung der Vögel. Die wichtigste Begründung: Die meisten vogeltypischen Merkmale seien schrittweise bei Dinosauriern entstanden. Eine genauere Analyse der fossilen Überlieferung offenbart jedoch ein anderes Bild.

Reinhard Junker

Hinweis zu den Anmerkungen: Die Anmerkungen enthalten vor allem Originalzitate; sie sind als **Zusatzmaterial** verfügbar unter www.si-journal.de/jg27/heft2/dino-voegel.pdf.

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Abb. 1 Überblick über typische Vogelmerkmale (nicht vollständig): In der Analyse (JUNKER 2019) wurden die blau gesetzten Merkmale berücksichtigt. In diesem Beitrag wird eine repräsentative Auswahl vorgestellt und diskutiert. (Skelett: CC BY 2.5)

Einleitung

„Vögel sind heute lebende Dinosaurier“ (ERICKSON et al. 2017). „In Wahrheit sind Vögel Dinosaurier“ (BRUSATTE 2017a, 53¹). Man mag diese Gleichsetzung von Vögeln und Dinosauriern sonderbar oder gar abwegig finden, aber in den letzten Jahrzehnten hat sich die mutmaßliche Abstammung der Vögel von Dinosauriern als einer der populärsten evolutionären Übergänge in der Fachwelt fast unangefochten etabliert.²

In den letzten Jahren wurde eine Reihe von Studien veröffentlicht, die einen *schrittweisen* Übergang von Dinosauriern zu Vögeln dokumentieren sollen (vgl. Abb. 2). Die Merkmale, die charakteristisch für Vögel sind (vgl. Abb. 1), seien im Wesentlichen in unterschiedlicher Häufigkeit bereits bei verschiedenen Dinosaurier-Gattungen ausgebildet gewesen (vgl. Abb. 3). Man könne daher heute keine Grenze mehr zwischen Dinosauriern und Vögeln ziehen (BRUSATTE 2017a, 55³). Zu den vogeltypischen Merkmalen bei Dinosauriern gehören allen

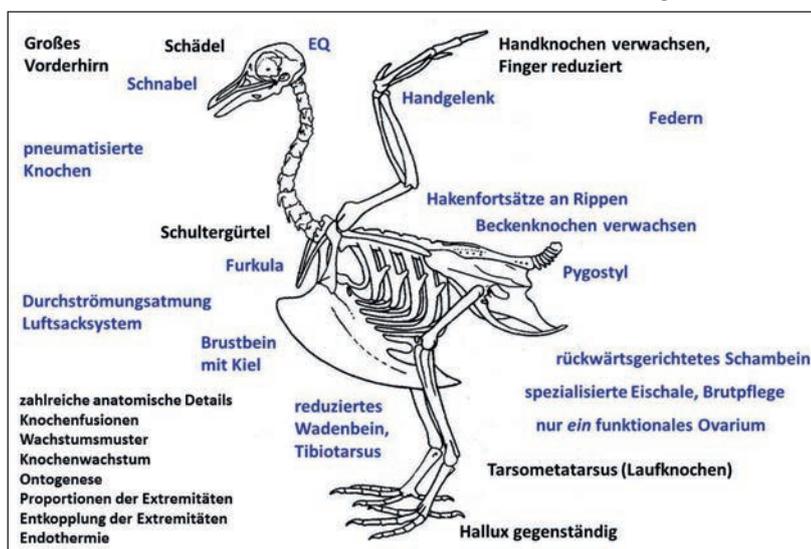
voran Federn oder federartige Körperanhänge⁴, das Gabelbein (Furkula), ein großes Brustbein, verknöcherte Brustbeinplatten, ein vergrößerter Encephalisations-Quotient, lange Arme, der Bau des Handgelenks⁵, eine dreifingrige Hand mit langem zweitem Finger⁶, hohle Knochen, das Luftsacksystem, hakenförmige, nach hinten gerichtete Fortsätze an den vorderen Rippen⁷, ein nach hinten gerichtetes Schambein, zweibeinige Fortbewegung, lange Hinterbeine mit dreizehigem Fuß, ein reduziertes Wadenbein, verschmolzene Schwanzwirbel, Brutpflege, eine deutlich verringerte Körpergröße und andere (PADIAN & CHIAPPE 1998, 44; ORGAN et al. 2007; XU 2006; XU et al. 2014; vgl. Abb. 1).

Umgekehrt besitzen viele Vögel aus dem Oberjura (allen voran der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx*) und aus der Unterkreide Merkmale, die für heutige Vögel *untypisch* sind, jedoch bei vielen Theropoden-Gattungen ausgebildet sind. Dazu gehört der verbreitete Besitz von Zähnen, eine lange Schwanzwirbelsäule (bei *Archaeopteryx* und *Jeholomis*), das Fehlen eines Brustbeinkiels, relativ wenige Knochenverwachsungen und weitere Merkmale.

So gesehen scheint es gut begründet, dass es einen fast durchgehend graduellen Übergang von theropoden Dinosauriern zu den Vögeln gibt. Diese Einschätzung wird dadurch unterstützt, dass innerhalb der einzelnen relevanten Merkmale auch noch unterschiedliche Ausprägungen vorkommen, beispielsweise ein unterschiedliches Ausmaß der Reduktion von Zähnen oder unterschiedlich ausgeprägte Pygostyle* (s. u.).

Doch dieses Bild ist unvollständig und dadurch mehr oder weniger irreführend und zwar aus folgenden Gründen:

1. Viele Vogelmerkmale bei Dinosauriern treten mehrfach unabhängig (konvergent*) auf, also nicht nur in einer einzigen, sondern in verschiedenen Linien ohne gemeinsamen



Vorfahren. Dementsprechend sind die einzelnen Vogelmerkmale teilweise auf verschiedenen Ästen der Theropoden verteilt (Abb. 3).

2. Die stratigraphischen* Positionen der Dinosaurier-Gattungen, die eine unterschiedliche Anzahl vogeltypischer Merkmale besitzen, entsprechen vielfach nicht den evolutionär anzunehmenden zeitlichen Abfolgen (vgl. Abb. 3).

3. Entsprechendes gilt für Dinosauriermerkmale und ihre Abfolgen bei den Oberjura- und Unterkreidevögeln.

4. Manche Gattungen, die als Vogelvorläufer interpretiert werden, könnten sekundär flugunfähige Vögel sein. Deren Merkmale würden in diesem Falle als Belege für einen schrittweisen Übergang von Dinosauriern zu Vögeln ausscheiden.

5. Bei manchen Merkmalen gibt es mehr oder weniger markante Sprünge (wo schrittweiser Umbau funktionell problematisch wäre).

Diese Situation äußert sich z.B. darin, dass keine konkrete Gattung als (letzter) Vorfahr der Vögel angegeben werden kann: „Obwohl praktisch alle neueren Analysen die Dromaeosauridae oder Troodontidae ... als Schwestergruppe der Vögel ausweisen, ist keiner von beiden wirklich der Vorfahre, und daher können bekannte Formen wie *Deinonychus* oder *Troodon* nur als Modelle für den wahren Vogelvorfahren dienen“ (WITMER 2002, 168).

Vogelmerkmale bei Theropoden: Vorläufer oder Konvergenzen?

Im Folgenden soll an vier wichtigen vogeltypischen Merkmalen bei Gattungen, die zu Dinosauriern gestellt werden, untersucht werden, was über ihre Verteilung bekannt ist. Hintergrund ist die eingangs genannte Behauptung, die meisten Vogelmerkmale seien *Schritt für Schritt* in Dinosaurierlinien entstanden. Lässt sich das anhand der Merkmalsverteilung verifizieren? Und passen die stratigraphischen Positionen derjenigen Gattungen, die als Vorläufer interpretiert werden, zu den stammesgeschichtlichen Rekonstruktionen? Betrachtet werden Federn, Furkula, Hornschnabel und Pygostyl. Diese Merkmale sowie elf weitere werden in JUNKER (2019) ausführlicher diskutiert. Hier erfolgt eine kompakte Darstellung von vier repräsentativen Merkmalen.

Federtypen und Flugfähigkeit

Bei einer großen Anzahl von Theropodengattungen, die systematisch in die Nähe der Vögel gestellt werden, wurden haarartige oder federähnliche Anhänge oder auch echte flächige Federn fossil nachgewiesen. Dabei bestehen deutliche

Kompakt

In den letzten Jahrzehnten hat sich die mutmaßliche Abstammung der Vögel von Dinosauriern als einer der populärsten evolutionären Übergänge etabliert. Als Begründung wird dafür genannt, dass ein Großteil von Vogelmerkmalen bei verschiedenen Theropoden-Dinosauriern vertreten sei. Es könne an Fossilien nachvollzogen werden, dass Vogelmerkmale *schrittweise* aufgetreten seien.

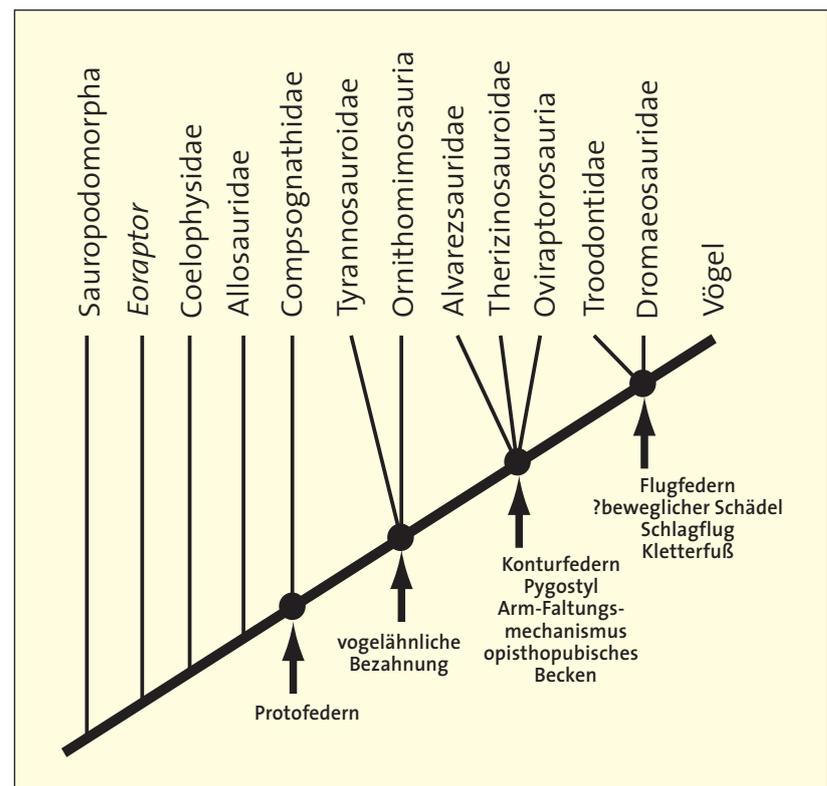
Eine detaillierte Analyse zeigt jedoch, dass zahlreiche vogeltypische Merkmale, die bei Theropoden-Dinosauriern vorkommen, evolutionstheoretisch gedeutet mehrfach unabhängig entstanden sein müssen. Gemäß aktueller Phylogenien* und nach dem Fossilbefund waren einige dieser Merkmale an der Basis der jeweiligen Gruppen gar nicht ausgeprägt. Teilweise werden entsprechend je nach zugrundgelegtem Merkmal verschiedene Verwandtschaftsverhältnisse nahegelegt, was mit vernetzten, mosaikartigen Merkmalsbeziehungen einhergeht und einem einfachen Verzweigungsschema („Stammbaum“) widerspricht. Diese häufig mosaikartige Verteilung begünstigt auch die umstrittene Deutung, dass manche Gattungen, die als Vogelvorläufer interpretiert werden, in Wirklichkeit sekundär flugunfähige Vögel sein könnten. Deren Merkmale würden in diesem Falle als Belege für einen schrittweisen Übergang von Dinosauriern zu Vögeln ausscheiden.

Aufgrund dieser Befunde wird die Behauptung eines schrittweisen evolutionären „Aufbaus“ des Vogelbauplans anhand des Fossilbefundes stark in Frage gestellt und sie wird bei zahlreichen Merkmalen durch den Fossilbefund kaum unterstützt. Die meisten Theropoden-Dinosaurier-Gattungen, die vogelartige Merkmale besitzen, sind zudem geologisch (z.T. deutlich) jünger als die geologisch ältesten Vögel.

Zitate zu schrittweisem Erwerb von Vogelmerkmalen finden sich im Online-Zusatzmaterial.

Unterschiede zwischen haarartigen, flaumigen (ggf. verzweigten) oder borstenartigen Anhängen einerseits und flächigen, flugtauglichen Federn andererseits (Überblick und Quellenbelege: JUNKER 2017). Nach BRUSATTE (2017b, 792) war die Entwicklung der Flugfähigkeit „chaotisch“; verschiedene Dinosaurier hätten mit verschiedenen luftgestützten Verhaltensweisen und verschiedenen Feder-Anordnungen „experimentiert“, bis schließlich nur die modernen Vögel überlebt haben.⁹ Abgesehen davon, dass der Begriff „experimentieren“ evolutions-

Abb. 2 Beispiel einer Darstellung eines schrittweisen Erwerbs von Vogelmerkmalen bei Theropoden-Dinosauriern. (Nach Xu 2006)



Glossar

abgeleitet: im Stammbaum weit oben stehend, „höherentwickelt“.

Cladogramm: Gabelig-verzweigte Darstellung von Ähnlichkeitsbeziehungen.

Enantiornithes: Nur in Sedimenten der Kreide fossil überlieferte Vogelgruppe, deren besonderes Kennzeichen die Gelenkverbindung zwischen Schulterblatt und Rabenbein ist. Am Schulterblatt befindet sich eine Gelenkpfanne und am Rabenbein ein Gelenkzapfen, anders herum als bei anderen Vogelgruppen.

Furkula: Gabelbein; bei Vögeln und einigen Dinosauriern aus den zwei Schlüsselbeinen verschmolzenes, gabelig geformtes Knochenelement

Gegenvögel: → Enantiornithes

Grundtyp: Arten, die direkt oder indirekt kreuzbar sind, gehören zu einem Grundtyp.

Konvergenz: gleichartige Ausprägung von Strukturen abstammungsmäßig nicht verwandter Organismen, die evolutionstheoretisch als unabhängig entstanden interpretiert werden.

Ornithuren: „Vogelschwänze“; Vogel mit Fächerschwanz, zu denen auch die

heutigen Vögel gehören; ab der Unterkreide fossil überliefert.

Paraves: Vögel und ihre evolutionstheoretisch nächstverwandten Gruppen: Üblicherweise werden die Deinonychosaurier (Troodontidae und Dromaeosauridae) dazu gerechnet (vgl. Abb. 3).

Phylogenie: Evolutionstheoretisch rekonstruierte Abstammungsabfolge, ermittelt durch cladistische Analysen.

plesiomorph: Bezeichnung für ein Merkmal oder einen Merkmalszustand, das bzw. der evolutionstheoretisch als primitiv bzw. ursprünglich gewertet wird.

Pygostyl: Durch die Verschmelzung mehrerer Wirbel gebildeter Knochen am Ende der Wirbelsäule von Vögeln.

Pygostylia: Vögel, die ein → Pygostyl besitzen

Stratigraphie: Schichtbeschreibung, Abfolge von geologischen Sedimentschichten

Taxon (pl. Taxa): Einheit der Klassifikation, seien es Arten, Gattungen, Familien oder andere Gruppen von Lebewesen, die gewöhnlich als abstammungsbedingte Einheiten angesehen werden.

theoretisch höchst problematisch ist, geht aus diesem Zitat hervor, dass von einer linearen, schrittweisen Entwicklung nicht die Rede sein kann. Vielmehr sind (in evolutionstheoretischer Lesart) in verschiedenen Linien unterschiedliche Ausprägungen von Flugfähigkeit anzutreffen, die mindestens zum Teil nicht in eine evolutionäre Abfolge gebracht werden können.

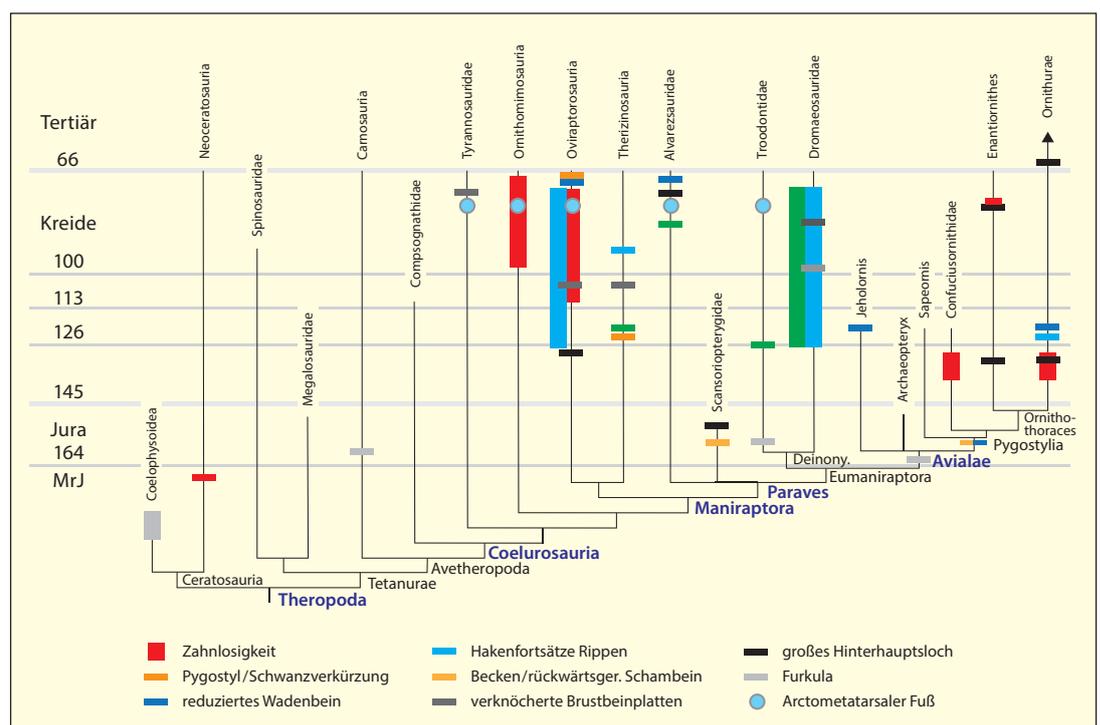
Legt man die vielen Bauplanunterschiede unter den geflügelten Paraves* und den in Oberjura und Unterkreide überlieferten Vögeln zugrunde, folgt daraus gemäß evolutionstheoretischen

Prinzipien, dass der aktive Flug nicht nur einmal, sondern in verschiedenen Gruppen unabhängig entstanden ist (BRUSATTE 2017b, 793; WANG et al. 2019)¹⁰ – vor nicht allzu langer Zeit wäre die Möglichkeit einer mehrfach unabhängigen Entstehung des aktiven Vogelflugs evolutionstheoretisch noch ausgeschlossen worden.

Dazu kommt, dass gerade am Anfang der mutmaßlichen Evolution der Vögel eine große Vielfalt von Federtypen fossil überliefert ist, auch solche, die sonst und unter heutigen Vögeln nicht bekannt sind. Das gilt z. B. für den Troodontiden *Anchiornis*, der u. a. einen Federtyp besaß, der weder typisch daunenartig war noch in seiner Form typische Kennzeichen einer Konturfeder aufwies und auch nicht intermediär zwischen diesen beiden Federtypen ausgeprägt war (SAITTA et al. 2017, Abb. 4a). Zudem war das gesamte Federkleid von *Anchiornis* ebenso einzigartig wie dasjenige der jüngst entdeckten Gattung *Serikornis* (LEFÈVRE et al. 2017) aus derselben Familie mit wiederum anderem Merkmalsmosaik bezüglich der Befiederung, das evolutionstheoretisch schwer eingeordnet werden kann.¹¹

Weiterhin wurden bei mehreren Gattungen des Oberjura und der Unterkreide bandartige Federn entdeckt (Abb. 4b), die so unsystematisch verteilt sind, dass evolutionstheoretisch eine mindestens vier Mal unabhängige Entstehung dieses Federtyps angenommen werden muss (XU et al. 2010). Bei *Protopteryx* waren die Schwanzfedern ungewöhnlich und einmalig ausgebildet: Sie waren im körpernahen Bereich unverzweigt (ZHANG & ZHOU 2000, 1957¹²). Weitere Federtypen sind verlängerte breite fadenförmige Federn beim Therizinosaurier *Beipiaosaurus* (XU et al. 2009, Abb. 4c) und eine bisher unbekannte

Abb. 3 Zeitskaliertes Cladogramm der Theropoden-Dinosaurier-Gruppen und Vögel und Zusammenschau der konvergenten Verteilung einiger vogeltypischer Merkmale. Die stammesgeschichtlichen Rekonstruktionen verschiedener Bearbeiter ergeben häufig unterschiedliche Anordnungen einzelner Gruppen. An der vielfachen Konvergenz ändern die verschiedenen Cladogramm-Varianten jedoch nichts. Die Merkmalsverteilungen sind vielfach so unsystematisch, dass die Annahme zahlreicher Konvergenzen in jedem Fall unvermeidbar ist. MrJ: Millionen radiometrische Jahre. Arctometatarsaler Fuß ist eine spezielle Form des Fußes. (Nach zahlreichen Quellen zusammengestellt, vgl. JUNKER 2019)





Ausprägung bei der Unterkreide-Gattung *Cruralispennia* aus der Gruppe der Gegenvögel*. Deren Federn waren im körpfernahen Bereich drahtartig und besaßen distal fädige Spitzen (WANG et al. 2017; Abb. 4d). Eine größere Vielfalt von Federtypen als heute war früh etabliert¹³ und trat recht abrupt auf. Und sie lässt sich nicht ohne Weiteres in ein evolutionstheoretisches Schema einfügen. Auch andere Gefiedermerkmale treten teils unsystematisch auf und erfordern die Annahme von Konvergenzen (Beingefieder, gegabelte Schwanzfedern; Daumenfittich).

Eine größere Vielfalt von Federtypen als heute war früh etabliert und trat recht abrupt auf.

Aktuelle Cladogramme* (Abb. 5) verdeutlichen die unsystematische Verteilung verschiedener Federtypen und Arten der Befiederung. Eine enorme Vielfalt von Schwanztypen kam bei Theropoden-Gattungen und Vögeln der Unterkreide relativ zeitgleich vor und kann nur mit vielen Konvergenzen und / oder Rückentwicklungen in evolutionäre Abfolgen eingeordnet werden.

Zähne und Schnabel

Ein herausragendes Merkmal der Vögel ist der Schnabel. „Abgesehen von den Federn ist der Schnabel sicherlich das typischste vogelähnliche Merkmal des Vogelkörpers“¹⁴ (PROCTOR & LYNCH 1993, 66). Vögel benutzen ihre Schnäbel nicht nur zur Nahrungsaufnahme, sondern auch zur Pflege ihres Gefieders, zum Nestbau, zur Verteidigung und bei der Balz. Die knöcherne Grundlage des Schnabels – Ober- und Unterkiefer – ist mit einer Hornsubstanz aus Keratin überzogen, die als Rhamphotheca bezeichnet wird. Der Oberschnabel wird von der Maxilla (Oberkiefer) und anderen Schädelknochen unterstützt und ist über eine Art Scharniergelenk mehr oder weniger beweglich.

Während alle heutigen Vögel komplett zahnlos sind¹⁵, besaßen die meisten fossilen Vögel, die in mesozoischen Schichten (Jura, Kreide) überliefert sind, einen bezahnten Kiefer oder

eine Kombination aus Schnabel und Zahnkiefer (z.B. *Hesperornis*, MARTYNIUK 2012, 43). Die Rhamphotheca weist auch bei fossilen Formen in keinem bekannten Fall Alveolen (Vertiefungen für Zähne) auf; bei Zahnvögeln, die neben den Zähnen auch einen Schnabel besitzen, sind Schnabel und Zähne klar auf verschiedene Teile des Kiefers verteilt und dienen verschiedenen Aufgaben bei der Nahrungsaufnahme; der manchmal verwendete Ausdruck „Zähne im Schnabel“ ist falsch (MARTYNIUK 2012, 43).¹⁶

Die Ausprägung der Zähne bei bezahnten Vögeln ist variabel, offenbar in Abhängigkeit von der Art der Ernährung (LOUCHART & VIRIOT 2011, 663). Die Vielfalt der Ausprägungen der Zähne bei Zahnvögeln zeigt, dass es sich nicht um bloße Rückbildungsstadien auf einem Weg zum zahnlosen Hornschnabel handelt, sondern um unterschiedlich spezialisierte Ausprägungen.

Abb. 4 Ungewöhnliche Federtypen bei (v.l.n.r.): *Anchiornis*, *Epidexipteryx*, *Beipiaosaurus* und *Cruralispennia*. (Quellen v.l.: Nach SAITTA et al. 2017; LWL-Museum für Naturkunde; Matt MARTYNIUK, CC BY-SA 3.0; WANG et al. 2017; CC SA 4.0)

Abb. 5 Cladogramm mit Angabe von Federtypen auf der Basis der phylogenetischen Analyse von LEFÈVRE et al. (2017). Der Baum offenbart zahlreiche Homoplasien (Konvergenzen oder Rückentwicklungen).

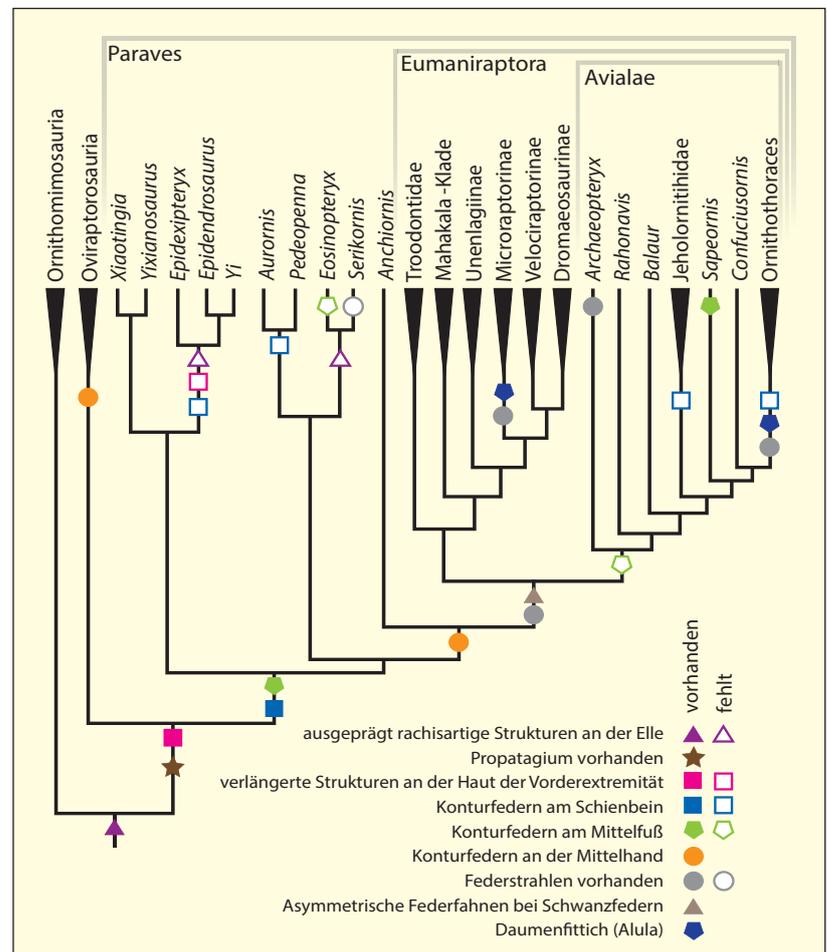
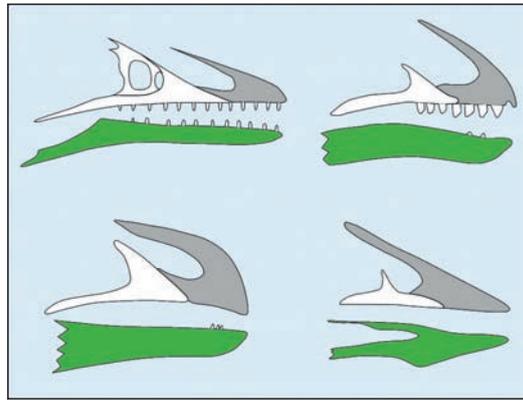
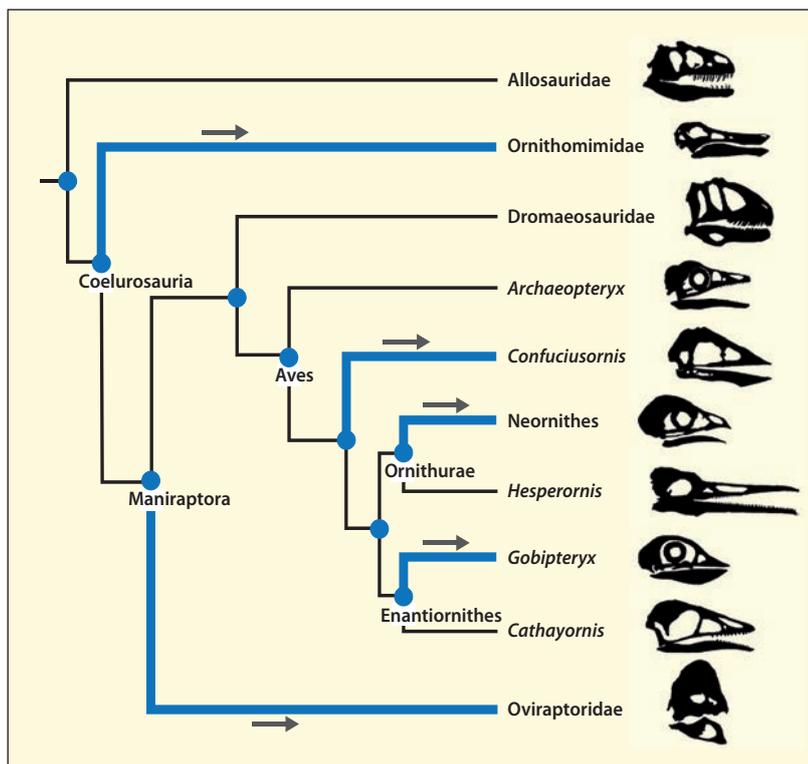


Abb. 6 Vergleich der Bezahnung bei (von oben links) *Archaeopteryx lithographica*, *Sapeornis chaoyangensis*, *Jeholornis prima* und *Confuciusornis sanctus*. Prämaxilla grau, Maxilla weiß, Dentale grün. (Nach WANG et al. 2017b)



Zitate zu Konvergenzen bei Schnäbeln finden sich im Online-Zusatzmaterial unter www.sijournal.de/jg27/heft2/dino-voegel.pdf.

Abb. 7 Cladogramm der Hauptlinien der Coelurosaurier-Theropoden, das fünf unabhängige Fälle von Zahnverlust zeigt. Bei Vögeln gingen die Zähne in mindestens drei Linien unabhängig voneinander verloren: bei den Confuciusornithiden, beim Enantiornithinen *Gobipteryx minuta* und bei den Neornithes. (Nach CHIAPPE et al. 1999, 70) WANG et al. (2017) nehmen sogar siebenmalige unabhängige Entstehung von Zahnverlust an.



Zähne und Schnäbel bei Kreidevögeln. Die in der Kreide verbreiteten Gegenvögel* waren meist voll bezahnt ohne Ansätze eines Schnabels, einzige Ausnahme ist die völlig zahnlose Gattung *Gobipteryx* aus der Oberkreide der Süd-Mongolei, die einen Schnabel besaß (MARTIN & ZHOU 1997). Dagegen besaßen die Ornithuren* kleine Schnäbel am Vorderende des Kiefers und Zähne im hinteren Teil (MARTYNIUK 2012, 43f.). Bemerkenswerterweise hat ausgerechnet *Archaeorhynchus*, der an der Basis der Ornithuren steht (WANG & ZHOU 2016; ZHOU & ZHANG 2006, 367), einen völlig zahnlosen Kiefer und einen flachen, löffelförmigen Schnabel.¹⁷ Das trifft ebenfalls auf den als noch „primitiver“ eingeschätzten *Confuciusornis* zu (Abb. 6). Auch die komplett zahnlose Ornithuren-Gattung *Hongshanornis* steht relativ basal und gehört zu den ältesten Vertretern dieser Gruppe (ZHOU & ZHANG 2005). Schließlich sei der an der Basis der Vögel stehende *Jeholornis* erwähnt, der nur drei kleine Zähne am Unterkiefer besaß (ZHOU & ZHANG 2003a; Abb. 6).

Zahnreduktion und Schnäbel bei Theropoden. Eine Zahnreduktion bis hin zu völliger Zahnlosigkeit findet sich nicht nur bei den kreidezeitlichen Vogelgruppen, sondern auch bei einer Reihe von Gruppen von „Nicht-Vogel-Theropoden“. Evolutionstheoretisch wird eine unabhängige Zahnreduktion bei den Oviraptorosauria, Ornithomimosauria und Therizinosauria angenommen. Während bei basalen (und stratigraphisch älteren) Vertretern Zähne vorkommen, sind viele stratigraphisch jüngere Formen zahnlos oder nur teilweise bezahnt (ZANNO 2010; LAUTENSCHLAGER et al. 2013, 20657).¹⁸

Zahnlos war weiterhin auch *Zhongornis haoae*, eine juvenile Art unklarer systematischer Zugehörigkeit, die in den Bereich der Basis der Vögel gestellt wird (O’CONNOR & SULLIVAN 2014).

Schließlich sei noch *Limusaurus* erwähnt. Diese Gattung der Ceratosauria besaß einen voll entwickelten Schnabel und war komplett zahnlos, wird aber zu den basalen Theropoden und – anders als die anderen zahnlosen Formen – nicht zu den Coelurosauriern und damit nicht in die nähere Verwandtschaft zu den Vögeln gestellt (XU et al. 2013). Wie bei den anderen Gruppen muss eine unabhängige Entstehung des Schnabels angenommen werden (Abb. 7).

Schlussfolgerungen. Zahnlose Formen oder Gattungen mit einer reduzierten Anzahl von Zähnen sind so unsystematisch im System der Theropoden und kreidezeitlichen Vögel verteilt, dass eine vielfach unabhängige Entstehung von Schnäbeln mit Rhamphotheca bzw. Zahnreduktion angenommen wird (Abb. 7; vgl. Zitate Online-Zusatz). Während innerhalb einzelner Gruppen (Ornithomimosauria, Oviraptorosauria, Therizinosauria, Enantiornithes) grobe Trends Richtung Zahnlosigkeit erkennbar sind, stören *Confuciusornis*, *Archaeorhynchus* und *Zhongornis* dieses Bild erheblich. Denn diese Gattungen gehören zu den stratigraphisch ältesten Formen mit einem Schnabel und dieses Merkmal tritt unvermittelt auf. *Archaeorhynchus* ist zudem nach phylogenetischen* Analysen ausgerechnet an der Basis der Ornithuromorpha statt wie aufgrund der Ausbildung eines Schnabels eher zu erwarten an einer abgeleiteten* Position.

Die Verteilung der zahnlosen Formen im System widerspricht in Bezug auf das Merkmal „Schnabel“ der These, dass Vogelmerkmale bereits in den Dinosaurier-Vorläufern entstanden seien. Denn die Schnäbel bei Dinosauriern können evolutionstheoretisch nur als konvergente Bildungen interpretiert werden, die unabhängig entstanden und zudem stratigraphisch meist deutlich später als die ältesten komplett zahnlosen Vogelgattungen fossil überliefert sind (*Archaeorhynchus*, *Confuciusornis*, *Hangshanornis*). Mit *Confuciusornis* tauchen Vogelschnäbel plötz-

lich in voll ausgeprägter Form auf und sie existierten zeitgleich mit anderen Formen, die einen Zahnkiefer besaßen.

Furkula

Ein wichtiges vogeltypisches Merkmal ist die Furkula (Gabelbein). Sie wird mit den beiden Schlüsselbeinen homologisiert, die miteinander zu einem V- oder U-förmigen bzw. beidseitig sigmoiden Gebilde verwachsen sind (Abb. 8). Bei heutigen Vögeln variiert die Furkula erheblich in Größe, Form, Steifheit und Orientierung zum Rest des Schultergürtels (CLOSE & RAYFIELD 2012, 119); ihre Funktion kann entsprechend ebenfalls variieren. Die Unterschiede hängen tendenziell, aber nicht ausschließlich mit der Art des Flugs zusammen.

Die Funktion der Furkula als elastische, energiespeichernde Spange erfordert viele Abstimmungen im Vogelkörper.

Der Furkula wird die Funktion einer gespannten Feder bzw. elastischen Spange zwischen den Schultergelenken zugeschrieben, die Energie beim Flügelschlag speichert. Die Furkula dient außerdem als Verstärkung des Brustskeletts zur Unterstützung bei den Belastungen während des Flugs und als Ansatz für die Flugmuskeln, vor allem beim Abschlagen der Flügel. Sie stabilisiert auch das Schultergelenk und ist mit den beiden Schulterblättern verbunden. Außerdem wird der Furkula eine Funktion bei Atmungsbewegungen zugeschrieben (JENKINS et al. 1988; NESBITT et al. 2009, 859; BOCK 2013, 1236²⁰).

Bei fossilen Vögeln war die Funktionalität der Furkula wahrscheinlich teilweise anders als bei den heutigen Vögeln. So vermuten OLSON & FEDUCCIA (1979), dass bei *Archaeopteryx* die Furkula gleichsam das schwach ausgebildete Brustbein als Ansatzstelle für die Flugmuskulatur teilweise ersetzte, was BOCK (2013, 1238) allerdings in Frage stellt.

Homologie. Die Homologie von Furkula und Schlüsselbeinen wird begründet mit der ähnlichen Lage, weiter damit, dass Furkula und Schlüsselbeine nie gemeinsam auftreten und dass beide eine ähnliche Skelettentwicklung durchlaufen (HALL & VICKARYOUS 2015, 440).²¹ Diese Homologie ist jedoch nicht unumstritten (BRYANT & RUSSELL 1993; FEDUCCIA 1999, 77; HALL & VICKARYOUS 2015). FEDUCCIA hält die Architektur der Schulter von Dinosauriern für so dramatisch verschieden von der von *Archaeopteryx* und von modernen Vögeln, dass es unwahrscheinlich sei, dass einer der

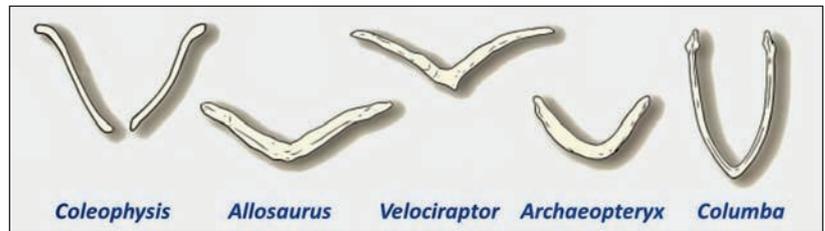


Abb. 8 Furkulas bzw. Schlüsselbeine einiger Theropoden und der Taube (*Columba*). Bei *Coleophysis* liegen getrennte Schlüsselbeine vor. (Nach PADIAN & CHIAPPE 1998)

Schulterknochen in ähnlicher Weise mit der Furkula verbunden gewesen sei und eine ähnliche Funktion ausgeübt habe wie bei Vögeln.²² Auf der Basis eines Überblicks über Theropoden mit nachgewiesener Furkula haben NESBITT et al. (2009, 875) jedoch keinen Zweifel mehr daran, dass die Furkula der Vögel mit den Schlüsselbeinen anderer Tetrapoden (Vierbeiner) homolog sei; das folge sowohl aus phylogenetischen als auch entwicklungsbiologischen Daten.²³ HALL & VICKARYOUS (2015) bestreiten später wiederum aufgrund ihrer eigenen Studien, dass die Homologie gesichert sei. Die Furkula könnte auch mit der Interclavicula (Verbindung Schlüsselbein-Brustbein) homolog sein. Diese beiden Autoren kommen zum Schluss (S. 150): „Wir wissen immer noch nicht, ob die Furkula der Interclavicula entspricht, eine Neubildung ist oder verschmolzene Schlüsselbeine darstellt.“²⁴

Verteilung. Nachdem der Besitz einer Furkula lange Zeit ein exklusiv vogelspezifisches Merkmal zu sein schien, hat sich jedoch nach und nach herausgestellt, dass die Ausbildung einer Furkula bei Theropoden-Dinosauriern verbreitet war (vgl. Abb. 3). Daher wird heute angenommen, dass die Furkula bei den Vögeln für den Flug kooptiert wurde, nachdem sie zuvor eine andere Funktion innehatte (BRUSATTE 2017a, 54).

NESBITT et al. (2009) geben einen Überblick über die Theropodengruppen, bei denen eine Furkula nachgewiesen wurde und kommen zu dem Schluss, dass alle größeren Linien der Theropoden von Beginn an eine Furkula besaßen (plesiomorphes* Merkmal); der Besitz einer Furkula sei daher kennzeichnend für die Theropoden insgesamt.²⁵ Das Fehlen einer Furkula bei den Ornithomimosauria und Alvarezsauridae könnte auf mangelhafte fossile Erhaltung zurückgeführt werden²⁶ und wäre sonst am ehesten als sekundärer Verlust interpretierbar.²⁷ Alternativ müsste eine vielfach konvergente Entstehung einer Furkula angenommen werden, was TYKOSKI et al. (2002, 730f.) nicht ausschließen.²⁸

Bemerkenswert ist, dass auch bei den Scansoriopterygiden, die in die Nähe der Vögel gestellt werden, keine Furkula, sondern zwei separate Schlüsselbeine nachgewiesen wurden (CZERKAS o. J., CZERKAS & YUAN 2002, 6). Aufgrund der phylogenetischen Position (s. Abb. 3) müsste bei dieser Gruppe die Furkula in Schlüsselbeine zurückevolviert sein – ein unplausibles Szenario.

Diskussion. In die Reihe der vogeltypischen Merkmale, die *Schritt für Schritt* bereits bei den Theropoden evolviert sind, lässt sich die Furkula kaum einfügen. Folgt man den phylogenetischen Analysen, war die Furkula schon an der Basis der Theropoden ausgebildet und wäre daher bezüglich genauerer Verwandtschaftsbeziehungen von Theropoden und Vögeln nicht aussagekräftig. Evolutionstheoretisch kann die Ausbildung einer Furkula jedoch als „Voranpassung“ interpretiert werden.

Interessanter ist die Frage, wie ausgehend von einer Theropoden-Furkula die Verhältnisse bei den Vögeln evolvierten. Die Funktion als elastische, energiespeichernde Spange erfordert viele Abstimmungen im Vogelkörper; das gilt erst recht, wenn man bedenkt, dass die Furkula mehrere Funktionen innehat (s.o.). Ein Funktionswechsel bzw. die Integration neuer Funktionen führen ungerichtete evolutionäre Mechanismen an ihre Grenzen. Welche Hürden dabei zu überwinden gewesen wären, müsste ein genauerer Vergleich von Formen zeigen, die in eine evolutionäre Linie gebracht werden. Angesichts der Lückenhaftigkeit der Fossilüberlieferung bleibt hier vieles offen.

Die Homologie der Furkula verschiedener Gruppen ist wie erwähnt nicht gesichert. Dass bei den Scansoriopterygiden, Ornithomimosauria und Alvarezsauriden trotz teilweise guter Erhaltung keine Furkula gefunden wurde, ist evolutionstheoretisch problematisch, da unverständlich ist, dass eine Furkula wieder aufgegeben wird. Bekannt ist dieser Fall bei heutigen sekundär flugunfähigen Vögeln, doch wird man bei den drei genannten fossilen Gruppen kaum einen Flugverlust annehmen wollen. Die Alternative wäre einmal mehr eine mehrfache unabhängige Entstehung einer Furkula.

Die Rückbildung der Furkula bei heutigen flugunfähigen Vögeln wertet FEDUCCIA als Indiz

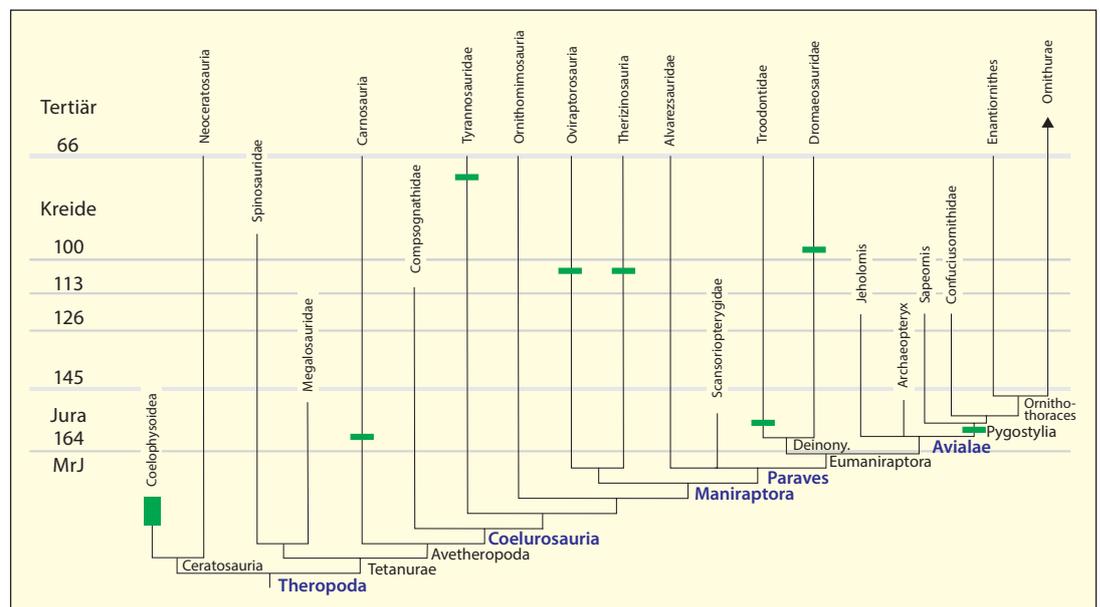
dafür, dass die Furkula eine Neubildung erst bei den Vögeln sei. Er argumentiert: „Wenn dieser [Verlust] ein allgegenwärtiges Merkmal flugunfähiger Vögel ist, warum sollte man dann erwarten, eine voll entwickelte Furkula in flugunfähigen zweibeinigen Dinosauriern zu finden?“ (FEDUCCIA 1999, 265²⁹). Da eine Furkula bei diesen Formen aber vorkommt, müsse sie eine andere Funktion als bei Vögeln gehabt haben, was gegen ihre Homologie mit der Vogel-Furkula spreche.

Insgesamt spricht trotz FEDUCCIAS Einwand zwar viel für eine Homologie der Furkula von Vögeln und Theropoden-Dinosauriern, doch kann dies nicht als gesichert gelten. Von der Homologisierbarkeit wiederum hängt es ab, ob die Furkula von Vögeln als Merkmal interpretiert werden kann, das bereits bei den nichtfliegenden mutmaßlichen Vorfahren ausgebildet war.

Pygostyl

Bei heutigen Vögeln sind die letzten Schwanzwirbel zu einem sogenannten *Pygostyl** verwachsen (Abb. 10). Es dient als stabile Unterlage für die fächerförmig angeordneten Schwanzfedern. Das Pygostyl ist beidseitig mit einem „Steuerfederkolben“ verbunden, einem komplizierten Organ aus Fett, Bindegewebe und Muskeln, an dem die Schwanzfedern ansetzen und durch das diese bewegt und gesteuert werden können; nur die zwei mittleren Schwanzfedern sind direkt mit dem Pygostyl verbunden.³⁰ Die damit verbundene Fähigkeit, die Form des Schwanzes zu verändern, verbessert erheblich die Flugfähigkeit (O’CONNOR et al. 2015, 114; GATESY & DIAL 1996, 2045ff.). Das ganze System bildet eine komplizierte integrierte Einheit und ermöglicht zusammen mit den Flügeln während des Flugs die Ausbildung einer eng gekoppelten Fläche (GATESY & DIAL 1996, 2037f.).³¹

Abb. 9 Verteilungen von Theropoden- und Vogelgattungen mit Furkula. (Nach mehreren Quellen zusammengestellt; s. JUNKER 2019)



WANG & O'CONNOR (2017, 291) sprechen von einem „ausgeklügelten Schwanzkomplex“ und von einer „integrierten Ganzheit“; das Uropygium (Steißgegend) und Integument (Körperbedeckung) stehen in einer morphologischen Wechselbeziehung, so dass von der Form des einen die des anderen vorhergesagt werden könne. Diese enge Wechselbeziehung stütze die evolutionstheoretische Hypothese, dass Pygostyl und Schwanzfedern co-evolvieren.³²

Auch bei den meisten fossilen Vögeln ist ein Pygostyl ausgebildet; sie werden als Pygostylia* zusammengefasst, wobei es bei basalen Arten deutlichere Unterschiede in der Ausprägung im Vergleich zu heutigen Arten gibt. Dagegen ist das Skelett der Schwanzregion heutiger Vögel trotz Vielfalt der Schwanzausprägungen bemerkenswert einheitlich.

Pygostyltypen bei fossilen Formen. Unter den frühen Vögeln, die im geologischen System der Kreide fossil überliefert sind, sind drei verschiedene Pygostyltypen überliefert, von denen unter den heutigen Vögeln nur der erste vorkommt (HU et al. 2015, 16f.; WANG & O'CONNOR 2017, 304³³): 1. kurz, pflugförmig und sich verjüngend³⁴, 2. kräftig, gabelig und körperfern eingeschnürt und 3. kräftig und stabartig.

Die zweibeinigen Theropoden besaßen dagegen in der Regel lange Schwänze mit Dutzenden von freien Schwanzwirbeln, die mutmaßlich der Balance dienen. Robuste quer gerichtete Fortsätze an den vorderen Schwanzwirbeln dienen als Ansatzpunkte für Muskeln, die primär als Rückziehmuskeln der Hinterbeine dienen (RASHID et al. 2014, 2).³⁵ Die beiden Schwanztypen – Fiederschwanz und Fächerschwanz – sind funktionell sehr verschieden. Die Hinterbeine waren funktionell mit dem langen Schwanz verbunden (BENSON & CHOINIÈRE 2013, 1). Zur Entwicklung des Fächerschwanzes musste diese funktionelle Kopplung aufgehoben werden, was zusätzlich unterstreicht, dass der Übergang zu einem Fächerschwanz einen erheblichen Umbau erforderte. Einige Gattungen der Theropoden-Dinosaurier besaßen aber ebenfalls ein Pygostyl (s. u.).

Verteilung. Vögel mit „Dino-Schwanz“ (*Jeholornis* und verwandte Arten, *Microraptor* und *Archaeopteryx*) und Arten mit Pygostyl und Fächerschwanz lebten zeitweise nebeneinander (RASHID et al. 2018, 8). Viele Maniraptoren (mit langen Schwänzen), die als Vorläufergruppen von Vögeln gelten, sind stratigraphisch (z. T. deutlich) jünger als zahlreiche Pygostylia. Die Arten mit Pygostyl oder pygostylartigen Strukturen sind im Theropoden-Cladogramm in einer Weise auf verschiedenen Ästen verteilt, dass auch hier eine mehrfach unabhängige

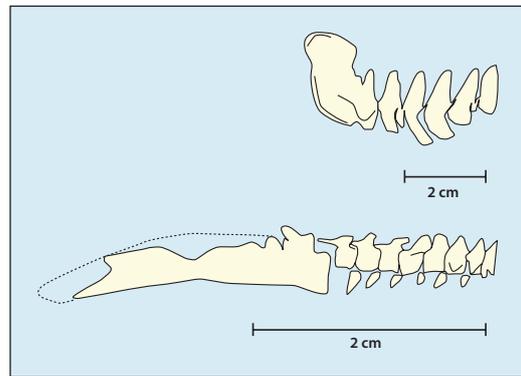


Abb. 10 Pygostyl der Taube (oben) und des Gegen- vögels* *Iberomesornis*. (Nach GATESY & DIAL 1996)

(konvergente) Entstehung angenommen werden muss (Abb. 10).

WANG & O'CONNOR (2017, 303) halten es aufgrund der Struktur des Pygostyls bei Oviraptorosauriern für unwahrscheinlich, dass ein Steuerfederkolben oder äquivalente Strukturen ausgebildet waren.³⁶ PERSONS et al. (2014, 553, 562, 564) sind der Auffassung, dass die Schwanzregion der Oviraptorosauria einzigartig sei und nicht in eine Übergangsposition zu einem vogeltypischen Pygostyl passe, sondern eine konvergente Bildung sei und am ehesten eine Schaufunktion gehabt habe.³⁷ Dass die unterschiedlichen Pygostyle als konvergent interpretiert werden müssen, ergibt sich auch aus ihrer Verteilung im Cladogramm (s. o.), es sei denn man interpretiert die Oviraptorosauria als sekundär flugunfähige Vögel.

Übergangsformen? WANG & O'CONNOR (2017, 289) bezeichnen die Entstehung des Pygostyls und der fächerförmigen Anordnung der Federn als eine der „bemerkenswertesten Anpassungen“ der frühen Vogelevolution, doch ein allmählicher Übergang zwischen Formen ohne und mit einem Pygostyl sei fossil nicht dokumentiert (auch O'CONNOR et al. 2015, 114³⁷ MAYR 2017, 45³⁸, WANG & ZHOU 2017, 6⁴⁰). Die ältesten Pygostyle aller Ornithuromorpha aus der Unteren Kreide sind nahezu „modern“ ausgebildet. Zusammen mit der Überlieferung fächerförmiger Schwanzfedern spricht dies evolutionstheoretisch dafür, dass der komplette

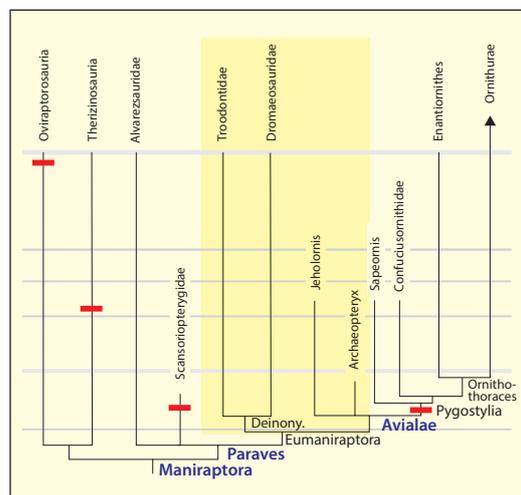


Abb. 11 Verteilungen von Theropoden- und Vogelgattungen mit Pygostyl. Man beachte, dass bei den Gattungen, die an der Basis der Vögel stehen, kein Pygostyl nachgewiesen wurde. Die Theropoden-Dinosaurier, die ein Pygostyl besitzen, sind fossil viel später überliefert als die ältesten Vögel mit Pygostyl (Pygostylia). (Nach zahlreichen Quellen zusammengestellt; s. JUNKER 2019)

Tab. 1 Überblick zur Analyse der Verteilung vogeltypischer Merkmale bei Theropoden-Dinosauriern. Es fällt auf, dass viele der untersuchten Vogelmerkmale nicht bei denjenigen Formen ausgebildet sind, die als unmittelbare Vogelvorläufer angesehen werden, sondern konvergent entstanden sein müssen (gelbe Unterlegung). Ein Großteil der anderen untersuchten Merkmale gilt als allgemeines Theropodenmerkmal (hellrote Unterlegung) und ist daher ebenfalls nicht gut geeignet, eine schrittweise Entstehung von Vogelmerkmalen bei Theropoden-Dinosauriern zu belegen.

	an der Basis der Avialae vorh.	bei Theropoden konvergent	allgem. Merkmal der Theropoden	bei Ther. vorhanden, Homologie unsicher
flächige Federn:	+?	-?	-	-
Furkula	+	-?	+	+
Schnabel	-	+	-	-
Gehirnmerkmale, EQ	-?	+	-	-
Gaстрalia	+	(+)	-	-
Hakenfortsätze Rippen	-	+	-	-
Brustbein	-	+	-	-
Pneumatisierung	+	-	+	-
Durchström.atmung	+	-	+	-
Beckenmerkmale	-	+	-	-
Pygostyl	-	+	-	-
reduz. Wadenbein	-	+	-	-
Handgelenk	+	-	(+)	+
vogelähn. Eierschalen	+	-	+	-
Ein funkt. Ovarium	-	-	-	-
Brutpflege	+?	+?	-	-

Vogelschwanz-Komplex sehr früh in dieser Linie evolvierte und dass die Steuerfederkolben und der Fächerschwanz gemeinsam evolvierten (so nach WANG & O'CONNOR 2017, 289, 305⁴¹ sowie O'CONNOR et al. 2015, 114). Es sei die sparsamste Erklärung, dass der Steuerfederkolben bei den *Confuciusornis*-Verwandten und einigen Gegenvögeln verloren gegangen sei (O'CONNOR et al. 2015, 114⁴²). Dagegen argumentieren O'CONNOR et al. (2015, 117), dass es verständlich sei, dass die abgeleiteten Gruppen der Gegenvögel diesen Komplex zugunsten eines robusteren Pygostyls wieder aufgegeben hätten und plädieren für eine unabhängige Entstehung der Pygostyle mit dem Steuerfederkolben; das werde auch dadurch unterstützt, dass es morphologische Unterschiede bei den Pygostylen gibt.⁴³

Als Zwischenform wurde zwar *Zhongornis haoae* (eine juvenile Art unklarer systematischer Zugehörigkeit) diskutiert, doch zeigte eine erneute Untersuchung, dass ungefähr 20 Schwanzwirbel erhalten waren (O'CONNOR & SULLIVAN 2014). Es ist auch möglich, dass das Pygostyl noch nicht ausgereift war (RASHID et al. 2018).⁴⁴

Fazit. Das Pygostyl gehört nicht zu den vogeltypischen Strukturen, die bereits bei dinosaurierartigen Vogelvorläufern evolviert sind. Zwar gibt es eine konvergente Entstehung bei jüngeren Formen von Theropoden-Dinosauriern, die aber erst deutlich nach dem Auftreten der ersten Vögel fossil überliefert sind (Abb. 10), folglich können sie nicht als Vorläufer von Vögeln interpretiert werden. Es sind zwar verschiedene Pygostyltypen bekannt, auch solche, die unter heutigen Vögeln nicht vorkommen, aber Formen mit und solche ohne Pygostyl (und folglich mit Fächerschwanz bzw. Fiederschwanz) sind klar voneinander getrennt. Es gibt jedoch einige Vogelgattungen mit einem Fiederschwanz, nämlich *Jeholornis* und *Archaeopteryx* sowie – falls man diese Gattung zu den Vögeln rechnet – der vierflügelige *Microraptor*.

Allgemeine Schlussfolgerungen aus den Einzelstudien

Einige Befunde sind evolutionstheoretisch gut interpretierbar. Manche Mosaikformen könnten evolutionären Übergangsformen nahestehen. Die meisten Mosaikformen eignen sich dafür aber nicht, weil ihre Merkmalskombinationen insgesamt nicht in basale Positionen von Formengruppen passen. In einigen Gruppen können Tendenzen nachvollzogen werden (z. B. verschiedene Ausprägungen von Schnäbeln und verschiedenes Ausmaß an Zahnreduktionen; unterschiedliche Pygostyltypen).⁴⁵ Auch die Tatsache, dass viele Vogelmerkmale bei verschiedenen Dinosaurier-Gruppen der Theropoden vorkommen, kann als Punkt für evolutionäre Deutungen gewertet werden, allerdings mit den diskutierten Einschränkungen.

Die Einzeluntersuchungen (auch der hier nicht angeführten Merkmale [JUNKER 2019]) haben jedoch gezeigt, dass die vogeltypischen

Deutung aus der Schöpfungsperspektive

Geht man statt von Makroevolution von einer Erschaffung von Grundtypen* aus, kann man die diskutierten Befunde wie folgt interpretieren:

- Das explosive Auftreten der Formenvielfalt spiegelt die Existenz von Grundtypen wieder.
- Die zahlreichen, unterschiedlichsten Mosaikformen sind Ausdruck vielfältiger Kombinationen von Merkmalen, deren Ausprägung durch die jeweilige Lebensweise und nicht durch eine vorausgegangene Evolution erklärt wird. Ein Schöpfer ist frei in seinem Handeln, während Evolution an einen Mechanismus gebunden ist.

- Die Schwierigkeiten, die sich aus der Existenz verschiedenster Mosaikformen (häufige Konvergenzen) ergeben, erübrigen sich, wenn die Merkmale frei und entsprechend der Anforderungen für bestimmte Lebensweisen und Lebensräume kombiniert werden können.
- Die Problematik einer „Experimentierung“ entfällt. Es gibt keine „Experimente“, sondern eine anfängliche Vielfalt von Formen, die ursprünglich in mancher Hinsicht am größten war (besonders bei Federtypen und Flugformen).
- Die Frage nach Evolutionsmechanismen für schnelles und vielfältiges Auftreten verschiedenster Formen entfällt.

Merkmale so im System der Theropoden und Kreidevögel verteilt sind, dass fast durchweg Konvergenzen oder Reversionen angenommen werden, meist mehrfach. Evolutionstheoretisch bedeutet das, dass diese Merkmale zwei- bis mehrfach unabhängig entstanden sein müssen. O'CONNOR et al. (2011, 40f.) kommen zum Schluss, dass die Verteilung vogelartiger Merkmale wie Schnabel, Furkula, Brustbeinplatten, hakenförmige Rippenfortsätze, rückwärtsgerichtetes Schambein, distal nicht verwachsene Schambeine, Parallelität von Schambein und Sitzbein und die Ausbildung eines Pygostyls in einer Weise innerhalb der Maniraptoren verbreitet seien, „dass es für die meisten von ihnen schwierig ist, ein klares Muster der Entstehung der Merkmale zu bestimmen.“ Zahlreiche Autoren merken an, dass es unübersichtliche Verwandtschaftsverhältnisse gebe und Konvergenzen verbreitet seien (vgl. Tab. 1 und Zitate im Online-Zusatzmaterial). In einigen Fällen müsste man unter evolutionstheoretischen Vorgaben annehmen, dass „Vogelmerkmale bei Dinosauriern“ nach ihrer Entstehung wieder verloren gegangen sind, bevor Vögel evolviert sind. In solchen Fällen können sie folglich keine Vorläufermerkmale sein.

Die Behauptung, Vögel stammten von Dinosauriern ab oder seien sogar Dinosaurier, ist durch die fossilen Daten nicht gedeckt.

Diese Situation ist umso bemerkenswerter, als aufgrund des Fehlens jeglicher Zielorientierung in der Evolution Konvergenzen nicht zu erwarten sind und erst recht nicht ein gehäuftes Auftreten. Insgesamt zeigt sich, dass ein schrittweiser Erwerb von Vogelmerkmalen in Dinosauriergruppen anhand des fossilen Befundes nur in sehr eingeschränktem Sinne nachvollziehbar ist. Nur eine summarische Darstellung ohne Beachtung der Details kann diesen Eindruck erwecken. Die Behauptung, Vögel stammten von Dinosauriern ab oder seien sogar Dinosaurier, ist durch die fossilen Daten nicht gedeckt.

Weitere Schlussfolgerungen sind in Tab. 2 zusammengefasst, in der die Erwartungen im Rahmen einer Makroevolution den fossilen Befunden gegenübergestellt werden.

Literatur (Auswahl)

- BOCK WJ (2013) The furcula and the evolution of avian flight. *Paleont. J.* 47, 1236–1244.
- BRUSATTE SL, LLOYD GT, WANG SC & NORELL MA (2014) Gradual assembly of avian body plan culminated in rapid rates of evolution across the dinosaur-bird transition. *Curr. Biol.* 24, 2386–2392.

Evolutionstheoretische Erwartungen	Beobachtungen
Konvergenzen sind selten und mit steigender Komplexität unwahrscheinlicher	Konvergenzen sind ausgesprochen häufig
Formenvielfalt lässt sich leicht in Baumdiagrammen darstellen (Cladismus)	Cladogramme instabil, oft verändert, Beziehungen sind häufig netzförmig
„Primitive“ Formen kommen (tendenziell) fossil früher als abgeleiteten Formen	Relativ abgeleitete Formen kommen auch an der Basis vor, mutmaßliche Vorläufer sind teils „jünger“ als Nachfahren
Fossilabfolge zeigt zunehmende Verschiedenartigkeit in der Zeit	Fossilabfolge zeigt explosives Auftreten. Bekannte Mechanismen erklären plötzliches Auftreten nicht

- BRUSATTE SL (2017a) Taking wing. *Sci. Am. Jan.* 2017, 48–55.
- BRUSATTE S (2017b) A Mesozoic aviary. *Science* 355, 792–794.
- FEDUCCIA A (1999) The origin and evolution of birds. Yale University Press. 2nd ed.
- JUNKER R (2017) Dino-Federvieh. Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug. W+W Special Paper. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-17-1_feder-und-flug.pdf
- JUNKER R (2019) Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde. W+W Special Paper. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4_dinos-voegel.pdf
- LAUTENSCHLAGER S, WITMER LM, ALTANGEREL P & RAYFIELD EJ (2013) Edentulism, beaks, and biomechanical innovations in the evolution of theropod dinosaurs. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 110, 20657–20662.
- LOUCHART A & VIRIOT L (2011) From snout to beak: the loss of teeth in birds. *Trends Ecol. Evol.* 26, 663–673.
- MARTYNIUK MP (2012) A field guide to Mesozoic birds and other winged dinosaurs. Vernon, NJ: Pan Aves.
- MAYR G (2017) Avian evolution. Wiley, Chichester.
- O'CONNOR J, CHIAPPE LM & BELL A (2011) Pre-modern birds: Avian divergences in the Mesozoic. In: DYKE G & KAISER G (eds) *Living Dinosaurs: The Evolutionary History of Modern Birds*. John Wiley & Sons, pp 39–114.
- PADIAN K & CHIAPPE LM (1998) The origin of birds and their flight. *Sci. Am.* 2/1998, 38–47.
- PROCTOR NS & LYNCH PJ (1993) *Manual of ornithology. Avian structure & function*. Yale Univ. Press.
- RASHID DJ, CHAPMAN SC, LARSSON HCE, ORGAN CL, BEBIN AG, MERZDORF CS, BRADLEY & HORNER JR (2014) From dinosaurs to birds: a tail of evolution. *Evo-Devo* 5:25, <http://www.evodevojournal.com/content/5/1/25>.
- WANG M, O'CONNOR JK, PAN Y & ZHOU Z (2017) A bizarre Early Cretaceous enantiornithine bird with unique crural feathers and an ornithuromorph plough-shaped pygostyle. *Nat. Comm.* 8:14141.
- WANG W & O'CONNOR JK (2017) Morphological coevolution of the pygostyle and tail feathers in Early Cretaceous birds. *Vertebr. Palasiatica* 55, 289–314.
- WITMER LM (2002) The debate on avian ancestry: Phylogeny, function, and fossils. In: CHIAPPE LM & WITMER LM (eds) *Mesozoic birds: Above the heads of dinosaurs*. Berkeley, Los Angeles, London: University California Press, pp 3–30.
- XU X (2006) Feathered dinosaurs from China and the evolution of major avian characters. *Integr. Zool.* 1, 4–11.
- XU X, ZHOU Z, DUDLEY R, MACKEM S, CHUONG CM, ERICKSON GM & VARRICCHIO DJ (2014) An integrative approach to understanding bird origins. *Science* 346, 1341, 1253293–1–1253293–10.
- ZHOU Z & ZHANG F (2003a) *Jeholornis* compared to *Archaeopteryx*, with a new understanding of the earliest avian evolution. *Naturwissenschaften* 90, 220–225.

Anschrift des Verfassers:

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

Tab. 2 Gegenüberstellung evolutionstheoretischer Vorhersagen bzw. Erwartungen und Beobachtungen am Fossilbefund

Die komplette Literaturliste findet sich im Online-Zusatzmaterial unter www.si-journal.de/jg27/heft2/dino-voegel.pdf.

Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten

3. Fortpflanzungsisolation und adaptive Radiationen

Mendels Gesetz der exponentiellen Kombinationen von Merkmalsausprägungen erklärt die Ausprägung einer großen Artenvielfalt innerhalb genetischer Familien auf der Basis präexistenter Programme. Wie aber kommt es zu Fortpflanzungsisolation und zur Entstehung von Arten? Können in der Natur vorkommende Beispiele adaptiver Radiationen mit Mendels Konzept erklärt werden?

Nigel Crompton

In den ersten beiden Teilen unserer Serie wurde gezeigt, dass die Lebewesen ein enormes latentes (verborgenes) Potenzial an genetischer Information besitzen und wie die angelegten Variationsprogramme im Laufe der Generationen zur Ausprägung kommen können. Dieses Variationspotenzial ermöglicht vielfältige Merkmalskombinationen innerhalb einer genetischen Familie (Grundtypen). Wie aber können aus dieser Vielfalt verschiedene abgegrenzte Arten entstehen? Wie kommt es zur Fortpflanzungsisolation und damit zur

Artbildung*? Und welche Beispiele gibt es in der Natur, die dynamische Artbildung und Fortpflanzungsisolation belegen?

Fortpflanzungsisolation

Für die Mendel'sche Artbildung sind latente phänotypische* Information, der Verlust der Mischerbigkeit sowie Fortpflanzungsisolation* erforderlich. Letztere verhindert Hybridisierung*, die andernfalls zur Wiederherstellung der

Mit Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Introbild Der Riesen-Säbelschnabel-Nukupu'u (*Hemignathus vorpalis*) gehört den Kleidervögeln. Diese Vogelgruppe hat auf den Hawaii-Inseln eine umfangreiche Radiation durchlaufen. Der Gattungsname *Hemignathus* bezieht sich auf den unteren Schnabel, der im Vergleich zum oberen Schnabel stark reduziert ist. Der Vogel verwendete den unteren Schnabel, um Rinde von Zweigen und kleinen Ästen zu lösen, und den oberen Schnabel, um in Höhlen und weichen Substraten nach Insekten zu suchen. Die Art ist nur aus Fossilienfunden bekannt und leider wie viele ihrer Schwesterarten ausgestorben. Die Radiation der Kleidervögel hat durch die Auswirkungen unbedachter menschlicher Aktivitäten viel zu viele ihrer schönen Artgenossen verloren. (Aus: „Extinct Birds of Hawaii“ von Michael Walther, Mutual Publishing, 2016; © Julian HUME, naturepl.com)

Heterozygotie (Mischerbigkeit) führen würde, und sie spielt auch eine Rolle bei der Verhinderung von schädlicher Selbstbefruchtung.

Wenn der Verlust an Mischerbigkeit zur Entstehung mehrerer Arten führen soll, müssen wiederholt Ereignisse auftreten, die zu Fortpflanzungsisolation führen. Bei allopatrischer* Artbildung, die durch räumliche Trennung auf Inseln oder aufgrund von Gebirgszügen verursacht wird, handelt es sich um ein einzelnes Ereignis, durch welches zwei Teilpopulationen getrennt werden. Danach können zwei verschiedene Formen (oder Arten) aufgrund von zufälligem unterschiedlichem Verlust der Mischerbigkeit und durch nachfolgende Selektion entstehen (Abb. 1).

Sympatrische* Artbildung, die durch allmähliche, aber fortschreitende Veränderung der Interaktionsstelle zwischen Rezeptoren der Eizelle und der Bindungsstelle an der Samenzelle verursacht wird, ist ein sich wiederholender Prozess (vgl. Abb. 2 und CROMPTON 2018). Wie bei der allopatrischen Artbildung werden dabei Teilpopulationen getrennt, und durch den Verlust an Mischerbigkeit und durch nachfolgende Selektion entstehen veränderte Formen (oder Arten). Aber die Änderungsereignisse treten fortwährend auf und führen zu nachfolgenden Abfolgen von Fortpflanzungsisolation, wodurch weitere Teilpopulationen voneinander getrennt werden. Die sympatrische Artbildung kann zur Entstehung mehrerer separater Arten führen (SWANSON & VACQUIER 2002). BURI (1956) wies nach, dass der Verlust an Mischerbigkeit einfach durch Zufall entsteht, solange in jeder Generation Teilpopulationen reproduktiv isoliert bleiben. Wer die Natur genauer erforscht, lernt eine Fülle phantastischer Mechanismen kennen bezüglich Verhalten, Morphologie oder Genetik, die zur Aufrechterhaltung der Fortpflanzungsisolation der Arten führen, wodurch ihre einzigartigen Merkmalskombinationen erhalten bleiben. Nur wenn diese Mechanismen nicht greifen, entstehen Hybriden. In einigen Fällen kann das sogar bis zum Verlust von Arten führen (WOLFE et al. 2001), nämlich dann, wenn Arten mit geringer Individuenzahl durch Hybridisierung in eine andere Art „einverleibt“ werden.

Kompakt

Mendels Gesetz der exponentiellen Kombinationen von Merkmalsausprägungen erklärt, wie eine große Anzahl von phänotypischen* Variationen innerhalb genetischer Familien entstehen bzw. zur Ausprägung kommen kann. Wenn unterschiedliche Kombinationen von Merkmalsausprägungen in den Nachkommen fixiert werden, kann daraus eine Fülle von neuen Arten und Gattungen entstehen. Die für diese (neuen) Arten notwendige Information ist bereits vorhanden, befindet sich latent im Erbgut der Arten und kann durch Homozygotisierung (Entwicklung zu Reinerbigkeit) und Transposition (springende Gene) ausgeprägt werden (vgl. die ersten beiden Teile dieser Artikelserie).

Neue Kombinationen von homozygoten (reinerbigen) Merkmalen können nur erhalten bleiben und fixiert werden, wenn eine Fortpflanzungsisolation auftritt, wenn also Träger verschiedener Merkmalskombinationen nicht (mehr) miteinander hybridisieren*. Durch Selektion werden die geeignetsten dieser Merkmalskombinationen begünstigt, sie werden durch Selektion aber nicht hervorgebracht.

Neue Kombinationen von Merkmalsausprägungen spiegeln die Ausprägung zuvor schon latent vorhandener Information wider. Die Summe aller dieser Kombinationen stellt die Grenzen dar, innerhalb derer eine genetische Familie* sich durch Ausprägung der angelegten Möglichkeiten entfalten kann. Diese intrafamiliäre Evolution (*cis*-Evolution) erzeugt einen separaten Abstammungsbaum des Lebens. Mehrere solcher separater Familien (Bäume) ergeben einen Wald des Lebens.

Cis-Evolution äußert sich durch vielfältige Aufspaltung innerhalb genetischer Familien, wodurch die latente genetische Information in verschiedensten Kombinationen ausgeprägt wird. Solche Vorgänge werden auch als adaptive Radiation* bezeichnet. Eine Reihe gut untersuchter Beispiele adaptiver Radiationen von genetischen Familien zeigt, dass die entstehende Vielfalt am besten durch präexistente genetische Programme erklärt werden kann. Mutationen können zwar einen zusätzlichen Beitrag zur phänotypischen Vielfalt der Arten leisten, erweisen sich jedoch weder als notwendig noch als förderlich, um die umfangreichen Merkmalsunterschiede hervorzubringen, die man innerhalb der genetischen Familien beobachten kann.

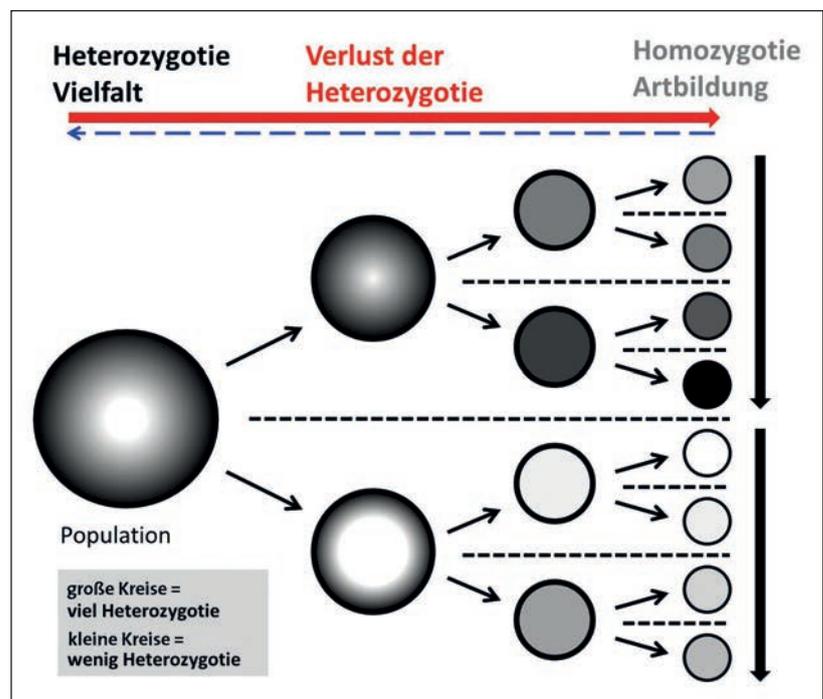


Abb. 1 Verlust der Heterozygotie, Fortpflanzungsisolation und Artbildung. Populationen sind als Kreise dargestellt. Jede Spalte von Kreisen repräsentiert eine aufeinanderfolgende Generation. Mit der Zeit werden Populationen reproduktiv isoliert (gestrichelte Linien). Ursprünglich sind die Populationen genetisch heterozygot (stark abgestufte Schattierung). Wenn sie homozygoter werden, bilden sie genetisch unterschiedliche Gruppen (einheitliche Schattierung). Artbildung erfolgt, wenn die Populationen aus verschiedenen Gründen aufeinanderfolgende Ereignisse erleben, die zur Isolation führen (geringere Größe der Kreise), Verlust von Heterozygotie eintritt und sie zu isolierten, genetisch einzigartigen, homogenen Gruppen werden. Hybridisierungsereignisse können den Trend zum Verlust der Heterozygotie umkehren. Wenn die natürliche Selektion beginnt (vertikale Pfeile, in der zweiten Generation), sind die Populationen mit der günstigsten Konstellation von Eigenschaften (dunklere Schattierung) am besten angepasst und überleben am ehesten.

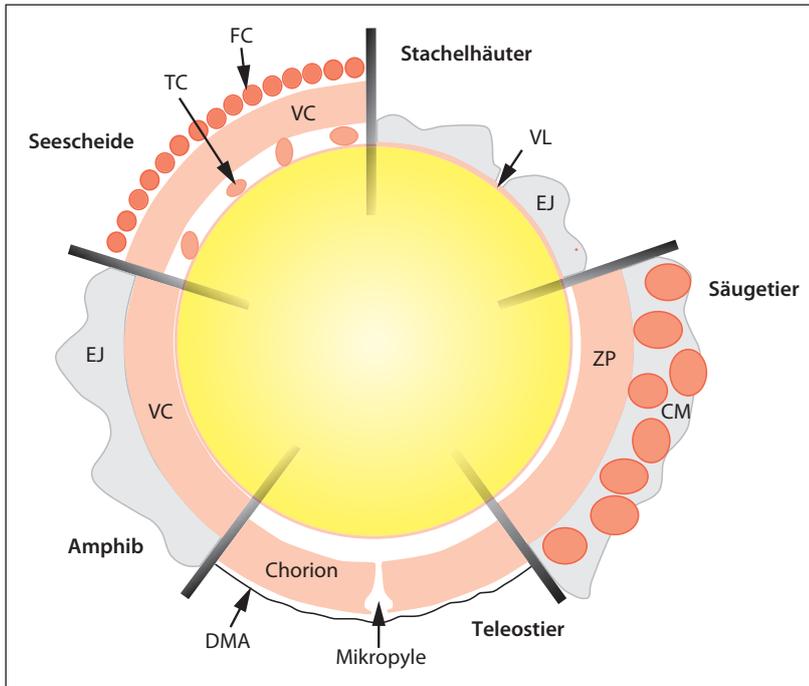


Abb. 2 Die Struktur der äußeren Schichten des Eikomplexes bei verschiedenen Tiergruppen. Bei Euryoten muss das Spermium das Ei orten, daran haften und mit ihm verschmelzen. Schon bei diesem ersten Stadium weist die Anatomie des Eis extreme Variation auf.

Die Strukturen des Eikomplexes sind hochvariabel und taxonspezifisch (MENERINK & VACQUIER 2001). Die Interaktion von Ei und Spermia dient sowohl der Fortpflanzungsisolierung als auch der Bewertung der reproduktiven Kompatibilität der beiden Eltern.

Abkürzungen: CM Cumulus-Schutzschicht (Corona radiata); DMA wässrige Schleimzone; EJ Ei-Gallerte; FC Follikelzellen; TC Testzellen; VC Vitelline-Hülle; VL Vitellin-Schicht; ZP Zona pellucida. (Nach MENERINK & VACQUIER 2001)

Mit Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Die gegenwärtige Fortpflanzungsisolierung einer Art mag im Wesentlichen durch einen einzigen Mechanismus verursacht werden. Allerdings können die Vorfahren bei der Entstehung dieser Art die Auswirkungen verschiedener solcher Mechanismen der Fortpflanzungsisolierung erfahren haben. Einige mögen durch allopatrische Speziation, andere durch sympatrische Speziation entstanden sein. Einige Mechanismen beruhen auf der genetischen Information einer Art und beeinflussen ihren Phänotyp, ihren Bau, ihr Verhalten oder anderes. Die Geschichte und die Typen der Fortpflanzungsisolierungsmechanismen, die für die Entstehung der Art erforderlich waren, tragen vieles zur verbleibenden genetischen Variabilität bei. Wenn nur ein begrenztes Ausmaß an Fortpflanzungsisolierung stattgefunden hat, dann gibt es nur einen begrenzten Verlust an Heterozygotie* (vgl. Abb. 9 von Teil 2). Die Art

Abb. 3 Ein Beispiel für das Vorhandensein einer großen genetischen Variabilität ist die Hain-Bänderschnecke *Cepaea nemoralis*. (Aus JUNKER & SCHERER 2013)



behält dann eine große genetische Variabilität und damit ein großes Anpassungspotenzial. Das ist der Fall z. B. bei der Hain-Bänderschnecke (*Cepaea nemoralis*; Abb. 3) und beim Wegerichbär (*Arctia plantaginis*), einem Nachtfalter. Wenn ein deutliches Ausmaß an Fortpflanzungsisolierung stattgefunden hat, gibt es entsprechend einen deutlichen Verlust an Heterozygotie. Die Art behält dann nur eine geringe genetische Variabilität und damit ein geringes Anpassungspotenzial. Im Extremfall kommt es zu einer starken Fortpflanzungsisolierung und zu einem entsprechend großen Verlust der Heterozygotie. Die daraus resultierende genetisch homogene Art ist dann nicht mehr in der Lage, sich an neue Bedingungen anzupassen (das ist der Fall z. B. bei Geparden und Nördlichen See-Elefanten).

Unterschied Art – Familie

Auf welche Weise helfen Mendels Experimente mit Pflanzenhybriden die Frage zu klären, was eine Art ist und was eine Familie? Nehmen wir einmal an, dass eine Urachen-Art 20 heterozygote Gene besitzt. Diese Art kann theoretisch mehr als eine Million ($2^{20} = 1.048.576$) einzigartige reinerbige Nachkommen hervorbringen, deren Phänotypen in 20 unterschiedlichen Merkmalen variieren. Viele dieser Nachkommen werden wegen dieser großen Unterschiede separaten Arten und sogar separaten Gattungen zugeordnet. Diese über eine Million verschiedenen Phänotypen stellen die theoretische Gesamtanzahl der Mendel'schen Vielfalt oder des phänotypischen Ausmaßes der Urachen-Art und ihrer potenziellen Nachkommen dar. Theoretisch gehören alle ihre Nachkommen zu derselben Art wie ihr pan-heterozygoter* Urach, doch aus praktischen Gründen werden sie in separate Arten und Gattungen einer übergeordneten genetischen Familie eingeteilt. So sind Löwen, Tiger, Servale, Geparde, Luchse, Leoparden, Pumas und Hauskatzen allesamt Mitglieder der Familie der Felidae. Sie haben wahrscheinlich einen einzigen gemeinsamen panhybriden Vorfahren. Auf der Grundlage ihrer Kreuzungsfähigkeit gehören die meisten Katzenarten zu einem einzigen

Grundtyp (PENDRAGON & WINKLER 2008). Sie teilen dieselben Merkmale und dieselben Gene und stellen eine genetische Familie* dar (vgl. Abb. 4). Die Kombinationen konstanter Merkmalsausprägungen (Kombinationen homozygoter* dominanter* und rezessiver* Allele*) sind die Grundlage für ihre Einteilung in einzigartige Arten und Gattungen.

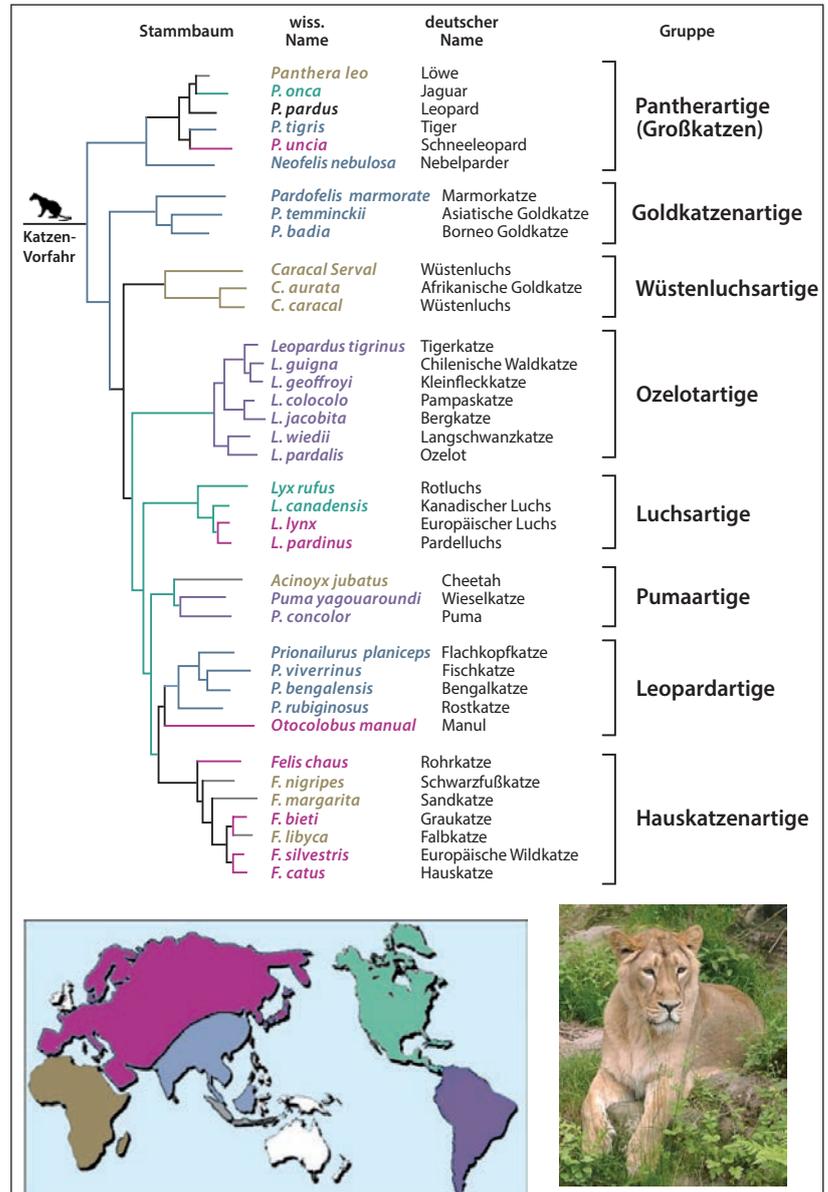
Auf ähnliche Weise weisen die Paradiesvögel ein spektakuläres Spektrum an erstaunlichen Phänotypen auf. DNA-Sequenzuntersuchungen zeigen, dass sie alle Mitglieder der Familie Paradisaeidae sind. Ihre Kreuzungsfähigkeit bestätigt, dass die meisten Arten zu einem einzigen Grundtyp gehören (SCHERER 1993). Die Tatsache, dass verschiedene Gattungshybriden ähnliche Phänotypen aufweisen, zeigt, dass sie von einem gemeinsamen panheterozygoten Vorfahren abstammen (CROMPTON 2020). Man könnte hier noch sehr viel mehr Beispiele nennen.

Die Existenz verschiedener Gattungshybriden, die ähnliche Phänotypen aufweisen, zeigt die Abstammung von einem gemeinsamen panheterozygoten Vorfahren an.

Dieses genetische Prinzip findet man in der gesamten Welt der Eukaryoten (meiotische* Organismen). Vergleichbare Radiationen können im Fossilbericht als Kombinationen konstanter Merkmalsausprägungen innerhalb einer genetischen Familie interpretiert werden. Als Beispiel dafür seien die Sauropoden genannt (Abb. 5; Erläuterungen in der Legende). In der jüngeren Vergangenheit haben spektakuläre adaptive Radiationen* sogar Hunderte von neuen Arten innerhalb von Pflanzen- und Tierfamilien hervorgebracht, die auf der Mendel'schen Artbildung und der Ausprägung bereits vorhandener genetischer Variationen basieren (s. u. Abschnitt „Adaptive Radiation – einige Beispiele“).

Gegen Schluss seiner wissenschaftlichen Abhandlung formulierte Mendel Überlegungen, wie weit die Artbildung gehen könnte. Wenn die Artbildung keine Grenzen hat, könnte das Leben theoretisch aus einer einzelnen Zelle entstanden sein und einen einzigen umfassenden Abstammungsbaum bilden. Wenn die Artbildung jedoch Grenzen hat, würde man viele stabile genetische Familien beobachten und das Leben wäre wie ein Wald, der aus vielen Bäumen besteht. Das wäre eine elegante Bestätigung der Aussage in der Heiligen Schrift, dass Pflanzen und Tiere nach ihren Arten geschaffen wurden.

Mendels Ergebnisse zeigten, dass es Grenzen gab. Mendel machte auch auf die Experimente von Gärtner aufmerksam, der „in der vollendeten



Umwandlung einer Art in eine andere den unzweideutigen Beweis [sah], dass der Species feste Grenzen gesteckt sind, über welche hinaus sie sich nicht ändern vermag“ (s. o.; Gärtner dachte an eine begrenzte Anzahl von Kombinationen, nicht an eine unendliche Anzahl von Mutationen). Mendel war vorsichtig und nannte diese Experimente nur eine „beachtenswerthe Bestätigung“. Doch Gärtners Argument war richtig, und wenn die Artbildung überwiegend aus dem Mendel'schen Gesetz der exponentiellen Kombinationen von Merkmalsausprägungen resultiert, dann haben genetische Familien intrinsische phänotypische Grenzen, die durch das Ausmaß ihrer Merkmalsausprägungen definiert werden, und das Leben auf der Erde ist ein Wald mit vielen Bäumen. Am Schluss seiner Abhandlung führt Mendel die von Gärtner untersuchten Arten auf und bestätigt dadurch seine Überzeugung, dass es Grenzen gibt und dass diese Schlussfolgerung sich auf viel mehr als nur auf Erbsen und Bohnen bezieht, sondern eine allgemeine Gültigkeit hat.

Abb. 4 Dendrogramm der Katzenfamilien. Die Endpunkte entsprechen jeweils einer Art. Die Farben korrespondieren jeweils mit dem entsprechenden Erdteil. Der Leopard hat von allen Katzen das weiteste Verbreitungsgebiet, von Afrika über das südliche Eurasien bis Ostasien. Umgezeichnet nach JOHNSON und Mitarbeiter (2006), dort sind auch weitere Informationen wie die genetische Distanz etc. zu finden. Insertbild: Asiatisches Löwenweibchen (*Panthera leo persica*). (Foto: Edradour, CC BY-SA 3.0)

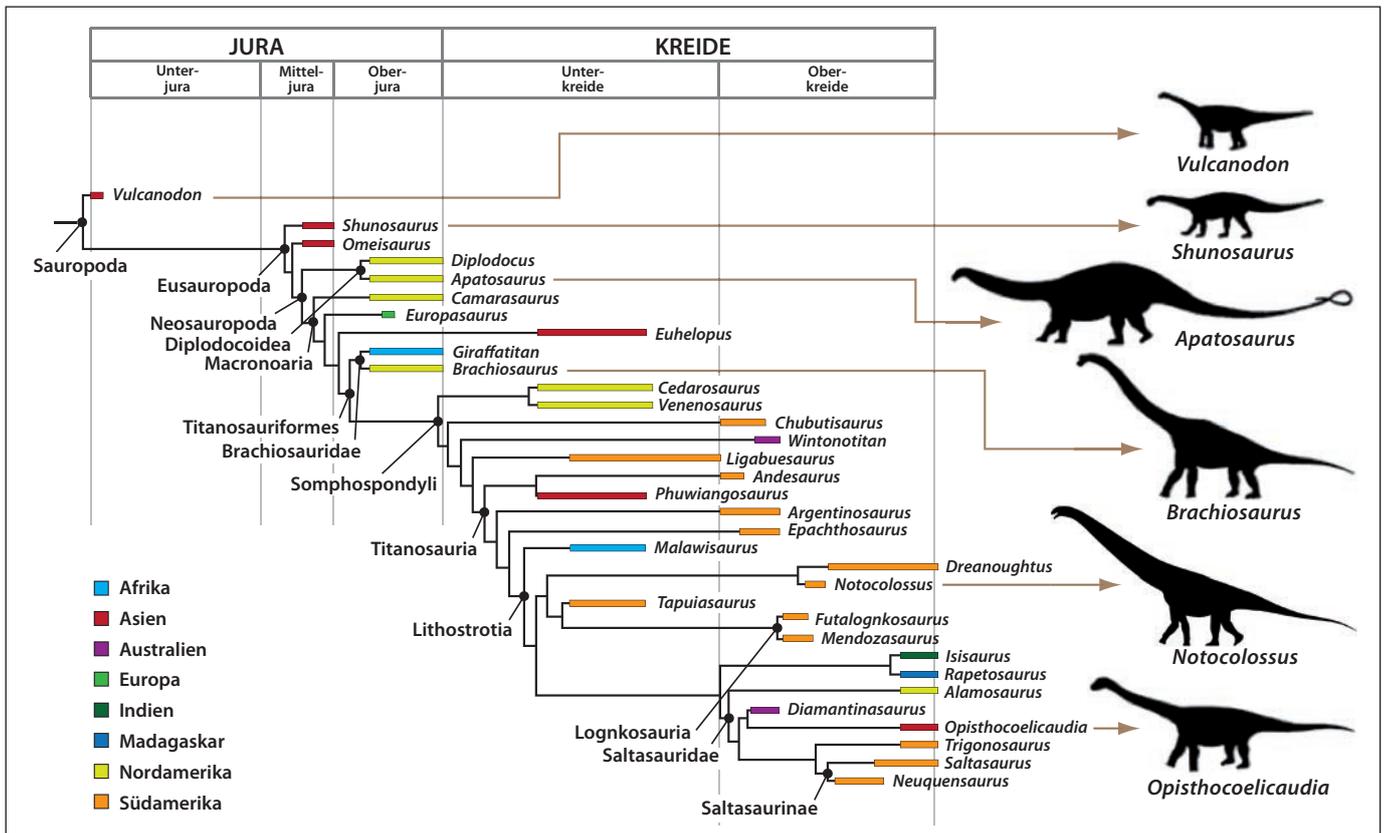


Abb. 5 Dendrogramm der Gruppen der Sauropoda. Die Endpunkte entsprechen jeweils einer Gattung. Die Farben korrespondieren mit dem entsprechenden Erdteil. Gezeigt sind auch die stratigraphischen Stufen, in denen die jeweiligen Gruppen gefunden wurden. Die Sauropoda scheinen eine morphogenetisch einheitliche Familie zu bilden. Sie können sehr gut als eine adaptive Radiation verstanden werden. Ihre latenten prä-existenten genetischen Programme haben sich vermutlich nach den Mendel'schen Regeln aufgespalten und eine begrenzte, aber diverse Familie hervorgebracht. Die Möglichkeit, dass es sich bei den Sauropoda um mehr als eine einzige genetische Familie handelt, kann nicht ganz ausgeschlossen werden. Zur sicheren Klärung fehlen bei Fossilien wichtige Daten. (Nach GONZÁLEZ RIGA et al. 2016)

Adaptive Radiationen

Warum ist der Verlust an Mischerbigkeit für die Artbildung so wichtig? Bei völliger Mischerbigkeit zeigt sich nur der pan-dominante Phänotyp (vgl. Abb. 9 in Teil 2). Alle Phänotypen, die sich aus den Kombinationen von rezessiven* und hypostatischen* Merkmalsausprägungen ergeben, sind verdeckt (bzw. unterdrückt). Durch den Verlust der Mischerbigkeit wird dieser gewaltige Reichtum an phänotypischem Potenzial abgerufen, der latent in einem Genom* verborgen liegt. Schon eine so geringe Zahl wie 10 Merkmale (bzw. Gene) ermöglicht die Entstehung von tausend ($2^{10} = 1.024$) einzigartigen Phänotypen, wobei sich jeder in 10 verschiedenen Merkmalen vom anderen unterscheidet. Doch nur wenige Wirbeltierfamilien zeigen diese Menge an Variationen (bzw. Arten), obwohl sie immer noch recht begrenzt ist. In den meisten Säugetier-Familien gibt es weniger als hundert unterschiedliche Arten.

Wenn doch so viele Variationsmöglichkeiten zur Verfügung stehen, wird man die Varianten jemals tatsächlich in der Natur finden? Zu den spektakulärsten Beispielen gehören heute beobachtbare adaptive Radiationen, allen voran die „Bildflügel“-Drosophilas („picture-wing Drosophila“) auf Hawaii, die Silberschwert-Pflanzengruppe ebenfalls auf Hawaii, die Buntbarsche in den großen ostafrikanischen Seen und die Finken auf den Galápagos-Inseln und auch auf Hawaii. Der Verlust der Mischerbigkeit ist ein

Mechanismus, der die bei Pflanzen und Tieren beobachteten üppigen adaptiven Radiationen erklärt. So sollen die nahezu 1000 in Hawaii heimischen *Drosophila*-Arten aus einer einzigen dorthin gelangten Ursprungsart entstanden sein. Mit Hilfe von Chromosomen-Inversionen wurden die Artbildungsereignisse ausgehend vom standardmäßigen Grundtyp oder Gründerkaryotyp – eventuell aus Südamerika – bis hin zu allen Karyotypen der bestehenden Arten in der Bildflügel-*Drosophila*-Gruppe nachvollzogen (CARSON 1983). Die Inversionen liefern allerdings keine Erklärung dafür, wie die phänotypischen Änderungen zustande gekommen sind (NOOR et al. 2001); mit ihrer Hilfe kann man lediglich Abstammungslinien rekonstruieren. Man weiß in der Tat, dass die Radiation der Bildflügel-Gruppe mit ungefähr 112 Arten mit relativ wenigen Änderungen in der DNA-Sequenz vonstattenging (EDWARDS et al. 2007). Wenn diese Radiation aber durch den Verlust an Mischerbigkeit entstand, wäre wenig DNA-Sequenzänderung erforderlich gewesen, vielmehr lediglich Rekombination* und Homozygotie in neuen Kombinationen bereits vorhandener Allele.

Die Silberschwert-Pflanzen von Hawaii enthalten Bäume, Sträucher, Halbsträucher, semi-holzige Rosettenpflanzen, Teppichpflanzen, Polsterpflanzen und Lianen. Diese Gruppe umfasst drei Gattungen, *Argyroxiphium*, *Dubautia* und *Wilkesia*, mit dreißig Arten. Trotz der großen Formenvielfalt lassen sich fast alle von ihnen untereinander kreuzen und die

molekularphylogenetische Analyse zeigt, dass es sich um einen monophyletischen Stammbaum handelt, der durch ein einzelnes Gründerereignis entstanden ist. Die Pflanzen sind allopolyploid (üblicherweise $n=14$) und man ist der Ansicht, dass sie aus einer Kreuzung zwischen den als „Tarweeds“ bezeichneten Arten *Anisocarpus scabridus* ($n=7$) und *Carlquistia muirii* ($n=8$) entstanden sind und anschließend eine Chromosomenreduktion (auf $n=14$) stattgefunden hat. Untersuchungen der homöotischen Blütengene *ASAP1* und *ASAP3* (BARRIER et al. 1999) bieten sehr starke experimentelle Belege für den hybriden Ursprung dieser Pflanzen. Die meisten Arten haben zwei Kopien von beiden Genen. Bei drei *Dubautia*-Arten fehlt jedoch eins der vier *ASAP*-Gene. Zwar können solche homöotischen Gene zur Entwicklung der Blütenform beitragen, aber die Tatsache, dass ein Gen ohne negative Folgen fehlen kann, bestätigt, dass nicht die *ASAP*-Gene, sondern ein anderer Mechanismus in erster Linie für das gewaltige Spektrum morphologischer Vielfalt verantwortlich ist. Die verschiedenen Gattungen zeigen unterschiedliche Translokationsereignisse*, mit deren Hilfe man wie bei *Drosophila* Abstammungslinien zurückverfolgen kann. Jedoch sind auch sie nicht der Mechanismus, der die verschiedenen morphologischen Formen verursacht (CARLQUIST et al. 2003), sondern nur Marker der abgelaufenen Divergenzen. Dagegen bietet der Verlust der Mischerbigkeit eine Erklärung für die extensive phänotypische Vielfalt dieser Pflanzengruppe und ihr Potenzial, sich so umfassend anzupassen und in eine große Zahl von Wuchsformen aufzuspalten. Der tetraploide Zustand dieser Pflanzen-Kreuzung kann höchstwahrscheinlich eine Maskierung

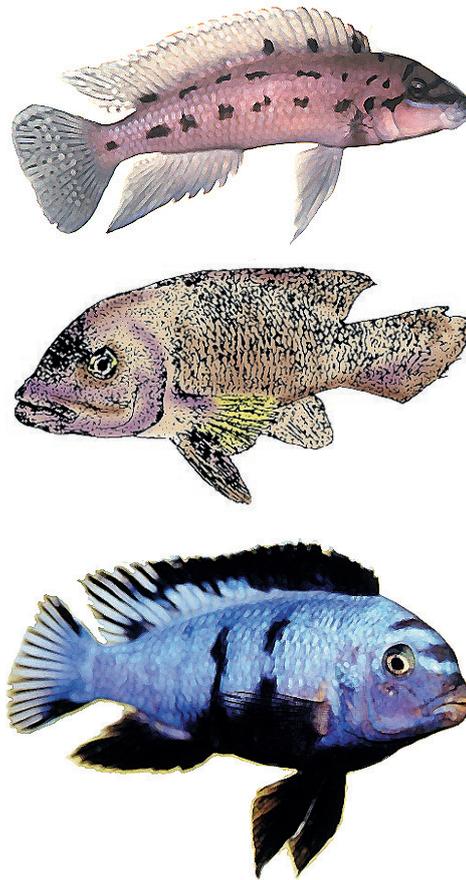


Abb. 6 Beispiele für die Vielgestaltigkeit der Buntbarsche in ostafrikanischen Seen. Von oben: *Pseudotropheus saulosi*, *Lamprologus spec.* und *Chalinochromis ndobhoi*. (AUS JUNKER & SCHERER 2013)

verschiedener Gene, die durch Mutationen* oder Epistasie* bewirkt worden war, aufheben; dadurch ist die Ausprägung der reichen phänotypischen Vielfalt höchstwahrscheinlich ausgelöst worden.

In den großen ostafrikanischen Seen weisen die Buntbarsche (Abb. 6) größere adaptive Radiationen auf und dienen so als Beispiel für sexuelle

Glossar

adaptive Radiation: Entstehung vieler unterschiedlich angepasster Arten aus einer Stammform.

Allel: Zustandsform bzw. Variante ein und desselben Gens.

Allopatrische Artbildung: → Artbildung im Zusammenhang mit räumlicher (geographischer) Trennung (Separation) der Ausgangsart.

Artbildung: Arttaufspaltung; Prozess, durch den im Laufe von Generationen eine Art (Spezies) in zwei Tochterarten aufspaltet.

dominant: Ein → Allel ist dominant, wenn es die → Merkmalsausprägung eines anderen (→ rezessiven) Allels unterdrückt.

Epistasie: Gen-Wechselwirkung. Die Wirkung des einen (epistatischen) Gens verdeckt die Merkmale des anderen (hypostatischen) Gens.

eukaryotische Organismen: Lebewesen mit echten Zellkernen, die zur Meiose fähig sind.

exprimieren: Das Ablesen und somit Nutzbar machen von Genen bzw. der durch sie codierten Information im Zellbetrieb.

Fortpflanzungsisolation: Trennung von Populationen und Unterdrückung eines

Gen austauschs.

genetische Familie: Familie, deren zugehörige Arten durch verschiedene Merkmalskombinationen einer präexistenten Vielfalt charakterisierbar sind.

Genom: Das gesamte Erbgut eines Individuums.

Genotyp: die einzigartige Gesamtheit aller Erbfaktoren eines Individuums

heterozygot: mischerbig (das Gen liegt in zwei verschiedenen Allelen vor.)

homozygot: gleicherbig (das Gen liegt in zwei gleichen Allelen vor.)

Hybrid: Mischling.

hypostatisch: → Epistasie

Karyotyp: Gesamtheit aller zytologisch (den Zellaufbau betreffend) erkennbaren Chromosomeneigenschaften eines Individuums.

latent: versteckt, verborgen (hier: im Erbgut). Ein → Merkmal oder → Merkmalszustand ist latent, wenn es / er zwar genetisch angelegt ist, aber nicht ausgeprägt (→ exprimiert) wird.

Meiose: Reifeteilung, Bildung der Geschlechtszellen.

Mutation: Spontane oder künstlich ausgelöste Änderung des Erbguts.

pan-heterozygot: Alle phänotypisch sich auswirkenden Gene liegen mischerbig vor.

Phänotyp: äußere Erscheinungsform (Morphologie, Anatomie, Physiologie) betreffend.

Radiation: → adaptive Radiation.

radiometrische Jahre: Jahre nach gängigen radiometrischen Datierungsmethoden bestimmt

Rekombination: Durchmischung des Erbgutes bei der sexuellen Fortpflanzung.

rezessiv: Ein → Allel ist rezessiv, wenn es durch die → Merkmalsausprägung eines anderen (→ dominanten) Allels unterdrückt wird.

Sympatrische Artbildung: → Artbildung ohne begleitende räumliche (geographische) Trennung der Ausgangsart.

Translokation: Umlagerung von Chromosomenabschnitten.

Zygote: Zelle von → Eukaryoten, die bei der geschlechtlichen Fortpflanzung durch Verschmelzung von einer Eizelle und einem Spermium entsteht.

Cis-Evolution und Mikroevolution

In kritischen Diskussionen um Evolution werden häufig die Begriffe „Mikroevolution“ und „Makroevolution“ verwendet. Diese beiden Begriffe werden unterschiedlich und nicht selten unscharf definiert (z. B. „Mikroevolution“ als Evolution innerhalb einer Art oder innerhalb einer Familie) oder beide Begriffe werden nur quantitativ unterschieden (wenig oder viel Evolution). Aus diesem Grund werden hier die Begriffe „cis-Evolution“ und „trans-Evolution“ eingeführt, um einen qualitativen und wesentlichen Unterschied zwischen diesen beiden Arten von Veränderungen zum Ausdruck zu bringen (vgl. Abb. 7). Man kann „Mikroevolution“ so definieren wie in JUNKER & SCHERER (2013, 44+48), dass der Begriff identisch ist mit „cis-Evolution“, und „Makroevolution“ so, dass damit dasselbe wie „trans-Evolution“ gemeint ist. Nach JUNKER & SCHERER (2013, 44) ist Mikroevolution „Evolution innerhalb vorgegebener Organisationsmerkmale; quantitative Veränderung bereits vorhandener Organe, Strukturen oder Baupläne“. Makroevolution dagegen bezeichnet die „Entstehung neuer, bisher nicht vorhandener Organe, Strukturen und Bauplantypen; damit verbunden auch die Entstehung qualitativ neuen genetischen Materials.“ Nach diesen beiden Autoren ist ein entscheidendes Unterscheidungskriterium zwischen Mikro- und Makroevolution das Vorliegen verschiedener Fragestellungen bzw. Erklärungsprobleme. Bei Mikroevolution geht es demnach um die Fragestellung, wie vorhandene (latente) Information zur Ausprägung kommt, während es bei Makroevolution um die Frage geht, woher überhaupt präexistente Programme und neue Merkmale kommen.

Selektion und eventuell für sympatrische Artbildung (SEEHAUSEN & VAN ALPHEN 1998). Diese Fische weisen eine spektakuläre morphologische Vielfalt in Bezug auf die Nahrungsaufnahme auf – dazu gehören Spezialisten wie Algenscharber, Planktonfresser, Insektenfresser, Fischfresser, Allesfresser, Schneckenbrecher und Flossenbeißer. Dazu kommt eine noch verblüffendere Serie von Farbmustern (STIASSNY & MEYER 1999).

Der Malawisee enthält eine Schar von mehr als 500 Arten von Buntbarschen, die nachgewiesenermaßen von einem einzigen Vorfahren abstammen (ALBERTSON et al. 1999). Im Viktoriasee gibt es eine ähnliche Schar von mehr als 500 einheimischen Buntbarscharten, die nur zwei Abstammungslinien haben und vielleicht, wie angenommen, erst innerhalb der letzten 15.000 (radiometrischen*) Jahre entstanden sind (VERHEYEN et al. 2003). Sie sind genetisch relativ homogen und weisen trotzdem einen hohen Grad an morphologischer Divergenz auf. Als Antriebskräfte für die Artbildung wurden die Fortpflanzungsisolation mittels extremer Brutortstreue (Philopatry) sowie sexuelle Selektion und „inselähnliche“ See-Lebensräume in Betracht gezogen und intensiv diskutiert (SALZBURGER & MEYER 2004).

Eine ähnliche explosive Radiation von Buntbarschen, die in einem kurzen Zeitfenster ökologischer Möglichkeiten ablief, scheint sich in dem ausgetrockneten prähistorischen Makgadikgadi-Paläosee ereignet zu haben und sie scheint die Flusssysteme des südlichen Afrikas befruchtet zu haben. Man kann viele faszinierende Merkmalsparallelen zwischen Arten in den Buntbarsch-Radiationen in diesen drei Seen beobachten, die auf präexistente genetische Programme und gemeinsame Abstammung zurückführbar sind (JOYCE et al. 2005). Zudem berichten die

Autoren aber auch von bedeutsamer Divergenz der haploiden Genotypen* innerhalb von Arten und von Erhaltung der haploiden Genotypen zwischen entfernter verwandten Arten. Das bestätigt, dass die genetische Änderung *per se* keine ausreichende Erklärung für die Artbildung ist. Dagegen bietet der Verlust der Mischerbigkeit eine angemessene Erklärung für das enorme Ausmaß der vorhandenen Vielfalt. Es wurden an fünf Fischen Sequenzierungs-Untersuchungen durchgeführt (BRAWAND et al. 2014), und zwar bei jeweils einem Fisch aus den größeren Abstammungslinien der Buntbarsche, um der Frage nach dem Ursprung der Vielfalt nachzugehen. Die 75 Autoren dieser Veröffentlichung kamen zu dem gemeinsamen Schluss, dass bereits bestehende Variation (d. h. präexistente genetische Programme) für die evolutive Diversifikation wichtig war. In seiner Stellungnahme zu der Untersuchung bemerkte JIGGINS (2014), dass die Daten über die Buntbarsche andere Arbeiten ergänzen, „welche von Stichlingen bis zu Schmetterlingen reichen“, und nachweisen, dass sich adaptive Radiationen „aus alten gemeinsamen Variationen“ (d. h. präexistente genetische Programme) ergeben.

Diese Vorhersage von JIGGINS und zahlreiche damit verbundene Feldstudien über die Entstehung von Arten bei adaptiven Radiationen wurden von BERNER & SALZBURGER (2015) kritisch überprüft. Sie kamen zum Schluss, dass „die Genome dieser Arten adaptive Allelvarianten* enthalten, die lange vor der Entstehung der eigentlichen Arten oder Populationen entstanden sind“. Das entspricht genau dem, was Mendel'sche Artbildung beinhaltet. SEEHAUSEN

Adaptive Radiationen speisen sich aus „alten gemeinsamen Variationen“. Dabei dürfte es sich um präexistente genetische Programme handeln.

und seine Kollegen haben die Radiation der Buntbarsche erneut untersucht (MEIER et al. 2017). Inzwischen haben sie die Genome von über 150 Arten sequenziert. Sie kommen zum Ergebnis, dass die Fische in den verschiedenen großen Seen getrennt wurden (und Fortpflanzungsisolation erfahren haben) und in seltenen Fällen mit ihren angestammten Cousins wieder zusammengebracht wurden (was Hybridisierung zur Folge hatte) und dann erneut getrennt wurden (mit erneuter Fortpflanzungsisolation). Ein Prozess, der als „Spaltung-Fusion-Spaltung“ bezeichnet wird, den SEEHAUSEN als „den stärksten Motor für die Bildung neuer Arten und neuer Anpassungen“ bezeichnet hat. Ihre Ergebnisse wurden auf der Konferenz „Origins of Adaptive Radiation“ in Honolulu, Hawaii, vorgestellt

(PENNISI 2018). PENNISI fasste zusammen: „Die Artbildung bei Buntbarschen wurde durch bereits bestehende genetische Variation unterstützt“, und der Evolutionsbiologe SCHLUTER bestätigte: „Alle für die Artbildung erforderlichen Variationen sind bereits vorhanden ... Der gleiche Mechanismus soll auch zu Radiationen mariner Stichlinge und von Käfern geführt haben.“ Latente phänotypische Information, die durch Hybridisierungszyklen und durch Verlust der Heterozygotie zur Ausprägung kam, erklären die Entstehung der Arten, die bei adaptiven Radiationen beobachtet wurden.

Schlussfolgerungen

Die Mendel'sche Artbildung basiert auf seinem Gesetz der exponentiellen Kombinationen von Merkmalsausprägungen und dieses ist eine mehr als ausreichende Erklärung für die Entstehung der biologischen Vielfalt. Es erklärt ohne Weiteres die spektakulärsten Beispiele von adaptiven Radiationen innerhalb von Familien. Mendel'sche Artbildung läuft ab, weil die für die Aufspaltung und Veränderung der Arten erforderliche Information bereits im Genom der Organismen vorhanden ist, in einem latenten Zustand gehalten wird und darauf wartet, ausgeprägt zu werden. Diese Erklärung ist weit entfernt von den vielen genetischen Fachartikeln, die sich für die Mutationsereignisse als Quelle neuer genetischer Merkmalsausprägungen stark machen.

Hier prallen Weltanschauungen aufeinander. Um zu verstehen, warum das so ist, sollte man den Unterschied erkennen zwischen Evolution innerhalb separater genetischer Familien und Evolution über diese Familien hinaus oder von einer genetischen Familie zur anderen. Die Evolution innerhalb einer genetischen Familie, die **cis-Evolution**, ist die Art von Evolution, die man tatsächlich in der Praxis beobachtet, sei es im Freiland oder Laborstudien (vgl. Kasten und Abb. 7). Dazu gehören zum Beispiel die Änderungen der hellen und dunklen Morphen des Birkenspanners, die bei den Darwinfinken beschriebenen Änderungen (z. B. in der Schnabelform, Körpergröße oder Gefiederfärbung) oder die oben erwähnte durch adaptive Radiationen entstandene Vielfalt.

Cis-Evolution erfolgt dadurch, dass die für diese Änderungen erforderliche Information schon in Form präexistenter genetischer Programme im Genom latent vorhanden ist. Normalerweise wird diese Information ausgeprägt, wenn die meiotische Rekombination einen Verlust an Mischerbigkeit verursacht. Hierbei spielen Dominanz, Epistasie und auch spezialisierte Mechanismen der Transposon-Aktivierung eine Rolle (vgl. den 2. Teil dieser Artikelserie).

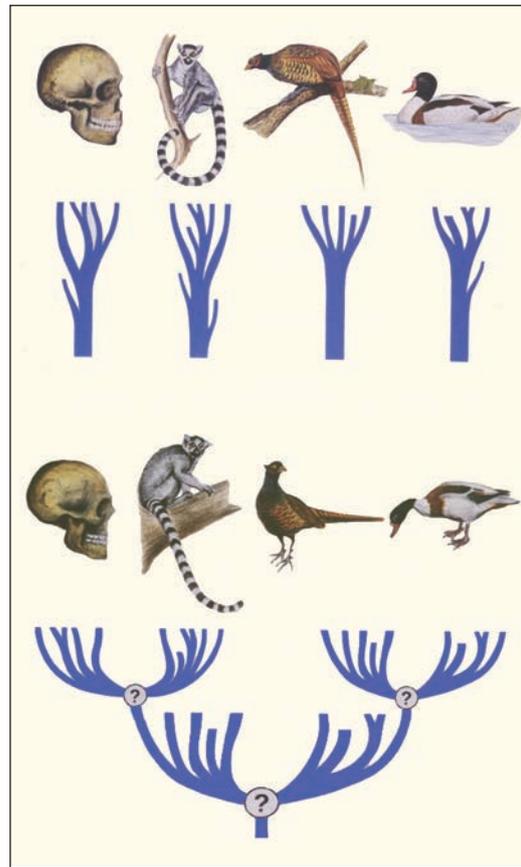


Abb. 7 *Cis-Evolution* versus *trans-Evolution*. Bei der *cis-Evolution* (oben) sind mehrere separate Familien zu sehen. Jede Familie hat die Form eines Baumes. Die Äste innerhalb eines Baumes werden durch Fortpflanzungsisolation auseinandergehalten, aber können durch sporadische Hybridisierung gelegentlich wiedervereint werden. Es gibt hier einen „Wald“ des Lebens. Dieser soll durch präexistente genetische Programme und Mendel'sche Artbildung zustande gekommen sein. Bei der *trans-Evolution* (unten) sind dagegen alle Familien abstammungsmäßig miteinander verbunden. Es gibt hier nur einen einzigen großen Lebensbaum. Dieser soll durch Mutationen und Selektion zustande gekommen sein. (Nach JUNKER & SCHERER 2013, verändert)

Der vollständige Satz von Allelpaaren eines diploiden Organismus lässt ein breites Spektrum von potenziellen Phänotypen entstehen, durch welche die biologischen Grenzen einer Familie definiert werden. Es ist dazu gar keine große Anzahl von präexistenten genetischen Programmen erforderlich. Nur zwanzig solcher Programme (d.h. 10 Gene mit je zwei Allelen) reichen bereits aus, um 1000 verschiedene Arten zu erzeugen (vierzig Programme (d.h. 20 Gene mit je zwei Allelen) könnten 1.000.000 Arten erzeugen). Der Begriff der präexistenten genetischen Programme ist gleichbedeutend mit dem der „standing variation“ (nach BRAWAND et al. 2014) und mit dem der „alten genetischen Varianten“ (JIGGINS 2014). Mit allen drei Begriffen wird zum Ausdruck gebracht, dass die Information für die Variation, welche adaptive Radiationen antreiben, bereits existiert.

Das Gegenstück zur *cis-Evolution* ist die **trans-Evolution**, die für unbekannte Mechanismen steht, welche die Entwicklung von Familien über ihre Grenzen hinaus ermöglichen würden. In der Vergangenheit sollte es diese Art von Evolution einem gemeinsamen Vorfahren ermöglicht haben, separate genetische Familien entstehen zu lassen. Ein Ur-Fleischfresser hätte sowohl Katzen als auch Hunde hervorgebracht, und ein Ur-Unpaarhufer hätte Pferde, Tapire und Nashörner entstehen lassen. Was für eine Art von Mechanismus könnte eine *trans-Evolution* möglich machen? Mendel glaubte nicht, dass ein solcher Mechanismus existiert. Als er die



Abb. 8 Aus der Felsentaube (links) wurde im Laufe weniger hundert Jahre eine Reihe von z. T. skurrilen Formen gezüchtet. (Zeichnung: Lotti HALLER; AUS JUNKER & SCHERER 2013)

Anpassung von Pflanzen an neue Umgebungen schilderte, schrieb er: „... nichts berechtigt uns zu der Annahme, dass die Neigung zur Varietätenbildung so ausserordentlich gesteigert werde, dass die Arten bald alle Selbstständigkeit verlieren und ihre Nachkommen in einer endlosen Reihe höchst veränderlicher Formen auseinander gehen.“ Offensichtlich waren WALLACE (1858) und DARWIN (1959) anderer Meinung, obwohl keiner von beiden eine schlüssige Erklärung für *trans*-Evolution liefern konnte.

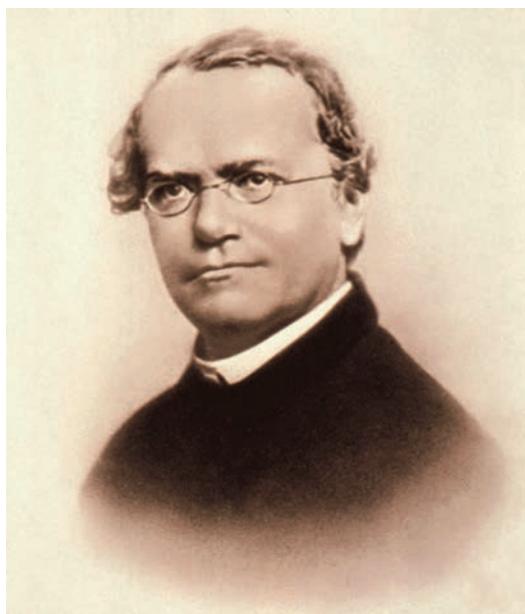
Der meiotische Mechanismus nach Mendel erklärt die *cis*-Evolution, aber nicht die *trans*-Evolution. Deren zweifelhafter „Erfüllungsgelhilfe“, die Mutation, verursacht zwar einige *cis*-evolutionäre Variationen, die überwiegend zum Verlust oder zu Beeinträchtigung oder Dysregulation biologischer Funktionen führen. Mutationen können jedoch keine Artbildungsereignisse erklären, für welche ja umfangreiche phänotypische Änderungen notwendig sind. Zahllose Experimente mit Mutagenen bestätigen die beträchtlichen schädlichen Veränderungen, die durch Mutationen verursacht werden.

Wallace und Darwin erkannten, dass Arten Varietäten hervorbringen können, welche wiederum neue Arten entstehen lassen können. Sie irrten sich aber, indem sie diese Erkenntnisse übermäßig extrapolierten und annahmen, die biologische Veränderung habe keine Grenzen.

Das wäre aber eine notwendige Voraussetzung für die *trans*-Evolution, wenn sie einen einzigen Stammbaum des Lebens hervorbringen soll. Mendel zeigte, dass neue biologische Vielfalt aus latenter Merkmalsinformation entsteht, die auf dem Repertoire der präexisten-ten Allele basiert, und dass die evolutionäre Veränderung sich im Wesentlichen darauf beschränkt. Nach allem, was man beobachten kann, ist das Leben ein Wald mit vielen Bäumen. Dadurch erklärt sich, dass in Lehrbüchern über die Evolution viele gute Beispiele zur *cis*-Evolution gebracht werden, aber nur bloße Spekulationen über die Mechanismen der *trans*-Evolution zu finden sind. Da *cis*-Evolution auf der Rekombination alternativer Merkmale (präexistente genetische Programme) basiert, ist die logische Erwartung, dass zahlreiche, völlig funktionale alternative Arten auftreten werden. Dasselbe kann für die *trans*-Evolution *nicht* gesagt werden, da sie auf vielfachen Mutationsereignissen basiert und die logische Erwartung wäre, dass eine Fülle von dysfunktionalen Phänotypen auftritt. Dagegen sind präexistente genetische Programme eine Grundlage für die reiche Vielfalt des Lebens. Ihre ursprüngliche Quelle kann am ehesten als die Aktivität eines allwissenden Schöpfers verstanden werden (teleologisches bzw. Design-Argument).

In Lehrbüchern gibt es viele gute Beispiele zur *cis*-Evolution, aber nur bloße Spekulationen über die Mechanismen der *trans*-Evolution.

Abb. 9 Gregor Johann MENDEL (1822–1884), der Vater der modernen Genetik, war in der Frage nach der Quelle der Vielfalt innerhalb genetischer Familien auf der richtigen Spur. (Mit freundlicher Genehmigung der Abtei St. Thomas, Brno)



Das phänotypische Potenzial der Organismen ist enorm. Mendel hat uns gezeigt, wie man dieses Potenzial anzapfen kann. In der Vergangenheit zähmte der Mensch den Grauwolf, *Canis lupus*, und selektierte Hunderte von Hunderassen mit ihrem gewaltigen Spektrum an Phänotypen. Der Mensch nahm den einfachen Acker-Senf, *Brassica oleracea*, und gewann durch künstliche Selektion daraus Blumenkohl, Kopfkohl, Brokkoli, Grünkohl, Rosenkohl, Blattkohl und Kohlrabi. Darwin nahm die Taube, *Columbia livia*, und züchtete daraus eine Anzahl von neuen Rassen (vgl. Abb. 8). Das beschrieb er als „Variieren der Thiere und Pflanzen im Zustande der Domestikation“ (DARWIN 1859, Kapitel 1). Rosengimpel

tauchten in Hawaii auf und brachten die herrlich vielfältigen Kleidervögel hervor (s. Introbild S. 78). Zwei Vorläufer (kleine krautige Korbblütler, sogenannte „Tarweeds“) der auf Hawaii heimischen Silberschwert-Allianz gelangten aus Kalifornien auf die Hawaii-Inseln und brachten dort äußerst vielfältige Formen hervor. Buntbarsche gelangten in die großen Seen Afrikas und es entstanden daraus Hunderte von neuen Fischarten.

Mendel zeigte, dass latente Information in den Genomen der Organismen gespeichert ist, und er zeigte auch, wie auf diese Information zugegriffen und wie sie ausgeprägt wird. Seine Forschungsergebnisse lassen uns viel besser verstehen, was Arten und genetische Familien sind, und auch, warum die Definition von Arten seit jeher so außergewöhnlich schwierig ist. Familien haben eine gemeinsame Genetik und dieselben Gene, jedoch verschiedene Allele derselben. Das ermöglicht Hybridbildung aus verschiedenen Arten innerhalb von Familien – trotz der vielen Mechanismen, die zur Förderung der Fortpflanzungsisolierung eingerichtet sind. Die Fortpflanzungsisolierung ist aber entscheidend, weil sie die Ausprägung und Fixierung rezessiver oder hypostatischer Information ermöglicht. Das fördert phänotypische Vielfalt, die sonst durch die Hybridisierung und Mischerbigkeit unterdrückt würde. Die unterschiedlichen Allele gemeinsamer Gene bieten ein großes Potenzial phänotypischer Vielfalt. Sie ermöglichen es einer genetischen Familie, sich durch adaptive Radiation zu einer Überfülle an Arten zu entwickeln. Diese nicht auf Mutationen beruhende Form der Artbildung ist das Erbe Mendels, die Frucht seines Gesetzes der exponentiellen Kombinationen von Merkmalsausprägungen. Seine Versuche über Pflanzenhybriden führten zu umfangreichen und bedeutsamen Erkenntnissen in der Genetik und insbesondere „Über die Entstehung der Arten“.

Danksagung: Dies ist der dritte Teil eines anspruchsvollen Manuskripts. Es ist angebracht, Dr. Reinhard JUNKER für die wunderbare Arbeit, die er als Herausgeber geleistet hat, zu danken, und sie lobend zu erwähnen. Alle drei Beiträge haben von seinem Wissen und seinen Anregungen stark profitiert. Seine Gaben schätze ich sehr und sie ehren den Schöpfer.

Literatur

- ALBERTSON RC, MARKERT JA, DANLEY PD & KOCHER (1999) Phylogeny of a rapidly evolving clade: The cichlid fishes of Lake Malawi, East Africa. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 96, 5107–5110.
- BARRIER M, BALDWIN BG, ROBICHAUX RH & PURUGGANAN MD (1999) Interspecific hybrid ancestry of a plant adaptive radiation: allopolyploidy of the Hawaiian silver-sword alliance (Asteraceae) inferred from floral homeotic gene duplication. *Mol. Biol. Evol.* 16, 1105–1113.
- BERNER D & SALZBURGER W (2015) The genomics of organismal diversification illuminated by adaptive radiations. *Trends Genet.* 31, 491–499.
- BRAWAND D, WAGNER CE et al. (2014) The genomic substrate for adaptive radiation in African cichlid fish. *Nature* 513, 375–381.
- BURI P (1956) Gene frequency drift in small populations of mutant *Drosophila*. *Evolution* 10, 367–402.
- CARLQUIST S, BALDWIN BG & CARR GD (2003) Tarweeds and Silverswords. Missouri Bot. Garden Press, St. Louis.
- CARSON HL (1983) Chromosomal sequences and inter-island colonizations in Hawaiian *Drosophila*. *Genetics* 103, 465–482.
- CROMPTON NEA (2018) Die genetische Familie der Halio-tidae – Hybridisierung, Fortpflanzungsisolierung und sympatrische Artbildung. http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-18-2_haliotidae.pdf
- CROMPTON NEA (2020) Die Paradiesvögel, ihre Hybriden und die Rolle der sexuellen Selektion. <https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-20-3-paradiesvoegel.pdf>
- 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.
- EDWARDS KA, DOESCHER LT, KANESHIRO KY & YAMAMOTO D (2007) A database of wing diversity in the Hawaiian *Drosophila*. *PLoS ONE* 2:e487
- GONZÁLEZ RIGA BJ et al. (2016) A gigantic new dinosaur from Argentina and the evolution of the sauropod hind foot. *Sci. Rep.* 6:19165, doi:10.1038/srep19165.
- JIGGINS CG (2014) Radiating genomes. *Nature* 513, 318–319.
- JOYCE DA, LUNT DH, BILLS R, TURNER GF, KATONGO C, DUFTNER N, STURMBAUER C & SEEHAUSEN O (2005) An extant cichlid fish radiation emerged in an extinct Pleistocene lake. *Nature* 435, 90–94.
- JUNKER R & SCHERER S (Hg, 2013) Evolution – ein kritisches Lehrbuch: Gießen, 7. Auflage.
- MEIER JI, MARQUES DA, MWAIKO S, WAGNER CE, EXCOFFIER L & SEEHAUSEN O (2017) Ancient hybridization fuels rapid cichlid fish adaptive radiations. *Nat. Comm.* 8:14363.
- NOOR MAF, GRAMS KL, BERTUCCI LA & REILAND J (2001) Chromosomal inversions and the reproductive isolation of species. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 98, 12084–12088.
- PENDRAGON B & WINKLER N (2011) The family of cats: delineation of the feline basic type. *J. Creation* 25, 118–124.
- PENNISI E (2018) Hybrids spawned Lake Victoria's rich fish diversity. *Science* 361, 539.
- SALZBURGER W & MEYER A (2004) The species flocks of East African cichlid fishes: recent advances in molecular phylogenetics and population genetics. *Naturwiss.* 91, 277–290.
- SEEHAUSEN O & VAN ALPHEN JJM (1998) The effect of male coloration on female mate choice in closely related Lake Victoria cichlids (*Haplochromis nyererei* complex) *Behav. Ecol. Sociobiol.* 42, 1–8.
- SCHERER S (1993) Basic types of life. In: SCHERER S (Hg) Typen des Lebens, Pascal Verl. Berlin, S. 11–30.
- STIASSNY MLJ & MEYER A (1999) Cichlids of the Rift Lakes. *Sci. Am.* 280, 64–69.
- SWANSON WJ & VACQUIER VD (2002) The rapid evolution of reproductive proteins. *Nature Rev. Genet.* 3, 137–144.
- VERHEYEN E, SALZBURGER W, SNOEKS J & MEYER A (2003) Origin of the superflock of cichlid fishes from Lake Victoria, East Africa. *Science* 300, 325–329.
- WALLACE AR (1858) On the tendency of varieties to depart indefinitely from the original type. *The Ternate Essay. J. Proc. Linnean Soc.* 3, 53–62.
- WOLFE DE, TAKEBAYASHI N & RIESEBERG LH (2001) Predicting the risk of extinction through hybridization. *Conservation Biol.* 15, 1039–1053.

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

De novo – Gene aus dem Nichts?

Interpretationsfehler oder komplexes Genom?

Über 150 Jahre lang betrachteten Biologen die Evolution als einen eher konservativen Prozess: Gene sollten durch Genverdopplung und Abwandlung der Duplikate entstehen. Neue Daten zwingen die Wissenschaftler nun zum Umdenken: Ein Großteil der Gene scheint einfach so zu entstehen, ohne evolutionäre Vorschichte, gleichsam aus dem Nichts – *de novo*. Eine unerwartete Quelle von genetischer Information liegt in den scheinbar unnützen Regionen, die lange Zeit als „Müllhalde“ gedeutet wurden. Vieles spricht dafür, dass potenziell funktionelle Sequenzen bereits im Genom vorhanden sind und nur darauf warten, aktiviert zu werden.

Peter Borger

Was ist ein Gen?

Ein Gen ist die grundlegende physische und funktionelle Einheit der Vererbung. Die Gene aller Lebewesen bestehen aus DNA und enthalten die notwendige Information, dass molekulare Strukturen erzeugt und diese so vernetzt werden können, dass sie funktionelle Leistungen erbringen können. In den letzten Jahrzehnten hat man erkannt, dass es bezüglich ihrer Funktion zwei grundsätzlich verschiedene Gene gibt (Abb. 1). 1. RNA-Gene: Diese Gene codieren für regulatorische RNA-Moleküle wie z.B. long non-coding RNA* (kurz: lncRNA) oder microRNA* (kurz: miRNA).

2. Protein-Gene: Diese Gene codieren für Proteine. Beide Arten von Genen haben gemeinsam, dass sie, um exprimiert* (ausgeprägt) zu werden, in RNA umgeschrieben werden müssen (Transkription*). Danach können die Produkte eines RNA-Gens weiter verarbeitet werden, aber es wird nicht in Protein übersetzt. Die Funktion liegt im RNA-Molekül selbst. Dagegen wird das RNA-Molekül (die Messenger-RNA; kurz mRNA) eines Protein-Gens in eine Aminosäuresequenz translatiert (übersetzt), die sich dann zu einem Protein faltet. Sowohl Transkription als auch Translation* werden durch zusätzliche spezifische DNA-Sequenzen gesteuert, die in das Gen eingebettet sind. Ein Gen ist somit die Sum-

me aller DNA-Sequenzen, die zur Expression* und Regulation der codierten funktionellen Information benötigt werden. Beim Menschen variieren die Gene in ihrer Größe von einigen hundert bis zu mehr als 2 Millionen DNA-Basen. Im Juli 2020 berichtete das ENCODE-Konsortium, eine internationale Gruppe von Genom-Forschern, dass die Zahl der im menschlichen Genom vorhandenen proteincodierenden Gene etwas mehr als 20 000 und die Zahl der RNA-Gene etwa 37 000 beträgt (ENCODE Consortium 2020). Von letzteren sind schätzungsweise 16 000 lncRNA-Gene.

Genexpression: Codes für Transkription und Translation

Um die Information eines Gens in RNA oder Protein zu exprimieren*, sind regulatorische DNA-Sequenzen erforderlich, die ähnlich wie ein Schalter funktionieren. Sie befinden sich in Bereichen, die man heute als nicht-codierende DNA bezeichnet. Verschiedene Arten von regulatorischen Elementen werden dabei unterschieden, wie z.B. *Promoter**, *Enhancer**, und *Silencer** (Abb. 2). Der Promoter befindet sich typischerweise direkt vor dem codierenden Teil des Gens. Promoter bestehen aus einer Abfolge von Andockstellen für RNA-Polymerase* und Transkriptionsfaktoren*. Die RNA-Polymerase ist das Protein, mit dessen Hilfe die DNA in RNA umgeschrieben wird. Um die genaue Stelle zu finden, an der dieser Prozess der Transkription beginnt, müssen mehrere Transkriptionsfaktoren, welche die Bindung der RNA-Polymerase an die DNA unterstützen, zuerst an die DNA binden. Zusammen bilden sie eine Art Startplattform für die RNA-Polymerase. Die Andockstellen für die Transkriptionsfaktoren selber bestehen aus kurzen DNA-Abschnitten von 5–20 Nukleotiden oder mehr, wobei die genaue DNA-Sequenz ihre Spezifität bestimmt (d.h. welche Transkriptionsfaktoren andocken können). Es wurde festgestellt, dass im Durchschnitt 7,4 unterschiedliche Andockstellen in einem bestimmten Promoter von menschlichen Genen vorhanden sind (O'MICKS 2016).

Die am besten charakterisierten Promoter-Sequenzen, die unabhängig oder synergistisch funktionieren können, sind das TATA-Element (25 bp (Basenpaare) der Transkriptionsstartstelle mit der Sequenz TATAa/tAa/t vorgeschaltet) und ein T- und C-reiches* Initiatorelement an der Startstelle der RNA-Polymerase (Abb. 3). Dieser Promoter stellt das Haupt-DNA-Ziel für die Polymerase II dar, und die genaue Initiierung der Transkription hängt von der Komplexbildung der Polymerase II mit fünf zusätzlichen

Kompakt

Die Entstehung neuartiger genetischer Information (neuer Gene) soll nach gängiger Erklärung das Ergebnis eines langen Prozesses sein, der mit einer Genduplikation startet. Anschließend soll eines der Duplikate (oder beide) durch Mutation und Selektion verändert worden sein. Während dieser Mechanismus immer noch als die vorherrschende Triebfeder der Evolution des Erbguts angesehen wird, zeigen neue Daten in eine andere Richtung: Eine große Anzahl von Genen scheint ohne evolutionäre Vorgeschichte, sozusagen aus dem Nichts – *de novo* – entstanden zu sein. Eine unerwartete Quelle genetischer Information liegt in den scheinbar nutzlosen Regionen, die lange Zeit als „Müllhalden“ („junk yards“) der Evolution interpretiert wurden. Zufällige DNA-Sequenzen zwischen funktionalen Genen sollen sich durch geringfügige Änderungen in einer Weise ändern, dass sich die codierten Aminosäureabfolgen zu Proteinen falten können. Die Wahrscheinlichkeit, dass in einer Population von zufällig generierten Sequenzen funktionale Information vorhanden ist, ist jedoch extrem gering. Ausgehend also von nichtfunktionalen (bzw. potenziell funktionalen) Sequenzen, die über Millionen von Jahren nicht exprimiert wurden, sollen dennoch funktionale Gene entstehen. Ein solches Szenario ist jedoch eher unrealistisch und wäre aus evolutionärer Sicht rätselhaft. Denn potenziell funktionale DNA-Abschnitte müssen mit regulatorischen Sequenzen verknüpft werden, damit sie exprimiert und damit genutzt werden können. Dieser Schritt ist sehr groß und daher eine Hürde, die nicht durch zufällige genetische Veränderungen genommen werden kann; er erfordert Voraussicht und Planung. Vieles deutet darauf hin, dass potenziell funktionelle Sequenzen bereits im Genom vorhanden sind und nur darauf warten, aktiviert zu werden. Die neuen Beobachtungen an *de-novo*-Genen implizieren, dass die Genome höherer Organismen für schnelle Veränderungen und Anpassungen ausgelegt zu sein scheinen.

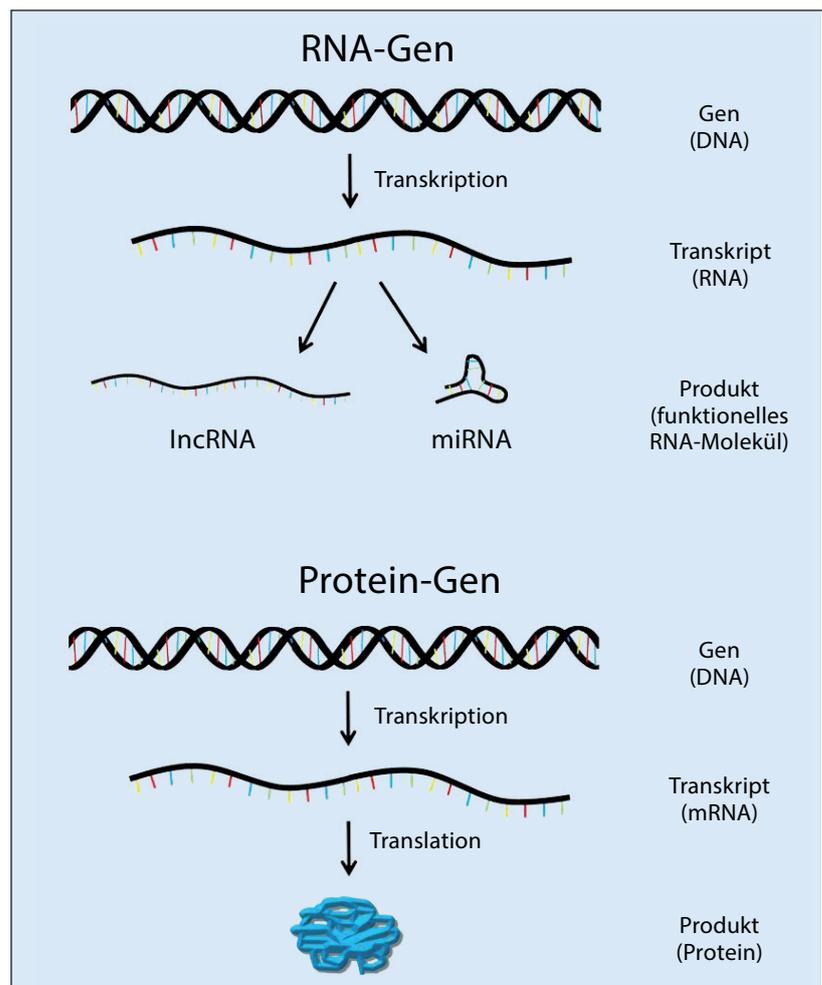


Abb. 1 In den Genomen aller Eukaryoten existieren zwei grundsätzlich verschiedene Gene, RNA-Gene und Protein-Gene. Oben: RNA-Gene werden in ein primäres RNA-Transkript umgeschrieben (Transkription), das dann zu funktionsfähigen RNA-Molekülen verarbeitet werden kann. Gegenwärtig sind mehr als ein Dutzend verschiedene Arten funktioneller RNA-Moleküle beschrieben worden, darunter long non-coding RNA (lncRNA; lange Stücke nicht-codierender RNA) und MikroRNA (miRNA). Unten: Protein-Gene werden in ein RNA-Transkript (mRNA) umgeschrieben, das dann weiter bearbeitet und in ein funktionelles Protein übersetzt wird (Translation).

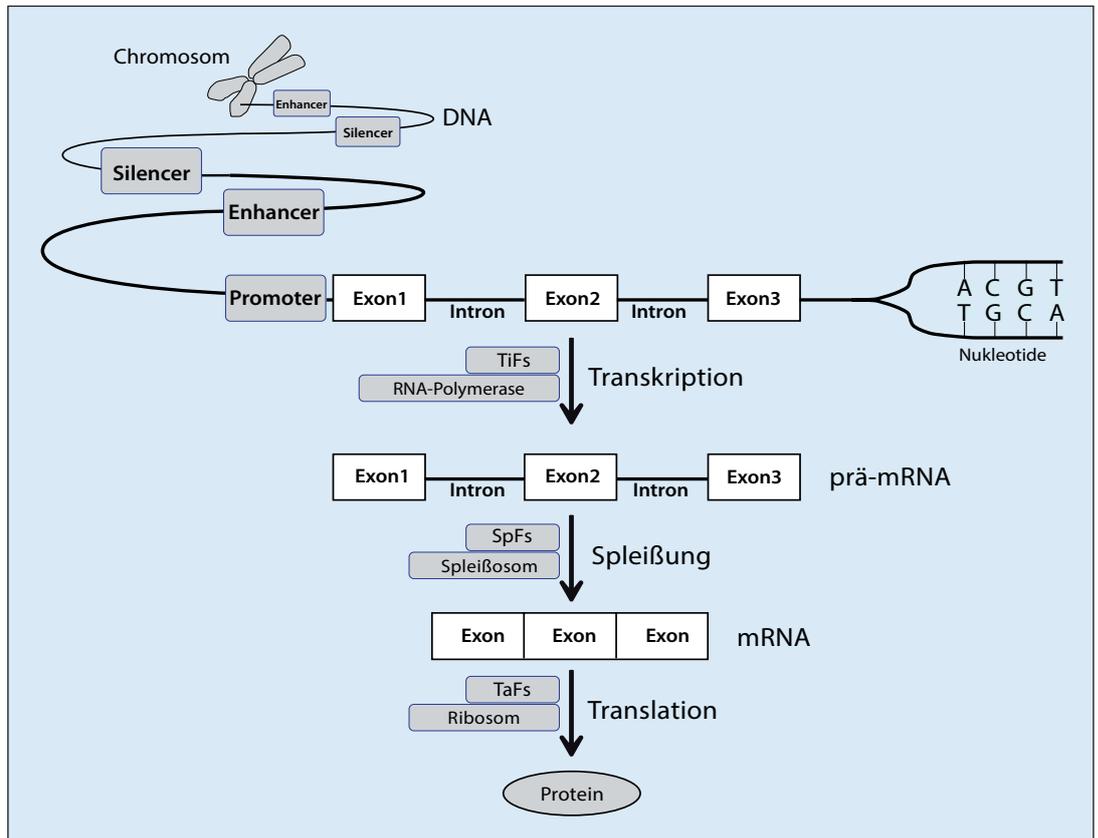


Abb. 2 Die biologische Information, die in der Reihenfolge der Nukleotide (A, T, C, G) der DNA codiert ist, befindet sich auf den Chromosomen, die die Gene enthalten. In höheren Organismen sind Gene aus Exons und Introns zusammengesetzt. Exons enthalten den Funktionscode, während Introns bei der Transkription (Umschreibung) herausgeschnitten werden. Die Transkription des Gens wird vom Promoter, oft in Zusammenhang mit sog. Enhancern und Silencern, initiiert und gesteuert. Enhancer und Silencer haben verstärkende bzw. abschwächende Wirkung auf die Transkription. Durch Kombination verschiedener Exons können ausgehend vom selben Gen unterschiedliche Proteine gebildet werden. Die Transformation der Information in der DNA zur Herstellung von Proteinen erfolgt in mehreren Schritten. Zunächst bereiten Transkriptionsfaktoren (TiFs), die an Promoter- und/oder Enhancer-Sequenzen binden, die Abstimmung auf die RNA-Polymerase vor. Die RNA-Polymerase (TiFs) ist das Enzym, das das Gen in ein Prä-Messenger-RNA (prä-mRNA)-Molekül transkribiert. Anschließend werden die Introns durch Enzyme, die als Spleißfaktoren (SpFs) bezeichnet werden, herausgeschnitten, was zur Bildung der reifen Boten-RNA (mRNA) führt, die nur die Transkripte der Exons enthält. Im letzten Schritt wird die mRNA in ein Protein übersetzt, was von den Ribosomen und Translationsfaktoren (TaFs) durchgeführt wird.

Mit Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Transkriptionsfaktoren* (IID, IIB, IIF, IIE und IIH) ab (NIKOLOV 1997).

Enhancer kann man als Fern-Promoter betrachten. Sie befinden sich auf dem DNA-Strang vor oder nach dem codierenden Teil des Gens, das sie kontrollieren, meistens weit entfernt davon (nicht selten mehrere 100 000 bp vom Gen entfernt). Durch die räumliche Anordnung der DNA im Chromatin* kommen die Enhancer-Sequenzen der codierenden Sequenz

sehr nahe. Sie bieten Bindungsstellen für Proteine, die bereits erwähnten Transkriptionsfaktoren, die bei der Aktivierung der Transkription helfen.

Silencer bieten Bindungsstellen für Proteine, die die Transkription unterdrücken. Wie Enhancer können Silencer vor oder nach dem Gen, das sie kontrollieren, gefunden werden und können sich in einiger Entfernung des Gens auf dem DNA-Strang befinden.

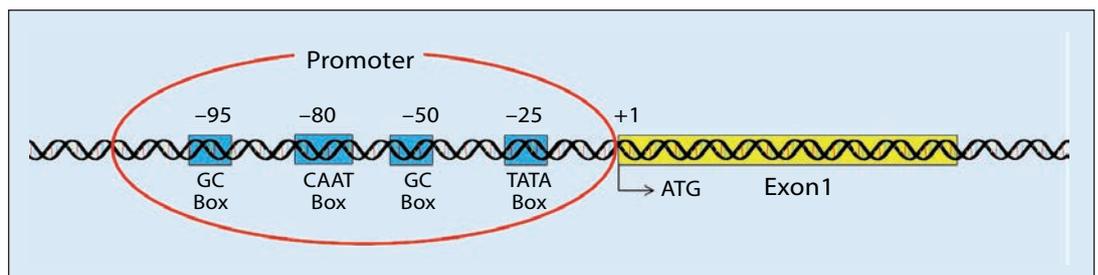


Abb. 3 Ein typischer eukaryotischer Promoter besteht aus einer TATA-Box, einer oder mehreren GC-Boxen und einer CAAT-Box. Die TATA-Box befindet sich 25–30 Basenpaare vor dem Startcodon (ATG) im ersten codierenden Teil des Gens (Exon1). Sie wird durch den Transkriptionsfaktor TFIID gebunden und bestimmt die genaue Startstelle für den RNA-Polymerase-Proteinkomplex (vgl. Abb. 2). Die GC- und die CAAT-Box werden durch den Transkriptionsfaktor* SP1 (Spezifitätsfaktor 1) bzw. CAAT-Box Transkriptionsfaktor (CBTF) gebunden, die der RNA-Polymerase helfen, die Transkription zu initiieren. Im Durchschnitt enthält ein menschlicher Promoter 7 solcher Transkriptionsfaktor-Bindungssequenzen („Box“).

Den Prozess, bei dem ein mRNA-Molekül in ein Protein übersetzt wird, bezeichnet man als Translation. Es erfordert einen speziellen Code im korrekten genetischen Kontext, der auch als Kozak-Sequenz bekannt ist (Abb. 4). Bei Wirbeltieren ist die Kozak-Sequenz die Basenabfolge GCCRCCAUGG, wobei das **AUG** das Startcodon ist (KOZAK 1999). Das **R** bedeutet, dass an dieser Stelle immer eine Purin-Base* (Adenin oder Guanin) sitzt. Die Kozak-Sequenz, die in allen Stämmen des Lebens einzigartig ist, wird von den Ribosomen erkannt und diese binden daran, so dass die mRNA in Protein übersetzt werden kann. Bei Prokaryoten (Bakterien und Archaeobakterien) übernimmt die nicht-verwandte Shine-Dalgarno-Sequenz die Funktion der Kozak-Sequenz (KOZAK 1999).

Ein Gen gleicht einem kleinen Set codierender Inseln in einem Ozean von regulatorischen Modulen.

Diese Erkenntnisse haben weitreichende Konsequenzen für das Genkonzept im 21. Jahrhundert. Bildlich gesprochen gleicht ein Gen einem kleinen Set codierender Inseln (sog. Exonen) in einem Ozean von Regulationscodes (oder: regulatorischen Modulen). Der regulatorische Teil eines Gens geht weit über den codierenden Teil hinaus, und regulatorische Module können Hunderttausende von Nukleotiden von der codierenden Region entfernt sein (FAULKNER 2009). Hinzu kommt, dass ein großer Teil der Regulierungssequenzen in transponierbaren und transponierten Elementen zu finden ist, also in Bereichen, die innerhalb des Genoms verschoben werden können. Diese genetischen Elemente, die früher zur sogenannten „Junk-DNA“ gerechnet wurden, machen den größten Teil der Enhancer aus und liefern alle funktionellen Sequenzen, die zur Initiierung der Genexpression benötigt werden (FAULKNER 2009; NIKITIN 2019).

Woher stammen neue Gene?

Die Entstehung neuer Gene wird als wichtigster Motor evolutionärer Innovationen angesehen. Die allgemeine Vorstellung ist, dass viele neue Gene durch Genverdopplung entstanden sind und dann eine Diversifizierung erfahren haben, um neue Funktionen zu erhalten. Man ging also stets davon aus, dass neue Gene entstehen, wenn vorhandene Gene sich zufällig verdoppeln, mit anderen vermischen oder mutieren. So hatte Susumo OHNO (1999) in einer richtungweisenden Arbeit der siebziger Jahre, *Evolution by gene duplication*, die Auffassung vertreten: „Im strengen Sinne wird in der Evolution nichts *de novo* geschaffen.“

Glossar

Alpha-helix (-helices): Häufige Ausprägung der → Sekundärstruktur eines Proteins, ähnlich einer Wendeltreppe.

Aminosäure: Baustein eines Proteins.

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

Chromatin: das Material, aus dem Chromosomen bestehen. Es ist ein Komplex aus DNA und speziellen Proteinen, meist → Histonen.

Coiled-coil: Strukturmotiv in Proteinen, bei dem 2 bis 7 → Alpha-Helices wie die Stränge eines Seils zusammengerollt sind.

CpG-Insel: DNA-Sequenzen von etwa 1.000 Nukleotiden, besonders reich an Cytosin und Guanin. Als epigenetische Schalter steuern sie Genexpressionsprogramme.

(Gen-)Expression: Ablesung, Nutzung eines Gens.

Genom: das gesamte Erbgut einer Art

Histone: DNA-bindende Proteine

Long non-coding-RNA: RNA-Moleküle, die nicht wie die mRNA in eine Proteinsequenz umgebaut werden und eine Länge von über 200 → Nukleotiden aufweisen. Sie haben bestimmte biologische Funktionen, meistens als Regulatormoleküle der → Genexpression.

messenger-RNA (mRNA): RNA, die bei der → Transkription gebildet wird.

MikroRNA: RNA-Moleküle, die nicht wie die → mRNA in eine Proteinsequenz umgebaut werden und eine Länge von etwa 20 Nukleotiden aufweisen. Sie

funktionieren als Regulatormoleküle der → Genexpression.

Orphan-Gen: Gen ohne nachweisbare Homologe in anderen Abstammungslinien.

Peptid: kleines Protein

Promoter: Nukleotid-Sequenz, die die regulierte → Genexpression ermöglicht.

Polypeptid: Kette von Aminosäuren ohne biologische Funktion.

Protein: Kette von Aminosäuren mit biologischer Funktion

Purin-Base: Ein → Nukleotid besteht unter anderem aus einer chemischen Verbindung, die als Base bezeichnet wird. Diese Base definiert die Eigenschaften der vier DNA-Buchstaben. Zwei davon sind Purinbasen (Adenin und Guanin), die beiden anderen Pyrimidinbasen (Cytosin und Thymin).

Nukleotide: Bausteine der DNA (Adenin, Cytosin, Guanin, Thymin)

Sekundärstruktur: Regelmäßige lokale Strukturelemente von Makromolekülen.

Taxon: Einheit in der Systematik der Biologie, der entsprechend bestimmter Kriterien eine Gruppe von Lebewesen zugeordnet wird.

Transkription, transkribieren: Übersetzung (Umschreibung) von DNA in (messenger-) RNA

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

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

Translation: Übersetzung von → messenger-RNA in ein Protein.

Eine große Überraschung der modernen Genomforschung ist jedoch die Beobachtung der sog. taxonomisch eingeschränkten Gene (engl: *taxonomically restricted genes*). Auch bekannt als Orphan-Gene* unterscheiden sie sich von anderen Genen darin, dass sie einzigartig in einem sehr engen Taxon*, in der Regel nur in einer Familie, angetroffen werden. Wissenschaftler entdeckten beispielsweise mehr als 28.000 Gene, die für Ameisen einzigartig sind und bei anderen Insekten nicht vorkommen (SIMOLA 2013). Ebenso werden die Tintenfisch-Genome* durch Hunderte von Tintenfisch-spezifischen Genen charakterisiert (ALBERTIN 2015). Die Genome der Singvögel besitzen einzigartige genetische Information, die für den Bau der Syrinx, dem Stimmkropf, genutzt werden.

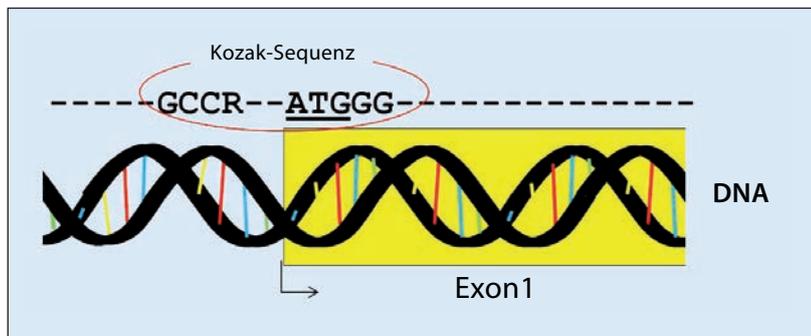


Abb. 4 Kozak-Sequenz, wie sie bei Wirbeltieren in der DNA gefunden wird. Sie findet sich unmittelbar um das Startcodon herum. Das R bedeutet, dass an dieser Stelle immer eine Purin-Base* (Adenin oder Guanin) sitzt. Die Kozak-Sequenz, die in allen Stämmen des Lebens einzigartig ist, wird von den Ribosomen erkannt und diese binden daran, so dass die mRNA in Protein übersetzt werden kann.

Auch das Genom des Menschen enthält einzigartige Gene. So wurden in einer 2009 publizierten Studie 15 Gene gefunden, die nur bei Primaten, einschließlich des Menschen, vorkommen (TOLL-RIERA 2009). Zwei Jahre später wurden 60 einzigartige Gene für den Menschen gemeldet (WU 2011). Im Jahr 2015 war die Zahl der bekannten menschen-spezifischen Gene auf 634 angestiegen (RUIZ-ORERA 2015). In allen bis dato sequenzierten Genomen machen Orphan-Gene etwa 10–30% der identifizierten Gene aus. Neue Gene und damit neue genetische Information scheinen also plötzlich aufzutreten. Dieses plötzliche Auftreten und die funktionale Komplexität und die Integration in das Genom sprechen deutlich gegen eine schrittweise Entstehung. Diese Erkenntnis erfordert ein Umdenken: es scheint die Möglichkeit einer *de-novo*-Genevolution zu geben.

„Die Evolution kann durchaus etwas aus dem Nichts schaffen“ (Adam Levy).

Erst zu Beginn unseres Jahrhunderts waren Wissenschaftler in der Lage, ganze Genome eng verwandter Organismen zu vergleichen. Dies führte zu der Erkenntnis, dass Gene nicht nur plötzlich verschwinden können, sondern wie erwähnt überraschenderweise auch neu erscheinen. Während das Verschwinden von Genen vergleichsweise leicht als Verlust erklärt werden kann, erfordert das plötzliche Auftauchen neuer funktioneller Gene, bei denen eine schrittweise Entstehung nicht nachvollziehbar ist, eine plausible Erklärung.¹ *De-novo*-Gene veranlassen Evolutionsbiologen, die konventionelle evolutionäre Sichtweise einer Genduplikation zu überdenken. *De-novo*-Gene, die scheinbar aus dem Nichts entstanden sind, passen nicht in das etablierte Konzept. Heute sind Evolutionstheoretiker der Meinung, dass die *De-novo*-Genevolution ein recht verbreiteter Mechanismus sei: Einige Studien legen nahe, dass mindestens ein Zehntel der Gene auf diese Weise entstanden ist. Manche schätzen sogar, dass mehr Gene *de novo* entstanden sind als durch Genduplikation. „Die Evolution kann durchaus etwas aus dem Nichts schaffen“, schreibt LEVY (2019).

De-novo-Gene

Natürlich geht man nicht davon aus, dass Gene wirklich aus dem Nichts entstehen. Die Idee ist vielmehr: Orphan-Gene könnten aus Nukleotidsequenzen der DNA entstanden sein, die zuvor funktionslos waren (sog. „nicht-codierende DNA-Sequenzen“). Das ist mit *de-novo*-Genen gemeint. Theoretisch ist es einfach, ein RNA-Gen (wie z.B. ein lncRNA, s.o.) aus nicht-codierenden DNA-Sequenzen herzustellen, da aus jeder transkribierten DNA-Sequenz ein RNA-Molekül produziert werden kann. Dennoch benötigen die meisten lncRNAs den gleichen Transkriptionscode (s.o.) wie protein-codierende Gene und viele bestehen wie diese ebenfalls aus Exon-Inseln in einem Gen-Umfeld von Regulationssequenzen.

Es ist ebenso zu beachten, dass jede beliebige DNA-Sequenz in eine Abfolge von Aminosäuren (ein Polypeptid*) übersetzt werden kann. Dies liegt daran, dass jede Dreierfolge von DNA-Basen (Tripletts aus drei Nukleotiden*) für die Proteinsynthese von Bedeutung ist. Die meisten der 64 Tripletts codieren für eine Aminosäure, während drei Tripletts bestimmen, wo die Proteinsynthese endet. Eine DNA-Sequenz, die potenziell in ein Protein übersetzt werden kann, hat Start- und Stopp-Tripletts und wird als Open Reading Frame (ORF) bezeichnet. In allen untersuchten Genomen gibt es solche ORFs, die, wenn sie die entsprechenden o.g. Transkriptions- und Übersetzungs-codes enthalten, ein Polypeptid produzieren könnten. Die Expression eines ORF erfordert jedoch auch die Existenz von regulatorischen Sequenzen vor der Stelle, an der die Transkription* startet. Diese Sequenzen werden zur Steuerung des An- und Ausschaltens von Genen benötigt (s.o.). Es bräuchte zumindest eine Promotersequenz*, um die Proteine zu binden, die die mRNA-Synthese ermöglichen. Es ist aber sehr schwierig, einen funktionsfähigen Promoter von Grund auf zu evolvieren. Für das Auftreten einer einzigen Mutation an einer bestimmten Position in einem Gen zur Bildung einer neuen funktionellen Stelle wären Millionen von Jahren erforderlich (DURETT 2008). Der entscheidende Punkt ist, dass irgendwelche DNA-Stücke an sich „nichts wert“ sind, sondern immer auch exprimierbar und regulierbar sein müssen. Dafür brauchen sie eine vorgeschaltete Promoter-Region, über die die Transkription und Translation der Gene durch Transkriptionsfaktoren ein- und ausgeschaltet werden. Dennoch fanden RUIZ-ORERA et al. (2015) heraus, dass die Tausenden von Transkripten, die sie als *de-novo*-Gene identifizierten, viele Transkriptionsfaktor-Bindungsstellen in ihren Promotern enthielten. Wie sind sie entstanden? Wie entstanden voll funktionsfähige Gene aus

zuvor funktionslosen Sequenzen? Woher stammen die Regulationssequenzen in den menschlichen Genen?

Wie oben beschrieben, erfordert die Übersetzung einer DNA-Sequenz in ein RNA-Molekül einen Promoter mit Andockstellen für RNA-Polymerase und Transkriptionsfaktoren. Evolutionsbiologen vermuten, dass vereinzelte Andockstellen häufig durch Mutationen in nicht-codierenden DNA-Sequenzen entstehen können (TAUTZ 2011). Computersimulationen zeigen, dass zufällige Mutationen durchaus eine regulatorische Sequenz von 5 Nukleotiden erzeugen können. Mit zunehmender Länge wird die Entstehung von regulatorischen Sequenzen immer schwieriger: Eine aus 10 Nukleotiden bestehende Sequenz kommt zufällig nur noch einmal in einem Abschnitt von 1 Milliarde Nukleotiden vor. Die zufällige Konstruktion eines Promoters mit mehreren regulatorischen Sequenzen sprengt die Grenzen des Möglichen (O'MICKS 2012).

Außerdem darf man von einzelnen Andockstellen nicht erwarten, dass sie direkt zur Transkription führen. Zumindest bei Eukaryonten erfordert eine aktive regulatorische Region in der Regel mehrere Bindungsstellen innerhalb eines Promoters und ein offenes, zugängliches Chromatin*, was in Kombination extrem selten auftreten dürfte. Zusammengenommen sind sowohl der ORF als auch seine regulatorischen Sequenzen für die *de-novo*-Entstehung eines Gens grundlegend notwendig. Im richtigen Kontext bildet die Gesamtheit dieser DNA-Elemente den so genannten Regulationscode. Genau einen solchen Code muss das *de-novo*-Gen erwerben, um das Gen in das Genom so zu integrieren, dass es rechtzeitig, zellspezifisch und in der erforderlichen Menge exprimiert werden kann.

Theoretisch können *de-novo*-Gene durch Mutationen in den Fällen entstehen, in denen die DNA umgelagert wird, ein Vorgang, der durch Deletionen (Verlust) und Einfügungen von Transposons induziert werden kann. Denn Transposons enthalten die notwendigen Expressionscodes bereits (BORGER 2009). Zudem ermöglichen Transposons, dass die DNA für Transkriptionsfaktoren* zugänglich wird (JACHOWICZ 2017). Im evolutionären Kontext wird also der Regulationscode des Transposons für die Genexpression kooptiert (übernommen).

Viele *de-novo*-Gene codieren jedoch nicht für Proteine, sondern für die oben genannte lncRNA*, also für regulatorische Moleküle, die nicht in Proteine übersetzt werden und daher keine Translationscodes benötigen. Theoretisch könnten daher lncRNA-Gene in nur wenigen Schritten entstehen. Tatsächlich wird fast das ganze Genom in lncRNA abgeschrieben (The ENCODE Project Consortium 2007).

Bei codierten Proteinen ist ein zusätzliches Problem seine Funktionalität. Das Protein muss im 3-dimensionalen Raum so gefaltet werden, dass funktionelle Domänen wie z.B. *Alpha-helices** und *Coiled-coils** entstehen. Solche Strukturen bilden sich nur bei ganz bestimmten Mustern in der DNA-Sequenz. Die Wahrscheinlichkeit, dass in einer Population von zufällig generierten Sequenzen funktionale Information vorhanden ist, ist extrem gering. Kurze funktionelle Sequenzen von 50 Nukleotiden können in einem Pool von zufälligen Sequenzen mit einer Häufigkeit von nur einem pro 10 Milliarden gefunden werden. Funktionelle Sequenzen von 75 Nukleotiden gibt es nur noch einmal pro 1000 Milliarden (SZOSTAK 2003). Tatsächlich besteht eine umgekehrte Beziehung zwischen Länge und Häufigkeit der Funktionalität (GRAZIANO 2008).

Eine Forschungsarbeit der Gruppe um Diethard TAUTZ vom Max-Planck-Institut für Evolutionsforschung in Plön stellt dieses Ergebnis in Frage. Sie generierten zufällige DNA-Sequenzen und brachten sie in Bakterien ein. Die Forscher zeigten, dass etwa die Hälfte dieser DNA-Sequenzen das Wachstum von Bakterien verlangsamt, während etwa ein Viertel das Wachstum beschleunigt², was darauf hindeutet, dass fast alle Zufallssequenzen funktionsfähig sind (NEME 2017). Die Daten waren jedoch nicht reproduzierbar (KNOPP 2018).

Genes-in-Waiting – auf Funktion wartende Protogene?

Die ersten *de-novo*-Gene wurden 2006 und 2007 in *Drosophila* beschrieben. Sie wurden in den Hoden und den Samenflüssigkeitsdrüsen exprimiert und sind an der Fortpflanzung der Männchen beteiligt. Im Jahr 2009 berichtete die Gruppe um den Evolutionsbiologen Diethard TAUTZ die Neuentstehung eines lncRNA-Gens*, später *Pldi* genannt, das in mehreren Mäuse-Arten exprimiert wird. Bis zu 80% der DNA-Sequenz des *Pldi* Gens findet man auch im Genom des Menschen, das Gen wird hier jedoch nicht exprimiert (TAUTZ 2009). Auf dem komplementären (gegenüberliegenden) DNA-Strang von *Pldi* befindet sich ein weiteres *de-novo*-Gen, die lncRNA Ak158810, die sich teilweise mit dem *pldi*-Gen überschneidet. Wie die o.g. *de-novo*-Gene bei *Drosophila* werden diese beiden *de-novo*-Gene in den Hoden exprimiert. Eine eingehende Analyse identifizierte verschiedene Bestandteile, darunter transponierbare Elemente (TE)*, die zur Bildung der beiden Gene beitragen – die etwa zur gleichen Zeit entstanden sein müssen (DAI 2015).

Mit Hilfe der modernsten RNA-Sequenzierungstechniken entdeckten RUIZ-ORERA und Mitarbeiter Tausende von jeweils einzigartigen RNA-Transkripten in Mäusen, Makaken, Schimpansen und Menschen (RUIZ-ORERA 2015). Sie identifizierten 634 humanspezifische Gene, 780 schimpansenspezifische Gene und 1300 für Hominoiden spezifische Gene, d. h. Gene, die sowohl beim Menschen als auch beim Schimpansen, nicht aber bei Mäusen und Makaken vorkommen. Insgesamt wurden somit 2714 potenzielle *de-novo*-Gene gefunden. Sie waren bisher unbemerkt geblieben, weil etwa die Hälfte von ihnen kürzer als bereits annotierte* Gene sind und nur in wenigen Zelltypen und Geweben exprimiert werden. Beim Menschen codieren die meisten der 634 *de-novo*-Gene für lncRNA-Moleküle mit unbekannter Funktion. Von 23 dieser Gene wurde gezeigt, dass sie in Proteine übersetzt und spezifisch in Herz, Gehirn oder Hoden exprimiert werden.

Weitere Analysen zeigten, dass diese Gene durch Regulator Factor X (RFX)-Transkriptionsfaktoren* angetrieben werden, die X-Box-Promoter-Motive von 14 Nukleotiden erkennen (Konsens-Sequenz: GTNRCCNNNRG AAC)*. Motive dieser Länge sind durch zufällige Mutationen sehr schwer zu konstruieren. In einer zufälligen DNA-Sequenz, die so lang ist wie

Wenn Gene wirklich auf etwas warten, was steckt dann dahinter?

das gesamte menschliche Genom (3 Milliarden Nukleotide), würde man nicht mehr als ein solches Motiv erwarten (O'MICKS 2016). Außerdem belegt ihre kontrollierte und organspezifische Expression, dass die *de-novo*-Gene gut in das Genom des Menschen integriert sind. Letzteres kann mit dem Vorhandensein vieler TE zusammenhängen, die organspezifisch die Expression dieser Gene regulieren können (PEHRSON 2019). Die Wahrscheinlichkeit, dass 23 *de-novo*-Gene zugleich auch das gesamte Spektrum der zuvor beschriebenen regulatorischen Elemente und Transkriptions- und Translationscodes zufällig erworben haben, ist verschwindend klein. Dennoch werden im nicht-codierenden Teil des Genoms des Makaken ähnliche, aber nicht-funktionale DNA-Sequenzen beobachtet (RUIZ-ORERA 2015). Dies ist der Grund weshalb sie als „Genes-in-Waiting“ („wartende Gene“) interpretiert werden (LEVY 2019). Diese Tatsachen, die man aus statistischen Gründen nicht erwarten würde, bedürfen einer Erklärung. Wenn Gene wirklich auf etwas warten, was steckt dann hinter diesem Warten?

Speicher von neuen Genen?

Der in der Wissenschaftszeitschrift *Nature* beschriebene „Schrottplatz“ (junkyard) für Zufallssequenzen“ hat bei näherer Betrachtung eine *potenzielle* biologische Funktion: als Speicher von neuen Genen (LEVY 2009). Dies muss den säkularen Wissenschaftler eigentlich sehr überraschen, denn eine potenzielle Funktion ist auf Zukunft gerichtet. Der anerkannte Evolutionsprozess kennt jedoch keine Zukunfts- und Zielorientierung (Teleologie). Im 21. Jahrhundert kristallisiert sich ein ganz neues Bild von den Genomen der Lebewesen heraus: Genome weisen Mechanismen auf, um Variation zu erzeugen und latente (verborgene, bereits angelegte) Information abzurufen. Genome sind nicht, wie bis vor Kurzem angenommen, statische Informationsspeicher, sondern sie sind hochdynamisch und in ständiger Veränderung begriffen. Sie können mit superdynamischen Rechnern verglichen werden, die mit sofortigen Anpassungen auf Veränderungen reagieren können, ja, diese sogar antizipieren. In Genomen, die so konzipiert sind, dass sie in der Lage sind, Variation zu erzeugen, können sich wahrscheinlich auch leicht „neue“ Gene bilden. Diese Gene sind also nicht wirklich neu, sondern werden von einem latenten, nicht-funktionalen Zustand in einen funktionalen Zustand überführt.

Auf diese Weise können Anpassung und biologischer Wandel – sogar Artbildung – einfach auf Merkmale des Genoms von Grundtypen zurückgehen, die es erlauben, neue Varietäten und Arten hervorzubringen. „Genes-in-waiting“ klingt allerdings wie bereits angesprochen nach Voraussicht, und ihre Programmierung passt eher zu einem Schöpfungskonzept (s. u.) als zu einem blinden Zufall. Sie sind ein klares Indiz dafür, dass in den Genomen der Lebewesen potenziell funktionelle Sequenzen bereits angelegt sind, die nur drauf warten, „geweckt“ zu werden. Wenn sich diese Sicht bewahrheitet, würde die Wirkung der Selektion lediglich auf Feinabstimmung reduziert. Oder, wie der britische Genetiker und Erfinder des Rekombinations-Quadrats, Reginald PUNNETT, vor etwa 100 Jahren notierte: „Wenn es sich herausstellen würde, dass Variation im Voraus bestimmt wird, wenn es sich herausstellen würde, dass Variation Regulierung unterliegt, dann wird die Bedeutung der natürlichen Auslese zu Null reduziert“ (zit. nach DAVISON 2005).

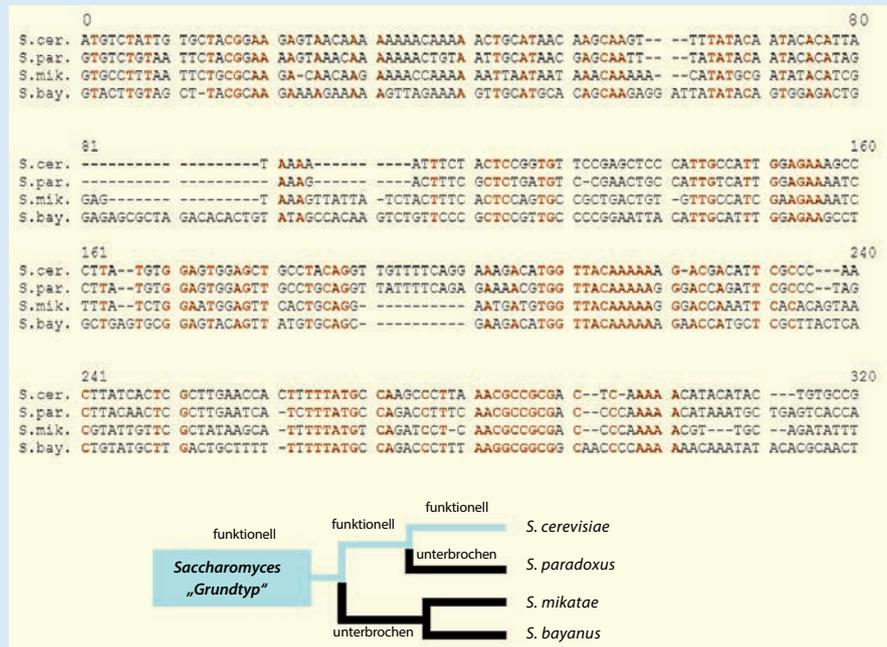
Orphan-Gene, die keine Homologie mit anderen Genen aufweisen, kommen in allen Genomen vor und sind Kandidaten für *de-novo*-Gene. Die Entstehung von Orphan-Genen ermöglicht schnelle Artbildung, da sie neue Funktionen bereitstellen, die für Anpassungen bestimmter Abstammungslinien relevant werden

De-novo-Gen als Interpretationsfehler?

CAI et al. (2008) beschrieben eine *de-novo*-Evolution des Gens BSC4-Gen bei *Saccharomyces cerevisiae* (Bäckerhefe). Das funktionelle BSC4-Gen, das für 132 Aminosäuren codiert, kommt nur im Genom von *S. cerevisiae* vor, wobei Fragmente des Gens auch bei *S. paradoxus*, *S. mikatae* und *S. bayanus* gefunden werden. Anhand dieser Fragmente wurde ein evolutionärer Algorithmus aufgestellt, wie das BSC4-Gen schrittweise *de novo* entstanden sein könnte (Abb., oben). Beweist dies eine *de-novo*-Genevolution? Bei genauerer Betrachtung erweist sich dieses Beispiel als bloßer degenerativer Prozess, bei dem ein funktionelles Gen bei *S. paradoxus*, *S. mikatae* und *S. bayanus* unterbrochen und fragmentiert wurde, während es bei *S. cerevisiae* erhalten blieb. Das BSC4-Gen codiert für ein Protein, das an der DNA-Reparatur beteiligt ist; ein ausgeklügelter und integrierter Mechanismus, an dem Dutzende von überlappenden und daher redundanten Systemen beteiligt sind. In redundanten Systemen ist der selektive Druck auf einzelne Gene jedoch sehr schwach, wodurch sie leicht zerfallen können. Man kann sich vorstellen, dass wegen eines fehlenden Selektionsdrucks das

BSC4-Gen in 3 von 4 Hefespezies zerfiel (Abb., unten). Die *de-novo*-Genevolution des BSC4-Gens ist also auf einen Interpretationsfehler

zurückzuführen. Inwieweit dies auch für andere in das Genom integrierte *de-novo*-Gene gilt, ist unbekannt und bedarf weiterer Forschung.



können (TAUTZ 2011). Organismen müssen sich anpassen, wenn sich die Umgebung ändert oder wenn sie neue Lebensräume besiedeln. Diese Anpassungsfähigkeit ist gut dokumentiert, und Darwins Theorie zufolge übernimmt die natürliche Selektion hier eine wichtige Rolle. Dies gilt in den Augen der Evolutionstheoretiker auch für *de-novo*-Gene: „Wissenschaftler gingen lange Zeit davon aus, dass neue Gene entstehen, wenn die Evolution an alten Genen herumbastelt. Es stellt sich heraus, dass die natürliche Auslese viel kreativer ist“, wird in einer Zusammenfassung in einem aktuellen *Nature*-Artikel behauptet (LEVY 2019). Die meisten *de-novo*-Gene zeigen jedoch wenige Hinweise auf Selektion. Nicht umsonst werden sie als „Protogene“ bezeichnet, als Gene, die darauf warten, geweckt zu werden (CARVUNIS 2012; s.o.).

Die Idee, dass alle Merkmale von Organismen das Ergebnis eines langwierigen und graduellen Selektionsprozesses auf der Basis einer natürlichen Variation sind, finden wir schon bei Charles Darwin. Als ein Mann des 19. Jahrhunderts konnte er den zugrunde liegenden Ursprung der Variation nicht, und er betrachtete Variation als Ergebnis von blindem Zufall (DARWIN 1871). Für die Vorstellung, dass ein blinder Vorgang plus Selektion neue genetische Information hervorbringen kann, gibt es allerdings keine Belege. Natürliche Selektion bedeutet einfach nur unterschiedlichen Fortpflanzungserfolg. Dabei werden keine DNA-Sequenzen konstruiert, sondern solche Sequenzen beibehalten, die

dem Organismus einen Fortpflanzungsvorteil verschaffen. Bevor Selektion stattfinden kann, muss die DNA-Sequenz schon vorhanden sein. Organismen können nicht darauf warten, dass die richtigen Mutationen zufällig auftreten; sie wären lange vorher bereits ausgestorben.

Schöpfungsindiz?

Eine auf der Hand liegende Erklärung für „*genes-in-waiting*“ wäre, dass die Regionen des Genoms, die zwischen den (bekannten) Genen liegen, mit *potenziell* nützlichen DNA-Sequenzen gefüllt worden sind. Wenn dies zuträfe, wäre es ein klares Indiz für Voraussicht – und somit für Design. Denn nur denkende und handelnde Personen können zielorientiert vorgehen und für zukünftige Bedürfnisse planen. Tatsächlich codieren die meisten *de-novo*-Gene für Proteine,

Bestimmte Regionen des Genoms könnten mit potenziell nützlichen DNA-Sequenzen gefüllt worden sein.

die eine *alpha-helix* bilden und *coiled-coil*-Motive besitzen (ARAVIND et al. 2006). Wäre das Genom ein Produkt von zufälligen evolutionären Prozessen, könnte man nicht erwarten, dass zufällig generierte DNA-Sequenzen funktionelle Proteinstrukturen erzeugen würden. Schon gar nicht wäre zu erwarten, dass das sogar häufig

der Fall ist. Es ist daher sehr unwahrscheinlich, dass die nicht-codierenden DNA-Sequenzen, die zu codierenden werden können und somit neue funktionale Proteine produzieren sollen, zuvor völlig zufällige Anordnungen von Nucleotiden waren. In Anbetracht dessen, was wir derzeit über die Genexpression wissen, würden bisher bekannte, rein natürliche Mechanismen, die nur auf Zufall und Naturgesetzen beruhen, nicht funktionieren, um neue Gene zu erzeugen. Mit eingebauten *potenziell* funktionellen Genen scheint das Genom jedoch so angelegt zu sein, dass Variation, Veränderung und die Entstehung neuer Arten vorprogrammiert sind.

Anmerkungen

- 1 Die Orphan-Gene sprechen klar gegen die Idee einer gemeinsamen Abstammung. Da jedoch alle Merkmale von Organismen als eine Kombination aus gemeinsamer Abstammung plus Veränderung interpretiert werden können, ist die Evolutionstheorie gleichsam gerettet. Einerseits werden Merkmale, die zwei verschiedene Organismen gemeinsam haben, als Beweis für eine gemeinsame Abstammung interpretiert. Zum anderen werden einzigartige Merkmale, die gegen gemeinsame Abstammung sprechen, als Veränderungen interpretiert – und als solche werden sie auch als Beleg für Evolution gewertet. Mit anderen Worten, es spielt hier keine Rolle, was wir beobachten: Evolution ist immer wahr.
- 2 Die Wachstumsrate eines Bakteriums sagt allerdings nichts über die Funktionalität eines Proteins aus. Vielmehr wechselwirken solche Sequenzen mit genetischen Netzwerken, die für Wachstum verantwortlich sind, und stören diese.
- 3 Aus der Sicht der Redundanz kann das BSC4-Gen aus dem Genom der Bäckerhefe entfernt werden, ohne größere Probleme zu verursachen.

Quellen

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

ARAVIND L, IYER LM & KOONIN EV (2006) Comparative genomics and structural biology of the molecular innovations of eukaryotes. *Curr. Opin. Struct. Biol.* 16, 409–419.

BORGER P (2009) Darwin Revisted – or how to understand biology in the 21st century. Scholars' Press.

CARVUNIS A-R, ROLLAND T, WAPINSKI I, CALDERWOOD MA, YILDIRIM MA et al. (2012) Proto-genes and de novo gene birth. *Nature* 487, 370–374.

DAI Y, LI S, DONG X et al. (2013) The *de novo* sequence origin of two long non-coding genes from an inter-genic region. *BMC Genomics* 14(Suppl 8), S6.

DARWIN C (1871) Die Abstammung des Menschen und die geschlechtliche Zuchtwahl (engl.: The Descent of Man, and Selection in Relation to Sex). John Murray, UK.

DAVISON JA (2015) A Prescribed Evolutionary Hypothesis. *Riv. Biol.* 98, 155–165.

DURETT R & SCHMIDT D (2008) Waiting for two mutations: with applications to regulatory sequence evolution

and the limits of Darwinian evolution. *Genetics* 180, 1501–1509.

The ENCODE Project Consortium (2007) Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project. *Nature* 447, 799–816.

The ENCODE Project Consortium (2020) Perspectives on ENCODE. *Nature* 583, 693–698.

FAULKNER GJ et al. (2009) The regulated retrotransposon transcriptome of mammalian cells. *Nature Genetics* 41, 563–571.

GRAZIANO JJ, WENSHE L, PERERA R, GEIERSTANGER BH, LESLEY SA & SCHULTZ PG (2008) Selecting folded proteins from a library of secondary structural elements. *J. Am. Chem. Soc.* 130, 176–185.

JACHOWICZ JW, BING X, PONTABRY J, BOŠKOVIC A, RANDO OJ & TORRES-PADILLA M-E (2017) LINE-1 activation after fertilization regulates global chromatin accessibility in the early mouse embryo. *Nature Genetics* 49, 1502–1510.

SZOSTAK JW (2003) Functional information: Molecular messages *Nature* 423, 689.

KNOPP M & ANDERSSON DI (2018) No beneficial fitness effects of random peptides. *Nature Ecol. Evol.* 2, 1046–1047.

KOZAK M (1999) Initiation of translation in prokaryotes and eukaryotes. *Gene* 234, 187–208.

LEVY A (2019) Genes from the junkyard. *Nature* 574, 314–316.

NEME R, AMADOR C, YILDIRIM B, MCCONNELL E & TAUTZ D (2017) Random sequences are an abundant source of bioactive RNAs or peptides. *Nature Ecol. Evol.* 1:0127.

NIKITIN D, GARAZHA A, SOROKIN M, PENZAR D, TKACHEV V, MARKOV A, GAIFULLIN N, BORGER P, POLTORAK A, BUZDIN A (2019) Retroelement-linked transcription factor binding patterns point to quickly developing molecular pathways in human evolution. *Cells* 8, pii: E130.

NIKOLOV DB, BURLEY SK (1997) RNA polymerase II transcription initiation: A structural view. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 94, 15–22.

OHNO S (1970) Evolution by gene duplication. Springer.

O'MICKS J (2016) Promoter evolution is impossible by random mutations. *J. Creat.* 30, 60–66.

PEHRSSON EC, CHOUDHARY MNK, SUNDARAM V & WANG T (2019) The epigenomic landscape of transposable elements across normal human development and anatomy. *Nature Commun.* 10:5640.

REINHARDT JA, WANJIRU BM, BRANT AT, SAELAO P, BEGUN DJ & JONES CD (2013) *De novo* ORFs in *Drosophila* are important to organismal fitness and evolved rapidly from previously non-coding sequences. *PLoS Genet.* 9(10):e1003860.

RUIZ-ORERA J, HERNANDEZ-RODRIGUEZ J, CHIVA C, SABIDÓ E, KONDOVA I, BONTROP R, MARQUÉS-BONET T & ALBÀ MM (2015) Origins of de novo genes in human and chimpanzee. *PLoS Genet* 11(12):e1005721.

SIMOLA DF et al. (2013) Social insect genomes exhibit dramatic evolution in gene composition and regulation while preserving regulatory features linked to sociality. *Genome Research* 23, 1235–1247.

TAUTZ D & DOMAZET-LOŠO T (2011) The evolutionary origin of orphan genes. *Nat. Rev. Genet.* 12, 692–702.

TRUMAN R (2011) The proportion of polypeptide chains which generate native folds – part 3: Reusing existing secondary structures. *J. Creat.* 25, 102–105.

TOLL-RIERA M, BOSCH N, BELLORA N, CASTELO R, ARMENGOL L, ESTIVILL X & ALBÀ MM (2009) Origin of Primate orphan genes: A comparative genomics approach. *Mol. Biol. Evol.* 26, 603–612.

WU DD, IRWIN DM & ZHANG YP (2011) *De novo* origin of human protein-coding genes. *PLoS Genet.* 7: e1002379.

Anschrift des Verfassers:

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



El cóndor pasa

Fast jeder kennt die Panflöten-Melodie El Cóndor Pasa, die ursprünglich den majestätischen Andenvogel besang, bevor Simon und Garfunkel den Text populär veränderten und die Melodie weltweit bekannt machten. Neue Untersuchungen zum Flugverhalten des Andenkondors legen nahe, dass der Kondor, der im Liedtitel vorbeifliegt, dabei wahrscheinlich nicht mit den Flügeln schlägt.

Hans-Bertram Braun

Als Modell-Segelflugzeugbauer und -flieger bewundert man die Fähigkeit von Raubvögeln, Thermik zu finden und sich darin in die Höhe zu schrauben. Man versucht den fliegenden Aufwind-Pfadfindern so gut es geht zu folgen, um einen möglichst langen Segelflug hinzulegen. In unseren Breiten können wir uns dabei leider nicht vom unangefochtenen Meister in der Kunst des Segelflugs führen lassen, vom Andenkondor (*Vultur gryphus*). Mit bis zu mehr als drei Metern Flügelspannweite ist er der größte derzeit lebende Greifvogel der Erde, er gehört zu den Geiern und ist über fast die gesamte Länge der Anden verbreitet.

Andenkondor: Hocheffizienter Flug

Britische Forscher (WILLIAMS et al. 2020) haben in Zusammenarbeit mit dem Radolfzeller Max-Planck-Institut für Verhaltensforschung und Kollegen vor Ort in Argentinien mit moderner Technik das Flugverhalten des Andenkondors erforscht. Sie stattenen über mehrere Jahre acht

Jungvögel mit GPS-, Luftdruck-, Beschleunigungs- und Magnetfeld-Sensoren aus, die es ihnen erlaubten, nicht nur Aufenthaltsort und -höhe zu verfolgen, sondern auch zu bestimmen, ob die Vögel mit den Flügeln schlagen oder einfach nur gleiten oder ruhen. Die Sensoren wurden den Vögeln mit Klebeband auf dem Rücken befestigt und nach einer definierten Zeit automatisch wieder gelöst.

Die Daten belegten, dass der Andenkondor der wahrscheinlich am effizientesten fliegende Vogel ist. Nur 1% der Flugzeit verbrachten die Kondore mit energieaufwändigem Flügelschlagen, 99% der Flugzeit dagegen verbrachten sie mit Gleitflug, entweder beim Steigflug im Hangaufwind und beim Kreisen in Thermik-Aufwinden oder im Gleiten zwischen Aufstiegszonen. Fast der gesamte Energieaufwand wurde beim Start verbraucht. Der Anteil an Flügelschlagen am Ende von längeren Gleitflügen, um zum nächsten Thermikfeld oder zum nächsten Hangaufwind zu gelangen, war vergleichsweise gering. Rekordhalter war ein Kondor, der während fünf Stunden nicht ein einziges Mal mit den

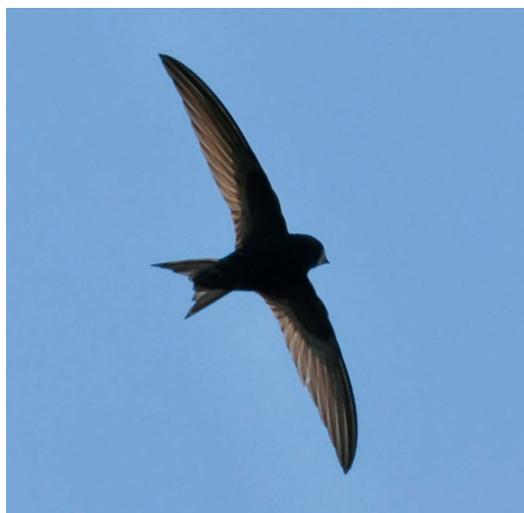
Abb. 1 Der majestätische Andenkondor (*Vultur gryphus*). (Foto: pixabay, jmartizo)

Flügeln schlug und in dieser Zeit eine Strecke von 172 Kilometern zurücklegte! Und dabei handelte es sich bei den untersuchten Vögeln nur um Jungvögel. Man kann davon ausgehen, dass erfahrenere Vögel noch effizienter gleiten. Es ist bekannt dass Andenkondore weite Ausflüge bis an die Pazifikküste unternehmen, um sich an Wal- und Robbenkadavern den Bauch voll zu schlagen. Die beobachteten Vögel allerdings machten ihre Kadaver-Suchausflüge nur in flachere Gegenden in der Nähe der Anden, in denen Viehhaltung betrieben wird.

Argentavis: Sieben Meter Flügelspannweite

Nun sind Andenkondore schon beeindruckende Vögel, mit ihren drei Metern Spannweite und bis zu 15 Kilogramm Gewicht. Man hat in Argentinien aber auch Fossilien des prähistorischen *Argentavis magnificens*, einem Raubvogel aus dem oberen Miozän gefunden, der mit sieben Metern (!) Flügelspannweite und einem geschätzten Gewicht von 70 Kilogramm rekonstruiert wurde (CHATTERJEE 2007)! Er war eindeutig flugfähig, was man an Merkmalen wie etwa hohlen Knochen erkennen kann. Man kann davon ausgehen, dass dieser Vogel mindestens so effizient flog wie der Andenkondor, denn längerer Flügelschlagflug mit solch gewaltigen Schwingen muss sehr energieaufwändig sein. Theoretische Berechnungen sprechen gegen die Fähigkeit zu einem direkten Start. Man nimmt daher an, dass *Argentavis* entweder unelegant hangabwärts Anlauf nahm, ähnlich wie Albatrosse, oder von hohen Klippen startete. Dabei sollte man allerdings bedenken, dass die Schöpfung schon öfter theoretische Annahmen falsifiziert hat. Wenn Vögel dermaßen groß werden konnten, waren sie sicher auch zu effizienten Starts unter den meisten Gegebenheiten fähig. Denn kein Start heißt: kein Überleben. Von Versuchen mit an verschiedenen Stellen

Abb. 2 Mauersegler (*Apus apus*). (Foto: Paweł KUCNIAR, CC BY-SA 3.0)



„Warum“-Fragen sind schwer zu beantworten, vor allem unter Maßgabe von „Zufall und Notwendigkeit“.

ausgelegten Tierkadavern weiß man allerdings auch, dass Andenkondore nicht an allen Stellen landen, weil sie sich am Boden in Gefahr befinden und der Start nach einer üppigen Mahlzeit natürlich noch schwieriger wird.

Aber auch Richtung unteres Ende des Zollstocks gibt es Segel-Extremisten: Mauersegler tragen die Flugart im Namen, wir sehen sie in halbsbrecherischem Tempo über unseren Häusern und in unseren Scheunen herumkurven. Allerdings können sie, da sie relativ klein sind, mit weniger Energieaufwand auch mit den Flügeln schlagen und sind deshalb weniger auf Thermik angewiesen. Mauersegler bringen fast ihr gesamtes Zugvogel-Leben in der Luft zu (HEDENSTRÖM 2016), allein zum Brüten begeben sie sich auf „festen“ Grund. Auf ihren Wanderzügen in den Süden und zurück zu uns und selbst bei der Überwinterung in Afrika (zusammen ca. 10 Monate) bringen sie praktisch die gesamte Zeit, einschließlich der Nächte, im Flug zu. Weniger als 1% der Überwinterungszeit befinden sie sich nicht in der Luft!

Müssen die Kondore so groß sein?

Die breite Vielfalt in der Schöpfung ist immer wieder erstaunlich, so auch hier bei dieser Auswahl an segelnden Vögeln. Wie oben gezeigt existieren manche Lebewesen unter extremen Bedingungen oder legen extreme Verhaltensweisen an den Tag. Daneben leben dann aber auch „Otto Normalverbraucher“ wie etwa Spatzen oder Bussarde genauso erfolgreich, ohne gefährlichen Weg ins Winterquartier und ohne extreme Segelkünste. Musste *Argentavis* so riesig werden um überleben zu können? Könnten sich Mauersegler nicht, wie andere Vögel auch, mal nachts in Hecken ausruhen, ohne gleich auszusterben? Solche „Warum“-Fragen sind, wie so oft, schwer zu beantworten, vor allem unter Maßgabe von „Zufall und Notwendigkeit“. Aber schon allein das „Wie“ kann für uns überaus faszinierend sein.

Literatur

WILLIAMS HJ et al. (2020) Physical limits of flight performance in the heaviest soaring bird, *Proc. Natl. Acad. Sci.* 117, 17884–17890.
 CHATTERJEE S et al. (2007) The aerodynamics of *Argentavis*, the world's largest flying bird from the Miocene of Argentina. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 12398–12403.
 HEDENSTRÖM A et al. (2016) Annual 10-month aerial life phase in the common swift *Apus apus*. *Curr. Biol.* 26, 3066–3070.



Foto: Regine THOLEN

Hummeln lösen Blütenbildung aus

Wenn für Hummeln im Frühjahr das Pollenangebot zu knapp ist, wissen sie sich zu helfen. Sie können durch Bisse in Blätter manche Pflanzenarten dazu anregen, die Blühzeit um einige Wochen vorzulegen. Es handelt sich um ein erstaunliches Beispiel von Plastizität bei Insekt und Pflanze, also die anspruchsvolle Fähigkeit, passend auf Umweltreize reagieren zu können.

Reinhard Junker

Plastizität: eine anspruchsvolle Fähigkeit

Ein faszinierendes Kennzeichen von Lebewesen ist ihre Fähigkeit, auf Umweltreize durch angepasste Veränderungen im Körperbau, in der Physiologie oder im Verhalten reagieren zu können. Diese Fähigkeit, flexibel zu reagieren, wird als Plastizität bezeichnet. Man versteht darunter die Eigenschaft eines bestimmten Genotyps, *mehrere Phänotypen in Abhängigkeit von veränderlichen Umweltbedingungen oder als Reaktion auf Umwelt-signale* hervorzubringen. Der Genotyp ist die Summe aller Erbfaktoren (das gesamte Erbgut), der Phänotyp das Erscheinungsbild im weitesten Sinne, also nicht nur Körperbau und Anatomie, sondern auch Physiologie und Verhalten. Bekannte Beispiele plastischer Reaktionen beim Menschen sind die Verdickung der Hornhaut bei mechanischer Beanspruchung (z.B. beim Barfußgehen oder beim Spielen eines Saiten-instruments) oder die Erhöhung der Anzahl der roten Blutkörperchen in Abhängigkeit vom

Sauerstoffangebot der Umgebung (Luftdruck bzw. Sauerstoffgehalt der Atmosphäre).

Plastische Reaktionen erfordern eine anspruchsvolle Programmierung. Denn bei einem plastischen Merkmal wird nicht ein fixer „Bau-plan“ umgesetzt, so dass eine ganz bestimmte Form erzeugt wird (wie in der Technik), sondern es handelt sich um eine *variable Programmierung*, die mit einem Regelkreis verglichen werden kann. Für eine plastische Reaktion sind nämlich drei Faktoren unverzichtbar: 1. Die Messung bzw. Erfassung eines Reizes und damit die Feststellung des Istzustandes, 2. Vergleich von Istzustand und Sollzustand, 3. Entsprechend angepasste Reaktion bei einem zu großen Unterschied zwischen Ist- und Sollzustand. Außerdem muss auch der Sollzustand irgendwie festgelegt worden sein. Man kann hier beispielsweise an einen Thermostat denken oder das oben genannte Beispiel heranziehen: Ist die Hornhaut für eine neue mechanische Beanspruchung (Reizaufnahme) zu dünn (Vergleich von Istzustand mit Sollzustand), werden Prozesse in Gang gesetzt, die zu einer



Abb. 1 Hummel in Aktion.
(Foto: Winfried BORLINGHAUS)

Verdickung der Hornhaut führen (angepasste Reaktion). WHITMAN & AGRAWAL (2009, 20) stellen zum erforderlichen Aufwand bei plastischen Reaktionen fest: „Zwischen der Reizaufnahme und der Ausprägung des Phänotyps können *Dutzende von Schritten* liegen, die durch *Hunderte von Genen* und zahllose Umweltfaktoren und physiologische Faktoren beeinflusst werden“ (Hervorhebung hinzugefügt).

Strategie der Hummeln

Von einem erstaunlichen Beispiel eines plastischen Verhaltens berichteten kürzlich Forscher um Foteini PASHALIDOU von der Eidgenössischen Technische Hochschule Zürich. Sie stellten fest, dass Hummeln (*Bombus terrestris*) eine Handhabe besitzen, Pflanzen zum Blühen zu bringen, um dadurch früher an Pollennahrung zu gelangen (PASHALIDOU et al. 2020). Hintergrund dieser Fähigkeit ist die Tatsache, dass bei vielen Pflanzenarten die Blühzeit durch die Tageslänge bestimmt wird, während die Aktivitäten der Hummeln durch die Lufttemperatur beeinflusst werden. Beides stimmt aber nicht immer zusammen, und durch den Klimawandel gehen beide Parameter noch häufiger auseinander als früher. Das kann dazu führen, dass die Hummeln im zeitigen Frühjahr noch nicht genügend Blüten vorfinden.

Doch die Hummeln wissen sich zu helfen, wenn das Nahrungsangebot der Blüten knapp ist. Sie stechen mit ihren Mandibeln (Mundwerkzeugen) kleine Löcher in die Blätter blütenloser Pflanzen. Dabei nehmen sie jedoch keine Pflanzenstoffe aus den Blättern auf, sondern sie regen dadurch die Pflanzen zur Blütenbildung an. (Dies

geschieht oft auch dann, wenn Trockenheit oder mechanische Schäden die Pflanzen bedrohen und diese dann rasch die Blütenbildung hochfahren, um noch rechtzeitig Samen produzieren zu können.) Durch vergleichende Experimente konnten die Forscher nachweisen, dass Tomatpflanzen, die von den Hummeln durch Bisse in die Blätter traktiert worden waren, bis zu dreißig Tage früher blühten als Kontroll-Exemplare ohne den Kontakt mit den Insekten. Bei ähnlich behandelten Senfpflanzen konnte die Blühzeit um gut zwei Wochen vorverlegt werden. Und die Hummeln attackierten die Blätter ihrer potenziellen Nahrungslieferanten auch tatsächlich nur bei Nahrungsmangel.

Durch Pinzetten verursachte Löcher in den Blättern erzielten ebenfalls den Effekt der Vorverlegung der Blühzeit, doch nicht so ausgeprägt wie bei den Hummelbissen. Offenbar verursachen die Tiere einen zusätzlichen Reiz, der zu der intensiveren Reaktion der Pflanzen führt. Der Mechanismus, durch den die Beschädigung der Blätter das Blühen beschleunigt, ist bisher nicht aufgeklärt (PASHALIDOU et al. 2020, 884).

Die Wissenschaftler stellten das Verhalten auch bei Steinhummeln (*Bombus lapidarius*) und Hellen Erdhummeln (*Bombus lucorum*) fest und schließen daraus, dass dieses Verhalten unter den Vertretern der Hummeln weit verbreitet sein könnte. Bei den Honigbienen wurde dagegen nichts Vergleichbares beobachtet.

Zweifache Plastizität

Diese Beziehung zwischen Hummeln und Pflanzen offenbart eine zweifache Plastizität: Zum einen wird das Verhalten der Hummeln durch die Verfügbarkeit von Nahrungsquellen beeinflusst. Wenn der Istzustand (wenig Nahrung) vom Sollzustand (genügend Nahrung) abweicht, reagieren die Hummeln durch ein ungewöhnliches Verhalten (Bisse in die Blätter bestimmter Pflanzen). Man fragt sich, woher die Hummeln wissen, dass sie damit Erfolg haben werden. Diese plastische Reaktion des Verhaltens setzt aber voraus, dass die betreffenden Pflanzen ebenfalls eine plastische Reaktion zeigen können. Ein äußerer Reiz (Bisse in die Blätter) verschiebt hier den Sollwert (Blühzeit). Das ganze System der Antwort auf den Reiz muss schon angelegt sein, sonst bedeuten die Hummelbisse nur eine unbedeutende und folgenlose Verletzung.

In einem Begleitkommentar diskutiert ШИПТКА (2020) die Frage, wie dieses ungewöhnliche Verhalten entstanden sein könnte, verwirft aber alle Vorschläge. Er spricht z. B. die Möglichkeit an, dass einzelne Hummeln herausgefunden haben könnten, dass der Blattstich in Zukunft belohnt wird, und dass diese Hummeln sich ge-

nau an die Pflanzen erinnern, die sie beschädigt haben, und Wochen später zu ihnen zurückkehren, um die Früchte ihrer Bemühungen zu ernten. Dies sei vielleicht nicht ganz unplausibel, da Hummeln auch andere beeindruckend innovative Lösungen für den Zugang zu Belohnungen entwickelt hätten und ihr räumliches

Plastizität benötigt Anpassungsprogramme für besondere Situationen. Diese liegen unabhängig vom Bedarf vor.

Gedächtnis ein Leben lang halten kann. Doch dieses Argument wäre ein reiner Zirkelschluss, da auch der Ursprung anderer Verhaltensweisen gesondert erklärt werden müsste. Zudem würde die Antwort auf eine bestimmte Frage nicht automatisch einschließen, dass es auch eine Antwort auf eine andere Frage gibt. CHITTKA selber hält es ohnehin für unwahrscheinlich, dass Hummeln lernen können, dass ein Zusammenhang zwischen einer Handlung und einer Belohnung besteht, die erst einen Monat später stattfindet. Außerdem leben die Hummeln in der freien Natur selten länger als einen Monat.

Unklar ist der Ursprung des Verhaltens der Hummeln auch aus der „Sicht“ der Pflanzen. Eine Möglichkeit sei, so CHITTKA, dass Biss-

Schäden von den Pflanzen als ein anhaltender Pflanzenfresser-Angriff interpretiert werden, was eine frühere Blütezeit erzwingen könnte, bevor die Pflanze aufgrund des Schadens vorzeitig abstirbt. Doch er gibt zu bedenken, dass Pflanzen das Blühen als Reaktion auf verschiedene Stressoren zwar bekanntermaßen beschleunigen können, es aber keine bekannten Beispiele für eine solche Reaktion auf Pflanzenfresser gebe.

Plastizität ist eine auf Eventualitäten eingestellte Fähigkeit; sie liegt vor, ob sie genutzt wird oder nicht. Es handelt sich um ein Anpassungsprogramm für alle Fälle. Als teleologisches – auf Zukunft gerichtetes – Konzept ist Plastizität ein typisches Design-Indiz (vgl. JUNKER 2014).

Literatur

- CHITTKA L (2020) The secret lives of bees as horticulturists? *Science* 368, 824–825.
- JUNKER R (2014) Plastizität der Lebewesen: Baustein der Makroevolution? <https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-14-2-plastizitaet.pdf>
- PASHALIDOU FG, LAMBERT H, PEYBERNES T, MESCHER MC & DE MORAES CM (2020) Bumble bees damage plant leaves and accelerate flower production when pollen is scarce. *Science* 368, 881–884.
- WHITMAN DW & AGRAWAL AA (2009) What is Phenotypic Plasticity and Why is it important? In: WHITMAN DW & ANANTHAKRISHNAN TN (eds) Phenotypic Plasticity of Insects: Mechanisms and Consequences. Science Publishers.

Bernsteininkluden – Einblicke in frühe Pflanzen-Bestäuber-Beziehungen

Bernsteineinschlüsse (Inkluden) erlauben faszinierende Einsichten in Momente aus der Erdgeschichte. In Bernstein aus Myanmar wurden Inkluden beschrieben, die einen einzigartigen Einblick in Pflanzen-Bestäuber-Beziehungen zur Zeit der Kreide gewähren. Manche Aspekte erscheinen dabei heute eher fremdartig, aber insgesamt zeigen sich Hinweise auf ein differenziertes und komplexes Ökosystem.

Harald Binder

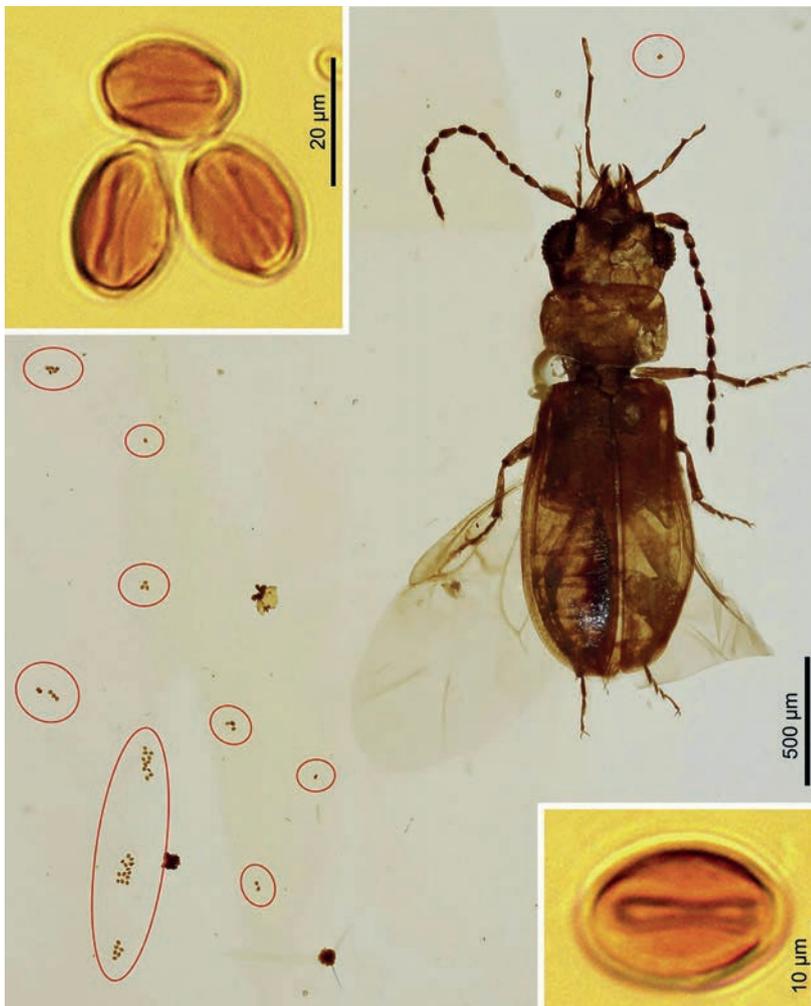
Vorkommen fossiler Harze zusammen mit den gelegentlich enthaltenen Einschlüssen (Inkluden) sind weltweit bekannt. Dennoch wurden in der Vergangenheit zu bestimmten Phasen vor allem einzelne geographische Lagerstätten intensiv bearbeitet. Auf weit zurückreichende Untersuchungen über den klassischen Baltischen Bernstein folgte eine auffällige Häufung von Arbeiten über fossile Harze aus der

Karibik (Dominikanischer Bernstein). Seit einigen Jahren erscheinen nun auffällig viele Veröffentlichungen über Bernstein aus Südostasien, konkret aus Myanmar (auch unter dem Namen Birma oder Burma bekannt). Die dortigen Vorkommen werden der mittleren Kreide zugeordnet, die meisten Autoren geben dafür ein Alter von 100 Millionen radiometrischen Jahren (Mrj) an.

Käfer als Bestäuber von Nacktsamern (Gymnospermen)

Ein internationales Team von Fachleuten beschreibt Inklusen – also Einschlüsse in einem Stück fossilen Harzes – aus dem Norden Myanmars, dessen Vorkommen in die mittlere Kreide gestellt wird. Das Stück wurde für die mikroskopische Untersuchung entsprechend zugeschnitten und die Oberfläche poliert. Zunächst dokumentieren und beschreiben CAI et al. (2018) einen Käfer, der ohne Fühler eine Körperlänge von etwas mehr als 2 mm hat. Aufgrund seiner Merkmale ordnen ihn die Autoren als neubeschriebene Art der Familie Boganiidae zu (ein deutscher Name dafür ist nicht gebräuchlich). Vertreter der Boganiidae zeichnen sich vor allem durch besondere Merkmale im Kopfbereich und speziell der Mandibeln (Kauladen) aus, die auf der Oberseite spezifische, mit Härchen (Setae) besetzte Vertiefungen aufweisen. Aufgrund weiterer spezieller Merkmale an den Mundwerkzeugen und Beinen kann die fossil beschriebene Art einer der beiden heute lebenden Unterfamilien der Boganiidae, nämlich den Paracucujinae zugeordnet werden. Heutige Vertreter von Paracucujinae fressen Pollen und transportieren diese auch in den mit Härchen

Abb. 1 Pollenkörner von Palmfarnpflanzen in unmittelbarer Nähe des Käfers *Cretoparacucujus cycadophilus*, der Merkmale zur Pollenverbreitung aufweist. (Aus CAI et al. 2018, mit freundlicher Genehmigung)



besetzten Vertiefungen an ihren Mandibeln, um damit Pflanzen zu bestäuben. Einige Vertreter aus Südafrika und Südwestaustralien leben an den männlichen und weiblichen Zapfen von Palmfarnen (Cycadales). Der hier beschriebene Befund deutet darauf hin, dass die Beziehung zwischen Käfern der Paracucujinae und Palmfarnen bereits im Mesozoikum bestand und bis heute unverändert andauert. Diese Aussage wird dadurch unterstrichen, dass CAI et al. nicht nur die typischen Merkmale an dem fossilen Käfer dokumentieren, sondern auch Pollen von Palmfarn in unmittelbarer Nähe des in Bernstein eingeschlossenen Käfers beschreiben. Dieser mit dem Käfer *Cretoparacucujus cycadophilus* assoziierte Pollen liegt als Aggregat (3–14 Pollenkörner) vor, d. h. er tritt nicht in Form einzelner Pollenkörner auf, die mit dem Wind zur Bestäubung verfrachtet werden könnten. Auch diese Beobachtung unterstützt die mutmaßliche Bestäubung der Palmfarne durch *C. cycadophilus*.

Käfer und Bienen sammelten bereits in der Kreide Pollen von Gymno- und Angiospermen.

Mit dieser Arbeit liefern CAI et al. auch den ersten indirekten Hinweis auf die Anwesenheit von Palmfarnen in Myanmar während der Mittleren Kreide. Aufgrund der eng begrenzten globalen Verteilung von Boganiidae und Palmfarnen vermuten die Autoren eine sehr viel frühere Etablierung dieser Bestäubungsbeziehung als bisher angenommen und spekulieren, ob diese nicht bereits auf Gondwana vorhanden war, dem Großkontinent, der sich zur Zeit des Jura aus dem Superkontinent Pangaea gebildet haben soll. Abschließend weisen CAI et al. auf den erstaunlichen Befund hin, dass über die lange Zeit, seit der Kreide, während gravierender klimatischer Veränderungen (Kontinentalverschiebung) sich bei diesen Käfern und den Palmfarnen erstaunlich wenig verändert hat.

Fossile Käfer an Blütenpflanzen

Sowohl Insekten als auch bedecktsamige Blütenpflanzen (Angiospermen) sind in der mittleren Kreide fossil gut belegt. Für die Bestäubung von Bedecktsamern durch Insekten fehlte bisher ein direkter fossiler Nachweis. Ein Beleg für die Bestäubung von Nacktsamern (Gymnospermen) durch Käfer wurde oben vorgestellt. BOA et al. (2019) beschreiben einen Bernstein-Einschluss aus Myanmar, in dem ein spezialisierter Käfer überliefert ist, der Bedecktsamer besucht und bestäubt. Die Autoren beschreiben folgende Körpermerkmale des als *Angimordella burmitina*

benannten Käfers: gekrümmter, buckeliger Körperbau, der Kopf typischerweise nach unten abgebogen, kräftige Hinterbeine und das Körperende zu einer Spitze ausgeformt, die nicht von den Deckflügeln bedeckt wird. BOA et al. ordnen den fossilen Käfer entsprechend als Stachelkäfer (Mordellidae) ein. Die mittels Mikro-Computertomographie rekonstruierten (im Fossil nicht direkt einsehbaren) Mundwerkzeuge belegen eine Ernährung durch Pollen und dessen Transport. *A. burmitina* ist an Brust und Hinterleib mit Pollen bedeckt. Diesen ordnen BOA et al. aufgrund ihrer äußeren Strukturmerkmale eindeutig als von Eudikotyledonen stammend ein, also von zweikeimblättrigen Pflanzen, welche den Großteil der Blütenpflanzen bilden. Solche Pollenkörner können bei mikroskopischen Untersuchungen von Bernsteininklusen leicht übersehen werden, vor allem, wenn sie zwischen den Härchen (Setae) hängen. BOA et al. konnten diesen Befund mittels konfokaler Laser-Mikroskopie durch die Fluoreszenz der Pollenkörner erheben. Die ältesten Fossilien, die Merkmale von Mordellidae aufweisen, sind bereits im Mittel- bis Oberjura (ca. 150–170 MrJ) in China und Kasachstan belegt. Der bisher älteste fossile Nachweis von pollensammelnden Bienen stammt aus dem mittleren Eozän (ca. 45 MrJ).

Pollensammelnde Bienen – Fossilien aus der Kreide

Bienen gehören zu den bekanntesten pflanzenbestäubenden Insekten. POINAR & DANFORTH (2006) geben eine kurze Charakterisierung einer männlichen Biene, die in Bernstein aus Myanmar eingeschlossen ist. Der Fund wird ins Albium (Kreide) gestellt, dem ein radiometrisches Alter von ca. 100 MrJ zugeordnet wird. Die kleine Biene (2,95 mm Körperlänge) weist am Körper verzweigte Härchen auf, die Mandibeln sind verlängert und dreifach gezähnt. Die Antennen sind aus 11 Gliedern aufgebaut. Die Autoren nennen diese fossile Biene *Melittosphex burmesis*. Später präsentierten die Autoren eine ausführlichere Charakterisierung dieser fossilen Biene (DANFORTH & POINAR 2011) und interpretierten sie als wichtige Übergangsform zwischen Bienen und Grabwespen. Die Autoren stellen allerdings klar, dass bestimmte Merkmale, vor allem die verzweigten Körperhaare

Die Körperstrukturen der Insekten zur Befruchtung von Pflanzen sind den heute verwendeten sehr gut vergleichbar.



Abb. 2 Stachelkäfer *Angimordella burmitina*, an dessen Körper Pollen haftet. (Aus BAO et al. 2019)

an Kopf und Beinen, das fossile Insekt als möglichen Pollensammler ausweisen. Daher muss es näher zu den Bienen als zu Grabwespen gestellt werden. In der Paläontologie, also der Lehre von alten Lebewesen bzw. Lebewesen der vergangenen Erdzeitalter, gilt das Auftreten der Bienen als Schlüsselereignis, das wesentlich zur raschen Ausbreitung und Diversifizierung der Bedecktsamer beigetragen haben soll. Die von DANFORTH & POINAR beschriebene Biene unterscheidet sich von allen bekannten Bienen, aber die Adern der Vorderflügel (Hinterflügel sind bei der Inkluse nicht erkennbar) stellt eine große Ähnlichkeit zu heutigen Bienen dar. Dieses fossile Bienenmännchen belegt jedoch nicht direkt die Funktion als Blütenbestäuber, dazu müsste eine entsprechende weibliche Biene gefunden werden, idealerweise direkt in Kontakt mit Pollen. Jüngst hat nun POINAR (2020) eine weitere in Bernstein eingeschlossene Biene aus der Kreide von Myanmar beschrieben. Die weibliche Biene,

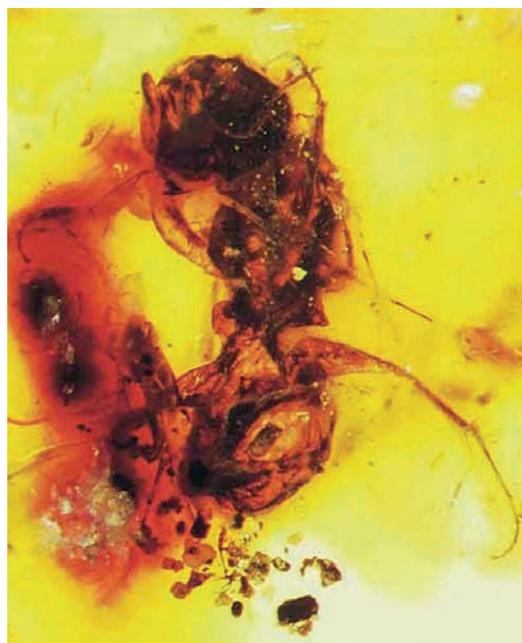


Abb. 3 Biene *Melittosphex burmesis* aus der Kreide in Myanmar; die Körperlänge beträgt ca. 4 mm und das Tier weist Merkmale auf, die auch für Wespen charakteristisch sind. (Aus POINAR & DANFORTH 2006)

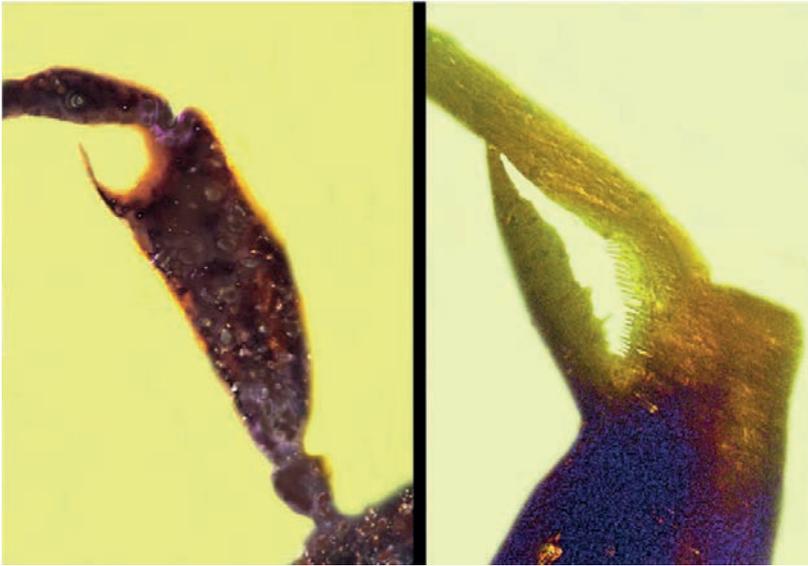


Abb. 2 Links: Der gegabelte Schaft an der Antenne einer zweiten Biene, *Discoscapa apicula* (Kreide, Myanmar) ist ein einzigartiges und besonderes Merkmal. Rechts: Putzscharte am Vorderbein von *D. apicula*. (Aus POINAR 2020)

die der Autor mit dem Namen *Discoscapa apicula* versehen hat, zeigt wie das oben vorgestellte Exemplar sowohl Merkmale von Bienen als auch von Grabwespen. Nimmt man allerdings eine taxonomische Einordnung anhand der Gesamterscheinung und verschiedener Merkmale wie Behaarung, die Härchen und Sporne zum Pollensammeln und -transportieren usw. vor, so fällt die fossile Biene in die Gruppe, die alle heute lebenden Bienen umfasst, nämlich Bienen, die zur Aufzucht ihrer Brut Pollen verwenden. Dabei finden sich dennoch einzelne Merkmale, die eher typisch für Grabwespen sind. Einige Merkmale sind auch einzigartig und weder in Bienen noch in Grabwespen vorhanden, wie z.B. das gegabelte Grundglied der Antenne. Pollenkörner an der Behaarung an Femur (Oberschenkel) und Tibia (Schienbein), Tarsus (Fußglied) und Klauen der beiden hinteren Beinpaare belegen, dass die fossile Biene eine Blüte besucht hat, kurz bevor sie vom Harz umschlossen worden ist. Die Biene hat eine Körperlänge von 3,0 mm, ein Merkmal, das auch bei der Benennung (Artnamen) eine Rolle gespielt hat (*apicula* = kleine Biene).

POINAR (2020) listet auch 15 Blütenpflanzen auf, die als Bernsteininklusen von Myanmar dokumentiert und beschrieben worden sind (die meisten vom selben Autor). Die Blütengröße gibt er mit 0,5 bis 5,0 mm an. Diese kleinen Blüten passen auffällig zu den bisher bekannten beiden kleinen Bienen!

Kommentar

Die hier vorgestellten fossilen Belege von Bestäuber-Pflanzen-Wechselwirkungen aus der Kreide haben unsere Einsichten in die ökolo-

gische Vergangenheit der Erdgeschichte enorm erweitert. Nach den Vorstellungen der genannten Autoren und auch anderer Fachleute, die diese Befunde in einem evolutionären Gesamtrahmen interpretieren, reicht unser Blick in der Erdgeschichte bis nahe an das fossile Auftreten der Bedecktsamer und in den Anfangsbereich des fossilen Nachweises der Bienen. Auch wenn die Autoren die Charakterisierung „primitiv“ bei der Beschreibung der Fossilien schnell gebrauchen, ist das nicht so leicht nachzuvollziehen. Sowohl die Käfer als auch die Bienen und der an ihnen gefundene Pollen zeigt keine Merkmale, die sachgemäß als primitiv zu deklarieren wären – im Gegenteil: Die Insekten zeigen auch heute typische Strukturen zum Sammeln, Verzehr und Transport von Pollen.

Das Vorkommen von Einzelmerkmalen, die wir heute nicht in der hier vorgefundenen Zusammensetzung kennen, spricht nicht automatisch für Primitivität oder Vorläufer- bzw. Stammformen. Vielmehr zeigt sich ein buntes Merkmalsmosaik, das nicht einfach und spannungsfrei evolutionstheoretisch deutbar ist. Interpretationen sind immer auch abhängig vom gewählten Denkraum und die hier angeführten Befunde zeigen frühe differenzierte und komplexe Situationen (was gut zu einem Schöpfungsansatz passt). Die Fossilien zeigen, dass schon zu einem frühen Zeitpunkt in der Erdgeschichte für Pflanzen ausdifferenzierte und spezialisierte Bestäuber zugegen waren, so dass das vorliegende Ökosystem funktionsfähig war. Da Fossilien immer Momentaufnahmen sind und nur isolierte Ausschnitte darstellen, von denen wir gar nicht wissen können, wie repräsentativ sie sind, muss man bei der Konstruktion einer dynamischen Entwicklung sehr zurückhaltend sein, da unser Wissen eben fragmentarisch ist.

Literatur

- BAO T, WANG B, LI J & DILCHER D (2019) Pollination of cretaceous flowers. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 116, 24707–24711.
- CAI C, ESCALONA HE, LI L, YIN Z, HUANG D & ENGEL MS (2018) Beetle pollination of Cycads in the Mesozoic. *Curr. Biol.* 28, 2806–2812.
- DANFORTH BN & POINAR GO (2011) Morphology, classification, and antiquity of *Melittosphex burmesis* (Apoidea: Melittosphecidae) and implications for early bee evolution. *J. Paleontol.* 85, 882–891.
- POINAR GO & DANFORTH BN (2006) A fossil bee from early Cretaceous Burmese amber. *Science* 314, 614.
- POINAR GO (2020) *Discoscapiidae* fam. Nov. (Hymenoptera: Apoidea) a new family of stem lineage bees with associated beetle triungulins in mid-Cretaceous amber. *Paleodiversity* 13, 1–9; doi: 10.18476/pale.v13.a1



Eiszeit: Gletscher- und Eisschmelze in wenigen Jahrhunderten?

Ältere Oberflächenformen des antarktischen Meeresbodens werden als Bildungen von ins Meer fließenden und schwimmenden Gletschern gedeutet. Bei fallender Tide sollen die Gletscher auf das weiche Sediment aufgesetzt sein und es an ihrer Vorderkante hochgepresst haben. Aus der Abfolge dieser Aufsetzlinien ist dann unter Zugrundelegung des Tidenzyklus eine Gletscher-Rückzugsrate von 40 bis 50 Meter pro Tag oder > 10 Kilometer pro Jahr ermittelt worden (DOWDESWELL et al. 2020). Wird diese lokale Rückzugsrate auf den Abbau großer Inlandeiskörper (≥ 3000 km) übertragen, könnte die Gletscher- und Eisschmelze am Ende der Eiszeit quasi schlagartig in wenigen Jahrhunderten geschehen sein.

Michael Kotulla

Einleitung

Das die Antarktis umgebende Schelfeis wird heute hauptsächlich über Satelliten beobachtet und vermessen. Dabei sind für die letzten 20 Jahre zunehmende Schelfeis-Rückzugsraten ermittelt worden. Die Frage ist, ob diese gemessenen Rückzugs- bzw. Schmelzraten mögliche maximale Raten repräsentieren. Dies ist wohl nicht der Fall. Das zeigen die Untersuchungen und Ergebnisse von DOWDESWELL et al. (2020) über eine rasch zurückweichende antarktische Eisdecke am Ende der Eiszeit¹, die hier – unter Darlegung weiter reichender Implikationen – vorgestellt werden.

Vermessung des Meeresbodens

Mit einem autonomen Unterwasserfahrzeug (AUV) ist die Morphologie und oberflächen-nahe Stratigraphie eines etwa 9 km² großen Gebiets vor der Larsen-Inlet-Bucht (östliche Antarktische Halbinsel) in einer Wassertiefe von unterhalb 500 m aufgenommen worden.

Dabei handelt es sich um einen Ausschnitt eines 40 x 10 km großen Meeresbodenareals, eines früheren Aufsetzonen-Komplexes (grounding-zone complex) von ins Meer fließenden, knapp über dem Meeresboden schwimmenden und wiederholt auf dem Meeresboden aufsetzenden Gletschern bzw. Eismassen.

Die bathymetrische Karte zeigt hauptsächlich Oberflächenformen, die das Aussehen von „Leitern“ mit zahlreichen „Sprossen“ haben (Abb. 1B und 1C). Die Seiten jeder „Leiter“, linienförmige Elemente, sind Hunderte Meter lang, häufig etwa 2–4 m hoch und treten in Abständen von 50–200 m zueinander auf. Sie verlaufen quasi parallel zu der früheren Richtung des Eisstroms. Die „Sprossen“ überprägen die linienförmigen Elemente und sind quer zur Strömungsrichtung verlaufende, häufig bis 0,5 m hohe Rücken, die etwa in Abständen von 20–25 m zueinander auftreten (Profile Abb. 1D und 1E). Im vermessenen Gebiet sind sechs Bereiche ausgegliedert worden; die Anzahl der aufeinander folgenden „Sprossen“ bzw. Rücken reicht von 28 bis 90 (Abb. 1A, Tab. 1).

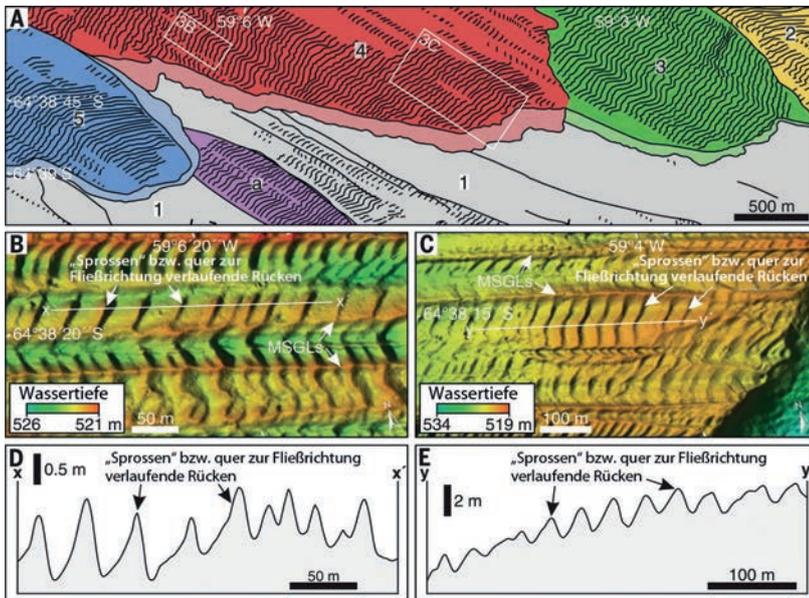


Abb. 1 Kartierung des Meeresbodens vor der Larsen-Inlet-Bucht, Westantarktis. **A** Untersuchungsgebiet (9 km²); schematische Karte der Aufsetzzonen „1“-„5“ sowie „a“ und Darstellung hauptsächlich der „Sprossen“-Elemente bzw. Rücken. **B** und **C** Bathymetrische Daten bzw. Detail-Karten, Auflösung 1 m (Ausschnitte siehe A); markiert sind die „Sprossen“ [„ridges“] bzw. die quer zur Fließrichtung der Eisströme verlaufenden Rücken [transverse-to-flow ridges] sowie die Seiten der „Leitern“, als mega-skalige glaziale Lineationen (MSGL) [MSGLs] bezeichnet bzw. interpretiert. **D** und **E** Querschnitte (Profile) einer Reihe von Rücken-Elementen; etwa 50-fach und 15-fach überhöht (Ausschnitte siehe B und C). Diskussion siehe Textteil. (Aus DOWDESDELL et al. 2020, mit Genehmigung der American Association for the Advancement of Science, AAAS. Die in der Abbildung eingefügten englischen Originaltexte wurden durch deutsche Texte ersetzt.)

Tab. 1 Kartierung der Rücken und Berechnung der Gletscher-Rückzugsraten. Aufsetzzonen (Bereiche) siehe Abb. 1; Ø, durchschnittlich. Diskussion siehe Textteil. Aufstellung nach Daten in DOWDESWELL et al. (2020), insbesondere ihre Table 1.

Das Alter dieser Formenelemente wird mit > 10.700 kalibrierten Jahren BP² angegeben; es wurde mit einer paläomagnetischen Intensitätsreferenzkurve bestimmt, die hauptsächlich mit ¹⁴C-Altern geeicht ist. Demnach entstand die Topographie im frühen Holozän oder an der Wende Pleistozän/Holozän. Sie wird von einer etwa 1 m dünnen Sedimentschicht drapiert.

Aufsetzzone (Bereich)	Anzahl Rücken	Rücken-höhe [m]	Ø Rücken-abstand [m]	Interpretation		
				Tidenzyklus [Tage]	Ø täglicher Rückzug [m]	Zeitfenster [Tage]
a	33	0,2–0,3	24	ca. 0,5	48	16
1 (mehrere)	71	0,1–0,4	20	ca. 0,5	40	35
2	28	0,2–0,6	25	ca. 0,5	50	14
3	44	0,3–1,0	20	ca. 0,5	40	22
4	90	0,5–1,5	21	ca. 0,5	42	45
5	40	0,2–0,4	20	ca. 0,5	40	20

Glossar

Bathymetrie: Vermessung der Topographie des Meeresbodens.
Glazigen: Vom Gletscher- oder Inlandeis geschaffene Formen und abgelagerte Sedimente, z. B. Till (Geschiebemergel).
Morphologie: Gestaltlehre; hier im geomorphologischen Sinn: Form bzw. Gestalt der Erdoberfläche.
Stratigraphie (Geologie): Hier zeitliche Aufeinanderfolge von Schichten bzw.

Schichtgesteinen.
subaquatisch: unter der Wasseroberfläche gebildet/befindlich.
terrestrisch: auf dem Festland gebildet/befindlich.
Tiden: Gezeiten.
Tidenzyklus: Periodische Wiederholung des Tidenverlaufs mit Hoch- und Niedrigwasserzeit; eine Tidendauer beträgt etwa 12 Stunden und 25 Minuten.

Interpretation der Meeresbodenmorphologie

Die „Leiter“-Seiten werden als sogenannte mega-skalige glaziale Lineationen (MSGL) interpretiert; sie sollen von den über dem Meeresboden schnellfließenden Eisströmen erzeugt worden sein. Die aufliegenden „Sprossen“-Elemente bzw. Rücken werden als Gletscher-Aufsetzlinien interpretiert; dabei soll das weiche Sediment an der untermeerischen Gletscher-Vorderkante deformiert und dort zum Rande hin aus- und hochgepresst worden sein.

Die dafür notwendigen, regelmäßigen Vertikalbewegungen, das Anheben und Absenken der Eisdecke, waren durch die Tiden herbeigeführt worden. Demnach dokumentiert die Nacheinanderfolge von Rücken-Elementen die rückschreitende Wanderung (Migration) der untermeerischen Gletscher-Vorderkante, das Abschmelzen des Gletschers, im Tidenzyklus.

Berechnung der Gletscher-Rückzugsrate

Unter der Annahme, dass die Rücken-Elemente Tiden-moduliert sind, lässt sich über die Abstände der Rücken-Elemente bzw. Aufsetzlinien die Gletscher-Rückzugsrate berechnen. Für die ausgewiesenen sechs Bereiche beträgt die Rückzugsrate 40 bis 50 Meter pro Tag (Tab. 1). Das Zeitfenster ist allerdings auf Grundlage des eingeschränkten Untersuchungsgebietes auf maximal 45 Tage begrenzt (90 Rücken, Bildung von 2 Rücken pro Tag; Bereich 4).

Die Autoren extrapolieren diese Gletscher-Rückzugsrate über das Untersuchungsgebiet hinaus – landwärts. Dabei wird die Rückzugsrate zunächst auf etwa 18 Kilometer pro Jahr extrapoliert, danach unter Berücksichtigung eines möglichen Wintereffekts konservativ auf etwa 10 Kilometer pro Jahr halbiert.³

Ehemaliger Gletscher-Rückzug von > 10 Kilometer pro Jahr: Implikationen

DOWDESWELL et al. (2020) vergleichen die damalige Gletscher-Rückzugsrate mit aktuellen Beobachtungen vom Pine-Island-Gletscher (Westantarktis; Rückzug 1,6 km/Jahr). Demzufolge sei die damalige Rückzugsrate mindestens eine Größenordnung höher als die aktuelle Rate, wobei die aktuelle Rate bereits zwei Größenordnungen höher sei als die durchschnittliche Rückzugsrate der „vergangenen 10.000 Jahre“ (Tab. 2).

Sie stellen fest, dass die aktuelle Gletscher-Rückzugsrate für eine „maximale mögliche Größenordnung“ nicht repräsentativ sei. Würde

Pos.	Lokalität (Westantarktis)	Strecke	Zeitpunkt bzw. -dauer	Zeitfenster	Ø Rückzug [pro Jahr]	Faktor (zu Pos. 4)	Referenz
1	Larsen Inlet (Bucht)	max. 1,8 km	> 10700 cal. ¹⁴ C-Jahre BP*	14–45 Tage	> 10 km	ca. 1000-fach	1
2	Pine-Island-Gletscher	31 km	1992 bis 2011	19 Jahre	1,6 km	ca. 100-fach	2
3	Pine-Island-Gletscher	25 km	1992 bis 2009	17 Jahre	1,5 km	ca. 100-fach	3
4	Pine-Island-Gletscher	ca. 100 km	11664 cal. ¹⁴ C-Jahre BP bis AD 1992	ca. 11700 cal. ¹⁴ C-Jahre	11,9 ± 0,7 m	1	3

Der Rückzug antarktischer Gletscher bzw. Eismassen am Ende der Eiszeit war wesentlich schneller als heute.

sich die Rate von damals wiederholen, „hätte ein derart rascher Eismassenverlust an den Ozean deutliche Implikationen auf die Erhöhung der Rate des Meeresspiegelanstiegs“.

Schlagartige Gletscher- und Eisschmelze?

Könnte die Eiszeit mit einer schlagartigen Gletscher- und Eisschmelze (Enteisung) geendet haben? Potenziell ist dies möglich – unter zwei weiteren Voraussetzungen:

1. Eine Extrapolation der Gletscher- bzw. Eis-Rückzugsrate des untersuchten, maximalen Zeitfensters von 45 Tagen auf eine Zeitdauer von mehreren Hundert Jahren; eine Extrapolation auf einige Jahre unternehmen DOWDESWELL et al. (2020; s. o.).

2. Eine Übertragung der subaquatischen Gletscher- bzw. Eis-Rückzugsrate dieser einen Lokalität (Larson-Schelf) auf alle anderen vereisten Gebiete, insbesondere auch die rein terrestrischen (Analogieschluss).

Demzufolge könnte sich der Abbau des ehemals größten Eismassen-Komplexes (Nordamerika) potenziell in 300 Jahren vollzogen haben. Hierbei wird eine Distanz von maximal 3000 km vom Rand des Komplexes bis zur nördlichen Mitte zugrunde gelegt. Dem stehen allerdings Radiokarbonalter gegenüber, die auf der ¹⁴C-Zeitskala etwa die Spanne von 13.000 bis 5.000 konventionelle ¹⁴C-Jahre BP (kalibriert 15.500 bis 5.700 ¹⁴C-Jahre BP) abdecken, also einen Enteisungs-Zeitraum von ca. 8.000 bis 10.000 ¹⁴C-Jahren umfasst (DALTON et al. 2020). Die kalibrierten Radiokarbonalter werden üblicherweise mit Kalenderjahren gleichgesetzt.⁴

Schlagartige Vereisung?

Für den Laurentischen Eisschild⁵, den größten Teil des nordamerikanischen Eismassen-Komplexes, nehmen IVES et al. (1975) eine „spontane Vereisung“ (instantaneous glacierisation) an. Demnach könnte, so EHLERS (2011, 67), „eine großflächig und annähernd gleichzeitig

einsetzende Schnee-Akkumulation im Verlauf weniger Jahrhunderte zur Ausbildung großer Eisschilde geführt haben“. Und EHLERS (2011) weiter: „Dieser Mechanismus wird für das laurentische Vereisungsgebiet Nordamerikas durchaus für wahrscheinlich gehalten“ (mit Verweis auf CLARK & LEA 1992).

Es ist bemerkenswert, dass auch bei dem Aufbau eines großen Eisschildes potenziell eine Größenordnung von wenigen Hundert Jahren in Betracht gezogen wird.

Anmerkungen

- 1 Eiszeit: Nach dem „Eiszeitalter“-Konzept hier die mutmaßlich letzte Kaltzeit (Würm-, Weichsel- oder Wisconsin-Kaltzeit).
- 2 BP, before present: vor heute; Bezugsjahr ist 1950.
- 3 Die Ergebnisse von DOWDESWELL et al. (2020) gilt es an weiteren Lokalitäten zu reproduzieren bzw. zu bestätigen.
- 4 Zu einer Kritik der Radiokarbonmethode siehe z.B. KOTULLA (2019).
- 5 Andere Schreibweise: Laurentidischer Eisschild.

Literatur

- CLARK PU & LEA PD (ed.) (1992) The Last Interglacial-Glacial Transition in North America. The Geological Society of America, Special Paper 270.
- DALTON AS, MARGOLD M, STOKES CR et al. (2020) An updated radiocarbon-based ice margin chronology for the last deglaciation of the North American Ice Sheet Complex. *Quaternary Science Reviews* 234; doi.org/10.1016/j.quascirev.2020.106223.
- DOWDESDELL JA, BATCHELOR CL, MONTELLI A, OTTESSEN D, CHRISTIE FDW, DOWDESWELL AK & EVANS J (2020) Delicate seafloor landforms reveal past Antarctic grounding-line retreat of kilometers per year. *Science* 368, 1020–1024.
- EHLERS J (2011) Das Eiszeitalter. Heidelberg.
- HILLENBRAND C-D, KUHN G, SMITH JA, GOHL K, GRAHAM AGC, LARTER RD, KLAGES JP, DOWNEY R, MORETON SG, FORWICK M & VAUGHAN DG (2013) Grounding-line retreat of the West Antarctic Ice Sheet from inner Pine Island Bay. *Geology* 41, 35–38.
- IVES JD, ANDREWS JT & BARRY RC (1975) Growth and decay of the Laurentide Ice Sheet and comparisons with Fenno-Scandinavia. *Naturwissenschaften* 62, 118–125.
- KOTULLA M (2019) Verkohlte Baumstämme in Tephra-Ablagerungen des Laacher-See-Vulkans: neue Radiokarbon-Bestimmungen und ihre Altersinterpretation. W+W Special Paper G-19-1, Baiersbronn. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/g-19-1_radiokarbon.pdf
- RIGNOT E, MOUGINIT J, MORLIGHEM M, SEROUSSI H & SCHEUCHL B (2014) Widespread, rapid grounding line retreat of Pine Island, Thwaites, Smith, and Kohler glaciers, West Antarctica, from 1992 to 2011. *Geophysical Research Letters* 41, 3502–3509.

Tab. 2 Gletscher-Rückzugsraten. Vergleich unterschiedlicher Beobachtungsperioden bzw. interpretierter Zeitperioden.

* Bestimmung mit einer paläomagnetischen Intensitätsreferenzkurve, die hauptsächlich mit ¹⁴C-Altern geeicht ist; cal., kalibriert; Ø durchschnittlich. Diskussion siehe Textteil.

Referenzen: 1 DOWDESWELL et al. (2020); 2 RIGNOT et al. (2014); 3 HILLENBRAND et al. (2013).

Plutos schwindende Atmosphäre

Der Zwergplanet Pluto hat eine dünne Atmosphäre aus Stickstoff, die sich zeitlich verändert. Ein Teil dieser Veränderung kann aufgrund der Jahreszeiten von Pluto erklärt werden. Ein kürzlich beobachteter starker Druckabfall überrascht nun die Astronomen. Eventuell ist hier ein Hinweis, dass Plutos Atmosphäre nur vorübergehend existiert und somit als Kurzzeitphänomen am Rande des Sonnensystems gedeutet werden kann.

Peter Korevaar

Abb. 1 Plutos Atmosphäre, aufgenommen mit einer Bordkamera von *New Horizons* am 9. Oktober 2015.

Abb. 2 Pluto, fotografiert am 14. Juli 2015 von *New Horizons* aus einer Entfernung von ca. 35.000 km. (© Abb. 1 und 2: NASA/Johns Hopkins University Applied Physics Laboratory/Southwest Research Institute/Alex Parker)

Seitdem die Raumsonde *New Horizons* im Jahr 2015 den Zwergplaneten Pluto und seinen Begleiter Charon besuchte, kommen immer mehr überraschende Einzelheiten dieses einst neunten Planeten am Rande unseres Sonnensystems ans Licht. Aber ausgerechnet eine Beobachtung von der Erde aus wirft nun Fragen auf: Die Atmosphäre von Pluto scheint einen unerwarteten Druckabfall zu erleben.

Die Tatsache, dass Pluto eine Atmosphäre hat, ist an sich schon überraschend. Normalerweise haben solch kleine Objekte wegen der geringen Schwerkraft gar keine Atmosphäre. Pluto hat

einen Durchmesser von 2377 km und ist damit deutlich kleiner als unser Mond mit 3475 km, der jedoch keine Atmosphäre hat. Abb. 1 zeigt Plutos Atmosphäre, aufgenommen von einer der Bordkameras von *New Horizons* in Oktober 2015, als die Raumsonde schon an Pluto vorbei war und noch einmal einen Blick zurück warf, wobei die Sonne direkt hinter Pluto stand.

Vermuteter Ursprung von Plutos Atmosphäre

Die Atmosphäre von Pluto besteht zu fast 100% aus Stickstoff (N_2) und die Astronomen gehen davon aus, dass dieser Stickstoff hauptsächlich aus dem Gletscher *Sputnik Planitia* stammt, siehe Abb. 2.

Der Gletscher besteht aus Stickstoffeis, welches im Vakuum sublimiert (d.h. vom festen direkt in den gasförmigen Zustand übergeht, ohne flüssig zu werden). Dieser Sublimationsprozess reichert die Atmosphäre mit Stickstoff an. Andererseits entschwindet der Stickstoff in das Weltall, weil Plutos Schwerkraft zu gering ist, die Atmosphäre dauerhaft an sich zu binden. Die Sublimation des Stickstoffs ist umso stärker, je näher Pluto der Sonne ist. Pluto bewegt sich auf einer stark elliptischen Bahn um die Sonne mit einer Umlaufzeit von 248 Jahren. Im Perihel der Bahn (dies ist der Punkt der kleinsten Entfernung zur Sonne) ist Pluto knapp 30 Astronomische Einheiten (1 AE = Abstand Erde – Sonne) von der Sonne entfernt. Pluto erreichte diesen Punkt zuletzt im Jahr 1989. Seitdem bewegt sich Pluto immer weiter von der Sonne weg. Im Aphel der Bahn (dies ist der Punkt der größten Entfernung von der Sonne) wird Pluto knapp 50 AE von



Obwohl kleiner als unser Mond, besitzt Pluto eine Atmosphäre

der Sonne entfernt sein. Pluto wird aber diesen Punkt erst im Jahr 2113 erreichen. Die Sonneneinstrahlung ist dann nur etwa ein Drittel der Sonneneinstrahlung im Perihel.

Aufgrund dieser extremen Variation der Sonneneinstrahlung während des Plutojahres wird eine starke saisonale Variation des Drucks in der Atmosphäre erwartet. Im Aphel wird die Atmosphäre fast vollständig verschwunden sein (BERTRAND 2016), um sich dann in Richtung Perihel wieder aufzubauen. Detaillierte Modellrechnungen zeigen, dass Druck und Ausdehnung der Pluto-Atmosphäre, je nach Modellannahmen, zwischen 2015 und 2020 maximal sein sollten, um danach langsam wieder abzunehmen. Folglich war Plutos Atmosphäre in etwa maximal, als *New Horizons* den Planeten im Jahr 2015 erreichte und wird nun langsam wieder abnehmen, so die Erwartungen. Bisherige Beobachtungen von *New Horizons* und von der Erde aus bestätigten die stetige Zunahme der Atmosphäre in den letzten Jahrzehnten.

Starker Druckabfall in Plutos Atmosphäre

Japanische Astronomen (ARIMATSU 2020) überraschen nun mit Beobachtungsdaten, die zeigen, dass sich der Druck der Pluto-Atmosphäre in den letzten drei Jahren um mehr als 20% verringert haben soll. Abb. 3 zeigt (in schwarz) die früheren Messwerte zusammen mit (in rot) dem nun gemessenen, deutlich niedrigeren Wert. Diese Messungen stammen nicht von der Raumsonde *New Horizons*, sondern wurden direkt von der Erde aus gemacht. Dazu werden Sternbedeckungen verwendet, dabei zieht Pluto von der Erde aus gesehen vor einem Stern vorbei. Das Licht des Sterns scheint deshalb kurzfristig durch die Atmosphäre von Pluto und die Streuung und spektrale Veränderungen des Sternlichts durch die Atmosphäre des Pluto enthüllen chemische Zusammensetzung, Druck, Temperatur und Ausbreitung der Atmosphäre.

Der im Juli 2019 beobachtete Druckabfall von ca. 21% gegenüber ähnlichen Beobachtungen in Juli 2016 (MEZA 2019) ist wesentlich höher als von Modellen vorhergesagt. Die Messwerte haben eine Standardabweichung von ca. 2%, d.h. der tatsächliche Wert des Druckabfalls liegt mit 96% Wahrscheinlichkeit zwischen 17% und 25% (doppelte Standardabweichung). Aber sogar ein Druckabfall von nur 17% ist weitaus höher als der von Modellrechnungen vorhergesagte Wert von 2–3% von Juli 2016 bis Juli 2019

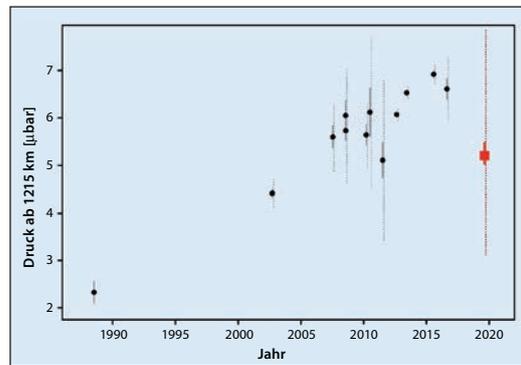


Abb. 3 Druckveränderung in der Pluto-Atmosphäre seit 1988. Der unerwartet niedrige neue Messwert ist in rot eingezeichnet. Die durchgezogenen senkrechten Linien geben jeweils die Standardabweichung an, die gestrichelten Linien die dreifache Standardabweichung. (© Figure 3 aus ARIMATSU 2020).

(BERTRAND 2018). Als mögliche Erklärung nennen die Autoren, dass der Kondensationsprozess von Stickstoff wesentlich schneller verlaufen könnte als bislang angenommen. Bei weniger Sonneneinstrahlung nimmt nicht nur die Sublimation von Stickstoffeis ab, sondern vorhandenes Stickstoffgas kondensiert auch verstärkt wieder zu Stickstoffeis.

Der Befund zeigt, dass die komplexen physikalischen Prozesse der Oberfläche und Atmosphäre von Pluto noch nicht im Detail verstanden sind. Die Modelle gehen von langen Zeiträumen aus. Dabei wird angenommen, dass der Druck in der Atmosphäre zwar aufgrund der Jahreszeiten variiert, aber durchschnittlich im Gleichgewicht zwischen Aufbau durch Sublimation und Abbau durch Schwund in das Weltall und Kondensation ist. Vielleicht ist diese Langzeitannahme falsch, denn die Astronomen sind sich einig, dass der Gletscher *Sputnik Planitia* sehr jung ist, weil er fast kraterlos ist. Folglich kann der unerwartete Druckabfall der Atmosphäre auch ein Hinweis auf ein Kurzzeitphänomen auf Pluto sein.

Es ist noch zu früh, weitreichende Schlüsse aus der Beobachtung des Druckabfalls zu ziehen. Zuvor sollte dieser durch weitere Messungen mittels Sternbedeckungen bestätigt werden. Allerdings bewegt sich Pluto von der Erde aus gesehen gerade immer weiter von der galaktischen Ebene weg und damit sind immer weniger Hintergrundsterne verfügbar, die für eine solche Beobachtung in Frage kommen. Folglich kann es noch etwas dauern, bis genauere Daten vorliegen.

Literatur

- ARIMATSU K et al. (2020) Evidence for a rapid decrease of Pluto's atmospheric pressure revealed by a stellar occultation in 2019. *Astronomy & Astrophysics*, 638, L5, <https://arxiv.org/abs/2005.09189>.
- BERTRAND T & FORGET F (2016) Observed glacier and volatile distribution on Pluto from atmospheric topography processes. *Nature* 540, 86–89.
- BERTRAND T et al. (2018) The nitrogen cycles on Pluto over seasonal and astronomical timescales. *Icarus*, 309, 277–296, <https://arxiv.org/pdf/1804.02434.pdf>
- MEZA E et al. (2019) Pluto's lower atmosphere and pressure evolution from ground-based stellar occultations, 1988–2016. *Astronomy & Astrophysics*, 625, A42, <https://arxiv.org/pdf/1903.02315.pdf>

Mann und Frau – auch im Gehirn unterschiedlich

Das menschliche Gehirn wird in verschiedenster Hinsicht intensiv diskutiert. Dabei geht es nicht nur um den Zusammenhang zwischen Geist und Gehirn, sondern z. B. auch um geschlechtsspezifische Ausprägungen des Gehirns. Letztere wurden in der Forschung bereits vielfach belegt und gelten entgegen mancher populären Diskussion als geklärt. Hier wird eine aktuelle Studie vorgestellt, die geschlechtsspezifische Merkmale im menschlichen Gehirn auch auf molekularer Ebene aufzeigt.

Harald Binder

Das menschliche Gehirn wird intensiv untersucht mit dem Ziel, dieses einzigartige Organ in seinem Aufbau, seiner Struktur, seiner Funktion und bezüglich seiner Bedeutung für den Menschen besser zu verstehen. Konkrete Projekte sind z. B. das 2010 gestartete „Human Connectome Projekt“, in dem die Verknüpfungen aller Neuronen beim Menschen untersucht und dokumentiert werden. Das „Human Brain Project“ ist eine entsprechende europäische Initiative, die seit 2013 eine Plattform zur Bündelung der Erforschung des menschlichen Gehirns bietet. Mit all diesen Anstrengungen sind ähnlich wie bei der Erforschung des menschlichen Erbguts große Erwartungen verknüpft, dass mit zunehmendem Verständnis des menschlichen Gehirns etwas Wesentliches vom Menschen zugänglich würde. Ein geschlechtsspezifischer Unterschied in Aufbau und Funktion des humanen Gehirns (Sexualdimorphismus) wurde in der Geschichte seiner Erforschung nie in Frage gestellt. Das Ausmaß der Unterschiede, ihre Ursache und ihre Bedeutung werden nach wie vor kontrovers diskutiert (SACHER et al. 2013, DE LACY et al. 2019, PALLAYOVA et al. 2019).

Im Rahmen der erwähnten Projekte werden auch Gehirne von Tieren als Modell für das humane Gehirn untersucht, da diese experimentellen Methoden leichter zugänglich sind. Herausforderungen bestehen dann darin, die Übertragbarkeit der Erkenntnisse aus Tiermodellen auf das menschliche Gehirn zu prüfen. Am Gehirn von Mäusen sind geschlechtsspezifische Unterschiede gut untersucht und etabliert; dazu gehören (1) die Volumenverteilung der grauen Substanz in bestimmten Bereichen der Großhirnrinde (Kortex) und in subkortikalen Gehirnregionen; (2) die unterschiedlichen Volumina an grauer Substanz vor allem in Bereichen für soziales Verhalten und für die Fortpflanzung und (3) der Zusammenhang zwischen der räumlichen Verteilung der genannten Bereiche grauer Substanz und der Expression geschlechtschromosomaler Gene – also deren Konzentration – im Gehirn erwachsener Tiere.

LIU et al. (2020) haben nun eine Arbeit vorgelegt, in der sie die Übertragbarkeit dieser Befunde aus dem Tiermodell auf den Menschen geprüft haben. Dazu haben sie zunächst zwei unabhängige und umfangreiche Datensätze von Schichtaufnahmen (Scans) genutzt, die durch bildgebende Verfahren von menschlichen Gehirnen gewonnen worden waren. Ein Datensatz stammt aus dem Human Connectome Projekt (HCP), der andere aus der englischen UK Biobank (UKB); insgesamt wurden mehr als 2000 Scans in diese Untersuchung einbezogen. Die geschlechtsspezifische räumliche Verteilung der Volumina der grauen Masse erwies sich in diesen Datensätzen als in hohem Maße reproduzierbar.

Eine Fülle von Befunden spricht für geschlechtsspezifische Unterschiede zwischen dem männlichen und weiblichen Gehirn.

Weiter untersuchten LIU et al. die bisher beschriebenen, im Gehirn ausgeprägten Gene (Transkriptom) und verglichen diese Daten mit der geschlechtsspezifischen Verteilung der grauen Substanz. Das Allen Institute for Brain Science liefert einen öffentlich zugänglichen Atlas mit ca. 16.000 Genen, die im menschlichen Gehirn in RNA umgeschrieben (transkribiert) werden. Dies ermöglicht zu prüfen, ob Gene der X-Chromosomen bzw. des Y-Chromosoms bevorzugt in den geschlechtsspezifischen Bereichen des Gehirns transkribiert werden, wie das im Mausmodell nachgewiesen worden ist. Darüber hinaus können die im menschlichen Gehirn exprimierten Gene danach eingeteilt werden, inwieweit ihre Expression mit den geschlechtsspezifischen anatomischen Unterschieden in den Gehirnstrukturen gekoppelt ist.

Für die geschlechtsspezifischen strukturellen, anatomischen Unterschiede im menschlichen Gehirn führen die Autoren auch Erkenntnisse

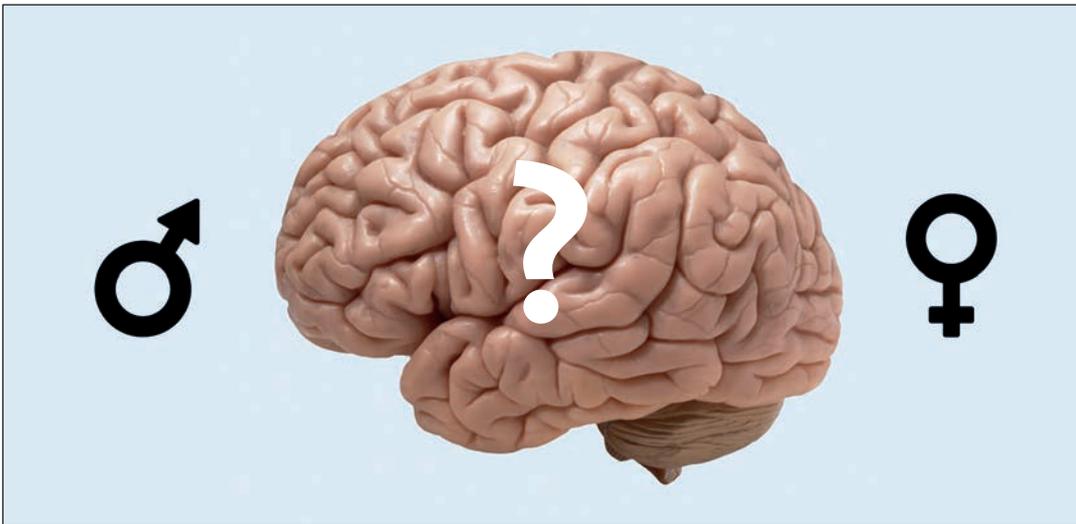


Abb. 1 Neue Untersuchungen bestätigen die Unterschiedlichkeit der Gehirne von Mann und Frau. (danheighton, AdobeStock)

aus seltenen medizinischen Störungen an, die zeigen, dass Sexualhormone und die Menge an X- bzw. Y-chromosomalen Genen die Volumina der Gehirnbereiche beeinflussen, die in einer Population geschlechtsabhängige Anatomie aufweisen. Bei der Geburt werden ebenfalls geschlechtsspezifische Unterschiede in der menschlichen Gehirnanatomie beschrieben, zu diesem Zeitpunkt werden diese Differenzen vor allem durch die Gene und die Bedingungen in der Gebärmutter beeinflusst. Die Autoren resümieren zu diesem Aspekt Untersuchungen, wonach es kaum möglich ist, die geschlechtsspezifischen Unterschiede in der menschlichen Gehirnanatomie allein auf die Umgebungsbedingungen zurückzuführen.

Weiter bestätigt die Studie von LIU et al. (2020) eine enge Verknüpfung der geschlechtsspezifischen anatomischen Unterschiede und der Expression von Genen der X-Chromosomen bzw. des Y-Chromosoms. Dies war zuvor nur in Mäusen, einem Modellsystem für den Menschen, beschrieben worden. Die Autoren sehen in diesem Befund auch einen Hinweis darauf, dass Steroide aus den Geschlechtsdrüsen nicht die einzigen Einflussgrößen bei der Musterbildung und geschlechtsspezifischen Verteilung der grauen Masse im menschlichen Gehirn sind.

Fazit

Auch wenn nach wie vor viele Fragen zum Unterschied im Gehirn von Mann und Frau offen bleiben und der experimentellen Untersuchung menschlicher Gehirne enge Grenzen gesetzt sind, so haben LIU et al. mit ihrer aktuellen Arbeit doch eindrucksvoll bestätigt, dass es eine Fülle von Befunden gibt, die für eine geschlechtsspezifische Unterscheidung des männlichen und weiblichen Gehirns sprechen. Wenn dann in der Titelformulierung einer populären Zusammenfassung – Überraschung anzeigend – formuliert

wird: „Gehirn von Mann und Frau ist doch unterschiedlich“ (PODBREGAR 2020), dann zeugt das entweder von Ignoranz oder massiver weltanschaulicher Voreingenommenheit. Denn das ist, wie oben erwähnt, bereits lange bekannt und wird durch die hier vorgestellte Untersuchung nur in einem konkreten Zusammenhang vertieft.

Dass bei der Übertragung von tierischen Modellen auf den Menschen Vorsicht geboten ist, zeigen SCHAEFFER et al. (2020) in einer aktuellen Untersuchung. Demnach weisen die Gehirne von Nagetieren und Primaten zwar eine vergleichbare Architektur auf, aber bei Mäusen, Krallenäffchen und Mensch sind funktionale Bereiche im Frontallappen unterschiedlich verschaltet. Das unterstreicht die Notwendigkeit, an Tiermodellen gewonnene Erkenntnisse vor der Übertragung auf den Menschen gründlich zu prüfen, wie das im Falle von LIU et al. (2020) vorbildlich gemacht worden ist.

Literatur

- DE LACY N, McCAULEY E, KUTZ JN & CALHOUN VD (2019) Multilevel mapping of sexual dimorphism in intrinsic functional brain networks. *Front. Neurosci.* 13:332. doi: 10.3389/fnins.2019.00332
- LIU S, SEIDLITZ J, BLUMENTHAL JD, CLASEN LS & RAZNAHAN A (2020) Integral structural, functional, and transcriptomic analyses of sex-biased brain organization in humans. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*; www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1919091117
- PALLAYOVA M, BRANDEBUROVA A & TOKAROVA D (2019) Update on sexual dimorphism in brain structure-function interrelationships: a literature review. *Appl. Psychophysiology & Biofeedback* 44, 271–284.
- PODBREGAR N (2020) Gehirn von Mann und Frau ist doch verschieden. <https://www.scinexx.de/news/biowissen/gehirn-von-mann-und-frau-sind-doch-verschieden/>
- SACHER J, NEUMANN, OKON-SINGER H, GOTOWIEC S & VILLRINGER A (2013) Sexual dimorphism in the human brain: evidence from neuroimaging. *Magnetic Resonance Imaging* 31, 366–375.
- SCHAEFFER DJ, HORI Y, GILBERT KM, GATI JS, MENON RS & EVERLING S (2020) Divergence of rodent and primate medial frontal cortex functional connectivity. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*; www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.2003181117

Leben aus der Tiefe der Erde: Fortschritt in der Lebensursprungsfrage?

Seit der Zeit Darwins galt das Modell des „warmen Tümpels“ als ein Favorit unter den Szenarien der Lebensentstehung. Doch nach über 70 Jahren experimenteller Forschung steht fest, dass dieses Modell in vielerlei Hinsicht problematisch ist. Aus diesem Grund hat eine Forschungsgruppe ein neues Modell aufgestellt: Leben soll demnach tief unter der Erde entstanden sein. Vor nicht langer Zeit wurden Versuche in einer Druckkammer durchgeführt, um das Modell zu untermauern. Wie so oft besteht eine auffällige Diskrepanz zwischen der Deutung der Ergebnisse und den zugrundeliegenden Daten.

Boris Schmidtgal

Einleitung

Einer der wichtigsten gedanklichen Impulse für das Forschungsgebiet der „chemischen Evolution“ stammt von Charles DARWIN selbst. In einem seiner Briefe spekulierte er fragend darüber, ob in einem kleinen warmen Tümpel aus verschiedenen anorganischen Salzen und organischen Verbindungen Leben hervorgegangen sein könnte. Später wurde dieser Gedanke von anderen Wissenschaftlern aufgegriffen und durch experimentelle Arbeiten auf Plausibilität hin geprüft. Nach über 70 Jahren intensiver experimenteller Forschung und vielen frustrierenden Ergebnissen konstatierten Wissenschaftler jedoch vermehrt das Naheliegende: In wässriger Lösung ist die Entstehung der Makromoleküle des Lebens, d. h. Proteine und Nukleinsäuren sehr unwahrscheinlich. In aller Deutlichkeit schrieb S. BENNER (2012): „Viele chemische Bindungen in der RNA sind bezüglich der Hydrolyse in Wasser instabil. Selbst wenn sie also in Wasser entstehen, werden sie zerfallen.“ In einer kürzlich publizierten Arbeit gaben DAMER und DEAMER (2020) offen zu: „Sollte aufgrund des oben erwähnten Wasserproblems irgendein katalytisches Polymer, geschweige denn ein so komplexes wie eine primitive ATP-Synthase, ohne die ständige Reparatur und erneute Synthese durch die Enzyme der Biologie zufällig in der Umgebung einer heißen Quelle gebildet werden, würde es bald durch hydrolytische Zersetzung abgebaut werden.“

Dabei ist die hydrolytische Zersetzung der Bausteine des Lebens bei weitem nicht das einzige schwerwiegende Problem für hypothetische Szenarien der Entstehung erster Organismen in einem „warmen Tümpel“ an der Erdoberfläche. Auch die harte UV-Strahlung dürfte ein wesentliches Hindernis im Hinblick auf die Bildung erster Lebewesen gewesen sein, denn bei Abwesenheit von Lebewesen dürfte es auch

keine vor UV-Strahlung schützende Atmosphäre gegeben haben. Aus diesen Gründen werden seit Langem alternative Ansätze zum „warmen Tümpel“ gesucht. Zuletzt hat eine Forschergruppe von der Universität Duisburg-Essen für einige Schlagzeilen im Hinblick auf die Frage nach dem Ursprung des Lebens gesorgt. Der „Informationsdienst Wissenschaft“ titelte optimistisch: „Möglicher Beginn des Lebens auf der Erde im Labor simuliert.“ In dem Wissenschaftsmagazin „Scinexx“ war im Artikel „Erdkruste statt Uruppe?“ die Rede davon, dass das Modell eine Alternative zur mittlerweile angeblich für wenig plausibel gehaltenen „klassischen Ursuppe“ sei.

Aufgrund vieler schwerwiegender Probleme werden seit Langem Alternativen für das Lebensentstehungsszenario des „warmen Tümpels“ gesucht.

Recht gewagt klingt vor allem die Pressemitteilung der betreffenden Forscher an der Uni Duisburg-Essen: „Es ist das erste Modell zur Entstehung des Lebens, das einen umfassenden Prozess der Zellbildung beschreibt, bei dem die Probleme der Molekülherkunft, Aufkonzentrierung, Energieversorgung und Membranbildung gelöst sind.“ Wenn diese Aussage zutrifft, müsste es sich bei der Arbeit um einen entscheidenden Durchbruch handeln. Was hat es also damit auf sich?

Das experimentelle Konzept

Der Geologe Ulrich SCHREIBER und seine Kollegen Christian MAYER und Oliver J. SCHMITZ haben für die Fragestellung des Lebensursprungs eine ungewöhnliche Herangehensweise gewählt.

Gemäß ihrem Konzept sollen erste Vorstufen des Lebens nicht auf der Erdoberfläche entstanden sein, sondern tief darunter. Die drei Wissenschaftler haben die Hypothese aufgestellt, dass Schritte der Lebensentstehung in Poren und Kavitäten* ca. 750 m – 1000 m unter der Erde in einem Gemisch aus Wasser und CO₂ stattgefunden haben können (MAYER et al. 2017, s. Abb. 1). Als wesentliche Verbesserungen gegenüber der vermuteten Entstehung erster Zellen in einem „warmen Tümpel“ an der Erdoberfläche werden folgende Aspekte angeführt:

Der bessere Reaktionsraum: Während die labilen organischen Moleküle an der Erdoberfläche der UV-Strahlung ausgesetzt sind, befinden sie sich in 750–1000 m unter der Erde in einem geschützten Raum. Die Bedingungen in diesem Raum (ca. 40–80 °C, 60–80 bar) passen gut für manche Reaktionsschritte in bisher beschriebenen Szenarien für die Entstehung kleiner organischer Moleküle wie z.B. Aminosäuren.

Das bessere Lösungsmittel. In einer rein wässrigen Lösung, wie sie in einer „Ursuppe“ gegeben ist, sind viele organische Moleküle unlöslich, sodass es nicht zum Aufbau komplexer organischer Moleküle durch chemische Reaktionen kommen kann. Dagegen ermöglichen die Bedingungen in der genannten Tiefe das zeitweise Vorliegen von CO₂ in der überkritischen Form (s. Kasten), sodass es sich wie ein organisches Lösungsmittel verhält und Reaktionen ermöglicht, die in einer wässrigen Lösung unmöglich sind. Zudem kommt es beim Phasenübergang (überkritisches CO₂ – gasförmiges CO₂) zur Bildung winziger Wassertröpfchen, in denen die organischen Moleküle sehr stark aufkonzentriert werden können. Dies kann ebenfalls Reaktionen fördern, die aufgrund der hohen Verdünnung in der Ursuppe nicht stattfinden. Die Phasenübergänge werden durch zyklisch wiederholte Druckschwankungen bewirkt, die z.B. aus Druckentlastungen aufgrund von Eruptionen von Geysiren resultieren.

Die bessere Versorgung mit Rohstoffen. Es wird angenommen, dass unter den genannten Bedingungen nicht nur eine ständige Zufuhr kleiner organischer Moleküle stattfinden kann, sondern dass auch viele Metallionen und andere Rohstoffe vorhanden sind, die an der Erdoberfläche selten vorliegen. Selbst Phosphat soll durch Aufschluss von Apatit unter den Bedingungen in der Tiefe zugänglich sein. Apatit ist ein häufig vorkommendes phosphathaltiges Mineral, das allerdings unter gewöhnlichen Bedingungen an der Erdoberfläche eine viel zu geringe Löslichkeit aufweist, um als Quelle für Phosphat dienen zu können. Phosphationen kommen sehr

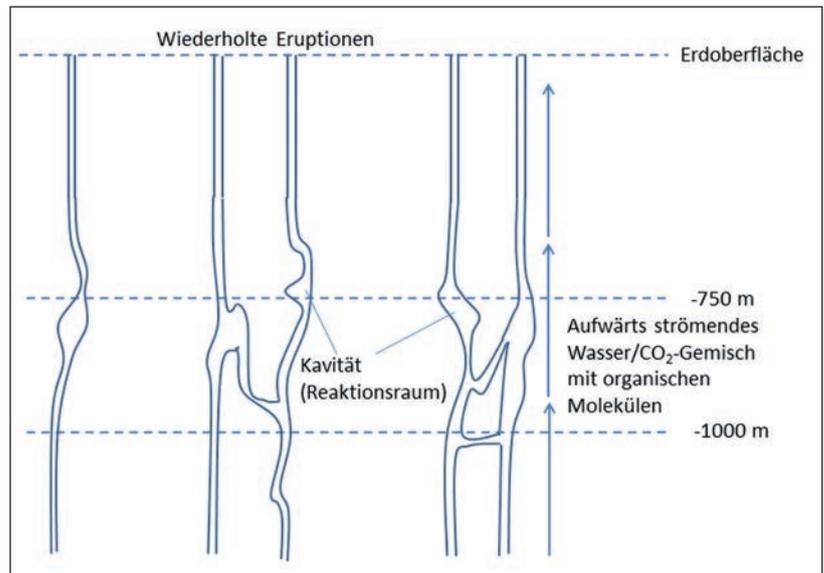


Abb. 1 Veranschaulichung des vermuteten Reaktionsortes: Kanäle und Kavitäten in einer Tiefe von 750–1000 m unter der Erdoberfläche.

häufig in biologisch relevanten Molekülen wie Nukleinsäuren, Proteinen und Lipiden vor. Daher ist eine verfügbare Phosphatquelle in Modellen zur Lebensentstehung wichtig.

Ausgehend von diesen theoretischen Überlegungen scheint das Modell in der Tat einige bedeutende Vorteile gegenüber früheren zu bieten. Zudem haben die Autoren einige interessante Experimente durchgeführt, um ihre Hypothese zu überprüfen (MAYER et al 2018).

Bedingungen der experimentellen Untersuchung der Hypothese

Zur Nachbildung der genannten Bedingungen in 750–1000 m Tiefe wurden chemische Vorgänge in der Reaktionskammer eines Druckreaktors mit einem Wasser/CO₂-Gemisch durchgeführt. Zunächst wurde eine wässrige Lösung mit amphiphilen* Fettsäuremolekülen (C₁₈-Ketten), langkettigen aliphatischen Aminen* (C₁₈-Ketten) und einer Auswahl an 12 reinen L-Aminosäuren* versetzt und in die Druckkammer gefüllt (s. Abb. 2). Es wurden dabei nur solche Aminosäuren eingesetzt, die gemäß der Fachliteratur über Simulationsversuche in sog. MILLER-Experimenten* nachgewiesen werden konnten. Anschließend wurde CO₂ in die Druckkammer gegeben und unter hohem Druck gesetzt, sodass das CO₂ den überkritischen Zustand annahm. Die Temperatur in der Druckkammer wurde konstant bei 120 °C gehalten. Dabei wurde der Druck über eine Zeit-

Überkritischer Zustand

Bei sehr hohen Drücken geht das Kohlendioxid nicht nur in einen Zustand über, in welchem es von seinen Eigenschaften her einem organischen Lösungsmittel ähnlich ist (überkritischer Zustand). Es löst sich auch zu einem viel höheren Anteil im Wasser. Dadurch nimmt die wässrige Lösung einen recht niedrigen pH-Wert von 3 an, sodass Aminogruppen in der positiv geladenen Form vorliegen, wodurch sich ihre wasserliebende Tendenz deutlich erhöht.

spanne von 160 Stunden wiederholt zwischen 100 bar und 70 bar zyklisch variiert. Die bei den Versuchen verwendeten Chemikalien (s. o.) wurden in fertiger Form und hoher Reinheit verwendet (>94%). Das Wasser und das CO₂ wurden in noch viel höherer Reinheit verwendet (>99,9%). In einer weiteren Versuchsreihe wurden dem Gemisch anstelle von Aminosäuren durch chemische Synthese erhaltene Peptide hinzugefügt.

Befunde

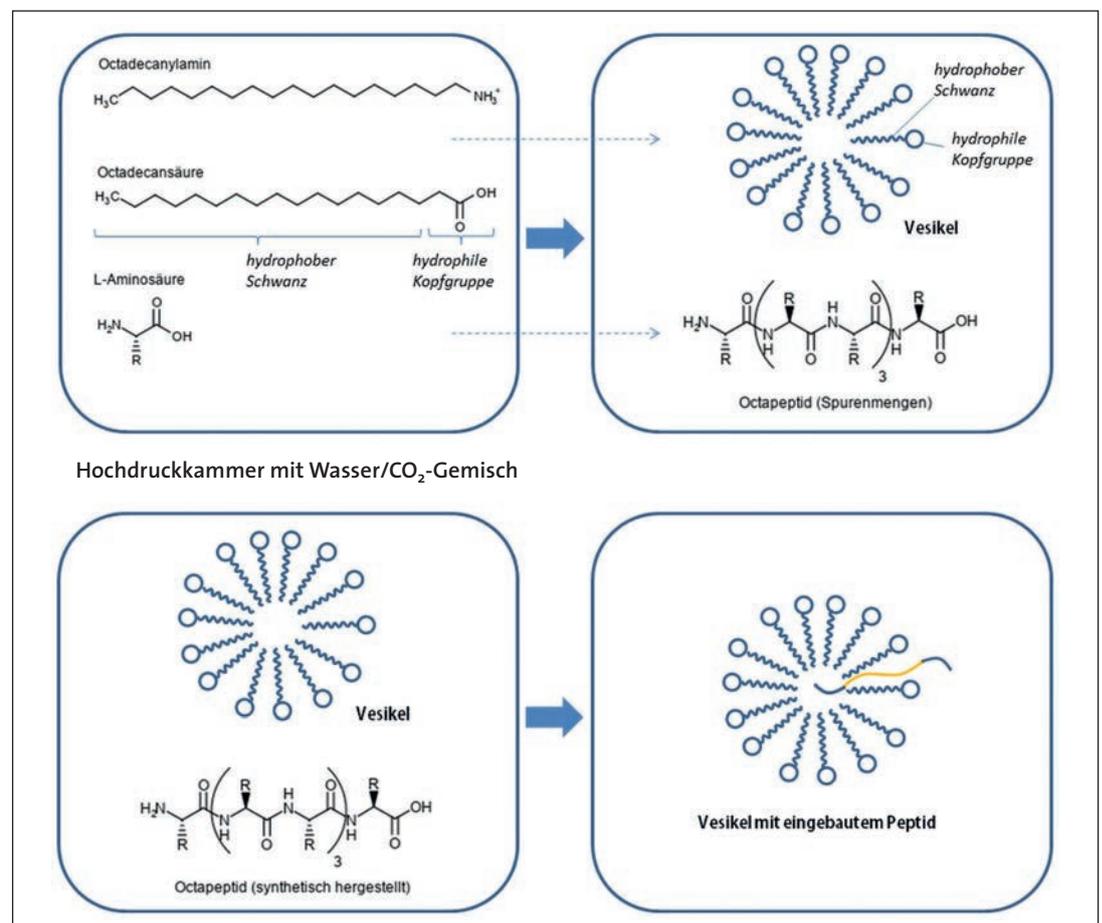
Zur Synthese von Peptiden* aus Aminosäuren wurde der Reaktionsansatz 160 Stunden bei 120 °C gerührt. Dabei wurden wiederholt Proben aus der Kammer des Druckreaktors entnommen. Es konnten Peptide bis zu einer Länge von acht Aminosäuren nachgewiesen werden. Unter den genannten Bedingungen kam es also tatsächlich zur Bildung von Peptidbindungen zwischen den Aminosäuren ohne Zusatz spezieller Reagenzien, die solche Reaktionen fördern. Allerdings war die Konzentration der erhaltenen Peptide sehr niedrig. In manchen Versuchen lag sie nur knapp über der Nachweisgrenze des verwendeten Massenspektrometers, was vereinfacht mit den Worten „verschwindend gering“ ausgedrückt werden kann. Daher wurde für die Demonstration der „Selbstorganisation

von Vorstufen von Zellen“ in weiteren Versuchen ein im Labor synthetisiertes Peptid verwendet.

Bei den Versuchen mit vorgegebenen Peptiden erhielt man kurzlebige Vesikel, die nach jedem Druckzyklus zerfielen. Bei Vesikeln handelt es sich um kugelförmige Aggregate mit innerem Hohlraum, die von amphiphilen Molekülen wie Lipiden oder Fettsäuren gebildet werden können. Die im Versuch verwendeten Fettsäuren richten sich dabei so aus, dass der wasserliebende „Kopf“ mit der wässrigen Phase in Kontakt stehend nach außen orientiert ist, während der fettliebende „Schwanz“ ins Innere des Vesikels weist. Bei den Versuchen wurde auch beobachtet, dass bestimmte Peptide in die Membran der Vesikel eingebaut werden. Es handelte sich hierbei um Peptide, die an den Enden jeweils eine bis drei polare Aminosäuren enthalten und in der Mitte der Sequenz wasserabweisende Aminosäuren. Solche Peptide ordneten sich dergestalt in den Vesikeln an, dass der mittlere hydrophobe Teil in der Membran eingebettet war und der hydrophile Kopf mit dem Lösungsmittelgemisch in Kontakt stand. Im Verlauf der Druckzyklen entstanden kombinierte Agglomerate aus Fettsäuren/Peptiden, die mehrere Zyklen überdauerten. Die Aufnahme bestimmter Peptide führte also zur Stabilisierung der Vesikel. Peptide, die entweder nur aus wasserliebenden Aminosäuren bestanden oder nur aus wasserabweisenden, blieben dagegen nicht in den Vesikeln erhalten.

Abb. 2 Schematische Darstellung der zwei von MAYER et al. durchgeführten Versuche in der Druckkammer. **Oben** Das Gemisch aus Wasser, CO₂, amphiphilen Molekülen (Fettsäure: Octadecansäure, aliphatisches Amin: Octadecanylamin) und L-Aminosäuren bringt bei 120 °C und Drücken von 70–100 bar Vesikel und Peptide einer maximalen Länge von acht Aminosäuren hervor.

Unten Werden unter den gleichen Bedingungen Vesikel und Peptide in ausreichender Menge vorausgesetzt, kommt es zur Bildung von Vesikeln mit integrierten Peptiden in der Vesikelmembran. Dabei ordnet sich das Peptid so an, dass der fettliebende Teil (orange) sich in der Membran befindet, während die wasserliebenden Enden (blau) aus der Membran herausragen.



Bildung von Peptiden aus Aminosäuren in Spuren Mengen und Bildung von Vesikeln mit integrierten Peptiden = „molekulare Evolution“?

Die Autoren werteten die Ergebnisse als Beleg für die Möglichkeit der Entstehung und Selbstoptimierung eines molekularen Systems unter präbiotischen Bedingungen: „Wir zeigen, dass wachsende Strukturen [...] ihre eigene Existenz unterstützen, chemische und strukturelle Evolution eingehen und unvorhergesehene funktionelle Eigenschaften entwickeln“ (MAYER et al. 2018). Insgesamt sehen die Autoren in ihrem Modell und den durchgeführten Experimenten eine plausible Veranschaulichung eines Szenarios der Lebensentstehung. In der Zeitschrift der Universität Duisburg-Essen *Unikate* beschreiben sie ihr System wie folgt: „...eine große Anzahl von kleinsten Laboratorien, untereinander verknüpft, mit wechselnden Bedingungen, Materialnachschub und Müllabfuhr für nicht brauchbare Bestandteile. Unter solchen Bedingungen muss sich die biologische Zelle LUCA gebildet haben, das erfolgreichste System, das jemals auf der Erde entstanden ist“ (SCHREIBER et al. 2018).

Kritik und Diskussion

Besonders auffällig sind die gezielte Wahl der Versuchsbedingungen und die ausschließliche Verwendung hochreiner und sehr spezifischer Chemikalien. Die Verwendung von reinen L-Aminosäuren bei Versuchen zur Bildung von Peptiden ist absolut notwendig, um überhaupt annähernd natürliche Peptide zu erhalten. Andererseits ist unter präbiotischen Bedingungen nicht davon auszugehen, dass Aminosäuren chemisch rein und auch noch in enantiomerenreiner* Form vorliegen könnten. Vor allem die Lösungsmittel Wasser und CO₂ wurden in einer sehr hohen Reinheit verwendet, die unter natürlichen Bedingungen vollkommen ausgeschlossen ist. Für den (bescheidenen) Erfolg der chemischen Reaktionen war dies allerdings unverzichtbar, denn Verunreinigungen der Lösungsmittel fallen bei chemischen Reaktionen besonders ins Gewicht. Kontrollversuche mit verunreinigten Lösungsmitteln und Chemikalien wurden leider nicht durchgeführt. Das wäre jedoch hilfreich, um einschätzen zu können, wie empfindlich das chemische System auf Verunreinigungen reagiert. Dass aber selbst unter nahezu optimalen Bedingungen die Bildung von Peptiden nur in Spuren nachweisbar ist, wirkt nicht überzeugend. Ausgehend von früheren Experimenten ist es keineswegs überraschend, dass keine durchgängige chemische Evolution

Glossar

Aliphatisches Amin: Kettenförmiges oder verzweigt-kettiges Kohlenwasserstoff-Molekül (s. Abb. 1) mit einer NH₂-Gruppe (Amin).

Amphiphile Moleküle: besitzen einen wasserliebenden und einen fettliebenden Teil

enantiomerenrein: Wenn von einem Molekül zwei Formen möglich sind, die sich wie Bild und Spiegelbild verhalten, spricht man von zwei „Enantiomeren“. Liegen nur Moleküle der einen spiegelbildlichen Form vor, liegt es in „enantiomerenreiner Form“ vor.

Evolutionsexperiment: Experiment, bei dem das Ergebnis nicht bereits durch die gewählten spezifischen Bedingungen von vornherein feststeht und bei dem eine signifikante Entwicklung von einfach zu komplex beobachtet werden kann.

Kavität: In dem hier gegebenen Kontext eine kleine Aushöhlung im Gestein, in der sich Moleküle ansammeln können.

L-Aminosäuren: Aminosäuren können bezüglich des zentralen Kohlenstoff-Atoms in zwei → enantiomeren Formen vorliegen: D-Form oder L-Form (s. Abb 1).

MILLER-Experiment: Ein chemisches Experiment, das dazu dienen sollte, die Entstehung von Aminosäuren nachzuvollziehen – durch Blitzentladungen in einem Gasgemisch, welches die hypothetische Ur-Atmosphäre simulieren soll.

Peptid: Die Verknüpfung mindestens zweier Moleküle über die Einheit -C(O)NH- wird als „Peptid“ bezeichnet. Das ist auch bei den Verknüpfungen von Aminosäuren in Proteinen gegeben. Kurze Aminosäureketten werden vereinfacht als „Peptide“ bezeichnet.

ausgehend von Fettsäuren und Aminosäuren hin zu Vesikeln mit integrierten Peptiden erfolgt ist. Stattdessen bestätigt sich einmal mehr das typische Muster der Vorgehensweise in der präbiotischen Chemie: Es werden bestimmte kleine Teilschritte simuliert (Synthese von Peptiden in Spuren Mengen), aber das eigentliche Problem wird durch Laborsynthese gelöst (Synthese von Peptiden in ausreichender Menge).

Auch für die Versuche zur Bildung der Vesikel wurden die Bedingungen so gewählt, dass das erhoffte Resultat auch erzielt wurde, ja fast vorprogrammiert war. Die Kombination aus Lösungsmittelgemisch und Druck wurde offenbar so eingestellt, dass die Vesikelbildung stark gefördert wird. Die Autoren beschreiben selbst, dass die Vesikelbildung bei dem eingestellten sauren pH-Wert zu erwarten war – bei neutralem pH-Wert dagegen nicht: „Eine 1:1 Mischung aus Oktadekansäure und Oktadekanylamin weist einzigartige physikalische Eigenschaften auf, die dessen Tendenz zur Vesikelbildung bei einem bestimmten pH-Wert der wässrigen Lösung beeinflussen. Während bei neutralem pH-Wert keine Vesikel gebildet werden, führt eine beliebige Abweichung zur Deprotonierung der Carboxylgruppen der Oktadekansäure oder einer Protonierung der Amine. Folglich kommt es zur Ionisierung der Kopfgruppen und damit zur Bildung von Vesikeln“ (MAYER et al 2018). Aufgrund der hohen Temperatur bei der Reaktionsführung konnten nur thermisch stabile Verbindungen für die Entstehung der Vesikel verwendet werden. Die Autoren beschreiben selbst, wie sie Chemikalien ausgewählt haben, die unter den vorgesehenen Versuchsbedingungen stabil sein würden: „Um die Temperaturstabilität zu erhöhen, wurden beide Komponenten

als C18-Ketten ausgewählt (Oktadekansäure und Oktadekanylamin)“ (MAYER et al 2018). Die Analyse der experimentellen Bedingungen zeigt erneut deutlich, dass es sich nicht um ein „Evolutionsexperiment“* handelte, sondern um gezielte Reaktionsführung, also um Design.

Darüber hinaus sind die Ergebnisse ohnehin sehr bescheiden, denn dass amphiphile Moleküle (Fettsäuren oder Alkylamine) unter bestimmten Bedingungen in wässriger Lösung spontan Vesikel bilden können, ist nichts Neues. Die spontane Integration von Peptiden in die Vesikelmembran ist zwar ein interessantes Ergebnis, hat aber entgegen der Behauptung der Autoren nicht viel mit der Entstehung und Weitergabe von „lebenswichtigen Funktionen“ zu tun. Dazu müsste gezeigt werden, wie aus einzelnen Peptiden ganze Transmembranproteine werden, die z.B. einen selektiven Stofftransport ermöglichen, und wie sich die Vesikel teilen und dabei ihre Eigenschaften beibehalten. Auch die Tatsache, dass bestimmte Vesikel mehrere Druckzyklen überstehen, ist noch lange keine „molekulare Evolution“, sondern schlichte Thermodynamik: Das bei bestimmten Bedingungen stabilste Molekül oder Agglomerat bleibt bestehen. Dass die Peptide die Stabilität der Membran erhöhen, ist einfach das Resultat einer Assoziation zweier Makromoleküle. Die Rede von einer „evolutionären Entwicklung von einfachen Vorstadien zu komplexeren“ oder von „Selektionsvorteilen“ ist hier irreführend, da es sich nicht um Lebewesen handelt, sondern um relativ einfache molekulare Gebilde, die keinerlei Tendenzen zur Ausbildung tatsächlicher molekularer Funktionseinheiten wie z.B. Rotoren oder Molekularpumpen aufweisen.

Schließlich gibt es überhaupt keine Anhaltspunkte, wie unter den von MAYER et al. angeführten Bedingungen genetisches Material entstehen könnte – ganz zu schweigen von einem funktionierenden Proteinbiosynthese-Apparat. Es wundert nicht, dass SCHREIBER in seinem Buch „Das Geheimnis um die erste Zelle“ schreibt, dass der Tag, an dem erste Schritte zur präbiotischen Proteinbiosynthese verstanden werden, gefeiert werden sollte: „Sollte dieser Prozess einmal im Labor nachvollzogen werden, wäre es an dieser Stelle angebracht, eine Flasche Champagner zu öffnen“ (SCHREIBER 2019). Die Resultate der Experimente jedenfalls rechtfertigen diese Hoffnung in keiner Weise. Noch muss die Champagnerflasche auf unabsehbare Zeit im Kühlschrank verbleiben.

Fazit

Die Befundlage ermöglicht also bei weitem nicht die vollmundigen Schlussfolgerungen von MAYER et al. Die Behauptung, dass „Vorstufen

Die Verwendung aufwendiger Reaktionsbedingungen und hochreiner Chemikalien entspricht Design und nicht Evolution.

von Zellen“ identifiziert seien, ist insofern grob irreführend, als die erhaltenen makromolekularen Agglomerate in keiner Weise über typische Eigenschaften von Lebewesen (z.B. Stoffwechsel, genetisches Material, Reaktion auf Reize) verfügen. Der Gebrauch überaus anspruchsvoller experimenteller Vorgehensweisen inklusive hochreiner und spezifischer Chemikalien für die Synthese von sehr primitiven zellähnlichen Gebilden bestätigt aber erneut, dass Schöpfung die einzig plausible Erklärung für den Ursprung des Lebens ist.

Die Interpretation der Befunde durch MAYER, SCHREIBER und SCHMITZ ist mehr als fragwürdig. Vor allem die Wahl der Begriffe ist oft suggestiv und unangemessen. Es wird ein Vokabular auf abiotische (rein physikalisch-chemische) Vorgänge angewendet, das ansonsten nur für Lebewesen gebräuchlich ist. Dadurch wird die Grenze zwischen unbelebter Materie und belebter mittels bloßer Rhetorik verwischt. Damit wird Lesern, die die experimentellen Details der Arbeit nicht nachvollziehen können, fälschlicherweise vermittelt, dass die Lösung der Frage, wie Leben durch rein natürliche Vorgänge entstanden sein könnte, zum Greifen nahe sei. Dabei wäre es angebracht zu konstatieren, dass die Befunde vielmehr zur Verschärfung der Probleme beitragen.

Literatur

- BENNER S et al. (2012) Asphalt, Water, and the Prebiotic Synthesis of Ribose, Ribonucleotides, and RNA. *Acc. Chem. Res.* 45, 2025–2034.
- DAMER B & DEAMER D (2020), The Hot Spring Hypothesis for an Origin of Life, *Astrobiology*, 20(3), doi: 10.1089/ast.2019.2045.
- MAYER et al. (2017) Selection of Prebiotic Molecules in Amphiphilic Environments, *Life* 7(3), doi:10.3390/life7010003.
- MAYER et al. (2018) Molecular Evolution in a Peptide-Vesicle System, *Life* 8(16), doi:10.3390/life8020016
- SCHREIBER U et al. (2018) Der Ursprung des Lebens. „Die“ Herausforderung der Wissenschaft. *Unikate* 51.
- SCHREIBER U (2019) Das Geheimnis um die erste Zelle. Dem Ursprung des Lebens auf der Spur. Springer, S. 231. Möglichen Beginn des Lebens im Labor simuliert. Informationsdienst Wissenschaft: <https://nachrichten.idw-online.de/2020/06/12/moeglichen-beginn-des-lebens-im-labor-simuliert-evolution-unter-tage/> abgerufen am 14.7.2020.
- PODBREGAR N (2020) Erdkruste statt Ursuppe? Erste Zellmembranen könnten unterirdisch entstanden sein. <https://www.scinexx.de/news/biowissen/erdkruste-statt-ursuppe/>, abgerufen am 18.6.2020.
- Ursprung des Lebens – Pressemitteilung Das Leben entstand in der Erdkruste, <https://www.uni-due.de/geologie/forschung/origin.shtml>, abgerufen am 18.6.20.

Citratnutzung bei *Escherichia coli*: Kein evolutionäres Sprungbrett

Die evolutionäre Entstehung der Citratnutzung bei *E. coli* hat in der Ursprungsdebatte schon viel Staub aufgewirbelt. Nun befasst sich eine Studie mit der weiteren Entwicklung dieser „neuartigen“ Abstammungslinie. Dabei wird deutlich, dass die Bakterien zwar ein erstaunlich weitreichendes Anpassungspotenzial haben, dieses aber trotzdem sehr deutlich begrenzt bleibt.

Daniel Vedder

Das Langzeit-Evolutionsexperiment (LZEE) mit *Escherichia coli*-Bakterien, das Richard LENSKI 1988 an der Michigan State University begann, ist schon seit Jahren eines der berühmtesten Experimente der Evolutionsbiologie. Besonders viel Aufmerksamkeit erregte dabei 2008 die Entstehung einer Abstammungslinie, die in der Lage ist, unter aeroben* Bedingungen Citrat zu verstoffwechseln. Da diese als Cit+ bezeichnete Fähigkeit bei normalen *E. coli* nicht vorkommt und ihre Entstehung eine ganz bestimmte Abfolge unterschiedlicher Mutationen erfordert, wurde diese Linie schon bei der Erstveröffentlichung als „evolutionäre Neuheit“ gefeiert (BLOUNT et al. 2008), obwohl keine wirklich neuen Strukturen entstanden waren (vgl. Kastentext). Seitdem taucht sie regelmäßig in der Ursprungsdebatte auf (vgl. VEDDER 2016).

Wachstum und Anpassung unter widrigen Bedingungen

Anfang des Jahres hat nun das Team um LENSKIS Mitarbeiter Zachary BLOUNT eine neue Studie veröffentlicht, in der sie sich dem evolutiven Potenzial des Cit+-Stammes widmen (BLOUNT et al. 2020). Dafür etablierten sie je 12 Cit+-Populationen in einem Nährmedium, das entweder nur Citrat enthielt (DM0), oder aber Citrat und Glucose (DM25). Letzteres ist das Nährmedium, das auch sonst im LZEE verwendet wird; auf ersterem können normale *E. coli* überhaupt nicht wachsen. Die 24 Populationen durften sich anschließend 2500 Generationen lang fortpflanzen. Zur Auswertung maßen die Autoren mehrere Wachstumsparameter, die für die evolutionäre Fitness wichtig sind, und führten Genomanalysen durch.

Tatsächlich konnten sie sehr schön beobachten, wie sich das Bakteriengenom an die neuen Umstände anpasste. Wie schon bei früheren Untersuchungen im Rahmen des LZEE zeigte sich eine deutliche Parallelentwicklung innerhalb der zwei Versuchsgruppen – je nach Nährmedium wurden offensichtlich unterschiedliche

Mutationen selektiert. Dabei entstanden im neuen DM0-Medium insgesamt deutlich mehr Änderungen als im „bekannteren“ DM25.

Wie erwartet kam es zu mehrfachen Duplikationen des benötigten Transportproteingens *citT* und anderer für die Citratnutzung relevanter Gene. Solche Duplikationen waren schon in früheren Studien beobachtet worden und kamen auch hier fast durchweg vor. In einem Fall wurde die betreffende Genregion sogar so häufig dupliziert, dass sie schließlich 15% des Gesamtgenoms ausmachte.

Bemerkenswerter war, dass der weitaus größte Teil der insgesamt aufgetretenen Mutationen auf die Aktivität von Transposons* zurückzuführen war. Über die Bedeutung dieser sog. „springenden Gene“ für die Evolution wird schon länger heiß diskutiert. Hier konnten BLOUNT et al. zeigen, dass ihre Bewegungen im Genom sehr genau vorhersagbar sind, also nicht so zufällig, wie oft angenommen wurde. Außerdem hängen sie von den jeweiligen Umweltbedingungen ab und unterliegen somit offenbar starken Selektionsdrücken.

Trotz dieser beschriebenen selektiven Anpassungen wurde im Experiment jedoch auch deutlich, dass das Wachstum auf Citrat für *E. coli* starken metabolischen Stress bedeutet. Das äußerte sich in einer erhöhten Transkriptionsrate*

Entstehung der Citratnutzung

Normale *E. coli*-Bakterien können Citrat nur unter anaeroben* Bedingungen als Nährstoffquelle nutzen, da das benötigte Transportprotein *citT* nur unter diesen Bedingungen transkribiert wird. Um den Cit+-Phänotyp zu erzeugen, müssen mehrere aufeinander folgende Mutationen auftreten. In einem ersten Schritt kommt es zu einer mehrfachen Duplikation des *citT*-Gens. Das eröffnet die Möglichkeit, dass eine dieser neuen Kopien in den Wirkungsbereich eines neuen Promoters* eingefügt wird. Dieses sog. „promoter capture event“ kann dazu führen, dass das *citT*-Gen nun auch

unter aeroben Bedingungen transkribiert wird – die grundlegende Voraussetzung für den Cit+-Phänotyp. Spätere Mutationen (z. B. weitere Duplikationen des *citT*-Promoter-Komplexes) können die Fähigkeit zur Citratnutzung dann noch verbessern.

Evolutionär betrachtet ist der Cit+-Phänotyp also insofern neuartig, als dass er erhebliche Umstrukturierungen im Genom von *E. coli* erfordert. Dennoch entstehen keine neue Strukturen, da alle beteiligten Gene, Promoter und Proteine bereits vorhanden sind.

Glossar

aerob: Unter sauerstoffhaltigen Bedingungen (Gegenteil: **anaerob**).

evolutionäre Fitness: Der Grad der Anpassung einer Abstammungslinie an ihre Umgebung, gemessen an der Anzahl ihrer Nachkommen relativ zu den Nachkommen konkurrierender Linien. Im LZEE wird die Entwicklung der Fitness über die Zeit dadurch gemessen, dass man Bakterienproben aus späteren Generationen zusammen mit aufbewahrten Proben der Gründergeneration wachsen

lässt und anschließend ihre jeweiligen Populationsdichten vergleicht.

Promoter: DNA-Abschnitt, der den Start einer abzulesenden Gensequenz kennzeichnet und mitreguliert, unter welchen Bedingungen diese → transkribiert wird.

Transkription: Das „Ablesen“ von Genen, d. h. die Überführung von DNA in RNA.

Transposon: Genetische Elemente („springende Gene“), die sich im Genom selbstständig vervielfältigen und/oder verschieben können.

bestimmter Stressproteine, aber vor allem in einer häufig reduzierten Wachstumsgeschwindigkeit, außergewöhnlich hohen Raten von Zelltod und einer extrem variablen evolutionären Fitness*.

Diese letzte Beobachtung war zweifelsohne die größte Überraschung der Studie: Trotz 2500 Generationen Evolution und der vielen genetischen Anpassungen waren die Populationen am Ende des Experiments nur wenig fitter als zu Beginn. In den meisten Fällen war die Variabilität der Fitness innerhalb der Populationen so groß, dass man keinen klaren statistischen Vergleich mit der Ursprungspopulation anstellen konnte. In ein paar Zelllinien war sie messbar höher, in ein paar anderen aber auch messbar geringer. Ein solches Ergebnis hat es in allen anderen Telexperimenten des LZEE noch nicht gegeben – gewöhnlich sieht man in einer solchen Zeitspanne eine sehr deutliche und vorhersagbare Zunahme der Fitness. Populationen zu entdecken, die weniger fit waren als ihre Vorfahren, war also gelinde gesagt unerwartet.

Unendliche Evolution?

Welche Konsequenzen haben diese Ergebnisse nun für die Evolutionsbiologie und die Ursprungsdebatte, insbesondere in Bezug auf die Entstehung evolutionärer Neuheiten?

Vorweg soll angemerkt werden: Wie die bisherigen Studien aus dem Lenski-Labor besticht auch diese durch außergewöhnlich gründliche Arbeit und ein solides Experimentaldesign. Die Rigorosität der Wissenschaftler ist beachtenswert und sie sind selber sehr zurückhaltend mit der Interpretation ihrer Ergebnisse.

Gleichzeitig liefern sie überaus spannende Erkenntnisse mit potenziell weitreichenden Folgen. Die Auswirkungen eines größeren

Die Entstehung der Citratnutzung ist kein evolutionäres Sprungbrett, sondern ein Tanz am Rande des Abgrunds.

Evolutionsschrittes wie der Citratnutzung in solchem genetischen Detail und dazu auch noch wiederholt beobachten zu können ist eine phänomenale Gelegenheit.

Mit der Überführung in das reine Citratmedium werden die Bakterien Bedingungen ausgesetzt, in denen sie nicht nur auf eine ungewohnte Nahrungsressource angewiesen sind, sondern die auch noch schädlich für ihren Stoffwechsel sind. Die genomische Veränderbarkeit, mit der sie auf diese Herausforderung reagieren, ist beeindruckend. Gleichzeitig ist diese Formbarkeit aber auch ein Ausdruck von Instabilität: Wie die stark schwankenden Fitnesswerte zeigen, waren die vielen Änderungen bei weitem nicht nur positiv.

Es wird deutlich, dass die Bakterien in einer Umgebung überleben müssen, an die sie überhaupt nicht angepasst sind. Die Autoren sprechen von einer „evolutionär bedingten Fehlanpassung“ auf dem neuen Nährmedium, die auch nach mehreren Tausend Generationen nicht überwunden wurde. Dass *E. coli* überhaupt dort überleben kann, ist das Ergebnis eines beachtlichen Entwicklungsschrittes – der aber scheinbar nicht die Tür aufstößt zu weiteren evolutionären Neuerungen, sondern eher in einer Sackgasse mündet. Es scheint, als hätten die Populationen ihre bestehende Anpassungsfähigkeit beinahe ausgeschöpft, sodass signifikante weitere Anpassungen an die geänderten Bedingungen nicht mehr möglich sind. Im Gegenteil, die Bakterien überleben mehr schlecht als recht; manche scheinen sich sogar darauf spezialisiert zu haben, die vielen abgestorbenen Artgenossen zu verstoffwechseln.

Fazit

Diese Studie zeigt auf beeindruckende Weise, wie weitreichend das adaptive Potenzial eines einfachen Bakteriums sein kann. Gleichzeitig wird aber auch mehr als deutlich, dass sich *E. coli* hier an den äußersten Grenzen dieses Potenzials bewegt. So spannend die Entstehung der Citratnutzung ist: Sie ist kein evolutionäres Sprungbrett, sondern ein Tanz am Rande des Abgrunds.

Literatur

BLOUNT ZD, BORLAND CZ & LENSKI RE (2008) Historical contingency and the evolution of a key innovation in an experimental population of *Escherichia coli*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 105, 7899–7906.

BLOUNT ZD, MADDAMSETTI R et al. (2020) Genomic and phenotypic evolution of *Escherichia coli* in a novel citrate-only resource environment. *ELife*, 9, e55414. <https://doi.org/10.7554/eLife.55414>.

VEDDER D (2016) Citratnutzung bei *E. coli* und die Wiederholbarkeit der Evolution. *Stud. Integr. J.* 23, 100–103.

Streiflichter

Proteom-basierter Stammbaum mit interessanten Resultaten

Song-Hou KIM, ein in Berkeley, CA (USA) forschender Biophysiker, hatte 2009 eine Methode zum Vergleich von Sequenzdaten ganzer Genome (Nukleotidabfolgen des kompletten Erbguts) veröffentlicht, bei der auf die Ausrichtung der Sequenzen vor dem Vergleich (Alignment) verzichtet wird (SIM et al. 2009). Im Alignment werden Sequenzen entsprechend zugrundgelegter Modelle so angeordnet, dass sie maximale Ähnlichkeit aufweisen bzw. die Passung der Abfolgen bei verschiedenen Genomen maximal ist. In der von SIM et al. etablierten Methode wird dagegen die Häufigkeit bestimmter Muster in den Sequenzen zum Vergleich genutzt. Dies erlaubt auch Sequenzen ungleicher Länge miteinander zu vergleichen; diese müssen auch keine auffällige Ähnlichkeit aufweisen.

Die Arbeitsgruppe von KIM hat inzwischen die Leistungsfähigkeit dieser Methode an zellkernlosen Einzellern, also Prokaryonten (JUN et al. 2010) und an Pilzen (CHOI et al. 2017) demonstriert. Jetzt haben CHOI & KIM (2020) anhand des Proteoms von 4023 Organismen einen Stammbaum des Lebens errechnet. Als Proteom wird die Gesamtheit aller im Genom codierten Proteine bezeichnet. Die Proteinsequenzen stammen aus entsprechenden Datenbanken (vor allem vom National Center for Biotechnology Information, NCBI).

Die Einführung der Autoren in ihrer Veröffentlichung ist erfreulich nüchtern, wenn sie schreiben: „Der Stammbaum des Lebens von Organismen ist ein konzeptioneller und bildhafter Baum, in dem eine einfache Erzählung des evolutionären Verlaufs und der Verwandtschaft unter den heutigen Lebewesen dargestellt wird. Ein solcher Baum kann nicht experimentell bestätigt werden, sondern wird aus Eigenschaften der Organismen rekonstruiert.“ Damit

wird zum Ausdruck gebracht, dass ein Ähnlichkeitsbaum nicht mit einem Abstammungsbaum gleichzusetzen ist, sondern dass Letzterer eine Interpretation ist.

Der von CHOI et al. (2020) präsentierte Stammbaum des Lebens auf der Basis des Proteoms unterscheidet sich in seiner Grundstruktur von den typischen Bäumen, die auf der Basis einzelner Gene errechnet werden. Die Unterschiede betreffen sowohl die Gruppierungen als auch deren Verknüpfung. Die Knoten (Verzweigungspunkte) haben aufgrund der Besonderheit der neu entwickelten Methode eine andere Bedeutung als in den etablierten Stammbaumdarstellungen. Der Knoten repräsentiert nicht einen hypothetisch gemeinsamen Vorfahren aller im weiteren Astverlauf dargestellten Organismen, wie das in üblichen Stammbäumen interpretiert wird. Die Knoten in dem von CHOI & KIM (2020) präsentierten Stammbaum sind nach den Worten der Autoren eine Gruppe von Gründungsvorfahren mit stark

unterschiedlichem Proteom; als bildhaften Vergleich führen sie einen mit Mosaiksteinen gefüllten Beutel an.

In dem von CHOI & KIM (2020) errechneten Stammbaum des Lebens wird der Abstand der Knoten, also der Verzweigungen der Baumäste durch die aufsummierten genomischen Informationsdifferenzen bestimmt. Der so errechnete Baum weist sehr tief im Baum, also nahe dem Wurzelbereich, fünf Hauptgruppen auf, die in der systematischen Biologie den Reichen entsprechen. Das heißt, der Stammbaum besitzt keinen nennenswerten Stamm. Zuerst spalten sich die Prokaryota (die Autoren bezeichnen sie auch als Akarya) und Eukaryota auf, die dann jeweils in Archaea und Bakteria bzw. Pilze, Pflanzen und Tiere aufspalten. Dies verleiht dem Baum eine Form, in der ein sehr kurzer Stamm sehr schnell buschförmig breit wird. Die Autoren bezeichnen das als „deep burst“, also eine Explosion, die in einem sehr frühen Stadium lokalisiert ist.

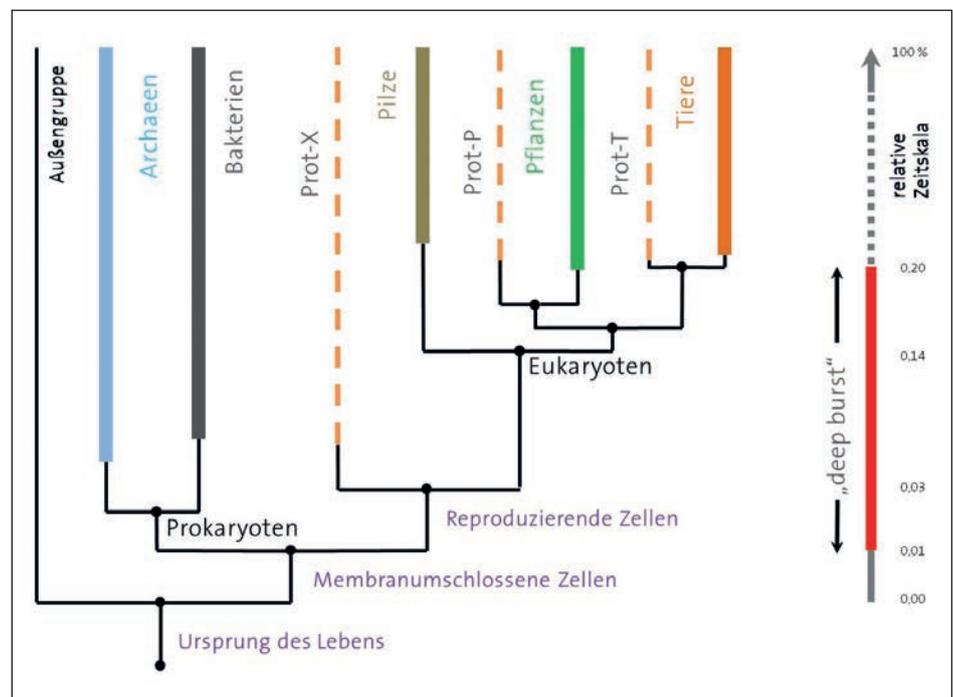


Abb. 1 Vereinfachter Stammbaum der Lebewesen auf der Basis des Proteoms. Die fünf Großgruppen Archaeen, Bakterien (Prokaryoten), Pilze, Pflanzen und Tiere (Eukaryoten) sind bereits sehr früh in einem als „deep burst“ bezeichneten kurzen Zeitraum aufgezeigt. Man beachte die relative Skala: Nach 0,2% der Geschichte der Lebewesen sind alle Großgruppen getrennt. Der Stamm hat weniger als ein Tausendstel der Länge des Baumes. Die Außengruppe ist eine für den Rechenprozess notwendige zufällig gemischte Proteinssequenz. Bei Prot-X, -P und -T handelt es sich um Gruppen von Protisten, die nicht einzuordnen waren und den Eukaryoten (Prot-X), Pflanzen (Prot-P) bzw. den Tieren (Prot-T) gegenüberstehen. (Nach CHOI & KIM 2020, Abb. 2)

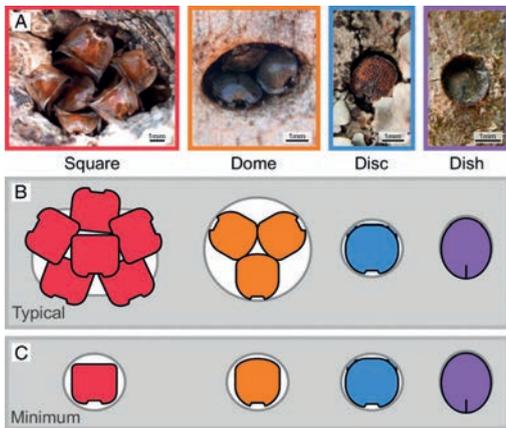


Abb. 1 A Typische Nesteingänge und die Köpfe der vier Typen von Schildkrötenameisen.

B Schema der Verhaltensweisen der vier Typen: 1. Quadratische Köpfe zu mehreren im großen Eingang; 2. Köpfe kuppelförmig zu mehreren mit Mandibeln zum Rand hin in kleineren Eingängen; 3. Köpfe einzeln mit scheibenförmigem Kopf, der innen an den Rand der Öffnung gedrückt wird, 4. Köpfe einzeln mit schalenförmigem Kopf, dessen Rand von außen dem Nesteingang aufliegt und so angezogen wird, dass er die Öffnung wie ein Deckel verschließt. **C** Die minimal mögliche Größe der Öffnung und das dazu passende Verhalten der vier Kopfotypen. (Aus POWELL et al. 2020, fair use)

Das Modell von CHOI & KIM (2020) führt also zu dem Schluss, dass die spezifischen Eigenheiten der Proteome von Archaeen, Bakterien, Pilzen, Pflanzen und Tieren sehr früh und in einem vergleichsweise kurzen Zeitraum auftauchen.

[CHOI J & KIM S-H (2017) A genome Tree of Life for the Fungi kingdom. Proc. Natl. Acad. Sci. 114, 9391–9396 • CHOI J & KIM S-H (2020) Whole-proteome tree of life suggest a deep burst of organism diversity. Proc. Natl. Acad. Sci., doi: 10.1073/pnas.1915766117 • JUN S-R, SIMS GE, WU GA & KIM S-H (2010) Whole-proteome phylogeny of prokaryotes by feature frequency profiles: An alignment-free method with optimal feature resolution. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 107, 133–138 • SIM GE, JUN S-R, WU GA & KIM S-H (2009) Alignment-free genome comparison with feature frequency profiles (FFP) and optimal resolutions. Proc. Natl. Acad. Sci. 106, 2677–2682] H. Binder

■ Schildkrötenameisen: Abruf vorhandener Optionen statt Evolution?

Die Welt der Ameisen ist ein erstaunlicher Kosmos für sich. Sie beeindruckt nicht nur mit einer schier unerschöpflichen Formenvielfalt, sondern auch mit überaus zahlreichen höchst ungewöhnlichen Verhaltensweisen. Einige davon haben wir in den letzten Jahren in diesem Journal vorgestellt, zum Beispiel die

Gärtnerei und einen Rettungsdienst (BRAUN 2017; 2018).

Bei den Schildkrötenameisen (Gattung *Cephalotes*) verrät schon der Name, dass ihr Aussehen nicht ganz „gewöhnlich“ ist. Ihre Benennung resultiert aus ihrer flachgedrückten Form. Sie sind in der Lage, durch die Luft zu gleiten und können dabei die Richtung bestimmen, wenn sie von einem Ast herunter fallen. Ungewöhnlich ist auch der große Kopf der Soldaten-Kaste; er ist bei verschiedenen Arten – je nach Art des Nesteingangs und der besiedelten Gänge – unterschiedlich geformt (Abb. 1). Mit den Köpfen decken die Ameisen den Eingang ab und verteidigen ihn als „lebende Türen“ gegen Eindringlinge. Die Ameisen graben die Gänge dabei nicht selbst, sondern besiedeln die von holzbohrenden Käfern ausgegrabenen Gänge.

Manche Köpfe ähneln Schacht-abdeckungen und können damit die Eingänge perfekt abschließen. Andere haben quadratische Köpfe, die sie zu Blockaden aus mehreren Mitgliedern zusammensetzen, gleich überlappenden Schilden. Bei anderen Formen erinnert der Kopf gar an die Batman-Maske (so „ameise23“ auf Youtube, <https://www.youtube.com/watch?v=wUadVEu36UY>).

Eine Forschergruppe hat kürzlich 89 Arten von Schildkrötenameisen der artenreichen Gattung *Cephalotes* auf ihre Kopfformen hin untersucht. Die Autoren unterscheiden vier Typen von Köpfen der Soldaten, die mit der Größe der Soldaten zusammenhängen: quadratisch, kuppel-, scheiben- oder schalenförmig (Abb. 1). Die Größe der Köpfe ist ebenfalls unterschiedlich. Auch eine Gruppe von Schildkrötenameisenarten, die keine Soldaten haben, wurde in die Untersuchung einbezogen. Unterschiede zeigen sich außer in Form und Größe des Kopfes auch im Verhalten beim Nestverschluss.

Aus evolutionstheoretischer Sicht wurde erwartet, dass die Veränderungen der Kopfform innerhalb der Gattung *Cephalotes* von einfach nach komplex erfolgte. Die ersten Schildkrötenameisen sollten demnach keine Soldaten gehabt haben, und die Evolution der Köpfe sollte allmählich in Richtung einer Spezialisierung

verlaufen sein – angefangen bei den unspezifisch geformten quadratischen Köpfen bis hin zu hohen maßgeschneiderten Tellerköpfen. Werden die Ameisen nach genetischen Ähnlichkeiten gruppiert, aus denen Abstammungsabfolgen erschlossen werden, ergibt sich jedoch ein unerwartetes Ergebnis. Die Analyse legt nahe, dass der älteste mutmaßliche gemeinsame Vorfahr wahrscheinlich einen quadratischen Kopf hatte. Davon stammt eine Reihe von Arten mit unterschiedlichen Spezialisierungsstufen ab, aber auch solche ohne Soldaten (die zuvor mutmaßliche Ausgangsform). Die Übergänge zu unterschiedlichen Ausprägungen müssen außerdem zwei- bis mehrfach erfolgt sein (Konvergenz); insgesamt ermittelten die Forscher 11 Übergänge, von denen drei zum Verlust der Soldatenkaste führten. Die Scheibenform des Kopfes, die früher als der am stärksten spezialisierte und abgeleitete Zustand angesehen wurde, scheint bis zu fünf Mal verloren gegangen bzw. in eine andere Form übergegangen zu sein (POWELL et al. 2020, 6610; vgl. Abb. 2). Somit kehrten also spezialisierte Arten später die Richtung um und entwickelten sich wieder zu allgemeineren Kopfformen – ein Zickzackkurs. Ein Verlauf von einfach zu komplex findet sich also bei den Schildkrötenameisen nicht.

Die durchschnittliche Kopfbreite unterscheidet sich bei den Kuppel-, Scheiben- und Schalen-Kopfotypen nicht signifikant. Nur der mutmaßlich ursprüngliche quadratische Kopf geht mit einem größeren Kopf einher, während die anderen Formen nicht mit einer bestimmten Kopfgröße gekoppelt sind (POWELL et al. 2020, 6611).

Wie kann man diese Befunde interpretieren? Üblicherweise wird angenommen, dass spezialisierte Arten in ihrer engen Nische verbleiben – Spezialisierung als Einbahnstraße. Die Schildkrötenameisen erweisen sich diesbezüglich jedoch als dynamisch und in verschiedene Richtungen als anpassungsfähig. Das Hin und Her lässt sich am besten so verstehen, dass innerhalb der Gattung *Cephalotes* verschiedene Optionen abrufbar sind, die entsprechend der jeweiligen Lebensweise genutzt werden können.

Diese Situation kann als Beispiel für Mendel'sche Artbildung interpretiert werden, wonach Artbildung auf prä-existenten (bereits vorliegenden) genetischen Programmen beruht. Dies ermöglicht Änderungen innerhalb weniger Generationen, da Unterschiede zwischen den Arten nicht in langwierigen und zeitraubenden Mutations-Selektions-Zyklen aufgebaut werden müssen, sondern bereits angelegt sind (CROMPTON 2019; Details dort). Latente genetische Programme bieten auch eine gute Erklärung sowohl für mehrfach unabhängiges (konvergentes) Auftreten gleicher Merkmale und Merkmalsausprägungen als auch für die Rückkehr zu einfacheren Ausprägungen (durch erneutes „Verdecken“ bestimmter Merkmale und Merkmalsausprägungen). Dagegen ist mehrfaches konvergentes Auftreten von Merkmalen und Merkmalsausprägungen nicht zu erwarten, wenn die Basis dafür Zufallsmutationen wären. Die Veränderungen bewegen sich dabei aber nur innerhalb enger Formenkreise, die man als genetische Familien bezeichnen kann.

Die Autoren verweisen auf weitere Beispiele mit ähnlicher Befundlage. In diesem Journal haben wir einen vergleichbaren Befund bei Supersoldatinnen der Ameisengattung *Pheidole* vorgestellt (JUNKER 2012). Bei einigen wenigen Arten dieser Gattung gibt es neben zwei Arbeiterkassen noch eine sehr große Kaste von „Supersoldatinnen“ mit extrem großen Köpfen. Auch hier spricht die phylogenetische Analyse dafür, dass das genetische Potenzial für die Supersoldatinnen schon im gemeinsamen Vorläufer der Gattung *Pheidole* vorhanden war, mehrfach unabhängig auftritt und auch heute noch in vielen Arten abrufbar ist.

[CROMPTON N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-3_mendel.pdf • BRAUN HB (2017) Ant-Man als Plant-Man. Ameisen als Pflanzenzüchter. Stud. Integr. J. 24, 37–39 • BRAUN HB (2018) Neues vom Gesundheitssystem der Ameisen. Stud. Integr. J. 25, 92–93 • JUNKER R (2012) Am Anfang die Vielfalt? Stud. Integr. J. 19, 97–99 • POWELL S, PRICE SL & KRONAUER DJC (2020) Trait evolution is reversible, repeatable, and decoupled in the soldier caste of turtle ants. Proc. Natl. Acad. Sci. 117, 6608–6615.] R. Junker

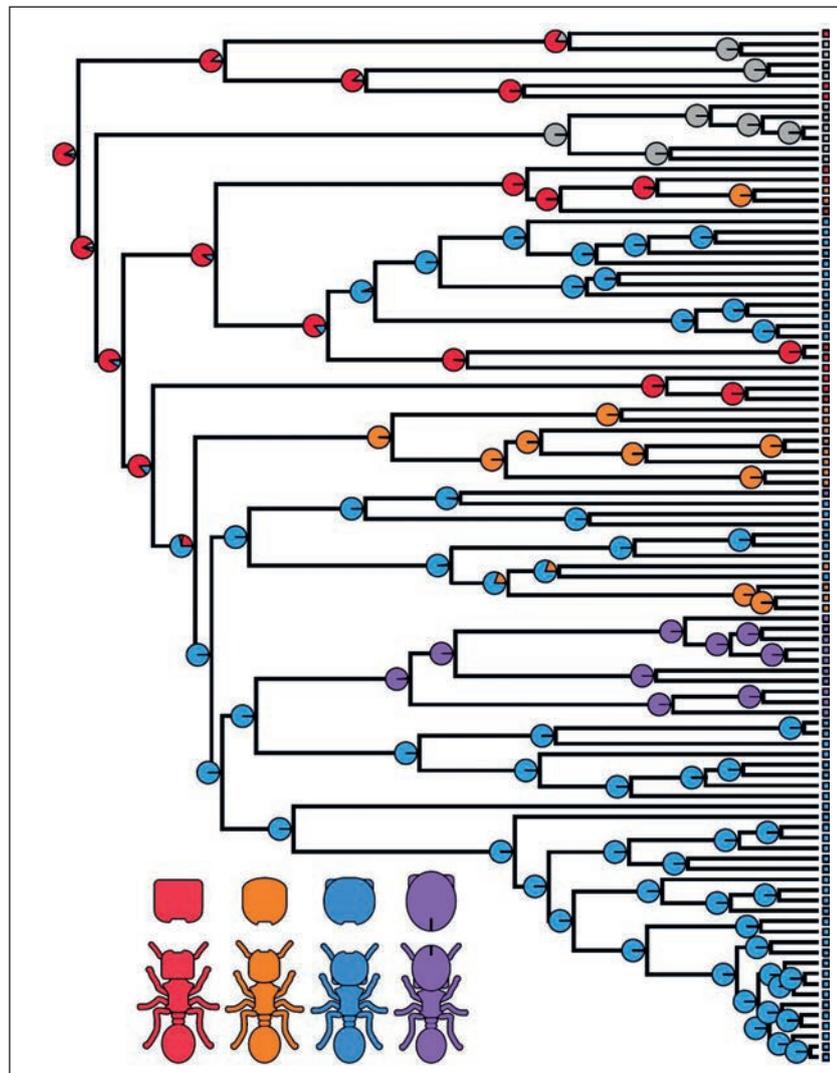


Abb. 2 Evolution der Soldaten-Morphotypen bei den Schildkrötenameisen, unter Einbeziehung von Daten zu Kopfbreiten heutiger Arten. Der Soldaten-Morphotyp ist farblich gekennzeichnet wie in Abb. 1 (unten links: rot für Morphotyp mit quadratischem Kopf, orange für Kuppel, blau für Scheibe und violett für Schale). Grau kennzeichnet das Fehlen einer Soldatenkaste. Man beachte das mehrfach unabhängige Auftreten verschiedener Morphotypen. Kuchendiagramme zeigen die Schätzungen der maximalen Wahrscheinlichkeit für ancestrale Formen des Morphotyps an den Knoten. Quadrate an den Spitzen zeigen die Morphotypen (farbig) oder die Abwesenheit (grau) einer Soldatenkaste bei den heutigen Arten. (Aus POWELL et al. 2020, fair use)

■ „Schnabeltier der Krabbenwelt“

Das kuriose Schnabeltier vereinigt in sich Merkmale, die typisch für verschiedene Gruppen von Lebewesen sind: Es hat ein Fell und Milchdrüsen (gehört daher zu den Säugetieren), legt aber Eier und hat einen entenartigen Schnabel, einen Ruderschwanz (das Tier lebt im Wasser) und einige spezielle Merkmale wie einen Giftsporn. Als evolutionäres Bindeglied kann es nicht interpretiert werden und wird daher auf einen eigenen Zweig in der Systematik der Säugetiere gestellt.

Nun wurde ein ähnlich ungewöhnliches „Mischwesen“ unter den fossilen Krabben (Brachyura) entdeckt (LUQUE et al. 2019). Neben

vielen anderen Krebsarten wurden etwa 70 vorzüglich erhaltene Exemplare der neuen, maximal nur münzgroßen fossilen Art in Ablagerungen der Oberkreide entdeckt (auf 90–95 Millionen radiometrische Jahre datiert), und zwar sowohl in Kolumbien als auch in den USA. Die neue Art erhielt den Namen *Callichimera perplexa*, was so viel bedeutet wie „schönes rätselhaftes Mischwesen“. Ungewöhnlich ist die Kombination von Merkmalen mehrerer Krebsformen: Die Art besaß Komplexaugen, die für Krebslarven typisch sind, ein garnelenartiges Maul mit dünnen Mundwerkzeugen, Scheren wie bei Froschkabben und einen hummerartigen spindelförmigen Panzer (vgl. Abb. 1). Und es besaß

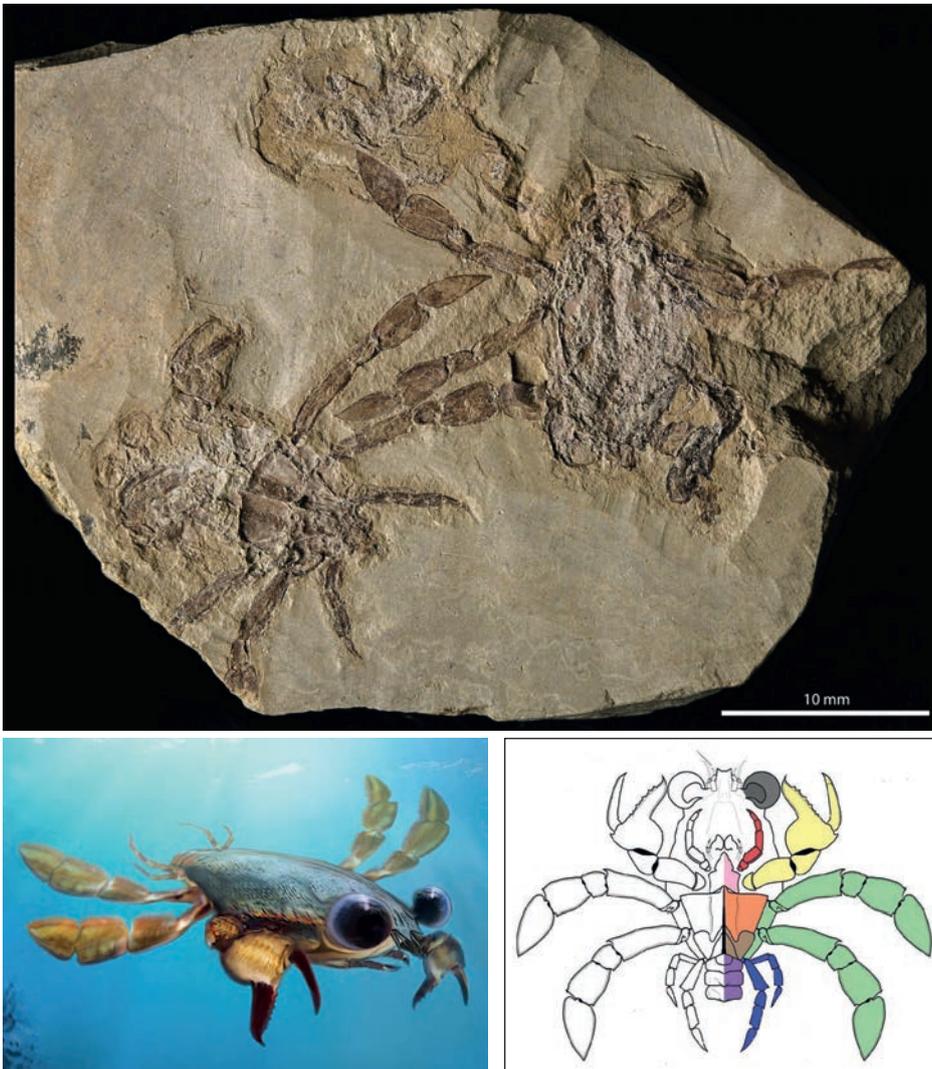


Abb. 1 **A** Drei Fossilien von *Callichimaera perplexa* (CC BY-SA 4.0)
B Rekonstruktion von *Callichimaera* durch Oksana VERNYGORA (CC BY-SA 4.0)
C Rekonstruktion bauchseitig. Farben kennzeichnen konvergente Merkmale mit anderen Dekapoden-Gruppen (Dekapoda = Ordnung der Krebsartigen): hellgrau, Rückenpanzer (ähnlich wie z. B. bei einigen Hummern); dunkelgrau, große Augen (wie bei verschiedenen Gruppen), rot, fußförmige Mandibeln mit gezähntem Kamm (wie z. B. bei Hummer und einigen anderen Gruppen), gelb, schlüsselähnliche Chelipeden (wie bei verschiedenen Gruppen), grün, abgeflachte, paddelähnliche Beine P2 und P3 (wie bei den Matutidae); blau, reduzierte Beine P4 und P5 (wie bei Einsiedlerkrebsen und einigen anderen Gruppen); orange, Sternite S5 und S6 (wie bei den ausgestorbenen Retrorsichela und bei *Heikeopsis* (Eubrachiura: Dorippoidea); violett, dem symmetrischen Hinterleib (Pleon) fehlen Ringe und Uropoden (wie bei den meisten Brachiuren). (Aus Luque et al. 2019; CC BY-NC)

paddelartig verbreiterte Brustbeine als Schwimmbeine. Diese Ausprägung ist sonst nur bei Seeskorpionen aus dem Oberperm bekannt, deren Alter mit 250 Millionen radiometrischen Jahren sehr viel höher bestimmt wurde. Die Autoren merken an, dass diese zeitliche Lücke rätselhaft sei (S. 8). Wegen der ungewöhnlichen Merkmalskombination wurde das Fossil von den Forschern als „Schnabeltier der Krabbenwelt“ bezeichnet.

Einige von den Fossilien weisen deutliche Kennzeichen der Geschlechtsreife auf und waren somit ausgewachsen, andere dagegen repräsentieren Jugendstadien. Wegen der larvenähnlichen Augen vermuten die

Wissenschaftler, dass einige Merkmale von *Callichimaera* durch Heterochronie erklärt werden könnten, das ist die Beibehaltung eines Larvalmerkmals bei der Geschlechtsreife. Doch nicht alle Merkmale können durch diesen Prozess erklärt werden.

Wenn über dieses Fossil gesagt wird, es fülle eine Lücke im Krabbenstammbaum, ist dies irreführend. Vielmehr muss aus evolutionärer Sicht ein neuer Ast angenommen werden. Die evolutionäre Geschichte der Krabben und die stammesgeschichtlichen Beziehungen ihrer Untergruppen waren bisher unklar (LUQUE et al. 2019, 1) und der neue Fund hilft hier nicht weiter.

LUQUE et al. sprechen des Weiteren von „Experimentierung“ der Evolution. Dieser Begriff wird zwar auch sonst verbreitet verwendet, kaschiert aber ein schwerwiegendes Evolutionsproblem: Einen Experimentator gibt es in der Evolution nicht. Vielmehr verläuft Evolution ohne Ziel. Dann aber ist es unverständlich, dass immer wieder ähnliche Bauplanelemente entstehen (Konvergenz). Die Annahme von Konvergenzen ergibt sich zwingend aus unerwarteten Merkmalskombinationen, denn sie sind unerwartet, wenn sie nicht widerspruchsfrei in das Baumschema passen. Die Autoren stellen ausdrücklich fest, dass eine Reihe von Krabbenmerkmalen vielfach konvergent auftreten. Sie zählen dazu u. a. den krabbenförmigen Bau (S. 9), aber auch umgekehrt einen vielfachen konvergenten Verlust des typischen Krabben-Körperbauplans (mindestens fünfmal, S. 9f.), außerdem stark modifizierte paddel- und schaufelartige Beine (sollen sich mindestens sieben Mal unabhängig voneinander entwickelt haben) (S. 9) und flache Schwimmbeine (S. 9). In Abb. 1C sind weitere Merkmale farblich hervorgehoben, bei denen eine konvergente Entstehung angenommen wird.

Auch wenn man sich in der Evolutionsbiologie gleichsam daran gewöhnt hat, dass die Merkmalsverteilungen innerhalb größerer systematischer Gruppen (wie hier bei den Krabben) eine große Anzahl von Konvergenzen erfordert, entspricht dies keineswegs evolutionstheoretischen Erwartungen. Eher erscheinen die Merkmale als frei kombinierbar (was einem Schöpfer möglich ist), wofür auch *Callichimaera* ein eindrucksvolles Beispiel ist.

[LUQUE J, FELDMANN RM, VERNYGORA O et al. (2019) Exceptional preservation of mid-Cretaceous marine arthropods and the evolution of novel forms via heterochrony. *Sci. Adv.*, doi:10.1126/sciadv.aav3875] R. Junker

■ Springende Genialität

Ein eingehender Blick auf die Biologie offenbart immer wieder Konstruktionsmerkmale, die sich einer evolutionären Erklärung entziehen.

Ein bemerkenswerter neuer Katalpultmechanismus wurde in den Hinterbeinen mehrerer Blattkäferarten (*Blepharida* sp., *Longitarsus* sp., *Psylloides* sp.) entdeckt (RUAN et al. 2020), der sich von einem früher entdeckten zahngetriebenen Katalpultmechanismus in Zikadenlarven (BURROWS & SUTTON 2013) unterscheidet. Diese Blattkäfer weisen unglaubliche Sprungfähigkeiten auf, die die Sprungkraft der Flöhe bei weitem übertreffen, und stellen eine extrem wirksame Fluchtmöglichkeit dar, um potenziellen Räubern zu entkommen.

Als Sprungweite eines der Käfer (*Longitarsus anchusae*) wurde das 289-Fache seiner Körperlänge gemessen. Für einen Menschen würde das einem Sprung von etwa einem halben Kilometer entsprechen. Zudem konnte der Käfer diese Sprünge mehrere Dutzend Male hintereinander ausführen. Auf einem anderen Blattkäfer (*Psylloides affinis*) lastet beim Start eine G-Kraft von bis zu 266 g! Wenn man bedenkt, dass auf Astronauten bei einem Raketenstart normalerweise maximal 3 g wirken und Kampfpiloten höchstens 9 g aushalten können, sind die Leistungen dieser Käfer sehr außergewöhnlich.

Die Forscher wollten die Geheimnisse des Springens der Käfer

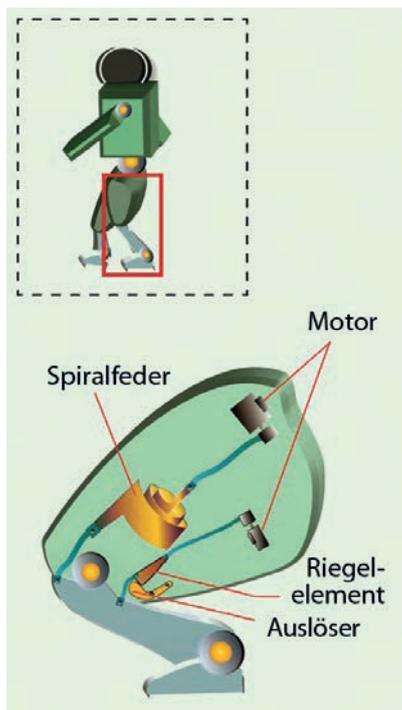


Abb. 2 Bionisches Design eines springenden Gliedes nach dem Vorbild des Flohkäferbeins. (Aus RUAN 2020, CCo Public Domain Dedication)

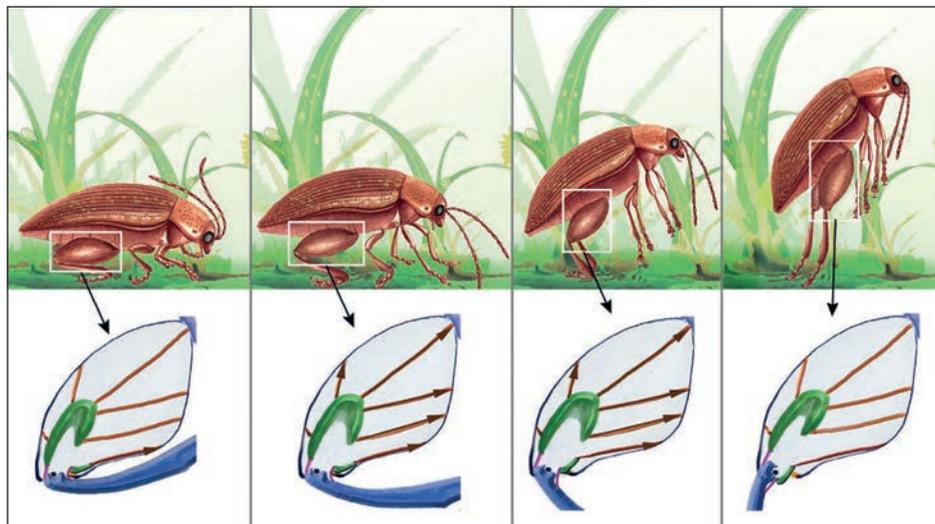


Abb. 1 Abflugstrategie von Flohkäfern. Die Beschleunigungsdaten wurden auf der Grundlage von drei typischen Sprüngen berechnet, die von einer Hochgeschwindigkeitskamera aufgezeichnet wurden. Die drei verschiedenen Arten wurden ausgewählt, um Flohkäfer unterschiedlicher Größe zu repräsentieren. Phase 1 (Stauhen): die Schienbeinbeugemuskeln kontrahieren, was eine Beugung des Schienbeins verursacht; Phase 2 (Co-Kontraktion): Streckmuskeln und Beugemuskeln der Tibia kontrahieren gleichzeitig, wobei sie die dreieckige Platte greifen und die Streckung der Tibia blockieren; Phase 3 (Auslösung und Beschleunigung): die dreieckige Platte wird gelöst, was zu einer explosionsartigen Freisetzung von Energie führt; Phase 4 (Entspannung): der Flohkäfer wird in die Luft geschleudert und die Muskeln beginnen sich zu entspannen. (Aus RUAN 2020, CCo Public Domain Dedication)

lütten und setzten dazu mehrere raffinierte Techniken ein. Der zugrundeliegende Mechanismus entpuppte sich als eine raffinierte Feder in den Hinterbeinen des Käfers (Abb. 1). Die Forscher berichteten, dass die Sprungkraft und die Beschleunigung der Sprünge sonst im Tierreich unerreicht sind, und es scheint kein besseres Design bei allen bekannten springenden Insekten zu geben. Dies inspirierte die Forscher dazu, die Entwicklung eines robotergestützten Gliedmaßen-Designs anzuregen (Abb. 2). Sie loben das unglaubliche Design der Feder und diskutieren es als potenzielle Anwendung für die Fortbewegung von Robotern und schreiben weiter: „Flohkäfer haben eine enorme eigenständige Feder entwickelt, um die Speicherung von elastischer potenzieller Energie zu unterstützen.“

Es stellt sich die Frage: Könnte dieses System durch einen evolutionären Vorgang zustande gekommen sein? Die Feder besteht aus drei beweglichen Teilen, die an Muskeln befestigt sind und zusammen ein Gerät bilden, das als ein nichtreduzierbares komplexes System zu funktionieren scheint, d. h. um zu funktionieren, müssen alle Teile gleichzeitig vorhanden sein, die schon für sich genommen anspruchsvoll sind. Der Mechanismus ist als Ganzes auf die

perfekte Abstimmung der ineinandergreifenden Teile und ebenso auf ihre elastischen Eigenschaften angewiesen. Ironischerweise wird im gesamten Beitrag immer wieder von „Design“ gesprochen, ohne sich auf den Verstand eines Designers zu beziehen. Natürlich weisen solche technischen Wunderwerke auf kreative Brillanz hin und nicht auf blinde natürliche Prozesse.

[BURROWS M & SUTTON G (2013) Interacting gears synchronize propulsive leg movements in a jumping insect. *Science* 341, 1254–1256 • RUAN Y, KONSTANTINOV AS et al. (2020) The jumping mechanism of flea beetles (Coleoptera, Chrysomelidae, Alticini), its application to bionics and preliminary design for a robotic jumping leg. *Zookeys* 915, 87–105.] P. Borger

■ Homologien: keine Beweise für Evolution

Homologie bezieht sich ursprünglich auf die Ähnlichkeit von Körperteilen und Bauplänen von Organismen. Befürworter der Evolutionstheorie halten Homologien für starke Indizien für die universelle gemeinsame Abstammung aller Arten. In allen Fachbüchern über Evolution werden Flossen, Pfoten, Hände und Flügel als typische Beispiele für Homologien präsentiert. Aufgrund der Evolutionstheorie wurde früher

erwartet, dass ähnliche Körperbaupläne und -strukturen durch ähnliche Gene verursacht werden. Mittlerweile wird jedoch zunehmend festgestellt, dass es eine solche Entsprechung nicht gibt: Homologien im morphologischen Bauplan werden oft nicht durch homologe Gene verursacht.

Ein interessantes kürzlich publiziertes Beispiel ist die Bestimmung der Polarität des Embryos. Dabei geht es darum, wie die erste Zelle eines sich entwickelnden Embryos bestimmt, wo sich Kopf und wo Schwanz entwickeln und wo links und rechts ist. Genetische Information liefert die Anweisungen für die Ausrichtung der Körperteile. Interessanterweise wird diese Information von der weiblichen Eizelle weitergegeben. Es hat sich nun herausgestellt, dass diese genetische Information bei verschiedenen Spezies nicht homolog ist – auch nicht bei evolutionär eng verwandten Arten.

Wissenschaftler der Universität von Chicago (USA) bestimmten die genetischen Grundlagen der Kopf-Schwanz-Polarität bei verschiedenen Fliegenarten wie Mottenfliegen (*Clogmia*, *Lutzomyia*), Stechmücken (*Culex*, *Aedes*) und Anopheles-Mücken (*Anopheles*) (YOON et al. 2019). Sie zeigten, dass bei Mottenfliegen ein Gen namens *Zic* die Polarität bestimmt. Beim Stechmücken-Embryo beruht die Polarität auf dem Zinkfinger-Gen *Cucoid*, während das verantwortliche Gen bei den Anopheles-Mücken *dTcf* ist. Diese Polaritätsgene sind nicht evolutionär verwandt. Dies zeigt, dass nicht verwandte Gene in Embryonen verschiedener Fliegenarten eine Schlüsselrolle bei der Etablierung der Kopf-Schwanz-Polarität spielen. Das wirft die Frage auf, wie sie diese Funktion erworben haben. Die Forscher kommen zu dem Schluss, dass Fliegen unabhängig voneinander eine unerwartete Vielfalt an polaritätsbestimmenden Genen evolvierten und dass die Art und Weise, wie sie exprimiert werden, unterschiedliche Rollen in der Entwicklung übernimmt. Über das „Wie“ wird allerdings keine Aussage gemacht.

Es gibt eine seit Langem wachsende Zahl von Beobachtungen, die

nahelegen, dass bei der Ausprägung gleicher Eigenschaften und Merkmale unterschiedliche Gene in verschiedenen Arten genutzt werden können. Der Evolutionsbiologe Günther P. WAGNER von der Princeton University, USA, schrieb 2014, dass klare homologe Merkmale verschiedener Spezies wiederholt aus unterschiedlichen ontogenetischen Entwicklungsmechanismen stammen können. Auch früher unbestrittene homologe Eigenschaften wie z.B. die Körpersegmentierung bei Heuschrecken und Tauffliegen sind mit umfangreichen Variationen in Entwicklungswegen und ontogenetischen Bildungsmechanismen verbunden und dabei sind ganz unterschiedliche Entwicklungsgene im Einsatz (WAGNER 2014). Die Kontinuität der morphologischen Merkmale wird demnach nicht durch die Kontinuität der genetischen Information verwirklicht. Aus der Embryogenese ist bekannt, dass eine Reihe von klar homologen Merkmalen aus verschiedenen Zellpopulationen gebildet wird oder verschiedenen Entwicklungswegen folgt, um dieselbe erwachsene Morphologie zu erreichen.

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass zwischen der Morphologie und den zugrundeliegenden Genen erhebliche Unabhängigkeit oder Abkopplung besteht. Mit anderen Worten: *Viele Merkmale, die klassisch als homolog betrachtet wurden, sind auf der genetischen Ebene und in den ontogenetischen Entwicklungswegen nicht homolog.* WAGNER schreibt, dass er dies als „eine ziemlich deprimierende Situation“ empfindet und diskutiert sogar die Vorstellung, dass Homologie eine Illusion sein kann. Nicht auf genetische Homologie zurückführbare homologe Merkmale schaffen eine Illusion der gemeinsamen Abstammung! Eine mögliche Reaktion auf diese Tatsache ist die Erkenntnis, dass die Homologie ein nicht schlüssiges evolutionstheoretisches Konzept ist. WAGNER bevorzugt als zweite Möglichkeit, mit dieser Situation umzugehen, embryologische Ursprünge für die Entwicklungsbasis der Homologie als irrelevant anzusehen (WAGNER 2014, 94). Für WAGNER sind Gene

also keine zuverlässigen Indikatoren für morphologische Homologie, und auch die embryologische Herkunft ist als Indikator für Homologie irrelevant. Der Befund, dass homologe Strukturen ihren Ursprung nicht im gleichen Erbgut haben, widerspricht einem der ältesten „Beweise“ für die Evolution der Lebewesen.

[YOON Y, KLOMP J, MARTIN IM, CRISCIONE F, CALVO E, RIBEIRO J & SCHMIDT-OTT U (2019) Embryo polarity in moth flies and mosquitoes relies on distinct old genes with localized transcript isoforms. *ELife* 2019, Oct 8;8:e46711. <https://elifesciences.org/articles/46711> • WAGNER GP (2014) Homology, genes and evolutionary innovation. Princeton University Press.] P. Borger

■ Gemeine Napfschnecke – Spezialistin für flexibles Kleben

Kleben ist wie z.B. Schrauben oder Schweißen eine Fügetechnik, bei der mehrere Körper miteinander verbunden werden. Nicht nur beim Basteln und Handwerken setzen wir unterschiedlichste Klebstoffe ein, auch bei der industriellen Herstellung von technischen Produkten, von Haushaltsgeräten über Autos bis hin zu Flugzeugen ist Kleben eine häufig eingesetzte Methode, um Teile zu fixieren.

In der Natur gibt es vielfältige Vorbilder für Kleben unter verschiedensten Bedingungen, wobei die in der Natur zu beobachtenden Phänomene in der technischen Nachahmung oft unerreichbar sind. Fixierung auf unregelmäßigem, nicht sauberem und von Wasser umgebenem Untergrund mit einem Klebemittel, das auf Wasser basiert und bioabbaubar ist, finden wir beispielsweise bei Muscheln, wie Austern (Ostreidae), bei erwachsenen Seepocken (Balanidae) und bei Seelilien (Crinoidae).

Napfschnecken sind insofern ein interessantes Beispiel, als diese Meeresbewohner sich in je nach Wasserstand (Tide) in zeitweise heftig umtosten Brandungszonen so fest am Fels fixieren, dass potenzielle Fressfeinde ihre vermeintlich leichte Beute nicht einfach vom Untergrund ablösen können. Typischerweise nachts bewegen sich diese Tiere aber auf ihrer Unterlage und weiden dabei

mit ihrer Radula den Algenbewuchs ab. Bisherige Untersuchungen über die zugrunde liegenden Mechanismen zur Fixierung ergaben Hinweise für Ansaugen und Kleben.

KANG et al. (2020) haben jetzt eine Studie an der Gemeinen Napfschnecke (*Patella vulgata*; Abb. 1) veröffentlicht, in der mit einer Vielzahl von Methoden versucht wurde, die erstaunliche Fixierung und Re-Mobilisierung besser zu verstehen. (WEDLICH [2020] hat darüber in Spektrum.de zusammenfassend informiert.)

Die Autoren ließen im Labor *P. vulgata* in standardisiertem Meerwasser auf einer Kunststoffunterlage über einen Drucksensor kriechen und dokumentierten den Druckverlauf bei normaler Bewegung, bei simulierten Attacken und bei Versuchen, die Tiere mechanisch von der Unterlage abzulösen. Bei der ungestörten Bewegung zeigten sich kleine Druckschwankungen um den Nullpunktunterschied von -0,79 bis 1,0 kPa. Werden Tiere attackiert, so weisen sie unter der Fußsohle kurzzeitig einen Unterdruck von ca. -3,7 kPa auf, diese Spitze fällt aber innerhalb weniger Sekunden auf ca. 60% des Wertes ab. Beim Versuch, Napfschnecken mechanisch von der Unterlage zu lösen wird kurzzeitig ein noch höherer Unterdruck gemessen (bis zu -5,7 kPa), der aber ebenfalls noch vor dem vollständigen Ablösen rasch wieder abfällt. Für die Autoren weisen diese Beobachtungen darauf hin, dass der muskulär – zwischen Fuß und Unterlage – erzeugte Unterdruck keinen wesentlichen Beitrag zur Haftung der Tiere leistet.

KANG et al. haben sich dann den Schleim, den *P. vulgata* durch Drüsen an ihrer Fußsohle absondert, genauer angesehen. Dieser Hafts Schleim stellt ein Hydrogel mit einem Wassergehalt von mehr als 90% dar; der Rest ist eine komplexe und schwer zu analysierende Mischung v.a. aus Peptid- und Zuckerketten. Die Autoren haben den abgesonderten Schleim in drei Kategorien unterteilt: 1. Schleim, der beim Ablösen von fixierten *N. vulgata*-Exemplaren auf der Unterlage zurückbleibt; 2. Schleim, der beim Ablösen an der Fußsohle des Tieres verbleibt und 3. Schleim, der innerhalb von 30 Minuten am gereinigten

Fuß der Napfschnecke neu gebildet wird. Im Gegensatz zu anderen Untersuchungen wurden in dieser Studie die Proben von einzelnen Tieren untersucht und nicht der Schleim von mehreren Tieren für die Analyse vereinigt. Die Schleimproben wurden auf Protein untersucht (Gelelektrophorese). Durch Anwendung verschiedener – auch molekularbiologischer – Methoden (Transkriptomik, Proteomik) identifizierten KANG et al. 171 Proteinsequenzen in den drei Schleimtypen. Einen Teil dieser Proteine untersuchten sie mit verschiedenen Lektinen auf spezifische Verknüpfungen der Zuckerketten, die Teil dieser Glykoproteine sind. Bei Lektinen handelt es sich um (Glyko-) Proteine, die Zuckerverknüpfungen erkennen und sich daran anlagern; das macht sie zu einem hilfreichen Werkzeug zur Charakterisierung komplexer Zuckerketten. Mit Hilfe der Lektinmarkierung konnten in der Fußsohle der Napfschnecke Drüsen und von diesen abgesonderte Körnchen sichtbar gemacht und dokumentiert werden.

14 der Proteinsequenzen aus dem Schleim von *P. vulgata* haben die Autoren einer detaillierten Analyse unterzogen, indem sie die Sequenzen mit bekannten Daten aus Proteindatenbanken abgeglichen haben. Diese Untersuchung ergab, dass in den Proteinen viele Domänen (Sequenzbereiche) enthalten sind, deren Funktionen bereits bekannt sind. Zu den zugeordneten Funktionen finden sich solche, die auch in bereits bekannten Proteinen als Adhäsive wirken, d.h. Domänen mit Klebewirkung. Andere Domänen können mit weiteren Proteinen wechselwirken, so dass sie mit diesen längere Ketten bilden oder sich mit diesen vernetzen können und damit hochwirksame Bio-Klebstoffe darstellen. Darüber hinaus wurden noch zwei Domänen identifiziert, die bisher nicht im Zusammenhang mit Klebern bei Meereslebewesen bekannt waren. Einer dieser Proteinbausteine kann Fasern bilden, während der andere defensive Aufgaben erfüllen könnte. Dieser Bereich kann Bereiche von Proteinstrukturen und Zuckerketten erkennen und diese auflösen.



Abb. 1 Napfschnecke (*Patella vulgata*). (Foto: Janek PFEIFER, CC BY-SA 3.0)

Die gemeine Napfschnecke scheint also nicht nur über faszinierende Klebstoffe zu verfügen, die ihr erlauben, sich angesichts starker mechanischer Belastung im Meerwasser auf einem Untergrund, der weder eben noch sauber ist, zuverlässig zu fixieren. Sie kann auch auf Wunsch diese Fixierung wieder lösen und mit nur schwacher Adhäsion auf Nahrungssuche gehen und den Untergrund abweiden.

Die Autoren haben mit dieser Arbeit ein Fenster geöffnet, durch das wir diese Klebespezialistin noch intensiver beobachten und ihre erstaunlichen reversiblen Klebetechniken verstehen und vielleicht auch nutzen lernen können.

Während dieser Text verfasst worden ist, haben Wissenschaftler aus klinischen Einrichtungen der Universität Stanford eine Arbeit vorab veröffentlicht, in der sie einen enzymatischen Werkzeugkasten vorstellen, der – vor allem Medizinern – dazu helfen soll, Glykoproteine in Schleim selektiv zu detektieren, sichtbar zu machen und abzubauen (SHON et al. 2020). Die gemeine Napfschnecke, *P. vulgata*, verfügt bereits über einen solchen Werkzeugkoffer.

[KANG V, LINGERER B, WATTIEZ R & FLAMMANG P (2020) Molecular insights into the powerful mucus-based adhesion of limpets (*Patella vulgata* L.) Open Biol. 10:200019, <http://dx.doi.org/10.1098/rsob.20.0019> • SHON DJ, MALAKER SA, PEDRAM K, YANG E, KRISHAN V, DORIGO O & BERTOZZI CR (2020) An enzymatic toolkit for selective proteolysis, detection, and visualization of mucin-domain glycoproteins. Proc. Natl. Acad. Sci. USA; www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.2012196117 • WEDLICH S (2020) Die Superkraft der Napfschnecke. Spektrum.de; <https://www.spektrum.de/news/die-superhaftkraft-der-napfschnecke/1752874>] H. Binder

Frauen mit „Neandertaler-Genvarianten“ haben weniger Fehlgeburten

Bis vor einigen Jahrzehnten wurde der Neandertaler als primitive Vorform heutiger Menschen (*Homo sapiens*) angesehen, die sich auf einem evolutiven Seitenzweig des hypothetischen Übergangs von Affen zu Menschen befindet. Mittlerweile hat sich dieses Bild geändert, auch wenn man bis zum Jahr 2010 noch vielfach vermutete, dass sich Neandertaler und der moderne *Homo sapiens* so deutlich unterschieden hätten, dass man sie zwei verschiedenen Arten zuordnen müsse. Doch mit der Entschlüsselung des Neandertaler-Genoms durch GREEN et al. (2010) etablierte sich schlagartig eine neue Sicht. Die Forscher fanden heraus, dass ein Teil der DNA heutiger Menschen direkt vom Neandertaler stammt. Mittlerweile weiß man, dass dies sogar auf Afrikaner zutrifft (CHEN et al. 2020). Außerdem ist seit 2016 bekannt, dass auch die Neandertaler DNA des modernen Menschen in sich tragen (KUHLWILM et al. 2016). Dies bedeutet, dass sich Neandertaler und moderne Menschen miteinander fortgepflanzt haben. Auch der 2010 anhand eines kleinen Fingerknochens genetisch identifizierte Denisova-Mensch aus Asien hat einen kleinen Anteil seiner Allele (Genvarianten) an die modernen Asiaten, Indianer und Aborigines weitergegeben. Wenn es also

zu genetischen Vermischungen mit modernen Menschen gekommen ist, müssten nach dem biologischen Artbegriff sowohl Neandertaler als auch Denisova-Mensch zur gleichen Art wie die modernen Menschen gerechnet werden, nämlich zu *Homo sapiens*. Sie sind damit nicht als Seitenzweige zum heutigen Menschen zu betrachten, sondern als regional anders angepasste Menschen.

Mittlerweile wissen wir sogar, dass diese Vermischung mit den Neandertalern auch genetische Vorteile für uns heutige Menschen mit sich bringt. So tragen wir Neandertaler-Allele in uns, die unsere Virenabwehr und unser Immunsystem stärken. Diese Allele helfen uns auch beim Fettabbau und führen dazu, dass die helle Haut besser an die geringere Sonneneinstrahlung im nördlichen Europa angepasst ist.

2020 wurde nun eine Genvariante (Allel) entdeckt, die heute ein Drittel aller Frauen in Europa trägt und die auch der früher hier ansässige Neandertaler besaß und die daher laut ZEBERG et al. (2020) vom Neandertaler in unser Erbgut übernommen wurde. Auch diese Entdeckung stammt vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig. Hugo ZEBERG und Kollegen (2020) hatten Unterschiede bei zwei DNA-Abschnitten entdeckt, welche den Rezeptor des Progesteron-Hormons codiert. Das Progesteron ist ein Schwangerschaftshormon. Wenn es

am Rezeptor der Empfängerzellen andockt, löst es eine Kaskade von Zellreaktionen aus, die die Gebärmutter darauf vorbereiten, dass der Embryo sich einnisten kann und gut versorgt wird. Die Genvariante namens V660L beeinflusst damit die Schwangerschaft. Frauen mit dieser Genvariante haben weniger Fehlgeburten und leiden seltener an Blutungen während der Schwangerschaft. Statistisch haben Frauen mit dieser Genvariante sogar mehr Kinder. Die Genvariante V660L kommt aus einem DNA-Abschnitt, der 56.000 Basenpaare lang ist und den auch alle drei genetisch untersuchten Fossilien von Neandertaler-Frauen aufwiesen. Bei modernen Menschen war diese Variante früher mutmaßlich seltener, hat sich aber dann ausgebreitet, so dass heute 20% aller nichtafrikanischen Frauen diese Genvariante besitzen. Dieses Forschungsergebnis zeigt wiederum deutlich, dass Neandertaler keineswegs uns unterlegene primitivere Menschen waren.

Im Rahmen eines Schöpfungsmodells könnte man vermuten, dass die Genvariante V660L ursprünglich zum Genpool des Grundtyps Mensch gehörte, sich dann v. a. bei Neandertalern durchsetzte und anschließend auf die Vorfahren der heutigen Europäer übertragen wurde. Eine andere Möglichkeit ist, dass es um einen Hotspot für Mutationen handelt, das heißt eine Stelle im Erbgut, an der es zu wiederkehrenden Mutationen kommt (vgl. BORGER 2019).



Abb. 1 Frauen mit einer Neandertaler-DNA-Variante sind fruchtbarer. (Bilder: Pixabay)

[BORGER P (2019) Artübergreifende wiederkehrende Mutationen. Oder: Die Illusion der Verwandtschaft. Stud. Integr. J. 27, 77–85 • CHEN L et al. (2020) Identifying and interpreting apparent Neanderthal ancestry in African individuals. Cell 180, P677–P687 • KUHLWILM M et al. (2016) Ancient gene flow from early modern humans into Eastern Neanderthals. Nature 530, 429–433 • PODBREGAR N (2020) Neandertaler-Gen macht Frauen fruchtbarer. Weniger Fehlgeburten durch eine vom Neandertaler geerbte Mutation. Scinexx.de, 27. 5. 2020, <https://www.scinexx.de/news/biowissen/neandertaler-gen-macht-frauen-fruchtbarer/> • ZEBERG H, KELSO J & PÄÄBO S (2020) The Neanderthal Progesterone Receptor. Molecular Biology and Evolution, doi: 10.1093/molbev/msaa119 • GREEN R et al. (2010) A draft sequence of the Neanderthal Genome. Science 328, 710–722] B. Scholl

■ Ceres' verborgener Wasserozean

Im Asteroidengürtel drehen hunderttausende Asteroiden ihre Bahn um die Sonne. Die meisten davon befinden sich zwischen den Planeten Mars und Jupiter. Der größte Asteroid, Ceres, sieht auf dem ersten Blick wie unser Mond aus und enthält fast 30% der Gesamtmasse aller Asteroiden. Ceres wurde im Jahr 2006 zum Zwergplaneten gekürt und fällt damit in dieselbe Klasse von Himmelskörpern wie der einstige Planet Pluto. Ceres ist der kleinste bislang gefundene Zwergplanet und der einzige im Inneren des Sonnensystems. Alle anderen Zwergplaneten befinden sich jenseits der Neptunbahn. Mit knapp 1000 km Durchmesser ist er zwar wesentlich kleiner als unser Mond, dennoch groß genug, um aufgrund der eigenen Gravitation kugelförmig zu sein, was eines der Kriterien ist, um als Zwergplanet eingestuft zu werden.

In den Jahren 2015 bis 2018 wurde Ceres eingehend von der Raumsonde *Dawn* untersucht und die Ergebnisse lassen die Astronomen immer wieder staunen. So entdeckte man, dass sich die Oberfläche im Laufe des Ceres-Jahres (entspricht 4,6 Erdjahren) verändert. Da Ceres sich auf einer elliptischen Bahn um die Sonne bewegt, schwankt die Sonneneinstrahlung auf Ceres und damit seine Oberflächentemperatur. Dies verursacht Jahreszeiten auf Ceres. Eine Gruppe von Planetenforschern (RAPONI 2018) untersuchten den Einschlagkrater Juling auf Ceres' Südhalbkugel mit Hilfe von Messungen der Raumsonde *Dawn*. Juling hat sehr steile Kraterwände, in denen die Forscher eindeutige Hinweise auf Wassereis in den Gesteinen fanden. Die eishaltige Fläche innerhalb des Kraters vergrößerte sich während des Beobachtungszeitraums von ursprünglich 3,6 Quadratkilometern auf 5,5 Quadratkilometer. Die Forscher erklären diesen Zuwachs damit, dass durch den Anstieg der Temperatur Wasserdampf aus den Gesteinen im Inneren des Kraters freigesetzt wird, der sich als Was-

sereis in den schattigen Bereichen des Kraters absetzt und dadurch die Größe der eishaltigen Flächen erhöht.

Schon bevor dieser Befund gemacht wurde, waren sich die Forscher einig, dass Ceres zu einem großen Teil aus Wassereis besteht. Die beiden wichtigsten Hinweise darauf sind die geringe mittlere Dichte von nur $2,2 \text{ g/cm}^3$ und die Bekraterung von Ceres: Es fehlen große Krater (MARCHI 2016) und es werden weniger kleine Krater als sonst bei solchen Objekten üblich gefunden. Dies deuten die Forscher als Hinweis, dass Ceres unter der Oberfläche aus weichem, zähem Material besteht, was große Einschläge absorbiert, kleinere Einschläge dämpft und im Laufe der Zeit Krateränderungen durch geologische Aktivität verschwinden lässt, wie dies auch auf der Erde der Fall ist. Direkte Hinweise auf solch eine geologische Aktivität geben auffallend helle Bereiche wie der Haulani-Krater rechts in Abb. 1. Diese Bereiche sind Salzablagerungen (CARROZZO 2018) und bestehen hauptsächlich aus Magnesium-Kalzium-Karbonaten und aus Natrium-Karbonat. Spektralanalysen dieser Karbonate ergeben, dass sie auch Wasseranteile enthalten. Dies bedeutet, dass die Ablagerungen relativ jung sind, da das Wasser in Abwesenheit einer Atmosphäre in wenigen Millionen Jahren vollständig aus den Salzablagerungen verschwinden würde. Die Forscher gehen demnach davon aus,



Abb. 1 Ceres, fotografiert am 4. Mai 2015 von der Raumsonde *Dawn* aus 13.600 km Entfernung. (© NASA/JPL-CALTECH/UCLA/MPS/DLR/IDA)

dass Ceres vulkanisch aktiv ist und immer wieder salziges Wassereis an die Oberfläche gebracht wird.

Kürzlich berichteten Forscher in *Nature Astronomy Letters* (RAIMOND 2020) von einer weiteren erstaunlichen Entdeckung: Ceres besitzt aller Wahrscheinlichkeit nach einen unter-, „erdischen“ Wasserozean. Damit würde der kleine Zwergplanet in die Reihe der exotischen Eismonde aufgenommen werden, insbesondere des Jupitermondes Europa, der unter einer Eisdecke einen Ozean aus flüssigem Wasser verbirgt.

Auf Ceres landete bislang keine Raumsonde, geschweige denn, dass man dort Tiefbohrungen vorgenommen hätte. Wie also kommen die Astronomen zu dieser Schlussfolgerung? Zu den schon vorher

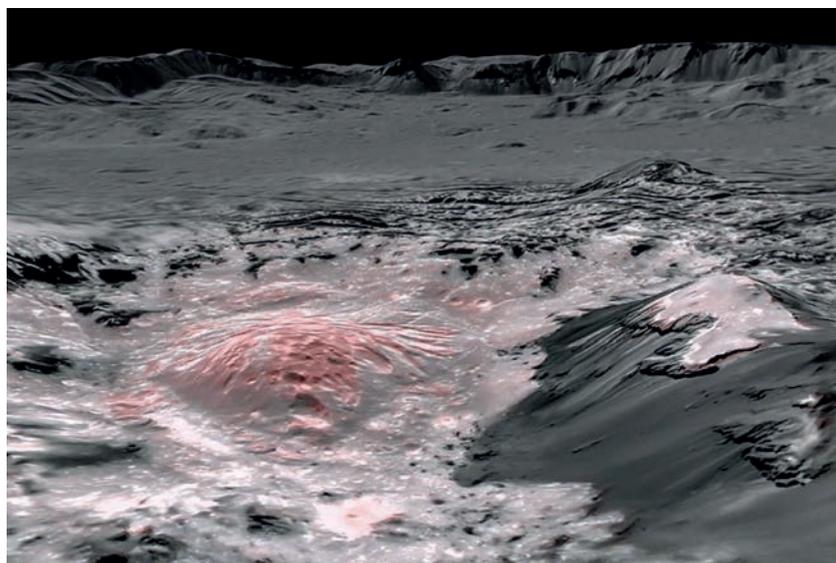


Abb. 2 Salzablagerungen im Occator-Krater auf Ceres (Farbgebung teilweise künstlich). (© NASA/JPL-CALTECH/UCLA/MPS/DLR/IDA)

genannten Indizien auf Wassereis unter der Oberfläche liegen nun Modellierungsergebnisse vor, die auf der Basis detaillierter Messungen des Schwerefeldes von Ceres gemacht wurden. Die Raumsonde *Dawn* ist im Jahr 2018, kurz bevor ihr der Treibstoff ausging, in einem letzten Manöver in geringer Höhe über den berühmten Occator-Krater (Abb. 2) hinweggeflogen und hat dabei sehr genaue Messungen des Schwerefeldes dieses Gebietes gemacht. Diese Messungen wurden ausgewertet und ermöglichen eine detaillierte Modellierung der Dichteverteilung der inneren Schichten um den Krater herum.

Diese Auswertungen legen das Vorkommen flüssigen Wassers unter der Oberfläche nahe. Lange haben die Astronomen gezögert, diese Schlussfolgerung zu ziehen, da ihnen kein Mechanismus bekannt war, wie sich flüssiges Wasser auf einem so kleinen Himmelskörper halten kann. Bei den anderen Eismonden wird als Mechanismus die Gezeitenwirkung der nahe gelegenen Planeten Jupiter und Saturn angenommen, die durch Reibung des Inneren der Monde für die notwendige Wärmeenergie sorgen. Bei Ceres ist aber kein Planet in der Nähe. Die Astronomen setzen nun auf eine mögliche Erklärung, die eine Kombination zweier Faktoren ist: Das Wasser ist extrem salzhaltig, was den Gefrierpunkt deutlich absenkt. Außerdem könnte das Innere des Mondes schwach radioaktiv sein. Ob diese Erklärung ausreicht, ist noch nicht abschließend erforscht. Vielleicht ist Ceres auch einfach jünger als bislang angenommen.

{CARROZZO FC et al. (2018) Nature, formation, and distribution of carbonates on Ceres. *Sci. Adv.* 4:e1701645, <https://advances.sciencemag.org/content/4/3/e1701645> • MARCHI S et al. (2016) The missing large impact craters on Ceres. *Nat. Commun.* 7:12257 • RAPONI A et al. (2018) Variations in the amount of water ice on Ceres' surface suggest a seasonal water cycle. *Sci. Adv.* 4:eaa03757, <https://advances.sciencemag.org/content/4/3/eaa03757> • RAYMOND CA (2020) Impact-driven mobilization of deep crustal brines on dwarf planet Ceres. *Nature Astronomy* 4, p741.] P. Korevaar

■ Neues über Lebensentstehung? Oder von der Überinterpretation einfacher chemischer Systeme

Wie aus unbelebter Materie Leben entstehen konnte, ist eine der großen Fragen der Wissenschaft. Zum einen sind sich selbst vervielfältigende (replizierende) Moleküle für den Übergang von der Chemie zu lebenden Systemen notwendig, zum anderen müssen sie aber auch in einen Stoffwechsel eingebunden sein. Chemische Systeme, die entweder replizieren oder stoffwechselähnliche Reaktionen durchführen, wurden bereits im Labor von Chemikern (gezielt) erzeugt, und einige können sogar bei Zugabe von Chemikalien oder unter veränderten Randbedingungen von einer Funktion zur anderen wechseln. Leben braucht jedoch beides gleichzeitig.

Die niederländische Forschungsgruppe um Sijbren OTTO beschäftigt sich seit über einem Jahrzehnt mit diesen Fragen. OTTO ist nicht daran interessiert, herauszufinden, wie Leben einst entstanden sein könnte, ihn interessiert vielmehr die Frage, ob man das Leben selbst gestalten kann. Dabei ist es ihm gleichgültig, ob es auf DNA, RNA oder Proteinen basiert oder nicht (persönliche Mitteilung). Im Laufe der Zeit hat sich seine Arbeitsgruppe einige ausgeklügelte selbstreplizierende chemische Reaktionen ausgedacht (COLOMB-DELSUC et al. 2015, SADOWNIK et al. 2016). Das von ihnen entwickelte sich replizierende System besteht aus ringförmigen Molekülen, die so konzipiert sind, dass sie in Lösung Stapel bilden. Durch mechanische Beanspruchung (Rühren der Lösung) brechen die Stapel und die Stapelfragmente können jeweils weiterwachsen. Das System stellt eine sehr simple Modellierung der Replikation von biologischen Systemen dar, hat dabei aber den Vorteil, dass es leicht mathematisch beschreibbar ist.

Nun beschreibt diese Gruppe in ihrem Modellsystem eine Art „Stoffwechsel“ in Molekülen. Sie beobachteten, dass die von ihnen verwendeten Replikator-Moleküle eine Reaktion katalysieren, bei der

Verbindungen entstehen, die helfen, die eigenen Bausteine des Replikators herzustellen (OTTELÉ et al. 2020). Es zeigte sich, dass die Stapel aus ringförmigen Molekülen (Replikator) eine Reaktion (Abspaltung einer Schutzgruppe von der Aminosäure Glycin) katalysieren, während die einzelnen Bausteine dies nicht können. Das kommt daher, dass im Stapel zusammengelagerte positive Ladungen (Seitenketten) dicht beieinander sitzen, was lokal eine hohe Basizität erzeugt und damit die Entfernung der Schutzgruppe begünstigt. Dazu reichen die positiven Ladungen an den einzelnen ringförmigen Molekülen nicht aus. In einem populären Hinweis auf die aktuellen Arbeiten schreibt KRÄMER (2020): „Es könnte eines der lebens-echtesten chemischen Systeme sein, das je geschaffen wurde, da es zwei der drei wesentlichen Merkmale des Lebens – Replikation, Metabolismus und Abschottung – kombiniert.“

Ist diese Art von Experimenten für das Verständnis des Ursprungs des Lebens auf der Erde, wie wir es kennen, relevant? OTTO schrieb in einem persönlichen E-Mail-Austausch: „Die derzeitigen Systeme werden außerhalb des Labors nicht lange überleben, geschweige denn dort Material zur Reproduktion finden. Die Frage, ob ähnliche [auf begrifflicher Ebene ähnliche, aber auf anderen Molekülen basierende] Systeme spontan entstehen könnten, ist schwieriger zu beantworten. Meiner Meinung nach ist jedoch das spontane Auftauchen [eines solchen Systems] weniger problematisch als das spontane Auftauchen eines Systems, das der heutigen Biochemie ähnelt.“

Tatsächlich verwendet OTTOS Gruppe eine recht großzügige Definition von „Selbstreplikator“, die mit der Replikation von Biopolymeren im Leben nichts zu tun hat. Dennoch soll diese Arbeit zur weiteren Forschung zur Entstehung von Leben aus Nichtleben (Abiogenese) ermutigen. Einige schwerwiegende Einschränkungen für die Anwendung des Begriffs „Selbstreplikator“ auf die Abiogenese seien hier genannt. Erstens: die Ausgangsmomere (Einzelbauteile; kurze Polypeptide, die mit einem

Benzoldithiol verbunden sind) sind gereinigte, konzentrierte, intelligent ausgewählte Moleküle mit einer intrinsischen Fähigkeit zur Aggregation. Diese Bedingungen sind weit von dem entfernt, was in präbiotischen Umgebungen der jungen Erde erwartet wird. Zweitens verbinden sich die Ausgangsmonomere nicht kovalent zu einem Polymer (wie in RNA, DNA oder Proteinen); sie ziehen sich lediglich an, um eine makromolekulare Einheit zu bilden. Mechanische Störungen brechen das wachsende Makromolekül auf, um eine erhöhte Anzahl von Stellen zu ermöglichen, die anschließend die Moleküle wachsen lassen (die Stapelbruchstücke können in Gegenwart ausreichender Mengen an Replikatoren jeweils an beiden Enden weiterwachsen. Dies wird als „Selbst-Replikation“ bezeichnet). Dieser Vorgang gleicht jedoch viel mehr einem Kristallwachstum als der Replikation eines Biopolymers.

Die Neuheit in diesem Artikel besteht darin, dass in der Struktur des aggregierenden Stapels katalytische Fähigkeiten vorhanden sind, die dann die Wachstumsrate dieses Makromoleküls weiter aufrecht erhalten. Wie oben von OTTO selbst anerkannt, unterscheidet sich diese Struktur aber völlig von den Systemen, die in Lebewesen vorkommen. Aber sie soll wenigstens ein Prinzip aufzeigen, das für die Abiogenese erforderlich ist. Die Tatsache, dass diese Arbeit in *Nature Catalysis* veröffentlicht wurde, zeugt davon, wie unkritisch Arbeiten in renommierten wissenschaftlichen Journalen akzeptiert werden, wenn darin der Eindruck erweckt wird, dass irgend ein Beitrag zum Verständnis einer möglichen Lebensentstehung präsentiert wird.

[OTTELÉ J, HUSSAIN AS, MAYER C & OTTO S (2020). Chance emergence of catalytic activity and promiscuity in a self-replicator. *Nature Catalysis* 3, 547–553 • KRÄMER K (2020) Self-replicating molecules show signs of metabolism for the first time. <https://www.chemistryworld.com/news/self-replicating-molecules-show-signs-of-metabolism-for-the-first-time/4012152.article> • COLOMB-DELSUC M, MATTIA E, SADOWNIK JW & OTTO S (2015) Exponential self-replication enabled through a fibre elongation/breakage mechanism. *Nat. Commun.*, doi:10.1038/ncomms8427 • SADOWNIK JW, MATTIA E, NOWAK P & OTTO S (2016) Diversification of self-replicating molecules. *Nat. Chem.* 8, 264–269.] *P. Borger*

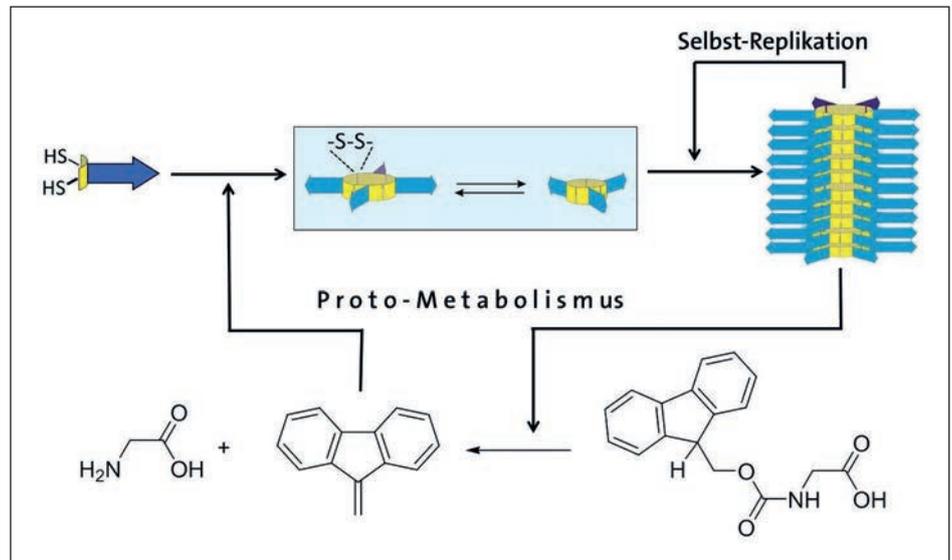


Abb. 1 OTTOS selbstreplizierendes System aus sechsgliedrigen Ringen (Hexameren) hat einen einfachen „Metabolismus“, bei dem es die Bildung eigener Bausteine aus Peptiden (blau) mit einer aromatischen Dithiolgruppe (gelb) katalysiert. Aus sechs Bausteinen bilden die Ringe schließlich Stapel. Diese Stapel wachsen und vervielfältigen sich durch Zerbrechen, was zur Replikation der Hexameren führt.

■ Proteine in Meteoriten – heiße Spur außerirdischer Lebewesen?

Gegenwärtig ist eine große Mehrheit der Wissenschaftler davon überzeugt, dass Leben vor ca. drei Milliarden Jahren auf der Erde durch kleinschrittige chemische Vorgänge entstanden ist (chemische Evolution). Diese Annahme kann als moderne Urzeugungshypothese bezeichnet werden. Um dieses theoretische Konzept zu untermauern, werden im Rahmen der als „präbiotische Chemie“ bezeichneten Forschungsdisziplin viele Anstrengungen unternommen, solche Prozesse mittels Simulationen im Labor nachvollziehen zu können – wenn auch bisher ohne Erfolg.

Ein anderer Forschungszweig, der auf der modernen Urzeugungshypothese beruht, ist die Suche nach Spuren außerirdischen Lebens: die Astrobiologie. Denn wenn angenommen wird, dass Leben auf der Erde ausschließlich durch physikalisch-chemische Vorgänge entstanden ist, dann sollte das auch auf anderen Planeten möglich sein. Diese Erwartungshaltung drückte CAIRNS-SMITH vor fast vierzig Jahren wie folgt aus: „Es scheint auch, dass synthetisches (Alien-) Leben eine Perspektive für die nahe Zukunft ist.“ Als mögliche heiße Spur werden Funde von Aminosäuren in Meteoriten angesehen.

Doch sind solche Funde bei weitem nicht ausreichend, um als Indiz für außerirdisches Leben zu gelten, da einige Aminosäuren auch in Abwesenheit von Lebewesen aus einfachen anorganischen Molekülen entstehen können.

Kürzlich behauptete die Forschungsgruppe um Julie McGEACH von der US-amerikanischen Harvard-Universität, zum ersten Mal Proteine in Meteoritengestein nachgewiesen zu haben. Die Forscher extrahierten kleine Bruchstücke des im Jahr 1990 in Algerien gefundenen Meteoriten Acfer 086 mit einem 3-Komponenten-Lösungsmittelgemisch (Chloroform, Wasser, Methanol) und analysierten die Extrakte mittels Massenspektrometrie. Mit dieser Technik können Moleküle mit sehr geringer Massendifferenz voneinander unterschieden werden. Anhand der aus den Spektren erhaltenen Daten leiteten McGEACH et al. ab, dass in den Proben als Hauptkomponente ein Molekül der Masse 2320 Dalton enthalten ist. Aus Spektren, die unter verschiedenen Bedingungen erhalten wurden, gewannen die Forscher Informationen über Fragmente dieses Moleküls, die während des massenspektrometrischen Experiments gebildet werden. So wurden Rückschlüsse auf plausible molekulare Bausteine, aus denen das große Molekül bestand, gezogen. Demnach soll es sich

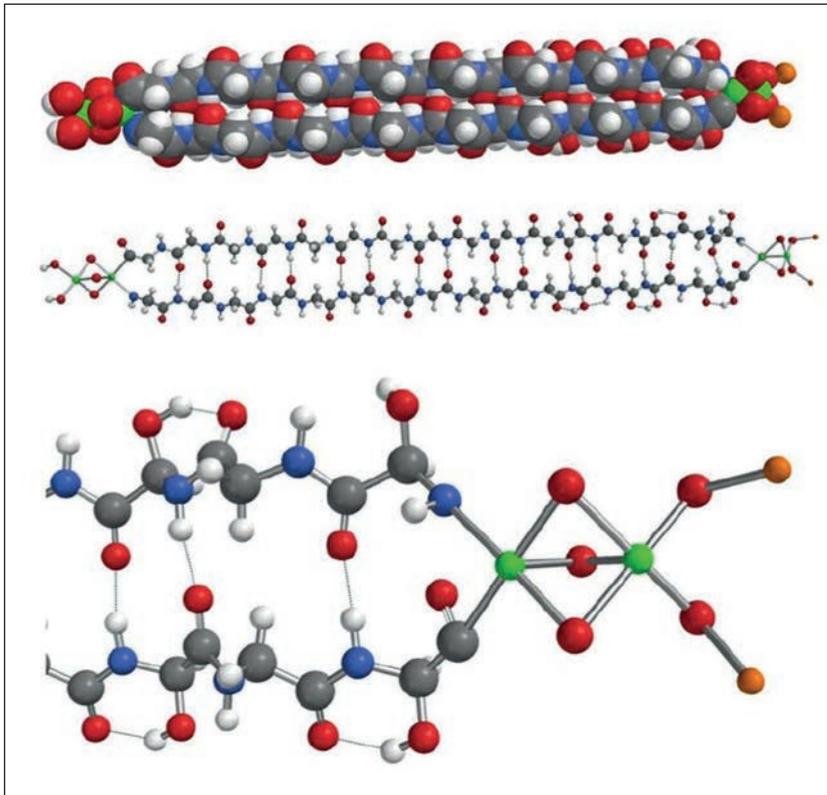


Abb. 1 Modell des Polypeptids das gemäß McGeoch et al. in kleinen Fragmenten des Meteoriten Acfer 086 nachgewiesen werden konnte. Die roten Kugeln symbolisieren Sauerstoff, die blauen Stickstoff, die weißen Wasserstoff, die grünen Eisen, die grauen Kohlenstoff und die orangen Lithium.

um ein lineares Polypeptid handeln, das aus insgesamt 16 Glycin- bzw. Hydroxyglycin-Einheiten aufgebaut ist.

Außerdem schlossen sie aus den Daten auf das Vorhandensein von Lithium und Eisen. Aus der Gesamtheit der Befunde wurde schließlich ein Modell für das Molekül mit Hilfe einer Software (MMFF force field) konstruiert, das als „Hemolithin“ bezeichnet wurde (Abb. 1). Dass es sich bei diesem Fund nicht um eine terrestrische Verunreinigung handeln kann, wurde mit den ermittelten Isotopenverteilungsmustern der beteiligten Elemente belegt. Diese wichen deutlich von denjenigen entsprechender Elemente irdi-

schen Ursprungs ab. Diese Befunde veranlassten die Forscher nicht nur zu der Behauptung, zum ersten Mal ein Protein außerirdischen Ursprungs nachgewiesen zu haben. Sie nahmen auch ausgehend von ihrer Rekonstruktion der Molekülstruktur an, dass das „Protein“ sogar biologische Funktionen im Kontext der lichtinduzierten Wasserspaltung haben könnte. Diese Funktion ist ein Teilvorgang in der photosynthetischen Erzeugung von Sauerstoff aus Wasser in Pflanzen.

Auch wenn der Artikel bisher noch nicht in einer anerkannten Wissenschafts-Zeitschrift veröffentlicht worden ist, gab es dazu einige Kommentare anderer Wissenschaftler.

Im Wissenschaftsmagazin *New Scientist* äußerte Lee CRONIN (Univ. Glasgow) sich dazu: „Sie [McGeoch et al.] extrapolieren ausgehend von unvollständigen Daten. Das Protein, das sie behaupten gefunden zu haben, wird in dieser Form wohl kaum in der Natur vorkommen. Die Struktur ergibt keinen Sinn.“

Tatsächlich sind die Ungereimtheiten der formulierten Struktur des Peptids für kundige Chemiker unübersehbar. Vor allem die Eisen-Kohlenstoff Bindung (s. Abb. 1 unten) dürfte relativ labil sein und würde wohl kaum eine längere Lagerungszeit überstehen. Darüber hinaus ist es erstaunlich, dass McGeoch et al. sich mit diesem äußerst dünn abgesicherten Befund an die Öffentlichkeit wagen. Gewöhnlich werden für den Nachweis der Richtigkeit einer vorgeschlagenen Molekülstruktur übereinstimmende Daten aus vier verschiedenen analytischen Methoden erwartet (UV-, NMR-, IR-Spektroskopie, Massenspektrometrie). Die Beschränkung von McGeoch et al. auf die Massenspektrometrie ist zwar wegen der geringen Menge an nachweisbaren Molekülen verständlich. Dennoch ist die postulierte Molekülstruktur in hohem Maße spekulativ.

Die Hoffnung, Hinweise auf außerirdisches Leben zu finden, wird also auch durch diese Arbeit – sollte sie in einem Fachjournal akzeptiert werden – nicht erfüllen.

[McGeoch MW et al. (2020) Hemolithin: a Meteoritic Protein containing Iron and Lithium, arXiv:2002.11688 • CRANE L (2020) Have we really found an alien protein inside a meteorite? <https://www.newscientist.com/article/2235981-have-we-really-found-an-alien-protein-inside-a-meteorite/#ixzz6IZoPeUUU> • CAIRNS-SMITH AG (1975) A case for an alien ancestry, Proc. R. Soc. Lond. B 189, 249–247] B. Schmidtgal

Zu: Schmidtgall B (2020) Sind Pseudogene doch nicht „pseudo“? Stud. Integr. J. 27, 46-40.

„Pseudogene“ – welchen Namen wir ihnen auch geben, der Genverlust ist real und wichtig

Der Verlust und Gewinn von Genen in der Geschichte der Lebewesen ist etwas, das jeder Biologe mit einem Interesse für Ursprünge wissen sollte, unabhängig von seiner eigenen Sicht der Evolutionstheorie. Während ich persönlich derzeit die Argumente für eine gemeinsame Abstammung für überzeugend halte, denke ich, dass die eigene Interpretation dieser „Big Picture“-Geschichte des Lebens bei der Beurteilung der Diskussion über Pseudogene nicht so eine große Rolle spielen muss, wie es zunächst den Anschein haben mag. In dieser kurzen Antwort auf Dr. SCHMIDTGALLS informativen Artikel fasse ich zunächst die Hauptaussagen des Artikels so zusammen, wie ich sie verstehe, und hebe dann fünf Punkte hervor, die meiner Meinung nach für die Leser des *Studium Integrale Journal* interessant sein dürften.

Die zentrale Behauptung in Dr. SCHMIDTGALLS Artikel ist meines Erachtens, dass Pseudogene anfangs in erster Linie aufgrund evolutionärer Annahmen und nicht aufgrund wissenschaftlicher Beweise als solche bezeichnet werden. Es wird eine schöne Zusammenfassung der verschiedenen Klassen von Pseudogenen angeführt, und es werden Beweise dafür gegeben, dass einige so genannte „Pseudogene“ tatsächlich eine funktionelle Rolle in Zellen spielen. Es wird der Schluss gezogen, dass die Evolutionslehre schuld daran ist, dass die wissenschaftliche Gemeinschaft diese Funktion nicht schon früher erkannt hat. Als Antwort darauf argumentiere ich, dass Pseudogene nicht einfach ein theoretisches Ad-hoc-Konzept sind, sondern sogar ausgehend von gegenwärtigen Darstellungen des Lebens aus Sicht der Schöpfungslehre bzw. Intelligent Design zu erwarten sind, und ganz allgemein, dass die evolutionäre Genomik, einschließlich Genverlust und -gewinn, ein wichtiges und faszinierendes Forschungsgebiet ist.

Erstens sind Pseudogene nicht einfach ein hypothetisches, aus der Evolutionstheorie abgeleitetes Konzept, sondern ihre Entstehung kann in Echtzeit beobachtet werden, und zwar durch experimentelle Evolution (das Gebiet meiner Doktorarbeit). In Populationen von Mikroorganismen, die unter Laborbedingungen angepasst wurden, gehen nicht benötigte Gene häufig durch Mutationen verloren. Die Expression eines Gens kann für eine Zelle kostspielig sein, und so kann der Verlust eines Gens leicht von Vorteil sein, und der Genverlust ist dann oft adaptiv. Funktionsverlustmutationen werden sehr häufig beobachtet.

Zweitens verdient die Evidenz für stammspezifische Pseudogene besondere Aufmerksamkeit. Es scheint üblich zu sein, dass eng verwandte Organismen sich in ihrem Gengehalt unterscheiden, zum Beispiel aufgrund von Mutationen, die frühe Stoppcodons einführen, was zu Pseudogenen führt. Genome sind bemerkenswert dynamisch!

Hier ist vielleicht der wichtigste Punkt, den ich ansprechen möchte: „Eng verwandt“ ist nicht einfach nur eine evolutionäre Glosse oder ein Mythos. Das geht zum Beispiel aus der Arbeit von LILUE et al. (2018) hervor. Darin wird die Untersuchung der Genome von 16 Mäusestämmen (15 innerhalb der Art *M. musculus* und eines in der eng verwandten Art *M. spretus*) beschrieben und es werden verschiedene Beispiele für stammspezifische Pseudogene angeführt. Diese Mäuse haben alle einen gemeinsamen Vorfahren aus der relativ jüngeren Vergangenheit. Tatsächlich bestätigen neuere kreationistische Abhandlungen, z.B. JEANSON (2017), die gemeinsame Abstammung von viel größeren taxonomischen Gruppen, so dass dieser Punkt meiner Meinung nach überhaupt nicht umstritten sein sollte.

Drittens mag es interessant sein, dass sich die zentrale These des einflussreichen Intelligent Design-Autors Michael BEHE in seinem jüngsten Buch (2019) auf die Realität von Pseudogenen stützt. Sein Vorschlag, der durch umfangreiche Indizien untermauert wird, lautet, dass ein großer Teil der evolutionären Veränderungen eine Folge des Genverlusts ist. Ein Teil der Unterstützung dafür stammt aus den oben erwähnten mikrobiellen experimentellen Evolutionsstudien. Ob dieser vorgeschlagene Mechanismus eine so umfassende Erklärung ist, wie von BEHE behauptet, ist eine wichtige Frage, aber unabhängig davon ist klar, dass der Genverlust ein wichtiger Prozess ist, der zu Unterschieden zwischen den Organismen führt.

Viertens ist der Grund für die Unkenntnis der Funktionen vieler falsch etikettierter Pseudogene nicht einfach ein evolutionäres Dogma. Die Funktionen von Hunderten von Genen, selbst in den am besten untersuchten mikrobiellen Genomen, und von Tausenden im menschlichen Genom sind nach wie vor unbekannt – erst seit kurzem stehen die Werkzeuge zur Verfügung, um Genome in großem Umfang zu studieren, was mit einem vertieften Wissen über die Vielfalt der verschiedenen Arten von RNAs und die Vielfalt der Zelltypen in komplexen mehrzelligen Eukaryonten einhergeht. Die Bestimmung spezifischer Funktionen bleibt eine Herausforderung, wobei die Charakterisierung jedes Gens jahrelange Arbeit erfordert. Während zweifellos einige Annahmen über allgegenwärtige Junk-DNA hier einen Einfluss gehabt haben, kann die Tatsache, dass wir nicht über die richtigen biochemischen Werkzeuge für diese Aufgabe verfügten, nicht den Evolutionsbiologen angelastet werden.

Schließlich sagt die Evolutionstheorie im Allgemeinen ebenso wenig wie der Kreationismus/Design-Ansatz im Besonderen voraus, wie viele genetische Elemente funktionslose Relikte früherer Gene sein werden. Einige Interpretationen des komplexen Geflechts von evolutionären Ideen und Indizien werden tendenziell zu Annahmen einer weit verbreiteten Funktionalität führen, während andere dazu führen, dass weniger Funktionalität erwartet wird. Die Stärke der Selektion auf bestimmte Genome und genomische Elemente hängt von verschiedenen Umwelt- und Populationsfaktoren ab, die sich nicht im Voraus vorhersagen lassen. Das Verständnis dieser kontinuierlich wirkenden Faktoren und der entsprechenden Genomdynamik im Laufe der Zeit dürfte für alle Biolo-

gen von großem Interesse sein, unabhängig davon, wie weit sie die evolutionäre Sichtweise vertreten.

Zachary Ardern

Literatur

- BEHE M (2019) Darwin Devolves: The New Science about DNA that Challenges Evolution. Harper Collins.
- LILUE J et al. (2018) Sixteen diverse laboratory mouse reference genomes define strain-specific haplotypes and novel functional loci. *Nature Genetics* 50, 1574–1583.
- LONG A et al. (2015). Elucidating the molecular architecture of adaptation via evolve and resequence experiments. *Nature Reviews Genetics* 16, 567–582.
- JEANSON N (2017) Replacing Darwin: The New Origin of Species. Master Books.

Der Genverlust ist unbezweifelbar und eine treffende Terminologie unverzichtbar

In seinem Kommentar zu meinem Artikel „Sind Pseudogene doch nicht ‚pseudo‘? Wie ideologisch motivierte Begriffswahl den Fortschritt bremst“ hat Zachary ARDERN als Befürworter der Lehre der gemeinsamen Abstammung aller Lebewesen kritisch Stellung bezogen. Im Folgenden gehe ich auf die darin genannten Einwände ein.

Es besteht kein Zweifel daran, dass die gründliche Analyse von Mechanismen der Genveränderung ein unverzichtbarer Bestandteil der Erforschung von Lebewesen ist. Allerdings haben die in diesem Forschungsbereich erzielten Resultate einen sehr hohen Stellenwert für die Frage, ob die Evolutionslehre oder die Schöpfungslehre plausibel ist. Wenn sich weiterhin zeigt, dass genetische Veränderungen durch Mutation und Selektion fast immer zu degenerativen Veränderungen führen, kann das für die Erklärungskraft der Evolutionslehre eine entscheidende Schwächung sein.

In meinem Artikel wurde nicht bezweifelt, dass Gene durch Mutationen funktionslos werden können. Diese Beobachtung stimmt sehr gut mit den Erwartungen der Schöpfungslehre überein (funktionaler Ausgangszustand, Degeneration letztlich als Folge des Sündenfalls). Interessanterweise bestätigt ARDERN mit seiner Kritik diese Auffassung, indem er den Genverlust als real und experimentell gut dokumentiert beschreibt. Dagegen fehlen in der wissenschaftlichen Literatur weiterhin Daten, die die Entstehung qualitativ neuer genetischer Information zusammen mit innovativen biologischen Funktionen bestätigen. Solche Befunde wären jedoch äußerst wichtig für die im Rahmen der Evolutionslehre postulierte Höherentwicklung von Lebewesen.

Auch die Kritik, es sei nicht berechtigt „Pseudogene“ als rein theoretisch abgeleiteten Begriff darzustellen, greift in einem wichtigen Punkt fehl. In meinem Artikel ging es darum, dass diese Begriffswahl voreilig war, auf einem dünnen Datensatz beruhte und die irreführende Vorannahme der Funktionslosigkeit genetischer Abschnitte beinhaltet. Diese Einschätzung stammt von Biologen, die der grundsätzlichen Kritik an der Evolutionslehre unverdächtig sind (CHEETHAM et al. 2019). Außerdem geht der Begriff „Pseudogen“ auf S. OHNOS einflussreiches Buch von 1970 zurück. Darin nahm OHNO ausgehend von der Evolutionslehre ein Gen/Pseudogen-Verhältnis von 1:10 an. Es handelte sich also anfangs sehr wohl um ein rein theoretisches, evolutionstheoretisches Konzept, dessen

Mängel auch schon deutlich gezeigt worden sind (BORGER 2009). Demnach ist auch die Behauptung von ARDERN, dass die Evolutionslehre nicht dafür verantwortlich gemacht werden kann, dass die Erforschung von „Pseudogenen“ über 40 Jahre kaum vorangetrieben wurde, mangelhaft begründet. Auch wenn die Funktionszuweisung bei Genen nach wie vor eine sehr anspruchsvolle Aufgabe ist, konnten solche Analysen schon in den 1990er-Jahren anhand von Knockout-Studien durchgeführt werden. „Pseudogene“ wurden dabei hauptsächlich wegen ihrer Bezeichnung vernachlässigt (CHEETHAM et al. 2019). Noch wichtiger als die bloße Bezeichnung war jedoch die evolutionstheoretische Erklärung des irreführenden Begriffs „Pseudogen“, die von vielen unhinterfragt für wahr gehalten wurde.

Darüber hinaus argumentiert ARDERN dafür, dass enge Verwandtschaftsbeziehungen zwischen phänotypisch verschiedenen Lebewesen auch anhand der Pseudogenisierung nachvollzogen werden können. Als Beleg hierfür dient eine Arbeit über den Nachweis von stammspezifischen Pseudogenen in den Genomen von 16 verschiedenen Mäusestämmen. Dieser Sachverhalt stellt weder für meinen Artikel noch für die Schöpfungslehre allgemein ein Problem dar, weil das angeführte Beispiel der Pseudogenisierung nicht einmal über die Gattung hinaus geht. Kritisch wäre die Frage, ob sich anhand von Pseudogenisierung auch die im Rahmen der Evolutionslehre vermutete gemeinsame Abstammung größerer taxonomischer Gruppen als Familien (Ordnungen oder gar Klassen) zeigen lässt. In diesem Kontext ist auch die Verwendung von M. BEHEs Werk „Darwin Devolves“ für die angeführte Argumentation nicht überzeugend, da im besagten Buch der Schöpfungsakt auf der Familienebene verortet wird, was der Annahme einer gemeinsamen Abstammung größerer taxonomischer Gruppen (z.B. Ordnung) widerspricht. Darüber hinaus verzichtete BEHE auf den Terminus „Pseudogen“ und beschrieb solche Gene einfach als kaputte oder beschädigte Gene.

Es ist natürlich in einigen Fällen möglich, dass Grundtypen etwas weiter gefasst werden müssen als Familien. Doch das ist immer noch sehr weit davon entfernt, die gemeinsame Abstammung aller Lebewesen gemäß Darwin'scher Lesart zu bestätigen. Daher sprechen auch die Ähnlichkeiten bezüglich der beschädigten oder funktionsunfähig gewordenen Gene innerhalb eines Grundtyps wie etwa der Mäuse nicht gegen die Schöpfungslehre. Sollte sich jedoch weiterhin zeigen, dass echte Pseudogenisierung zu Unterschieden im Erscheinungsbild von Lebewesen führt, die nicht über die Familienebene hinausgehen, wäre es eher ein Problem für die Evolutionslehre.

Boris Schmidtgall

Literatur

- BEHE M (2019) Darwin Devolves: The New Science about DNA that Challenges Evolution. Harper Collins.
- BORGER P (2009) Darwin Revisited or how to understand biology in the 21st century, Scholars' Press.
- CHEETHAM SW et al. (2019) Overcoming challenges and dogmas to understand the functions of pseudogenes. *Nat. Rev. Genet.*, doi:10.1038/s41576-019-0196-1.
- OHNO S (1970) Evolution through gene duplication. Springer New York.

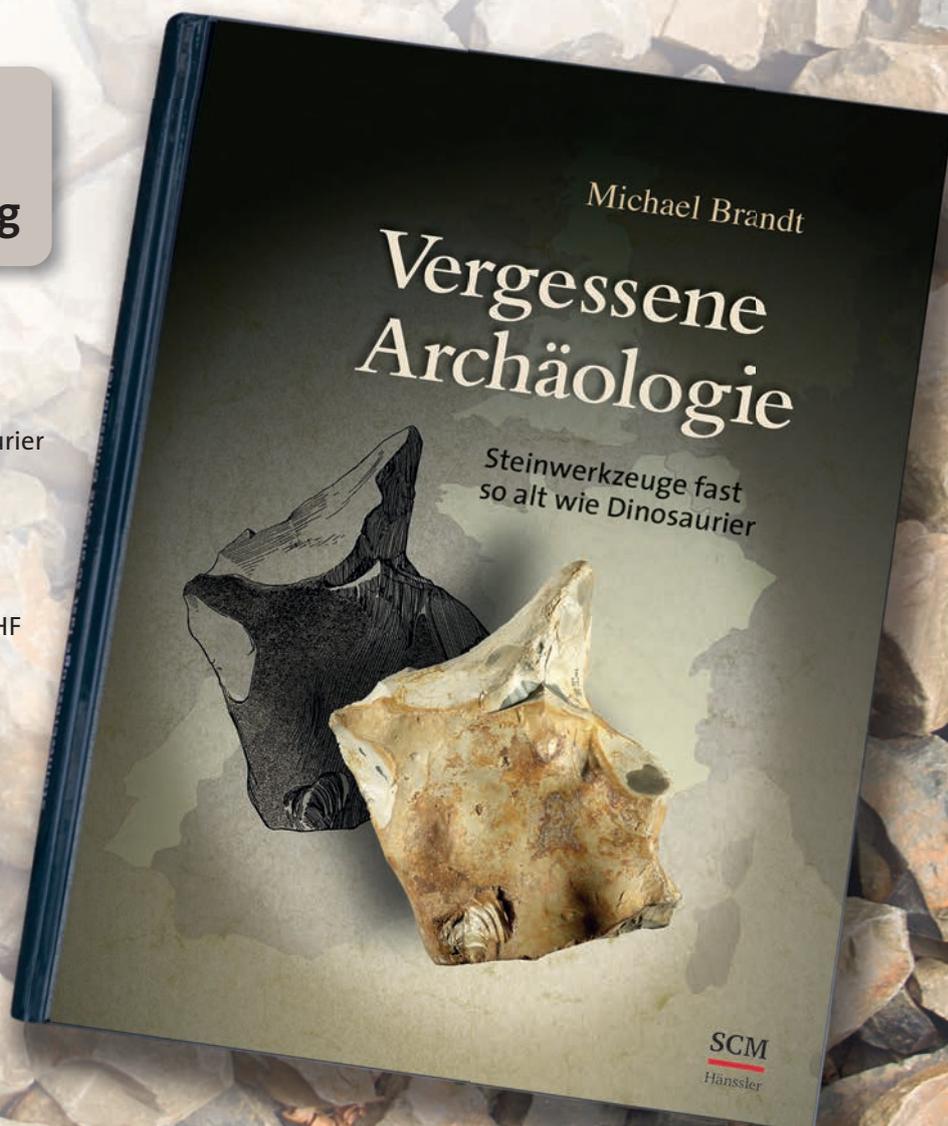
Steinwerkzeuge fast so alt wie Dinosaurier

Vergessene Archäologie

Kaum jemand weiß heute noch, dass zwischen 1860 und 1930 Feuersteinwerkzeuge aus Ablagerungen geborgen wurden, die weit älter sind als die heute allgemein anerkannten ältesten Steinwerkzeuge. Diese Funde aus dem Tertiär wurden in anerkannten Fachzeitschriften und Monographien publiziert und waren von renommierten Wissenschaftlern anerkannt. Michael Brandt hat sich mit diesen Funden intensiv befasst und präsentiert ein **gründlich recherchiertes, weltweit einmaliges Buch** mit **zahlreichen Abbildungen**, darunter vielen **brillanten Originalfotos der Funde**. Die tertiären Werkzeuge sind identisch mit anerkannten paläolithischen Artefakten: Kerne, Abschläge, Bohrer, Messer, Schaber, Kratzer u.a. Sie beweisen die Existenz des Menschen lange vor den postulierten Tier-Mensch-Übergangsformen der herkömmlichen Entstehungstheorien. Der Autor plädiert für die Wiederanerkennung der tertiären Steinwerkzeuge und damit für Neuüberlegungen zur Entstehungsgeschichte der Menschheit. Das Buch gewährt zudem interessante Einblicke hinter die Kulissen des Wissenschaftsbetriebs und das Zustandekommen mancher „bewiesener“ Erkenntnisse. Das übersichtlich gegliederte und mit zahlreichen Begriffserklärungen versehene Buch ist trotz seiner wissenschaftlichen Tiefe gut lesbar. Es wendet sich an alle an der Vorgeschichte interessierten Laien und Wissenschaftler.

Jetzt neu im Buchhandel
oder direkt unter
www.wort-und-wissen.org

Michael Brandt
Vergessene Archäologie
Steinwerkzeuge fast so alt wie Dinosaurier
SCM Hänssler 2019
Hardcover 24 x 30,5, 525 Seiten,
zahlreiche farbige Abbildungen.
ISBN 978-3-7751-6061-2
44,95 EUR [D] / 46,30 EUR [A] / 64,90 CHF



Erweiterte
Neuaufgabe 2019

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

