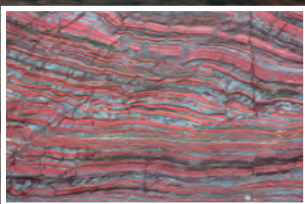


STUDIUM INTEGRALE

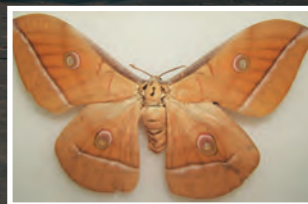
Exoplaneten



„Sauerstoff-
Katastrophe“



Ameisen-
Straßenbau



„Tarnkappen“-
Flügel

Eine Verteidigung des Design-Arguments in der Biologie

Schöpfung ohne Schöpfer?

Reinhard Junker & Markus Widenmeyer (Hrsg.)

Schöpfung ohne Schöpfer?

Eine Verteidigung des Design-Arguments in der Biologie

SCM Hänssler, Reihe Studium Integrale,

1. Auflage 2021

Hardcover, Format 16,5 x 24,

328 Seiten, 30 Abbildungen

ISBN: 978-3-7751-6110-7

19,95 EUR [D] / 20,60 EUR [A] / 29,80 CHF

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

Erstauflage 2021

Die Entstehung der Lebewesen durch natürliche Evolution ist ein vehement verteidigtes Dogma unserer heutigen säkularen Kultur. Doch immer mehr Befunde führen an systematische Grenzen evolutionärer Erklärungen. Das räumen mittlerweile auch manche Evolutionsbiologen ein. Gleichzeitig häufen sich in der Biologie eindruckliche Indizien für einen Schöpfer. Grund genug, evolutionäre Erklärungen von verschiedenen Blickrichtungen einer kritischen Analyse zu unterziehen und den Design-Ansatz gegen die wichtigsten Einwände zu verteidigen.

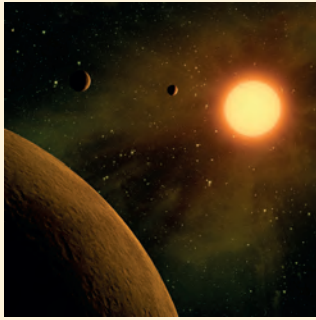
Die beiden Herausgeber setzen sich mit Evolutionskritik, dem biologischen Design-Argument und einschlägigen Beiträgen der Fachliteratur seit vielen Jahren intensiv auseinander. Zusammen mit weiteren Autoren zeigen sie in 23 Einzelbeiträgen, dass der Design-Ansatz in Ursprungsfragen für einen wissenschaftlichen Ansatz unverzichtbar ist.



Erhältlich auch bei: Studiengemeinschaft Wort und Wissen e. V.

Rosenbergweg 29 • 72270 Baiersbronn

Tel. (0 74 42) 8 10 06 • Fax (0 74 42) 8 10 08 • E-Mail sg@wort-und-wissen.de



Sind wir alleine im Weltall? Diese Frage hat die menschliche Phantasie schon seit Langem angeregt. Mittlerweile konnten die Astronomen ihr methodisches Instrumentarium soweit ausbauen, dass sie die Phantasievorstellungen über die Existenz von Planeten im All wenigstens ansatzweise mit Beobachtungsdaten abgleichen können. Der Nachweis von Exoplaneten – Himmelskörper, die um ferne Sterne kreisen – ist in vollem Gange; die Anzahl von 4.000 ist bereits überschritten. Albrecht EHRMANN gibt dazu einen Überblick. Dabei gab es – wie üblich – unerwartete Erkenntnisse. Anders als in unserem eigenen Sonnensystem hat sich beispielsweise gezeigt, dass häufig große und schwere Planeten sehr nah an ihrem Zentralgestirn sind, während sich bei unserem Sonnensystem die großen Gasriesen viel weiter draußen befinden.

Die meisten nachgewiesenen Exoplaneten haben Massen, die zwischen Erdmasse und Neptunmasse liegen. In unserem Sonnensystem mit immerhin acht Planeten fehlt dagegen ein solcher Planet. Die Vorstellung, dass unser Sonnensystem gewöhnlich sei, wird dadurch stark in Frage gestellt. Wie kaum eine andere Naturwissenschaft ist die Astronomie für Überraschungen gut. Die bisherigen Vorstellungen erweisen sich immer wieder als viel zu einfach.

Man könnte denken, dass es sich in unserem eigenen Sonnensystem anders verhält. Aber dem ist nicht so – im Gegenteil, wie Peter KOREVAAR berichtet. Hier konnten die Erkundungsmöglichkeiten durch immer mehr Raumsonden erweitert werden und dies liefert eine Sensationsmeldung nach der anderen. Die Befunde sind deswegen sensationell, weil sich unser Sonnensystem in vielerlei Hinsicht überraschend anders darstellt als von gängigen Entstehungsmodellen vorhergesagt. Niemand hatte zum Beispiel damit gerechnet, dass der Zwergplanet Pluto am Rande des Sonnensystems eine Atmosphäre besitzt, obwohl Pluto kleiner ist als unser Mond, der keine Atmosphäre hat. Und die Pluto-Atmosphäre scheint auch noch schneller zu schwinden als die Forscher mit ihren Modellen berechnet haben. Ein vorübergehendes Phänomen also?

Jenseits von Pluto befindet sich der Kuipergürtel und hier fand man ein äußerst merkwürdiges Objekt mit Namen Arrokoth, das wie ein Schneemann aussieht und aus zwei aneinander geklebten Teilen besteht (s. S. 46). Die Astronomen rätseln, wie ein solches Gebilde entstanden sein kann und sehen sich genötigt, ihre Entstehungsmodelle zu revidieren, weil erwartet wird, dass dieses Objekt keine Ausnahme im Kuipergürtel ist. Eine weitere Überraschung ist, dass Kometen wesentlich mehr Kohlenstoffdioxid (CO_2) enthalten als bislang angenommen, was das vermeintlich hohe Kometenalter in Frage stellt.

Die Erforschung der Weiten des Weltalls ist unter anderem stark motiviert von der Suche nach einem zweiten erdähnlichen Planeten, auf dem Leben existieren könnte. Schon länger ist bekannt, dass unsere Erde in vielerlei Hinsicht genau die richtigen Bedingungen aufweist, damit Leben auf ihr existieren kann. Nun kommt zu diesen Bedingungen – mindestens im Langzeit-Standardmodell – noch eine weitere hinzu: Es muss auch sichergestellt sein, dass ein lebensfreundliches Klima über lange Zeit stabil ist. Peter TRÜB berichtet über eine Serie von 100.000 Simulationen zur Langzeitstabilität des Erdklimas. Dabei zeigte sich, dass ein über Milliarden Jahre lebensfreundliches Erdklima keineswegs selbstverständlich ist, selbst wenn man von idealen Startbedingungen ausgeht. Das kann als Hinweis dafür gewertet werden, dass das günstige Erdklima auf Design zurückzuführen ist bzw. dass das Leben nicht Milliarden Jahre alt ist. Und die Suche nach lebensfreundlichen Planeten im Weltall wird damit auch nicht leichter.

Dabei muss man sich vor Augen halten: Ein möglicher Nachweis eines lebensfreundlichen Planeten oder gar der Nachweis von Leben im All würde nichts darüber aussagen, wie es entstanden ist. Die Hürden, die hier überwunden werden müssten, sind in *Studium Integrale Journal* anhand zahlreicher Aspekte beschrieben worden. Auch in dieser Ausgabe wird dies thematisiert, und zwar anhand der bedeutenden Aminosäure Cystein. Boris SCHMIDTGALL erklärt, warum beide denkbaren Szenarien bezüglich des Auftretens des Cystein in Modellen einer natürlichen Entstehung des Lebens in Sackgassen führen: sowohl die Annahme, dass Cystein schon immer vorhanden war, als auch, dass es später neu hinzugekommen ist, als es bereits Lebewesen gab.

A propos Geschichte des Lebens: Nicht nur der Ursprung des Lebens ist ohne die Annahme eines Schöpfers extrem unplausibel, sondern auch ein weiterer erforderlicher bedeutsamer Schritt. Nach evolutionstheoretischen Vorstellungen sollen die ersten Lebewesen in einer sauerstofffreien Atmosphäre entstanden sein. Erst später soll es zu einer Umstellung zu einer mit Sauerstoff angereicherten Atmosphäre gekommen sein. Zahlreiche geologische und paläobiologische Studien ergeben jedoch ein derart unklares und widersprüchliches Bild, dass es zweifelhaft ist, ob es einen solchen Umbruch jemals wirklich gegeben hat.

Viele weitere Beiträge sorgen für eine abwechslungsreiche Lektüre.

Ihre Redaktion **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL**

Herausgeber

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

Redaktion

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

Korrespondenzadresse

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

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

Produktion

Dönges - Gutenbergdruckhaus & 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 Herausge-
ber. 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 Darle-
gungen.

■ TITELBILD

Die Suche nach Planeten außerhalb unse-
res eigenen Sonnensystems läuft auf
Hochtouren (s. S. 22). Das Bild zeigt eine
künstlerische Darstellung von Exoplane-
ten (Crimson, Adobe Stock).

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

M. Kotulla	Die Sintflut	4
B. Schmidtgal	Die „Sauerstoffkatastrophe“. 1. Extreme Krise als Auslöser genialer „Neuerfindungen“ des Lebens?	13
A. Ehrmann	Planeten um ferne Sterne. Was wissen wir über extrasolare Planeten?	22
P. Borger	„Wenn ENCODE richtig liegt, dann ist Evolution falsch“. Wie ENCODE unser Verständnis des Erbguts veränderte.	30

■ LESERECHO

W.-E. Lönig	Kommentar zu Nigel Crompton (2020): Mendel'sche Artbildung und adaptive Radiationen	66
-------------	--	----

■ KOMMENTAR

M. Kotulla	DFG-Geokommission: Naturwissenschaften in direkter Konkurrenz zur Schöpfungslehre	67
------------	--	----

■ REZENSION

H. Binder	Was ist der Mensch? Würde, Möglichkeit, Freiheit und Bestimmung (D. Gooding & J. Lennox)	68
-----------	---	----



■ KURZBEITRÄGE

H. Binder	„Eisenplattenkäfer“ – hart wie ein Panzer	38
H.-B. Braun	Drumherum oder mitten durch? Entscheidungs- findung im Ameisen- Straßenbau	40
H. Binder	Chamäleon-ähnlicher Beute- fang mit Zungenschleuder bereits in der Kreide	43
P. Korevaar	Auffällige Himmelskörper in unserem Sonnensystem	45
B. Schmidtgal	Cystein: eine besondere Aminosäure – auch im auf Hinblick Ursprungsfragen	48
M. Kotulla	Eiszeit: Indizien für abrupten Zusammenbruch des laurentischen Eisschildes	53

■ STREIFLICHTER

„Säbelzähne“ nicht nur bei ausgestorbenen Katzen	56
Fossiler „Mini-Turkan“ mit unerwarteten Merkmalen	57
Nachtfalter mit optimaler Antennenstruktur	58
„Tarnkappen“-Flügel von Nachtschmetterlingen: ein Metamaterial?	59
Flugunfähigkeit bei Vögeln – ein verbreitetes Phänomen?	59
Die Frage nach der Entstehung der Arten	60
Der älteste Ringelwurm mit „modernen“ Merkmalen	61
Das 3D-Genom des Menschen: ganz anders als das des Schimpansen	62
Standing Variation: Das Rätsel der Buntbarsche gelöst?	63
Langzeitstabilität des Klimas benötigt Feinabstimmung	65

Die Sintflut

Ist die Sintflut heute geologisch oder hydrologisch denkbar? Kann die Sintflut anhand von Indizien identifiziert und rekonstruiert werden wie es beispielsweise bei den spät- und nacheiszeitlichen Megafluten der Fall ist? – Es werden die jüngeren Entwicklungen zum Verständnis der Sintflut aufgezeigt, und es wird der Frage nachgegangen, ob und gegebenenfalls wie und mit welchen Prämissen die Möglichkeit einer wissenschaftlichen Erforschung der Sintflut gegeben ist.

Michael Kotulla

Einführung

Die Sintflut bildete einmal das Fundament der sich etablierenden Wissenschaft von der Erde.¹ Die „Tatsache Sintflut“ erklärte verschiedene geologische oder hydrologische* Phänomene; so wurden anfangs die fossilführenden Schichtgesteine der Sintflut zugeschrieben. Später „schrumpfte“ die Sintflut in einem erdgeschichtlichen Entwurf von Hunderten von Millionen Jahren zu einem Ereignis am Ende des langen geologischen Zeitstrahls (Diluvium, um 1820) bis sie schließlich als erdgeschichtlicher Wirkfaktor gänzlich aufgelöst und negiert wurde (1831–1836).²

Als geologische Grundlage für eine Rekonstruktion der Geschichte der Erde und des Lebens galt fortan die (hochabstrahierte relative) stratigraphische Tabelle (Abb. Z-2); mit der Idee der geologischen Zeit, aufgeladen durch Charles DARWINS Abstammungs- und Entwicklungstheorie (1859) und kalibriert mit radiometrischen Alterswerten (ab 1913).³

Während zu Beginn der Erdwissenschaft die Sintflut als Axiom galt, das keines Beweises bedurfte (KONDRATOW 1988, 35), konnte im Laufe der Entwicklung der erdwissenschaftlichen Disziplin der geforderte physische Nachweis für die Sintflut nicht erbracht werden.

In diesem Artikel wird die Sintflut erneut aufgegriffen. Es werden neuere wissenschaftliche Strömungen und Ansätze diskutiert und eigene Ausgangsüberlegungen skizziert und erörtert. Zunächst bedarf es aber einer Begriffsbestimmung und einer Betrachtung des biblischen Berichtes im Buch Genesis, Kapitel 6–9.

Begriffsbestimmung

Das Wort Sintflut hat seinen Ursprung in *sinfluot* (althochdeutsch, 9. Jh.); es ist eine Zusammensetzung aus *fluot* (= Flut) und *sin* (= in einem, immerwährend, groß). Danach bezeichnet das Wort eine „große allgemeine Flut oder Überschwemmung“ (PFEIFER et al. 1993).⁴

Hinweis zu den Anmerkungen: Die Anmerkungen enthalten umfangreiche Zitate und weitere Informationen; sie sind deshalb – wie die Z-Verweise – als Zusatzmaterial zum Artikel ausgelagert und unter www.si-journal.de/jg28/heft1/sintflut.pdf abruf- bzw. herunterladbar.

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Im deutschsprachigen Raum wird Sintflut seit vielen Jahrhunderten zur Bezeichnung der Wasserflut im Genesis-Buch verwendet, z. B. in der „deutschen Bibel“ von 1545 (Abb. Z-1). In diesem Sinne wird festgelegt, dass der Begriff Sintflut nur für die im Buch Genesis beschriebene Flut gilt. Diese Begriffsbestimmung soll zu einer notwendigen Differenzierung beitragen.⁵

Genesis 6-9: Noah und der Bericht von der Sintflut

Abriss

Gott, Schöpfer des Himmels und der Erde, sieht und handelt: Die völlige Verdorbenheit der Welt soll ein Ende haben; der Mensch und sein Lebensraum sollen durch eine Wasserflut ausgelöscht werden. Aber Noah und seine Familie sollen überleben und zur Sicherstellung des Fortbestehens auch repräsentative Tiere. Dafür soll Noah eine große Arche (Kasten) bauen. Noah führt alle Anweisungen Gottes aus.

Im 600. Lebensjahr Noahs gehen Noah und seine Familie – auf Weisung Gottes – in die Arche, mit ihnen sind die ausgewählten Tiere. Wie angekündigt setzt die Flut schließlich ein: Mit Strömen von Wasser, aus dem Himmel und aus der Tiefe. Alle Menschen und alle Tiere auf der Erdoberfläche einschließlich der Vögel sterben, sie werden „von der Erde vertilgt“. Die anschwellenden Wasser bedecken zuletzt auch alle Berge. Nach 150 Tagen beginnen die Wasser zu sinken; die Arche setzt auf dem Gebirge [in] Ararat auf. Es folgen Wochen des Wartens und des Erkundens, inwieweit die Erdoberfläche getrocknet ist. Noah, seine Familie und die Tiere verlassen – erneut auf Weisung Gottes – nach über einem Jahr die Arche.

Noah opfert Gott Brandopfer, und Gott schließt mit Noah und seinen Söhnen (und ihren Nachkommen) einen Bund: Unter anderem sagt Gott zu, dass die Wasser nie mehr zu einer Flut werden sollen, „die Erde zu vernichten.“ Als Zeichen seines Bundes setzt Gott seinen Bogen in die Wolken. Von den Söhnen Noahs stammt die ganze Menschheit ab.

Kontext

Der Sintflut-Erzähltext ist mit Noahs Genealogie verknüpft und bildet mit der Vorgeschichte den Genesis-Bestandteil zwischen der Geschlechterfolge Adams (Gen 5) und der Geschlechterfolge der Söhne Noahs (Gen 10). Die offensichtliche Erzählabsicht besteht darin, historisches Geschehen in einem real-historischen

Kompakt

Der biblische Sintflut-Bericht beschreibt einen außergewöhnlichen Zustand: Einen Super-Ozean, aus dem keine Berge mehr herausragten. Es wird eine Annäherung vorgestellt, die diesen vergangenen Zustand denkbar macht. Danach befanden sich die Sintflut-Wasser in den heutigen Meeren (Verbleib). Als Mechanismus für die gewaltigen Meeresspiegelschwankungen (relativ ± 1500 m) werden Veränderungen und Bewegungen der Erdkruste und/oder oberer Teile des Erdmantels angenommen; nur diese könnten die erforderliche Größenordnung bewirken. Die theoretischen Überlegungen stehen aber im Konflikt zu den geologischen Prozessraten, die heute beobachtet oder unter Verwendung radiometrischer Alterswerte bestimmt werden.

Kontext festzuhalten bzw. aufzuzeichnen.⁶ Der Erzähltext enthält keine Mythen.

Das Sintflut-Geschehen steht in Beziehung zur Schöpfung. Gott, der Handelnde, nimmt selbst Bezug auf sein Schöpfungswerk (EL85): „(...) den Menschen, den ich geschaffen habe“ (Gen 6,7) oder „(...) und lösche von der Fläche des Erdbodens alles Bestehende aus, das ich gemacht habe“ (Gen 7,4). Des Weiteren findet das Sintflut-Geschehen Erwähnung im Neuen Testament. Jesus vergleicht die Zeit vor seinem Wiederkommen mit der Zeit vor der Sintflut (Mt 24,37-39). Und in 2Petr 3,4-7 (LU17⁸) werden die Wirklichkeit des kommenden „Tages des Gerichts“ und die Dimension des bevorstehenden Vergehens von „Himmel und Erde“ betont und verglichen mit der Vernichtung der damaligen Welt durch die Sintflut.

Darstellung

Der Erzähltext ist grundlegend umfassend. Er gibt „berichtsmäßig“ und nüchtern Auskunft zu den handelnden Personen, zu Grund, Zeitpunkt, Ort und Art der Begebenheit, und zu den Folgen. Die Geschehnisse sind in chronologischer Folge dargelegt. Das Sintflut-Geschehen ist unter Hervorhebung einzelner Ereignisse taggenau



Abb. 1 Israelische Briefmarke von 1969 („Festivals 5730“). Motiv zu Gen 7,18: „(...) und die Arche trieb auf der Oberfläche der Wasser.“ Foto: Public Domain.

1 | Weltweit verbreitete Fluterzählungen

Die Sammlung von RIEM (1925) umfasst 268 Flutüberlieferungen;³⁹ sie stammen von allen traditionellen Kontinenten (Abb. Z-5). RIEM (1925, 177) führt alle Überlieferungen – dies schließt die Genesis-Flut mit ein – auf ein einziges „gewaltiges Naturereignis“ zurück.⁴⁰ Diese Folgerung ist allerdings nicht schlüssig. Unter anderem fehlt es häufig an einer zeitlichen Ein- bzw. Zuordnung, sodass eine Gleichzeitigkeit nicht belegt werden kann. Auch finden Entstehung und Entwicklung der einzelnen Überlieferungen keine Beachtung. – Bei dem größten Teil der Flut-Geschichten

(77 Mal als Flut und 80 Mal als Überschwemmung bezeichnet) handelt es sich um lokale Beschreibungen. Sofern überhaupt lokal-historische Flutereignisse zugrunde liegen, passen diese eher zu mitunter gewaltigen spät- und nacheiszeitlichen Flutereignissen oder einfach zu verheerenden Jahrhundertfluten, Sturmfluten oder Tsunamis (Abb. 2 und 3).⁴¹ Wahrscheinlich ist, dass solche Katastrophen vereinzelt im „kollektiven Gedächtnis“ bewahrt und zunächst mündlich tradiert worden sind (zu Megafluten vgl. KOTULLA 2014).

Glossar

Hydrologie: „Lehre von den Eigenschaften und Erscheinungsformen des Wassers auf und unter der Landoberfläche einschließlich seiner räumlichen Vertei-

lung“ (spektrum.de).

Hypsographische Kurve: Graphische Darstellung der Höhenverteilung der Oberfläche.

dokumentiert. Demnach dauerte die Sintflut 1 Jahr und 10 bzw. 11 Tage.⁹

Die Inhalte stehen in einem logischen Zusammenhang. Die Arche (vgl. Abb. 1) ist notwendig, weil die Erdoberfläche vollumfänglich für einen längeren Zeitraum überflutet wird.

Universalität

Die Sintflut-Geschichte berichtet von einer Vernichtung, die umfassend ist. Dies ergibt sich aus dem jeweiligen Kontext und den zahlreichen Verwendungen von *all(es)* und *ganz* (hebr.: *kol*). Zum Beispiel (EL85): „alle Quellen der großen Tiefe“ (Gen 7, 11); „alle hohen Berge, die unter dem ganzen Himmel sind“ (Gen 7,19); „alles Fleisch“, „alles an Vögeln (...)“, „alle Menschen“, „alles starb“; „so löschte er alles Bestehende aus, das auf der Fläche des Erdbodens war (...)“ (Gen 7,21–23). Die Flut ist eine

totale (universale), keine partielle; mit anderen Worten eine weltweite (globale).^{10,11} Auch das Neue Testament berichtet von einer vollständigen Vernichtung der damaligen Welt.

Sintflut und Forschung

Dem Bericht zufolge ist die Sintflut ein vergangenes und einmaliges Ereignis. Folglich ist eine Flut dieser Dimension und Tragweite einer direkten wissenschaftlichen Beobachtung nicht (mehr) zugänglich. Im Vergleich dazu konnten beispielsweise der verheerende Tsunami vom 26. Dezember 2004 und seine Folgen wissenschaftlich beobachtet werden (Abb. 2 und 3).

Die Sintflut ist zwar historisch, aber nicht wissenschaftlich dokumentiert. So stellt sich zwangsläufig die Frage, ob die Sintflut anhand von Indizien identifiziert und rekonstruiert werden kann – so wie es bei den spät- und nacheiszeitlichen Megafluten der Fall ist, die weder wissenschaftlich-historisch dokumentiert noch in der Gegenwart jemals aufgetreten sind (vgl. BAKER 2009, KOTULLA 2014).

Die Sintflut galt einmal als Axiom, das keines Beweises bedurfte.

Hierzu bedarf es aber einer Abgrenzung, einer präziseren Definition von „die Sintflut“. Dies wird deutlich, wenn die bisherigen Versuche betrachtet werden, die unternommen worden sind, das Sintflut-Ereignis zu identifizieren. Um das gesamte Spektrum neuerer und umfangreicherer Arbeiten zu erfassen, wird bis auf die geologische Studie von E. SUESS (1883) mit dem Titel *Die Sintfluth* zurückgegriffen.

Versuche, die Sintflut als Naturereignis zu identifizieren

Überflutung der mesopotamischen Niederung. SUESS (1883) entwirft folgendes Sintflut-Szenarium: Ein durch ein beträchtliches Erdbeben im Persischen Golf (oder südlich davon) verursachtes Naturereignis, das mit einer ausgedehnten und verheerenden Überflutung der mesopotamischen Niederung verbunden war (Abb. 4). Zusätzlich sei wahrscheinlich, dass von Süden her aus dem Persischen Golf ein Zyklon eintrat.¹²

Überschwemmung der mesopotamischen Niederung. Bei Ausgrabungen in Ur stößt WOOLLEY (1929c) auf eine etwa 2,5 m mächtige Tonschicht. Diese schreibt er der sumerischen Flut zu. Es sei die Flut, auf welche die Noah-Geschichte basiere. Ein Gebiet von 400 x 100 Mei-

Abb. 2 Blick auf Banda Aceh (Sumatra), drei Wochen nach dem verheerenden Tsunami vom 26. Dezember 2004. Foto: D. YODER, Public Domain.

Abb. 3 Gestrandetes Polizeiboot bei Bang Niang (Thailand). Das Boot wurde durch den Tsunami vom 26. Dezember 2004 1,8 km ins Landesinnere gespült. Es wurde zu einer Gedenkstätte. Foto: Sorat SRISUWAN (CC BY-SA 4.0).⁵⁶



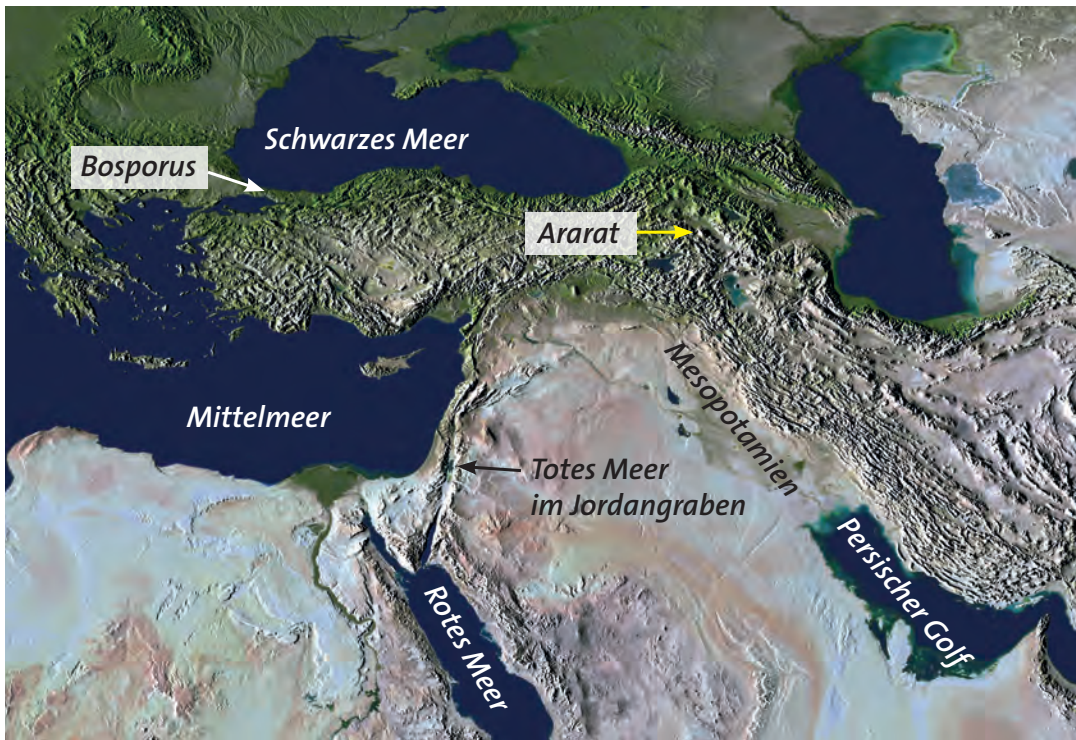


Abb. 4 Satelliten-Reliefkarte des Großraums Mittlerer Osten. Bild: Merikanto (CC BY-SA 4.0)⁵⁷; Basis: NASA-Satellitenbild/ETOPO1; Eintragungen durch den Verfasser.

len soll in Nieder-Mesopotamien überflutet gewesen sein (Abb. 4).¹³

Katastrophische Flutung des Schwarzen Meeres, „Schwarzmeer-Fluthypothese“ (PITMAN & RYAN 1999, Abb. 5; RYAN 2007). Bei einem Durchbruch des Bosporus soll Mittelmeer-Wasser katastrophisch in das Schwarze (Binnen-) Meer, dessen Wasserspiegel etwa 120 m tiefer lag, eingebrochen sein (Abb. 4). Dabei seien die besiedelten Gebiete um das Schwarze Meer überflutet worden – das sei das historische Ereignis, das der Sintflut-Geschichte zugrunde liege. Die Flut soll sich etwa 7600 [kalibrierte ¹⁴C-] Jahre vor heute zugetragen haben.¹⁴

Globale Gesamtkatastrophe mit zahlreichen überregionalen Überflutungen; „Sintflut-Impakt“. Nach KRISTAN-TOLLMANN & TOLLMANN (1992) trafen sieben große Stücke eines geborstenen, Kilometer großen Kometen quasi gleichzeitig an verschiedenen Orten auf die Weltmeere auf und lösten o.a. Impaktbeben, überregionale Überflutungen und einen die ganze Welt erfassenden Weltenbrand aus. Dieser Impakt habe die Sintflut verursacht und soll sich 9545 [¹⁴C-] Jahre vor heute (Bezugsjahr 1992) ereignet haben (s. auch das populäre Buch von TOLLMANN & TOLLMANN 1993, Abb. 6).¹⁵

Globale tektonische Katastrophe. SNELLING (2009) zufolge kommt als Auslöser der Sintflut eine beginnende, „katastrophische Plattentektonik“ in Betracht. Er weist die Ablagerungsgesteine vom obersten Proterozoikum bis über die Kreide/Paläogen-Grenze (Abb. Z-2) hinaus dem Sintflut-Ereignis zu. Seine Arbeit ist eine Revision und Aktualisierung von *The Genesis Flood* (WHITCOMB & MORRIS 1961).^{16,17}

Definition des Sintflut-Ereignisses

Als Zwischenschritt wird für das Sintflut-Ereignis folgende Definition eingeführt: Die Sintflut war eine etwa ein Jahr andauernde, globale Flut zur Zeit Noahs, die ihren Höchststand erreichte, als alle Berge von Wasser überdeckt waren. Bei dieser Flut kamen alle Menschen und landlebenden Tiere um, mit Ausnahme der Familie Noahs und einer repräsentativen Auswahl landlebender Tiere, die in einem großen, schwimmfähigen Kasten (Arche) überlebten.

Forschungsrichtungen und Prämissen

WOOLLEY (1929c) und SUESS (1883) gehen davon aus, dass die biblische Sintflut-Erzählung nicht eigenständig ist, sondern auf die babylonische Fluterzählung des Gilgamesch-Epos zurückgeht (s. Kasten 2 und 3).¹⁸ Deshalb verorten sie ein möglicherweise zugrundeliegendes natürliches Flutereignis in die mesopotamische Niederung. Für sie ist eine über diese Region

Die biblische Sintflut-Erzählung ist autark; sie ist sehr wahrscheinlich älter als die Fluterzählung im Gilgamesch-Epos.

hinausgehende Überflutung nicht erkenn- oder denkbar. Zu den „Flutschichten“ in Ur vermeldet LENZEN (1964) 35 Jahre später, dass sie nur ganz lokal auftreten und wahrscheinlich mit (ganz normalen) Euphrat-Überschwemmungen



Abb. 5 *Sintflut – Ein Rätsel wird entschlüsselt* (Buchcover). PITMAN & RYAN (1998) haben möglicherweise eine nacheiszeitliche Megaflut entdeckt, jedoch nicht die Sintflut.



Abb. 6 *Und die Sintflut gab es doch* (Buchcover). TOLLMANN & TOLLMANN (1993) haben eine nacheiszeitliche, weltumspannende Impakt-Katastrophe konstruiert – die Ursache für die Sintflut, wie sie sie definieren. Entscheidende Belege für das Konstrukt werden aber nicht geliefert.

gen in Zusammenhang stehen.¹⁹ LENZEN (1964, 64) fordert: „(...) nicht länger davon zu reden und zu schreiben, daß die Sintflut nachgewiesen wäre.“

Mit Bezug auf einen mutmaßlichen gemeinsamen Ursprung der Fluterzählungen in Mesopotamien ist festzuhalten, dass die biblische Sintflut-Erzählung jedoch autark ist: Sie ist sehr wahrscheinlich älter als die Fluterzählung im Gilgamesch-Epos, und eine literarische Abhängigkeit von den babylonischen Fluterzählungen ist bisher nicht nachgewiesen (s. Kasten 2, 3 und 4). Folglich sind in der Region Mesopotamien und Persischer Golf lokale oder regionale Überflutungsereignisse identifiziert und wissenschaftlich untersucht worden (im Falle von SUESS 1883: potenzielles Ereignis), aber nicht die Sintflut. Dies gilt auch für die aktuellen Stu-

dien und Vorhaben von z. B. HERGET (2019)²⁰ und BRÜCKNER & ENGEL (2020)^{21, 22, 23}.

Nach dem Szenarium von PITMAN & RYAN (1999) hielten wahrscheinlich besonders diejenigen Menschen, die es auf ihrer Flucht vom Schwarzen Meer nach Mesopotamien verschlagen hatte, den Mythos des Flutereignisses lebendig.²⁴ Damit knüpfen PITMAN & RYAN (1999) an die mesopotamischen Flutgeschichten an (s. o. sowie Kasten 2 und 3). Es ist aber festzustellen, dass bis dato weder eine Besiedlung des überfluteten Schelfbereichs noch eine Wanderung flüchtender Menschen aus dem Schwarzmeer-Gebiet nachgewiesen worden ist. Ein katastrophischer Einbruch von Mittelmeer-Wasser ist zwar umstritten (z. B. YANKO-HOMBACH 2007), aber selbst der angenommene katastrophische Anstieg des Seespiegels um 100 m in 2 Jahren (im Durchschnitt 14 cm pro Tag) ließe genügend Zeit zu einer Flucht in höher gelegene Gebiete. In diesem Regional-Szenarium bedarf es auch keiner rettenden Arche (Abb. 7). PITMAN & RYAN (1999) haben möglicherweise eine weitere nacheiszeitliche Megaflut beschrieben (RYAN 2007), aber nicht die Sintflut. Sie konstruieren eine eigene Flutgeschichte, die mit dem biblischen Bericht nichts gemein hat.

TOLLMANN & TOLLMANN (1993) verknüpfen nach eigenen Aussagen zwei „Erkenntnisgruppen – jene über das Wesen der Impakte und jene über den wissenschaftlichen Kern der Sintflutmythen“ (TOLLMANN 1995, 63; Kasten 1). Für das mutmaßliche unterholozäne, weltumspannende Impakt-Ereignis fehlen allerdings bis dato entscheidende Nachweise.²⁵ Ein weltweiter Impakt-Horizont (Aschen) und regional/überregional „Sturmflutschichten“ von den – im Küstenbereich – bis zu 2000 Meter hohen Tsunami-Wassermassen, die hunderte Kilometer in das Landesinnere vorgedrungen sein sollen. Diese und weitere Punkte sollten – so die Autoren 1993 – zukünftig untersucht werden (als „Forschungsperspektive“).²⁶

Die von TOLLMANN & TOLLMANN (1993) „vorgelegte Lösung des Sintflutproblems“ (S. 21) besteht danach in der Konstruktion einer Impakt-Geschichte, nicht in der Rekonstruktion der Sintflut. Es wird zwar ein Ereignis mit weltweiter Dimension entworfen, es soll aber nur wenige Tage andauern und höhere Lagen sollen nicht betroffen gewesen sein.

Für SNELLING (2009) ist die mit dem Sechstage-Werk der Schöpfung einsetzende biblische Chronologie historisch zuverlässig (Hauptprämisse). Folglich sind die geologischen Zeugnisse in diesem zeitlichen Rahmenwerk zu betrachten. Die Chronologie bemisst sich nach Menschen-Generationen, aus den Genealogien abgeleitet nach Jahrtausenden.

2 | Babylonische Fluterzählungen, ihre Datierung und Entwicklung

Altorientalische Fluterzählungen sind im Atrahasis-Epos und Gilgamesch-Epos (Tafel XI; Abb. 9) enthalten; daneben existiert noch eine stark fragmentarische sumerische Flutgeschichte.⁴² Die maßgeblichen babylonischen Manuskripte stammen aus der Tontafel-„bibliothek“ des Assyrikerkönigs Assurbanipal (669 – ca. 630 v. Chr.). Die Kolophone der drei Atrahasis-Tafeln weisen als Schreiber oder Kopist Ipiq-Ayya und als Schreib- oder Abschlussjahr das zwölfte Jahr der Regierungszeit des Babylonierkönigs Ammi-saduqa aus (nach LAMBERT & MILLARD 1969 ca. 1635 v. Chr.).

Die Flutgeschichte im Atrahasis-Epos (Tafel III; Fragmente BM 78942 + 78971 + 80385, Abb. Z-6)⁴³ wird als Sturmereignis erzählt. Elemente sind u. a.: Auftrag zum Bau eines Bootes (der sumerische Weisheitsgott Enki an Atrahasis); Atrahasis, der seine Familie in das Boot schickt und bei Aufkommen des Sturms die Tür mit Bitumen verschließt; ein Sturm der Götter, der sieben Tage und Nächte andauert; eine dadurch verursachte Flut; Vernichtung, die über das Volk kommt; der Mensch, der überlebt.

Nach GEORGE (2003) erfolgte die Einarbeitung einer Flutgeschichte in das Gilgamesch-Epos erst nach dem zweiten vorchristlichen Jahrtausend. Erst nach der Gewinnung des Atrahasis-Epos sei erkannt worden, dass Tafel XI des Gilgamesch-Epos (babylonische Standard-Version)⁴⁴ eine Adaption von Teilen dieses Erzählgedichtes ist.⁴⁵

CHEN (2013, 253ff) folgert aus einer Studie des Flutmotivs, die auf Textquellen vom Frühdynastikum III (ca. 2600–2350 v. Chr.)⁴⁶ bis zum Ende des ersten vorchristlichen Jahrtausends gründet, dass

die mesopotamischen Fluttraditionen mit der Altbabylonischen Periode (ca. 2000–1600 v. Chr.) aufgekomen sind. Eine Analyse der Flutterminologie zeige an, dass die Flutbegriffe hauptsächlich im übertragenen (bildlichen) und mythischen Sinne verwendet wurden. Die Traditionen von der Flut als einem urzeitlichen Ereignis in der mesopotamischen Kulturgeschichte gehörten zu dem Typ von ‚Traditionen‘, die alt schienen oder für sich beanspruchten, alt zu sein, aber neueren Ursprungs oder manchmal erfunden seien. Das Flutmotiv und seine literarische Dramatisierung seien in hohem Maße intellektuelle und kulturelle Konstrukte, die in bestimmten soziopolitischen Kontexten geschmiedet worden seien. Die Motivationen hinter diesen Traditionen seien – trotz ihrer ideologischen Funktionen – nicht ausschließlich eigennützige Manipulationen und unbegründete Spekulationen gewesen. Man finde in zahlreichen dieser Traditionen eine moralische Vision, die dazu diene, die Erhaltung und Wiederherstellung der Gesellschaft und Zivilisation zu fördern.

Schließlich können – so CHEN (2013) mit Fokus auf das Atrahasis-Epos – die verschiedenen Stufen der literarischen Komposition verfolgt werden (S. 255, in Übersetzung): „(...) Von der Konzeption des Flutmotivs, zu der Entwicklung von diversen antediluvianischen [„vorflutlichen“; MK] Traditionen, zu der Komposition des babylonischen Flut-Epos, und schließlich zu der Adaption des Flut-Epos und verschiedenen antediluvianischen Traditionen in der babylonischen Standardversion des Gilgamesch-Epos.“⁴⁷

Das umfassende (globale) Ereignis der Sintflut sei das am meisten geologisch signifikante Ereignis gewesen (weitere Prämisse), das sich seit der Erschaffung der Erde jemals auf ihr zuge tragen habe. Das Ereignis könne etwa 2350 v. Chr. stattgefunden haben – vorausgesetzt, dass die Genealogien keine Lücken aufweisen, und abhängig von der genauen zeitlichen Einordnung Abrahams.²⁷

Dieser Ansatz bildet das definierte Sintflut-Ereignis ab. Die Zuweisung der geologischen Bildungen – kausal durch das Sintflut-Ereignis – erfolgt aber auf Basis der Prämissen (vgl. Axiom oben).²⁸

Zwischenfazit

Die oben eingeführte Sintflut-Definition hilft abzugrenzen. Es gilt dennoch festzustellen, dass für eine umfassende wissenschaftliche Betrachtung wichtige Daten und Informationen fehlen, insbesondere die Ausgangsbedingungen betreffend: 1) Zur Erde bzw. deren Oberfläche: Verteilung von Land und Meer, Höhe der höchsten Berge, ozeanische Wassermenge, unterirdische Wasserreservoirs u. v. m. 2) Zu Mensch und Tier (in der Arche): z. B. Aufstellung der Tierarten bzw. -familien.

Des Weiteren gilt es festzuhalten, dass bis heute weder die gestrandete Arche noch der Bauplatz der Arche gefunden worden sind.²⁹ Durch die unter- und überlagernden Schichten (oder Gesteine) eines verschütteten Bauplatzes oder die Schichten (oder Gesteine), auf welche die Arche aufsetzte, wären sicherlich zeitliche, geologische und/oder archäologische Einordnungen möglich, die wiederum Rückschlüsse auf das Flutereignis erlauben würden.

Die Erforschung der Sintflut kann – Stand heute – also nur auf indirektem Wege erfolgen, beispielsweise durch theoretische Überlegungen, Experimente, Analogieschlüsse oder Ableitungen. Solche gibt es u. a. für die Arche, insbesondere ihre Kapazität und Schwimmstabilität betreffend.³⁰

Eine Annäherung: die Sintflut-Wasser

Die Grundfrage der Sintflut-Wasser ist facettenreich: Herkunft bzw. Bildung der erforderlichen Wassermengen für einen Super-Ozean³¹, Flutmechanismus (relativer Meeresspiegelanstieg/-abfall), Verbleib der Wasser.

Was kann hierzu aus den Beschreibungen und verwendeten Begriffen des Erzähltextes unmittelbar entnommen werden? Die „Quellen der großen Tiefe“ (Gen 7,11), ein Eigen-



name aus der Wortverknüpfung von Tiefe (hebr.: *tehom*) und Quelle (hebr.: *maʿyan*), werden nicht konkretisiert.³² Der beschreibende, kompakte Begriff bezieht sich auf Wasserreservoir in der Tiefe;³³ wahrscheinlich sind Reservoirs in Ozeanbecken und/oder im Untergrund, in der Erde, gemeint. „Aufbrechen“ der Quellen könnte ein „Brechen“ oder „Aufspringen“ des Untergrundes mit einem „Hervorbrechen“ der Wasser bedeuten, oder ein „Ausbrechen“ (engl.: *outburst*) der ozeanischen Wasserreservoirs aus ihren Becken. Das hebräische Wort *mabbul* (= Flut) wird nur im Kontext des Sintflut-Ereignisses verwendet, immer mit Artikel außer in Gen 9,11.15. Es ist wohl ein Eigenname, seine Herkunft ist ungewiss.

Zur Grundfrage wird nachfolgend eine theoretische Überlegung I dargelegt, die die Überlegung II nach sich zieht.

Überlegung I: Ein Super-Ozean, der alles Land bedecken könnte

Die hypsographische Kurve* der Erdoberfläche (Abb. Z-3) stellt die Prozentanteile der absoluten Höhen kumulativ dar. Die größten Flächen nehmen die Kontinentalplattform (etwa 2000 bis 200 m unter dem Meeresspiegel; ca. 30 %) und die Tiefseeebenen (etwa 6000 bis 4000 m unter dem Meeresspiegel, ca. 35 %) ein. Die mittlere Höhe an Land beträgt etwa 800 m, die mittlere Meerestiefe etwa 3700 m.

Mit der heutigen Wassermenge aller Meere (1,4 Milliarden km³) könnten die Landmassen gänzlich überflutet werden, wenn beispielsweise die mittlere Meerestiefe etwa nur 1000 m und die höchsten Landerhebungen etwa nur 1500 m betragen würden.

Dass ein Großteil der heutigen Ozeanbecken im Verlauf ihrer Entstehung ab- bzw. eingesunken sind, zeigt das Beispiel des untermeerischen Shatsky-Rise-Plateaus im nordwestlichen Pazifik östlich Japan. Das größte Plateau

Abb. 7 Eine weitere „Arche Noah“ nach den Maßen in Gen 6: 510 Fuß (300 Ellen) lang, 85 Fuß (50 Ellen) breit und 51 Fuß (30 Ellen) hoch.⁵⁸ Der Holz-„Kasten“ wurde 2016 fertiggestellt; er umfasst drei Decks mit insgesamt 132 Kammern. *Ark Encounter*, Kentucky (USA); Foto/Copyright: *Answers in Genesis*.⁵⁹

des Shatsky-Rise, das Tamu-Massiv, ist ein gigantisches vulkanisches Gebilde, das sich über ein Areal von etwa 450 x 650 km ausbreitet und vom umliegenden Meeresboden bis zu 3000 m

abhebt (Abb. Z-4). Während der aktiven Phase muss der vulkanische Zentralbereich auf oder über Meereshöhe gelegen haben. Denn überlagernde und zwischengeschaltete, unterkretazische Sedimente (Abb. Z-2) im obersten Bereich weisen auf Flachwasserbedingungen hin, und nur ein Teil der Ergussgesteine ist als Kissen-Lava (subaquatische Entstehung) ausgebildet. Heute liegt die Oberfläche des vulkanischen Gebildes, nach einer gewaltigen Absenkung, 3000 m und mehr unter dem Meeresspiegel.³⁴

Folgerung 1: Es ist unter bestimmten Bedingungen theoretisch möglich, dass sich die Menge der Sintflut-Wasser in den heutigen Meeren befindet (Verbleib).

Folgerung 2: Es ist unter bestimmten Bedingungen theoretisch möglich, dass die Menge der Sintflut-Wasser von einem „vorsintflutlichen“ Weltmeer stammen könnte (Herkunft).

3 | Sintflut und babylonische Fluterzählungen

Ein Textvergleich von Gilgamesch-Epos (Tafel XI) und Genesis 6-9 zeigt in Teilen Parallelen bzw. Übereinstimmungen bis ins Detail: Zum Beispiel das Aufsetzen des Bootes/des Kastens auf einem Berg/ auf dem Gebirge; das Aussenden von Taube/Rabe bzw. Rabe/Taube; Darbringung eines Opfers.⁴⁸

Die Frage nach dem Verhältnis dieser Fluterzählungen zueinander geht zurück bis zur Veröffentlichung des Gilgamesch-Epos durch SMITH (1873).⁴⁹ CHEN (2013, 1) gibt den heutigen Stand gut wieder; mit Bezug auf die [biblische] Sintflut schreibt er (in Übersetzung⁵⁰): „Angesichts dessen, dass die babylonischen Erzählungen von den meisten Gelehrten für älter betrachtet werden als ihr biblisches Gegenstück und angesichts dessen, dass die Sintflut-Geschichte zu den geohydrologischen Gegebenheiten von Mesopotamien [besser, MK] als zu denen von Palästina passt, wird von den Gelehrten allgemein angenommen, dass die Sintflut-Geschichte in Mesopotamien entstand und schon in der Armana-Periode in der späten zweiten Hälfte des zweiten vorchristlichen Jahrtausends nach Syriopalästina übertragen wurde. Die Rezension des Atrahasis-Epos (Ugaritica V 167 = RS 22.421 (...)), das in Ras Shamra⁵¹ entdeckt und um das vierzehnte Jahrhundert v. Chr. datiert wurde, unterstützt diese Sichtweise (Lambert & Millard 1969, 131-133).“⁵² Die wesentlichen Punkte von CHEN (2013) werden nachfolgend diskutiert.

Datierung Genesis und Schlussfolgerung. Hinsichtlich der Datierung der Genesis bezieht sich CHEN (2013) wohl auf die weit verbreitete Akzeptanz einer späten Abfassung bzw. Endredaktion, etwa 800-400 v. Chr. Diese Sichtweise steht im Zusammenhang mit der traditionellen Urkundenhypothese oder Quellenscheidungshypothese (Wellhausen-Kuenen-System und spätere Modifikationen, vgl. RÖMER 2015). Unter dieser Voraussetzung wäre das Atrahasis-Epos mindestens 800 bis 1200 Jahre älter (s. Kasten 2).

KOOREVAAR (2017) nennt zahlreiche Argumente dafür, die Endredaktion der Genesis auf ca. 1400 v. Chr. zu datieren, am Ende der Zeit von Moses. Darüber hinaus ist anzunehmen, dass insbesondere die Erzählungen und Geschlechterfol-

gen in Genesis 1-11 vor ihrer endgültigen Fixierung eine längere Periode mündlicher und schriftlicher (?) Überlieferung gehabt haben.

Da inhaltliche Elemente, die Parallelen bzw. detaillierte Übereinstimmungen zur Sintflut-Erzählung aufweisen, erst im ersten Drittel des ersten vorchristlichen Jahrtausends in das Gilgamesch-Epos eingeflossen sind (s. Kasten 2), können diese durchaus der Sintflut-Erzählung entnommen worden sein. Umgekehrt ist festzuhalten, dass eine literarische Abhängigkeit des Sintflut-Berichtes zu den babylonischen Fluterzählungen bisher nicht nachgewiesen worden ist.

Die Flutgeschichte im älteren Atrahasis-Epos (Tafel III) mag – grob und oberflächlich betrachtet – einen ähnlichen Handlungsstrang aufweisen wie die Sintflut-Erzählung. Konkrete inhaltliche Übereinstimmungen sind aber nicht festzustellen. In dem Epos werden mehrere Motive verarbeitet, wobei die Herkunft des Flutmotivs letztlich unklar ist (s. Kasten 2).

Geohydrologie und Schlussfolgerung. CHEN (2013) vergleicht die (früheren) geohydrologischen Gegebenheiten des Zweistromlandes mit denen des Jordantals. Während in Mesopotamien alljährliche Überschwemmungen von Euphrat und Tigris riesige Flächen unter Wasser setzen können (z. B. 1954; LENZEN 1964), ist dies für den ohnehin vergleichsweise kleinen Jordan nicht bekannt. Wohl deshalb sei es naheliegend, den naturhistorischen Ursprung der Sintflut-Geschichte in Mesopotamien zu suchen. Dabei geht CHEN (2013) implizit von einem lokalen Flutereignis aus, obwohl in Gen 6-9 ein universales Flutereignis beschrieben wird. Hierzu siehe Hauptteil des Artikels.

Atrahasis-Fragment aus Ugarit. Das Atrahasis-Fragment aus Ugarit (NW-Syrien, nahe Mittelmeer) datieren NOUGAYROL et al. (1968, 1) auf ca. 1250 v. Chr., nicht auf das 14. Jh. v. Chr. wie LAMBERT & MILLARD (1969, 131).⁵³ Es hat nur 20 Zeilen, die teilweise unleserlich bzw. nicht vollständig sind. In Zeile 2 wird eine von Göttern verursachte Flut erwähnt.⁵⁴ Das Fragment enthält aber keine der Parallelen bzw. detaillierten Übereinstimmungen zur Sintflut-Erzählung, wie sie beim Gilgamesch-Epos (XI) vorliegen.

Überlegung II: Eine Arche, die nicht am Berg Ararat stranden könnte

In Gen 8,4 heißt es (EB85): „Und im siebten Monat, am siebzehnten Tag des Monats, ließ sich die Arche auf dem Gebirge Ararat nieder.“⁵⁵ Eine Identifizierung dieser Ortsangabe mit dem Berg Ararat im Osten der Türkei ist weit verbreitet;⁵⁶ so haben auch zahlreiche Expeditionen mit dem Ziel stattgefunden, dort Überreste der Arche zu finden.

Es ist unter bestimmten Bedingungen theoretisch möglich, dass sich die Menge der Sintflut-Wasser in den heutigen Meeren befindet (Verbleib).

Der Ararat ist ein teilweise schneebedeckter Stratovulkan-Komplex und zeichnet sich durch zwei dominante Bergkegel aus (Abb. 8): Großer Ararat (5137 m. ü. NN) und Kleiner Ararat (3896 m. ü. NN).³⁷ Das vulkanische Massiv soll sich im Laufe des Quartär (Abb. Z-2) aufgebaut haben. Im Holozän (Abb. Z-2) soll noch eine punktuelle Aktivität geherrscht haben. Eine letzte Flankeneruption fand am 2. Juli 1840 statt.

Wird obiges Szenarium von Überlegung I zugrunde gelegt (max. 1500 m hohe Erhebungen) ist es theoretisch nicht möglich, dass die Arche auf den Bergen oder den Bergflanken des Ararat-Vulkankomplexes hätte stranden können, auch wenn eine nachträgliche Hebung des gesamten Gebietes um 1000 bis 1500 m angenommen werden würde (die heutige Plateau-Höhe).



Darüber hinaus ist anzunehmen, dass die Namensgebung des vulkanischen Massivs einfach durch eine spätere Zuweisung erfolgte; demnach also der heutige Ararat nicht mit dem Gebirge Ararat bzw. dem Gebirge im Land von Ararat identisch ist.

Folgerung 3: Es ist theoretisch unwahrscheinlich, dass die Arche auf dem Berg Ararat (heutige Osttürkei) hätte stranden können.

Ergebnis der Überlegungen

Eine relative Meeresspiegelschwankung in der Größenordnung von bis zu 1500 m, wie sie in Überlegung I angenommen worden ist, kann theoretisch nur durch Veränderungen und Bewegungen der Erdkruste und/oder oberer Teile des Erdmantels verursacht werden (Tektonik).³⁸ Dies würde sowohl die Phase des Anstiegs als auch die Phase des Abfalls betreffen.

Demzufolge hätte es sich bei dem Sintflut-Ereignis nicht nur um eine umfassende Flut oder Überflutung gehandelt, sondern um ein tektonisches Geschehen globaler Dimension (= Flutmechanismus). Dies würde grundsätzlich die Denkweise (engl.: *mindset*) ändern, wenn über das Sintflut-Geschehen gedacht und geforscht wird. Die o. a. Sintflut-Definition wird gedanklich um dieses weitere Kriterium ergänzt – mit entsprechender Kennzeichnung „Ableitung“.

Aus der theoretischen Überlegung kann auch eine erste geologisch-zeitliche Einordnung abgeleitet werden. Danach würde das Sintflut-Ereignis – wegen der Höhenlimitierung – spätestens vor dem Erreichen des „Hochgebirgs-Höhenniveaus“ der modernen Faltengebirge (z. B. europäische Alpen) geendet ha-

ben. Dieses Stadium wird den geologischen Epochen Miozän (?) bis Holozän zugeschrieben; gemäß Eichung beginnt das Miozän vor etwa 23 und das Pliozän vor etwa 5,3 Millionen [radiometrischen] Jahren (vgl. Abb. Z-2).

Einwände und Ausblick

Rasche extreme Hebungen oder Senkungen, die zu enormen Meeresspiegelschwankungen führen (s. o.) – in der Größenordnung von Hunderten von Metern in Monaten –, werden heute nicht beobachtet. Sie stehen im Konflikt zu (geologischen) Prozessraten, die unter Verwendung radiometrischer Alterswerte bestimmt werden. Und die geologisch-zeitliche Einordnung des Sintflut-Ereignisses (s. o.) steht im Konflikt mit der konventionellen Interpretation der fossilen Überlieferung und der etablierten Vorstellung, seit wann der Mensch existiert (Pleistozän) und gegebenenfalls über die geforderten Fähigkeiten hätte verfügen können.

Handelt es sich bei dieser Annäherung um einen Rückfall auf Vorstellungen des 17. und 18. Jahrhunderts? Mitnichten – mehr und mehr werden geologische Überlieferungen katastrophisch gedeutet. Die „geologische Zeit“ (Tiefenzeit), radiometrische Alterswerte und besondere Interpretations- bzw. Erkenntnisprinzipien (Uniformitarismus, Aktualitätsprinzip) sind heutige Axiome der historischen Geologie; ihre Gültigkeit und ihre Grenzen gilt es zu erfragen und zu hinterfragen (vgl. z. B. KOTULLA 2020a, b).

Dank. Mein Dank gilt Dr. Reinhard JUNKER und Dr. Martin ERNST für die Durchsicht des Manuskripts und wertvolle Hinweise.

Abb. 8 Ararat, Strato-Vulkankomplex mit zwei dominanten Bergkegeln im Osten der Türkei. Blick von Artashat (Armenien) Richtung Südwesten, Distanz etwa 35 km. Links Kleiner Ararat (3896 m NN), rechts Großer Ararat (5137 m NN). – Auf diesen Höhen kann Noahs Arche nicht gestrandet sein. Foto: Serouj OURISHIAN (CC BY-SA 4.0).⁶⁰

4 | Der biblische Kommentar des Theologen Franz Delitzsch (1813–1890)

Der Kommentar zur Genesis von DELITZSCH liegt in fünf Auflagen vor (1852, 1853, 1860, 1872 und 1887). Von Auflage zu Auflage kann beobachtet werden, wie sich DELITZSCH mit dem jeweils jüngsten Stand der Wissenschaft auseinandersetzt und dabei auch frühere Auffassungen modifizierte oder gar revidierte. Diese Entwicklung lässt sich auch bei der Kommentierung zur Sintflut beobachten.

Ein Beispiel: In der Ausgabe von 1852 (S. 186) heißt es – mit Verweis auf BUCKLANDS Werk *Reliquiae Diluvianae* („Überreste des Diluviums“, 1823) –, dass tierische Überreste des Diluviums die vorsintflutliche Verderbtheit bestätigt hätten. In der Ausgabe von 1860 (S. 255) – diesmal mit Verweis auf BUCKLANDS Werk *Geology and Mineralogy* (1836; „gegen seine *Reliquiae Diluvianae*“) – werden dann zwei Diluvien präsentiert: ein geologisches und ein historisches. Das geologi-

sche Diluvium gehöre einer Zeit vor der Schöpfung des Menschen an (Diskussion siehe KOTULLA 2015).

DELITZSCH (1887) macht in seiner letzten Ausgabe u.a. folgende Aussagen zur Sintflut: „Wir haben hier [mit dem Izdubar- = Gilgamesch-Epos, MK] die Sintflutsage in ihrer Urgestalt vor uns. (...) so wird das Ländergebiet des Euphrat und Tigris als die Heimat der Sintflutsage und wohl auch als der Grund und Boden des Ereignisses selbst anzusehen sein“ (S. 159f). Und zuvor: „Eine solche Sage ist die Sintflutsage, welche in dem biblischen Bericht mit Beseitigung der mythologischen Verbrämung auf geschichtliche Prosa herabgebracht ist“ (S. 156).⁵⁵

DELITZSCH war seinerzeit ein einflussreicher Theologe; teilweise hält der Einfluss seiner Schriften bis heute an. Zu einer Entgegnung s. Kasten 3 und Hauptteil des Artikels.



Abb. 9 Die „Flut-Tafel“; sie ist Teil des sog. Gilgamesch-Epos (als Tafel XI). Fragment einer Keilschrift-Tontafel mit 2 Spalten auf jeder Seite, 49 und 51 Zeilen bzw. 45 und 49 Zeilen; etwa 13 x 15 cm (Britisches Museum, K.3375). Aus der Serie „Bibliothek des Assurbanipal“, Fundort: Koyunjik (Ninive, Irak), Produktionsdatum: 7. Jh. v. Chr., Neuassyrische Periode. Ausgrabung durch H. RASSAM (1852–1854). Dieses Objekt gilt als die berühmteste Keilschrift. Foto: Timo ROLLER (freundl. Zurverfügungstellung).

Literatur (Auswahl)

- BAKER VR (2009) The Channeled Scabland – a retrospective. *Ann. Rev. Earth Planet. Sci.* 37, 6.1–6.19.
- BRÜCKNER H & ENGEL M (2020) Noah's Flood – Probing an Ancient Narrative Using Geoscience. In: HERGET J & FONTANA A (eds.) *Palaeohydrology. Traces, Tracks and Trails of Extreme Events*, 135–151.
- CHEN Y (2013) *The Primeval Flood Catastrophe: Origins and Early Development in Mesopotamian Traditions*. Oxford, UK.
- DELITZSCH F (1887) *Neuer Kommentar über die Genesis*. Leipzig.
- Deutsche Bibelgesellschaft (Hg.) *Die Bibel. Nach Martin Luthers Übersetzung. Lutherbibel, revidiert 2017*.
- GEORGE AR (2003) *The Babylonian Gilgamesh Epic. Volume I/II*, Oxford (NY).
- HERGET J (2019) Die Sintflut – Mythos und Realität. *Geographische Rundschau* 7/8, 52–57.
- KONDRATOW AM (1988) *Die große Sintflut*. Leipzig.
- KOOREVAAR HJ (2017) Die Bedeutung der Post-Josephica für eine Datierung des Buches Genesis. In: JUNKER R (Hg.) *Genesis, Schöpfung und Evolution*. 3. Auflage, 219–240.
- KOTULLA M (2014) Megafluten. *Studium Integrale Journal* 21, 4–11. <http://www.si-journal.de/jg21/heft1/sij211-1.pdf>
- KOTULLA M (2020a) Bentonit-Horizonte in paläozoischen Sedimentfolgen: Tephrostratigraphie und U-Pb-Altersbestimmungen mit magmatogenen Zirkonen. *W+W Special Paper G-20-1*, Baisersbronn. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/Bentonit-Horizonte_G-20-1.pdf
- KRISTAN-TOLLMANN E & TOLLMANN A (1992) Der Sintflut-Impakt. *Mitt. Österr. Geol. Ges.* 84, 1–63.
- LAMBERT WG & MILLARD A (1969) *Atra-hasis. The Babylonian Story of the Flood*. Oxford.
- LENZEN HJ (1964) Zur Flutschicht in Ur. *Baghdader Mitteilungen* 3, 52–64.
- NOUGAYROL J, LAROCHE E, VIROLLEAUD C & SCHAEFFER CFA (1968) *Ugaritica V. Mission de Ras Shamra, Tome XVI*, Paris.
- PFEIFER W et al. (1993) *Etymologisches Wörterbuch des Deutschen*. Digitalisierte und von W. Pfeifer überarbeitete Version im Digitalen Wörterbuch der deutschen Sprache, <https://www.dwds.de/d/wb-etymwb>
- PITMAN W & RYAN W (1998) Sintflut. Ein Rätsel wird entschlüsselt. *Bergisch Gladbach*.
- R. Brockhaus Verlag (Hg.) (1985/1991) *Die Bibel. Elberfelder Übersetzung, revidierte Fassung*. 1. Auflage der Sonderausgabe 2005, Textstand Nr. 20.
- RIEM J (1925) *Die Sintflut in Sage und Wissenschaft*. Hamburg.
- SMITH G (1873) The Chaldean Account of the Deluge. *Transactions of the Society of Biblical Archaeology* 2, 213–234. <https://www.sacred-texts.com/ane/chad/chad.htm>
- SNELLING AA (2009) *Earth's Catastrophic Past. Geology, Creation & the Flood. Volume 1/2*, Dallas.
- SUESS E (1883) *Die Sintfluth*. Sonderabdruck aus: *Das Antlitz der Erde*. Prag Leipzig.
- TOLLMANN A & TOLLMANN E (1993) *Und die Sintflut gab es doch. Vom Mythos zur historischen Wahrheit*. München.
- WOOLLEY CL (1929c) *Ur of the Chaldees. A Record of Seven Years of Excavation*.

Weitere Literaturangaben siehe o.a. Zusatzmaterial.

Anschrift des Verfassers:

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

Die „Sauerstoffkatastrophe“

1. Extreme Krise als Auslöser genialer „Neuerfindungen“ des Lebens?

Nach evolutionstheoretischen Vorstellungen sollen die ersten Lebewesen in einer sauerstofffreien Atmosphäre entstanden sein. Denn eine Entstehung der ersten Makromoleküle des Lebens ist bei Vorhandensein von Sauerstoff chemisch nicht möglich. Daher wird angenommen, dass die Umstellung zu einer mit Sauerstoff angereicherten Atmosphäre, wie wir sie heute kennen, erst später im Zuge der postulierten Evolution der Biosphäre erfolgte. Dieses vermutete Szenario einer frühen Evolution wird üblicherweise als Great Oxygenation Event (GOE) bezeichnet. Um diese Hypothese zu stützen, sind viele geologische und paläobiologische Studien durchgeführt worden. Sie ergeben jedoch ein unklares und widersprüchliches Bild von den ersten Schritten des Lebens auf der Grundlage der Darwin'schen Evolutionslehre.

Boris Schmidtgal

Ein bekanntes Sprichwort lautet: „Not macht erfinderisch.“ Dies gilt durchaus für den Verlauf der Menschheitsgeschichte, denn viele bahnbrechende Erfindungen der Menschheit stammen aus Krisenzeiten. Errungenschaften wie die Landwirtschaft oder die Mühle dienten dazu, den zunehmenden Nahrungsbedarf einer wachsenden Bevölkerung zu decken. Und das Rad, die Metallverhüttung oder das Schießpulver wurden vermutlich erfunden, um Kriege zu gewinnen. Dass Erfindungen durch Beobachtung, gründliche Überlegung, Experimente,

Beratung und Planung zustande kommen, spricht durch den Einsatz von Intelligenz, ist so selbstverständlich, dass es eigentlich keiner Erwähnung bedarf. Ungeachtet dessen sprechen Befürworter der Evolutionslehre oft von „Erfindungen“, um die evolutive, d.h. plan- und ziellose Entstehung komplexer biochemischer oder biologischer Funktionseinheiten zu beschreiben. In manchen Fällen wird auch von „Revolutionen“ des Lebens gesprochen, um große, angeblich durch evolutive Vorgänge bewirkte Veränderungen zu beschreiben, wobei

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Kompakt

Gemäß der Darwin'schen Evolutionslehre sollen die ersten Lebewesen durch chemische Vorgänge entstanden sein. Ein solcher Vorgang ist jedoch in Gegenwart von Sauerstoff aufgrund der Empfindlichkeit der molekularen Bausteine des Lebens gegenüber diesem reaktiven Gas nicht möglich. Dieser Sachverhalt war richtungsgebend für die weitere Hypothesenbildung und Forschung bezüglich der Evolution der frühen Organismen. Lebensursprungsforscher gingen daher stets davon aus, dass die ersten Mikroorganismen sich in einer sauerstofffreien Atmosphäre vor ca. 4-3,8 Milliarden Jahren entwickelt haben sollen. Später sollen sauerstoffproduzierende Mikroorganismen evolviert sein, sodass die Atmosphäre sich mit Sauerstoff anreicherte. Dieser Vorgang wird als Great Oxygenation Event (GOE) bezeichnet und soll gemäß konventioneller Vorstellung vor ca. 2,4 Milliarden Jahren eingesetzt haben.

Zur Stützung dieser Annahme werden geologische und paläobiologische Befunde angeführt. Dazu gehören Verteilungen bestimmter Mineralien und Isotopen in den Gesteinsschichten sowie fossile Reste oder molekulare Marker von Mikroorganismen. Insgesamt ergibt die Summe der Befunde in keiner Weise ein klares Bild, das einen tatsächlich stattgefundenen Wechsel von einer sauerstofffreien zu einer sauerstoffreichen Atmosphäre nahelegt. Der Beginn des GOE schwankt je nach Art der Befunde um viele Hundert Millionen Jahre und auch der Verlauf wird entweder als sehr schnell (1-10 Millionen Jahre) oder als sehr langsam eingeschätzt (mehrere Hundert Millionen Jahre).

Darüber hinaus erscheint das gesamte Szenario in vielerlei Hinsicht unplausibel zu sein. Die Abwesenheit von Sauerstoff bedingt, dass die vor harter UV-Strahlung schützende Ozonschicht gänzlich fehlen würde. Zudem würde eine frühe Etablierung eines Kohlenstoffkreislaufs ohne Sauerstoff zwangsläufig zu einer Anhäufung des starken Treibhausgases Methan führen, sodass ein Backofen-Klima auf der Erde geherrscht hätte. Problematisch wäre auch der Umschwung zu einer sauerstoffreichen Atmosphäre, da dann das Methan schnell abgebaut würde und so eine globale Vereisung eingetreten wäre. Wie hypothetische frühe Organismen solche Schwankungen überstanden haben sollen, ist völlig unklar. Nur durch Rückgriff auf spekulative Annahmen kann das Modell aufrechterhalten werden.

auch dieser Begriff in seiner eigentlichen Bedeutung hierfür unpassend ist.

Als die wohl allergrößte „Revolution“ und „Erfindung“ in der Geschichte der Lebewesen würde wahrscheinlich die angenommene evolutive Entstehung sauerstoffproduzierender Organismen gelten. HOMANN-MARRIOTT & BLANKENSHIP (2011) beschreiben diesen hypothetischen Vorgang mit genau diesen Begriffen: „Die *Erfindung* der sauerstofferzeugenden Photosynthese und der anschließende Anstieg des atmosphärischen Sauerstoffs vor etwa 2,4 Milliarden Jahren haben die energetischen und enzymatischen Grundlagen des Lebens *revolutioniert*“ (Hervorhebungen hinzugefügt).

Demnach soll es in der Geschichte des Lebens eine Epoche gegeben haben, in der eine vorher nahezu komplett sauerstofffreie Erdatmosphäre mit diesem reaktiven Gas angereichert worden ist. Dieses hypothetische Szenario wird in der Fachliteratur üblicherweise als „Great Oxygenation Event“ (GOE) bezeichnet und gilt als „Rätsel“ oder „Mysterium“, da es sehr viele Fragen aufwirft. Zusammenfassend kommentierten SESSIONS et al. in ihrem Artikel „Das fortwährende Rätsel der großen Sauerstoffkatastrophe“ (2009) die Auseinandersetzung mit dieser Frage mit den Worten: „Während der Sauerstoffanstieg Gegenstand einer beträchtlichen

Aufmerksamkeit seitens der Geowissenschaftler war, bleiben einige entscheidende Aspekte dieses Problems ungelöst.“

Die Beschreibung dieses Ereignisses wird häufig grob wie in dem folgenden Modell wiedergegeben (SESSIONS et al. 2009): Die ersten Organismen entstanden vor ca. 4 Milliarden Jahren. Sie lebten in einer sauerstofffreien Atmosphäre und bezogen ihre Energie aus dem Licht oder verschiedenen chemischen Stoffen. Dann entwickelten sich vor ca. 2,4 Milliarden Jahren photosynthetisch aktive Bakterien, die

Das GOE gilt in der Fachliteratur als „Rätsel“ oder „Mysterium“, da es sehr viele Fragen aufwirft.

Sauerstoff als Abfallprodukt ihres Stoffwechsels erzeugten. Dies führte dazu, dass die Atmosphäre sich allmählich mit Sauerstoff anreicherte. Dabei sollen zunächst lokale „Sauerstoff“-Oasen entstanden sein und in der Zeit von vor ca. 2,1-1,0 Milliarden Jahren zu einer allmählichen geringfügigen Anreicherung der Atmosphäre mit Sauerstoff geführt haben (ca. 1-2 Vol% der Atmosphäre). Im Verlauf der darauf folgenden 500 Millionen Jahre soll eine durchgreifende, globale Anreicherung der Erdatmosphäre mit Sauerstoff (Oxygenierung) erfolgt sein, so dass etwa der Zustand, in welchem sie heute vorliegt, erreicht wurde (78,08% Stickstoff, 20,95% Sauerstoff, <1% Spurengase: u. a. Kohlendioxid, Methan, Edelgase). Die Tiefsee soll jedoch noch bis vor 500 Millionen Jahren überwiegend anoxisch* geblieben und erst später allmählich vom Sauerstoff durchdrungen worden sein. Durch die Konfrontation mit diesem reaktiven Gas sollen die damals lebenden Organismen zu einer immensen Umgestaltung ihrer biochemischen Ausstattung und Lebensweise gezwungen worden sein. Lebensformen, denen das nicht gelungen ist, müssten demzufolge entweder ausgestorben oder in sauerstofffreie Nischen ausgewichen sein. Eine Zusammenfassung des Standardmodells der Evolution in grober zeitlicher Auflösung ist in Abb. 1 dargestellt.

Im Hinblick auf das GOE stellen sich unmittelbar grundlegende Fragen: Welche Indizien gibt es dafür, dass das Leben in einer anoxischen Atmosphäre angefangen haben könnte? Wie hätte Leben in einer Atmosphäre entstehen können, die nicht von einer Ozon-Schicht geschützt wurde und daher lebensfeindlicher harter UV-Strahlung ausgesetzt war? Wie könnten die Stoffkreisläufe (z.B. Kohlenstoffkreislauf, Stickstoffkreislauf etc.) ohne den Sauerstoff funktioniert haben? Gibt es Belege für eine schrittweise Anreicherung der Atmosphäre mit Sauerstoff? Welche Selektionsdrücke und Me-

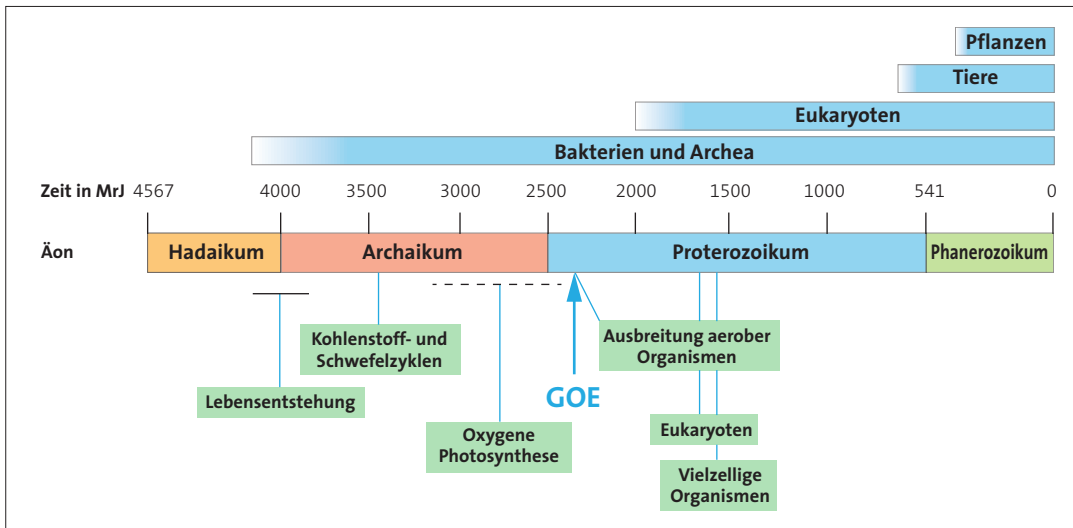


Abb. 1 Zeittafel der hypothetischen Evolution nach KNOLL & NOWAK (2017). Die Zeit auf der Skala ist in Millionen radiometrischen Jahren (MrJ) angegeben. Als „Äonen“ werden die Zeitabschnitte auf der Skala bezeichnet.

chanismen könnten die Entstehung der Photosynthese bewirkt haben, durch die der Sauerstoff erzeugt wird? In mehreren Folgen sollen diese und andere Fragen aufgegriffen werden, um eines der größten „Wunder der Evolution“ auf den Prüfstand zu stellen. In diesem Beitrag geht es um geologische und paläobiologische Indizien, die angeführt werden, um das GOE zu belegen.

Ursprung der Idee eines anoxischen Anfangs des Lebens

Die Annahme, dass erste Lebensformen sich in einer sauerstofffreien Atmosphäre gebildet haben sollen, stammt von dem russischen Biochemiker A. I. OPARIN (1938/1949). Seine Arbeit beruhte nicht auf experimentellen Ergebnissen, sondern allein auf chemischer Logik. Und diese Logik erfordert aufgrund der Empfindlichkeit der molekularen Bausteine des Lebens gegenüber Sauerstoff, dass die frühe Atmosphäre frei von Sauerstoff und reduzierend* gewesen sein musste, um die Entstehung dieser Moleküle zu ermöglichen. Diese

In Gegenwart von Sauerstoff können keine Bausteine des Lebens entstehen. Daher ist die Annahme eines anoxischen Lebensanfangs zwingend für die Evolutionslehre.

Annahme wurde durch die Ursuppen-Experimente von MILLER & UREY (1953) bestätigt. In diesen Experimenten erhielt man Aminosäuren, indem elektrische Entladungen in einer Atmosphäre bestehend aus Methan, Ammoniak, Wasserdampf und Wasserstoff über einen längeren Zeitraum ausgelöst wurden. Zusammenfassend schrieben MILLER & UREY später (1959): „Wenn die [experimentellen] Bedin-

gungen oxidierend* waren, entstanden keine Aminosäuren. Diese Experimente haben die Hypothese bestätigt, derzufolge reduzierende Atmosphären für die Entstehung organischer Verbindungen in nennenswerten Mengen erforderlich sind.“ Aufgrund der beschränkten Aussagekraft der Miller’schen Labor-Experimente bestand großes Interesse, geologische und paläobiologische Hinweise zu erhalten, die Rückschlüsse auf den tatsächlichen Zustand der frühen Erdatmosphäre und das Leben der ersten Organismen ermöglichen.

Geologische Indizien für das GOE

Als eine erste wichtige Kategorie von Indizien für den angenommenen Umschwung von einer sauerstofffreien hin zu einer mit Sauerstoff angereicherten Atmosphäre werden geologische Indizien angeführt. Anhand von unterschiedlichen Verteilungsmustern bestimmter Mineralien und Isotopen* in den Gesteinen sucht man nach Hinweisen auf eine Änderung der Zusammensetzung der Erdatmosphäre in früheren Epochen der Erdgeschichte.

Vorkommen bestimmter Mineralien

Präkambrische Bändereisenerze

Ein gründlich untersuchter geologischer Befund, der als Indiz für das GOE gewertet wird, sind die präkambrischen Bändereisenerze (Banded Iron Formations, BIFs, s. Abb. 2). Dazu werden zwei Schichtfolgen gerechnet, die dem späten Archaikum (>2.5 Milliarden radiometrische Jahre) beziehungsweise dem Paläoproterozoikum (ca. 1,5 – 2,1 Milliarden radiometrische Jahre) zugeordnet werden. Bei den BIFs handelt es sich um flächenmäßig relativ weit ausgedehnte Sedimentfolgen mit Mächtigkeit-



Abb. 2 Amerikanisches Bändereisenerz; die roten „Bänder“ sind angereichert mit Eisen(III)oxid (Fe_2O_3). (Quelle: farbkombinat, AdobeStock)

ten von bis zu einigen 100 m (GOLE & KLEIN 1981).

Die Relevanz der Bändereisenerze für den GOE rührt daher, dass sie einen hohen Anteil (ca. 20 bis 40%) an Eisenmineralien enthalten, die zu einem großen Teil als Fe_2O_3 (Eisen(III)oxid) vorliegen. Das Vorliegen des Eisens in der höchsten Oxidationsstufe (Fe^{3+}) in diesen Schichten wird als möglicher Hinweis auf eine Anreicherung der Atmosphäre mit Sauerstoff (O_2) zur Zeit der Ablagerung der BIFs interpretiert. Als Erklärung für die Ablagerung der BIFs werden bevorzugt biologische Ursachen angeführt. Als eine Möglichkeit wurden photosynthetisch aktive Mikroorganismen vorgeschlagen, die Sauerstoff freigesetzt haben sollen, sodass sich lokal „Sauerstoff-Oasen“ bildeten (CLOUD 1973; FRALICK & PUFahl 2006). Durch die chemische Reaktion von Sauerstoff mit im Wasser gelösten Fe(II)-Ionen soll sich das unlösliche Fe_2O_3 gebildet und als rötlicher Niederschlag abgesetzt haben.

Andere Forscher schlugen photoferrotrophe* Organismen als Verursacher der Eisen(III)oxid-Ablagerungen vor (POSTH et al. 2013). Dabei handelt es sich um Mikroorganismen, die Photosynthese mit Fe(II)-Ionen anstelle von Wasser als Elektronenquelle betreiben. Solche Organismen erzeugen dementsprechend Fe(III)-Ionen als „Abfallprodukt“ anstelle von O_2 (THOMPSON et al. 2019). Bei diesem überaus komplexen biochemischen Gesamtvorgang findet auch CO_2 -Fixierung unter Aufbau von Biomasse statt. Damit jedoch ein Stoffkreislauf stattfinden kann, muss diese Biomasse später wieder abgebaut und dem Aufbau neuer Mikroorganismen als CO_2 zur Verfügung stehen.

Da in den BIFs jedoch keine Spuren von abgelagerter Biomasse zu finden sind, schlugen THOMPSON et al. vor, dass der Abbau der Biomasse durch mikrobielle Methanerzeugung stattfand, sodass die frühe Atmosphäre relativ stark mit Methan angereichert gewesen sein müsste.

Die Annahme von THOMPSON et al., dass ein Kohlenstoffkreislauf bereits in einer sauerstofffreien Atmosphäre etabliert war, ist durchaus fragwürdig. Denn nach diesem Szenario müssten die methanogenen Mikroorganismen praktisch zur gleichen Zeit wie die photoferrotrophen entstanden sein. Das würde aber einen sehr großen evolutionären Sprung erfordern und nicht zu einer langsam voranschreitenden Evolution nach Darwin'schem Muster passen. Zudem stellt sich die Frage, wie sich die Anreicherung des Methans in der sauerstofffreien Atmosphäre ausgewirkt haben könnte, da Methan als starkes Treibhausgas schon bei relativ kleinen Volumenanteilen in der Atmosphäre ein Backofen-Klima erzeugen kann. Der Treibhauseffekt von Methan beträgt etwa das 25fache desjenigen von CO_2 . THOMPSON et al. stützen daher ihr Modell mit der Annahme einer im Vergleich zu heute um etwa 20% schwächeren Sonnenintensität, die den Treibhauseffekt kompensiert haben soll: „Folglich würde die Ablagerung von BIFs durch photoferrotrophe [Organismen] dazu beitragen, dass die Atmosphäre sich mit Methan anreichert, sodass das Klima der Erde unter einer trüben frühen Sonne stabilisiert werden könnte.“ Demnach wird eine präzise Feinabstimmung der schwächeren Sonnenintensität und des früheren hypothetischen Kohlenstoffkreislaufs vorausgesetzt – eine rein spekulative Annahme.

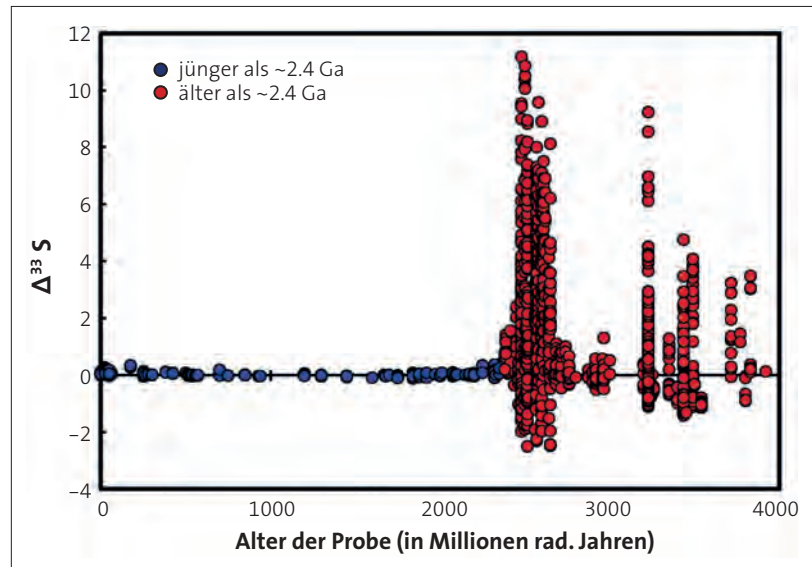
Eine weitere Ad-hoc-Annahme*, auf die sich das Modell der anoxischen Atmosphäre stützt, ist die Kompensation der fehlenden Ozonschicht durch die um 20% geringere Intensität der Sonneneinstrahlung. Denn in Abwesenheit von Sauerstoff konnte es diesen wirksamen Schutz der Lebewesen vor der vernichtenden harten UV-Strahlung nicht gegeben haben. Zudem muss davon ausgegangen werden, dass das spätere Hinzukommen des Sauerstoffs im Zuge des GOE zu einer globalen Vereisung führte, da der Sauerstoff im Gegensatz zu Treibhausgasen einen Wärmeverlust der Atmosphäre und den raschen Abbau des Methans fördert. Manche Autoren nehmen gar von mehreren O₂-Schü-

Wie mutmaßlich frühe Organismen die vermuteten Schwankungen zwischen Backofen-Klima und globaler Vereisung überstanden haben sollen, ist völlig unklar.

ben ausgelöste, wiederholte globale Vereisungen an, die später durch verstärkte Vulkanaktivität wieder rückgängig gemacht worden sein sollen (GUMSLEY 2017). Wie das hypothetische frühe mikrobielle Leben, das auf Licht angewiesen gewesen sein soll, diese enormen Schwankungen der Lebensbedingungen hätte meistern können, ist völlig unklar.

Andere Mineralien

Während Eisen(II)-Mineralien durch Reaktion mit Sauerstoff zu kaum wasserlöslichem Fe₂O₃ umgesetzt werden, gibt es andere Mineralien, die durch Reaktion mit Sauerstoff löslich werden. Das gilt insbesondere für Sulfide von Metallen der Übergangsgruppen (im Periodensystem). Auf der Grundlage dieses Vorgangs nahmen ANBAR et al. (2007) an, dass eine Anreicherung der Atmosphäre mit Sauerstoff zu einer erhöhten Löslichkeit von Molybdän- bzw. Rhenium-Sulfiden geführt haben sollte. Demnach soll der Nachweis erhöhter Konzentrationen an Molybdat (MoO₄²⁻) in Gesteinen ein Hinweis auf eine Anreicherung der Atmosphäre mit Sauerstoff in früherer geologischer Zeit sein. Die Ergebnisse ihrer geochemischen Studien an Gesteinen des Mount McRae Shale in der westaustralischen Hamersley-Senke interpretierten ANBAR et al. dahingehend, dass es schon vor 2,5 Milliarden Jahren Sauerstoff in der Erdatmosphäre gegeben haben muss, wenn auch in geringer Konzentration. Deshalb war in der entsprechenden Publikation die Rede von „einem Hauch Sauerstoff“ vor dem eigentlichen GOE. Noch früher datierten KOEHLER et al. den schleichenden Beginn des GOE. Ihren



Ausführungen zufolge (s. u. „Isotopensignaturen“) soll es bereits vor 2,66 Milliarden radio-metrischen Jahren Sauerstoff in der Erdatmosphäre gegeben haben. Die außerordentlich dif-fusen und widersprüchlichen Angaben über das Einsetzen des GOE werfen die Frage auf, ob es jemals wirklich einen klaren Übergang von einer anoxischen zu einer oxischen Atmosphäre gegeben hat.

Isotopensignaturen

Als weiteres Indiz für den GOE werden ver-schiedene Isotopensignaturen angeführt. Mit dem Begriff „Isotopensignaturen“ werden Mengenverhältnisse von Isotopen* bestimmter Elemente bezeichnet, die in den verschiedenen Gesteinen durchaus variieren können.

Schwefelisotope

Besondere Relevanz im Zusammenhang mit dem GOE haben Messungen von Isotopenver-hältnissen des Elements Schwefel erhalten. Ge-wöhnlich ist von den vier stabilen Isotopen des Schwefels ³²S das am häufigsten vorkommende (95,02%), gefolgt von ³⁴S (4,21%), ³³S (0,75%) und ³⁶S (0,02%). Bei vielen physikalischen Pro- zessen oder biologischen Vorgängen beobachtet man eine Auftrennung der verschiedenen Iso- topen eines chemischen Elements, z.B. bei der Verstoffwechslung durch Bakterien oder bei Diffusionsvorgängen. Die Beobachtung, dass die Trennung der Isotopen voneinander (Fak- tionierung) proportional zu ihrer Massendiffe- renz geschieht, wird als massenabhängige Iso- topenfraktionierung bezeichnet. Durch solche Vorgänge ändert sich z. B. das Verhältnis von ³⁴S/³²S etwa halb so schnell wie das Verhältnis ³⁶S/³²S, da die Massendifferenz zwischen ³⁴S und ³²S etwa halb so groß ist wie diejenige von ³⁶S und ³²S. Isotopenfraktionierungen, die mit sig- nifikanten Abweichungen von dieser Gesetz-

Abb. 3 Auftragung der Iso- topenfraktionierung von ³³S (in ‰) gegen das ermittelte Alter der entsprechenden Proben (in Millionen radio- metrischen Jahren) aus THIE- MENS (2013). Die roten Punk- te repräsentieren Proben, in denen eine massenunab- hängige Fraktionierung des Schwefelisotops nachge- wiesen wurde, während die blauen Punkte Proben mit massenabhängigen Fak- tionierungen darstellen.

mäßigkeit einhergehen, gelten dementsprechend als massenunabhängige Fraktionierungen. Die diesen Beobachtungen zugrundeliegenden Mechanismen sind aber bisher nicht aufgeklärt (DAUPHAS & SCHAUBLE 2016).

Bei Untersuchungen an präkambrischen Gesteinen wurden massenunabhängige Fraktionierungen von Schwefelisotopen nachgewiesen (FARQUHAR et al. 2000a), die z. T. signifikant von den Standardwerten abweichen (s. Abb. 3).

Zudem ist bei Laborversuchen gezeigt worden, dass die Einwirkung von UV-Licht auf Schwefeldioxid ebenfalls ähnliche massenunabhängige Isotopenverteilungen des Schwefels bewirkt (FARQUHAR et al. 2000b). Diese Befunde wurden als Indizien dafür gewertet, dass es in der Zeit vor ca. 2,3 Milliarden radiometrischen Jahren eine sauerstofffreie Erdatmosphäre gegeben haben soll. Denn bei Abwesenheit von Sauerstoff fehlt auch die Ozonschicht, sodass aus Vulkaneruptionen stammendes Schwefeldioxid der UV-Strahlung ausgesetzt gewesen sein müsste. Das Verschwinden der massenunabhängigen Isotopenfraktionierung des Schwefels wird daher als Beleg für das Einsetzen der globalen Anreicherung der Erdatmosphäre mit Sauerstoff interpretiert.

Auch LUO et al. (2016) verwendeten die Fraktionierung von Schwefelisotopen, um Rückschlüsse über den GOE anhand von Untersuchungen an Pyritgestein aus einer Sedimentabfolge der Transvaal Group in Südafrika zu ziehen. Sie ordneten das Ereignis ebenfalls

auf ca. 2,3 Milliarden radiometrische Jahre vor unserer Zeit ein. Zudem gaben sie noch an, dass der Übergang zu einer mit Sauerstoff angereicherten Atmosphäre sich in nur 1–10 Millionen Jahren ereignet haben soll – eine sehr kurze Zeit (bei Voraussetzung von Evolution) für die tiefgreifende Umstellung des Stoffwechsels der großen Mehrheit der Mikroorganismen auf den chemisch ausgesprochen reaktiven Sauerstoff.

Zu einem völlig anderen Ergebnis kamen dagegen BLÄTTLER et al. (2018). Sie untersuchten Evaporitgestein aus einer Tiefe von 2100–2900 m aus der Onega-Senke in Russland und analysierten ebenfalls schwefelhaltige Mineralien hinsichtlich der Isotopenfraktionierung des Schwefels. Ihren Ausführungen zufolge handelte es sich bei dem GOE um eine „langwierige Reorganisation globalen Redox-Budgets“, die Hunderte Millionen von Jahren in Anspruch nahm.

Die Verwendung der Analyse von Schwefelisotopenmustern zur Beurteilung der Zusammensetzung der Atmosphäre im Proterozoikum hat sich ungeachtet widersprüchlicher Schlussfolgerungen etabliert. Allerdings ist bis heute unklar, was die eigentliche physikalisch-chemische Ursache der massenunabhängigen Isotopenfraktionierung ist. Auch ist es fraglich, ob durch die Laborexperimente von FARQUHAR et al. die komplexen Bedingungen der Atmosphäre realistisch simuliert worden sind.

Weitere Analysen anhand von Isotopenfraktionierungen

Als eine weitere Möglichkeit, Informationen über die Zustände der Atmosphäre und Biosphäre zu erhalten, werden weitere gegenüber der Oxidation empfindliche chemische Elemente verwendet. KOEHLER et al. (2018) werteten Isotopenverhältnisse des Stickstoffs und des Selens von Gesteinen der Jeerinah-Formation in Australien aus. Bestimmte Isotopenmuster des Stickstoffs werden als möglicher Indikator für Nitrat-verstoffwechselnde (denitrifizierende) Mikroorganismen aufgefasst. Interessanterweise kamen KOEHLER et al. auf der Grundlage ihrer Befunde zu dem Ergebnis, dass es schon bereits vor 3,2 Milliarden Jahren einen Stickstoffkreislauf gegeben haben muss. Ein Stickstoff-Kreislauf kann jedoch nur bei Vorhandensein von Sauerstoff etabliert sein. Demnach müsste es schon vor 3,2 Milliarden Jahren zumindest in geringen Konzentrationen Sauerstoff in der Erdatmosphäre gegeben haben – also schon 800 Millionen Jahre vor dem eigentlichen GOE. Die zeitlichen Verläufe der verschiedenen Modelle des GOE unterscheiden sich um viele Hunderte von Millionen von Jahren.

Auch über den Verlauf des GOE sind sich die Forscher uneinig: einige schlussfolgern, dass die

Glossar

Ad-hoc-Annahme: Annahme, für die es keine empirischen Indizien gibt.

aerob: Sauerstoff verstoffwechselnd

anaerob: unter Ausschluss von Sauerstoff

anoxisch: frei von Sauerstoff

Archaikum: erdgeschichtliche Epoche von vor 4,0 Milliarden bis 2,5 Milliarden radiometrischen Jahren

Hadaikum: erdgeschichtliche Epoche von vor 4,6 Milliarden bis 4,0 Milliarden radiometrischen Jahren

Isotop: Ein chemisches Element ist durch die Anzahl an Protonen im Atomkern definiert. Atome desselben Elements können sich aber hinsichtlich der Anzahl an Neutronen unterscheiden. In diesem Fall spricht man von verschiedenen Isotopen eines chemischen Elements.

Oxidantien: Chemische Verbindungen, die anderen Stoffen Elektronen entziehen.

oxidierend: chemische Verbindungen mit der Neigung, Elektronen aufzunehmen, heißen „oxidierende“ Verbindun-

gen. In einer „oxidierenden Atmosphäre“ dominieren solche Stoffe.

oxygen: Sauerstoff erzeugend

Oxygenierung: Anreicherung mit Sauerstoff

Phanerozoikum: erdgeschichtliche Epoche von vor 541 Millionen radiometrischen Jahren bis heute.

photoautotroph: Bezeichnung für die Lebensweise von Organismen, die ihre Energie aus Licht beziehen können. Als Elektronenquelle dient in diesem Fall Wasser.

photoferrotroph: Bezeichnung für die Lebensweise von Organismen, die ihre Energie aus Licht beziehen können und als Elektronenquelle Eisen(II)-Ionen verwenden.

Proterozoikum: erdgeschichtliche Epoche von vor 2500 Millionen bis vor 541 Millionen radiometrischen Jahren

reduzierend: chemische Verbindungen mit der Neigung, Elektronen abzugeben, heißen „reduzierende“ Verbindungen. In einer „reduzierenden Atmosphäre“ dominieren solche Stoffe.

Auswertungen von Daten zu Isotopenfraktionierungen führen je nach untersuchtem Element zu sehr unterschiedlichen Schlussfolgerungen hinsichtlich des GOE.

Anreicherung der Atmosphäre sich schnell ereignete, während andere der Auffassung sind, dass sich diese Umstellung sehr langsam vollzog. Es zeigt sich also insgesamt, dass die Interpretationen der geologischen Daten zur Rekonstruktion des GOE sehr vage und widersprüchlich sind.

Paläobiologische Indizien

Mikrofossilien

Gewöhnlich werden im Rahmen der Evolutionslehre Veränderungen von Lebewesen, die in einer weit zurückliegenden Vergangenheit liegen sollen, durch Interpretation von Fossilfunden rekonstruiert. Dies hat sich im Hinblick auf die Frage nach den ältesten fossil dokumentierten Organismen, die Sauerstoff durch Photosynthese erzeugten, als schwierig erwiesen. Wann die ersten Mikroorganismen, die oxygene* Photosynthese betrieben, entstanden sein sollen, war lange Zeit umstritten. BUTTERFIELD (2000) beschrieb fossile Rotalgen aus der Hunting-Formation auf Somerset Island in Canada, die auf ein Alter von 1,2 Milliarden radiometrische Jahre datiert worden ist. Allerdings gibt es eine ganze Reihe an Arbeiten, die darüber Auskunft geben, dass es schon viel früher oxygene Photosynthese betreibende Organismen gab. Der Nachweis fossiler, fadenförmiger Kolonien von Cyanobakterien im Apex Chert in Westaustralien (SCHOPF 1993, Abb. 4), die auf über 3,4 Milliarden radiometrische Jahre datiert wurden, und Hinweise auf photosynthetisch aktive Mikroorganismen vor 3,1 Milliarden radiometrischen Jahren in verschiedenen Formationen in Südafrika (TICE & LOWE 2004) ergeben ein anderes Bild. In einer Übersichtsarbeit zu Mikrofossilien aus dem Archaikum* legte SCHOPF dar, dass 48 Nachweise von Stromatolithen* hauptsächlich photoautotropher* Mikroorganismen dokumentiert wurden (SCHOPF 2006). Diesen Daten zufolge hätte es schon vor über 3,4 Milliarden Jahren sauerstoff erzeugende Organismen geben müssen, womit der Beginn des GOE um eine Milliarde Jahre früher eingesetzt hätte als nach der konventionellen Darstellung.

Dies wäre jedoch problematisch für die Evolutionstheorie, da dann erklärt werden müsste, weshalb schon die allerersten Organismen oxy-

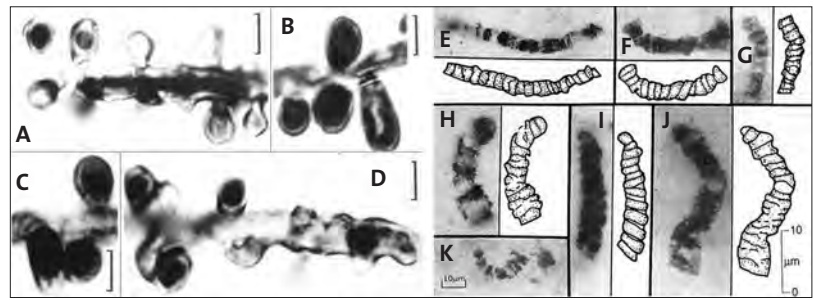


Abb. 4 A und D Ramsayphaera ramses, fossil, datiert auf 3,4 Milliarden rad. Jahre; B und C Candida tropicalis, rezent (nach PFLUG 1978); E-J Mikrofossilien aus dem frühen Archaikum (Apex Chert von Westaustralien, nach SCHOPF 1993)

gene Photosynthese betreiben konnten. Für die Evolution dieser hochkomplexen biochemischen Einrichtungen wäre dann nach evolutionären Maßstäben kaum Zeit vorhanden gewesen, da allgemein angenommen wird, dass der Beginn des Lebens sich vor ca. 3,8–4,1 Milliarden radiometrischen Jahren vor unserer Zeit ereignet haben soll. Es überrascht daher nicht, dass HOMANN-MARRIOTT & BLANKENSHIP (2011) die Befunde von SCHOPF grundsätzlich in Frage stellen: „Es wurden jedoch kürzlich Zweifel bezüglich der Ungestörtheit der Geologie des Fundortes und der Eignung der Umweltbedingungen für mikrobielles Leben sowie der Fossilien selbst geäußert.“

Hierzu sei angemerkt, dass bei Mikrofossilien solche Zweifel prinzipiell immer möglich sind. Ob der Fundort für mikrobielles Leben geeignet und durchweg ungestört war, kann angesichts des bisher noch geringen Wissens über die Lebensweise von Mikroorganismen in Gesteinen nicht sicher beurteilt werden. Auch der Interpretationsspielraum bezüglich der biochemischen Ausstattung der fossil nachgewiesenen Mikroorganismen scheint gemäß SCHOPF selbst recht weit zu sein, denn einerseits heißt es in seiner Veröffentlichung von 2006: „Daher wurde allgemein angenommen, dass das Vorhandensein dieser morphologisch mutmaßlich Cyanobakterien-ähnlichen Fossilien darauf hinweist, dass hochgradig entwickelte Prozesse der mikrobiellen Biochemie wie die oxygene Photosynthese und die aerobe Zellatmung bereits vor 3,5 Milliarden Jahren entwickelt waren.“ Andererseits heißt es etwas weiter im Text: „Es ist denkbar, dass die äußerliche Ähnlichkeit der Apex-Mikroorganismen [Fossilien] zu jüngeren sauerstoffproduzierenden Cyanobakterien signifikante Unterschiede der inneren Biochemie maskiert.“

Hier wird also eine naheliegende Interpretation (äußere morphologische Ähnlichkeit der Fossilien zu oxygenen Mikroorganismen) durch vage Spekulationen über die nicht nachweisbare innere Biochemie der mutmaßlichen früheren Organismen in Frage gestellt, was nicht gerade überzeugend ist. In späteren Arbeiten bekräftigte SCHOPF (2017; 2018) das konventionelle Modell des GOE, allerdings unter Verweis auf Isotopendaten. Obwohl, wie bereits erwähnt,

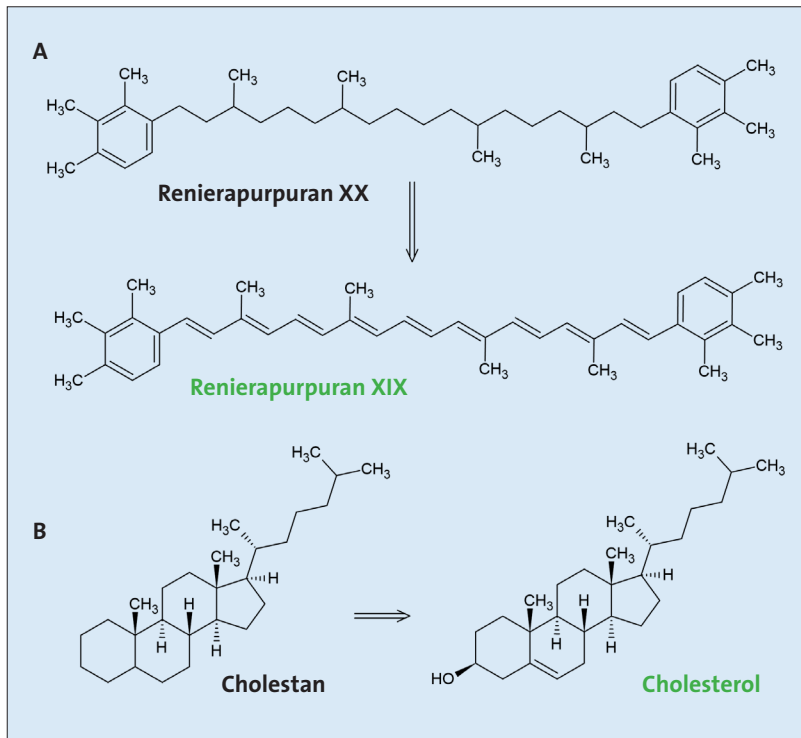


Abb. 5 Strukturformeln zweier Moleküle, die als „molekulare Marker“ (Bezeichnung in schwarzer Schrift) gelten und ihre vermutlichen Vorstufen aus Organismen (Bezeichnung in grüner Schrift). Das Renierapurpurin XIX ist ein Bestandteil von Cyanobakterien, während Cholesterol ein typischer Baustein der Zellwand von Eukaryoten ist.

anhand der äußerlichen Merkmale der Mikrofossilien keine sichere Aussage über die innere Biochemie der früheren Mikroorganismen gemacht werden kann, sprach sich SCHOPF in seinen letzten Arbeiten dafür aus, dass die photosynthetisch aktiven Bakterien keinen Sauerstoff produzierten, sondern nicht-oxygene Photosynthese betrieben. Die oxygene Photosynthese sei dann in einem späteren Stadium der mikrobiellen Evolution entstanden.

Insgesamt sieht die Datenlage bezüglich fossilisierter Mikroorganismen, die mittels Photosynthese Sauerstoff erzeugen konnten, widersprüchlich und unklar aus. Ein Umschwung von einer nicht oxygenen zu einer Sauerstoffproduzierenden mikrobiellen Welt ist jedenfalls anhand der Mikrofossilien nicht nachweisbar. Dass SCHOPF als einer der größten Experten auf dem Gebiet der Mikrofossilien sich von der früheren Interpretation seiner Ergebnisse abwandte, um das Standardmodell zu befürworten, scheint nicht die Folge einer zwingenden Indizienlast zu sein.

Molekulare Marker

Nicht wenige Forscher haben konstatiert, dass der Fossilbericht alles andere als reich ist an fossilen Resten von Mikroorganismen, die zur Zeit des GOE lebten (BROCKS et al. 1999; GUENELI et al. 2018; CUI et al 2020). Aus diesem Grund ist nach alternativen Hinweisen auf frühes Leben gesucht worden. Als solche werden aus Gesteinen entnommene organische Moleküle gewertet, die als „Biomarker“ bezeichnet werden. CUI et al. (2020) beschrieben Gemische aus Carotinoiden, die sie als fossilisierte molekulare

Spuren von Cyanobakterien interpretieren. Allerdings handelt es sich dabei nicht um genau diejenigen Moleküle, die auch in heutigen Cyanobakterien vorgefunden werden, sondern um durch unbekannte chemische Reaktionsfolgen erhaltene Derivate (s. Abb. 5). Um diese Annahme zu plausibilisieren, werden die unbekannten Reaktionsfolgen durch Simulationen im Labor nachgestellt. Es ist allerdings fraglich, ob chemische Reaktionsfolgen im Labor geeignet sind, um geochemische Vorgänge zu simulieren.

Ein weiteres grundsätzliches Problem bei dem Nachweis von Biomarkern sind Kontaminationen. BROCKS & SUMMONS (1999) beschreiben dieses Problem im Zusammenhang mit einem überraschenden Nachweis von Steranen (z.B. Cholestan, s. Abb. 5) aus 2,7 Milliarden radiometrische Jahre altem Gestein wie folgt: „Obwohl diese Gesteine für Verhältnisse des Archaikums gut erhalten sind, sind sie dennoch sehr alt und enthalten daher nur geringe Mengen an extrahierbaren Kohlenwasserstoffen. Daher sind sie besonders anfällig für moderne Verunreinigungen durch Erdölprodukte während des Bohrens, der Lagerung und der Analyse.“

Sichere Aussagen über die Art und Beschaffenheit früher Mikroorganismen sind weder anhand von Mikrofossilien noch Biomarker-Molekülen möglich.

Sterane gelten als molekulare Spuren von eukaryoten Organismen und würden den konventionellen Vorstellungen der Evolution früher Organismen völlig widersprechen. Diese sensationellen Befunde wurden jedoch später aufgrund von angeblichen Kontaminationen der Proben verworfen (GOLD et al. 2017). Insgesamt erscheint es also fraglich, ob es sich bei den als „molekulare Fossilien“ bezeichneten organischen Molekülen um sichere Hinweise auf frühere Mikroorganismen handelt.

Fazit

Die Frage nach dem Ursprung des Sauerstoffs in der Atmosphäre hat in den vergangenen vier Jahrzehnten überraschend viel Aufmerksamkeit erfahren. Ungeachtet des großen Forschungsaufwandes gibt es in vielen Bereichen nach wie vor nur sehr vage Ergebnisse und widersprüchliche Schlussfolgerungen bezüglich der Zeit des Einsetzens des GOE und seines Verlaufs. Der Konsens, dass das GOE vor ca. 2,4 Milliarden radiometrischen Jahren eingesetzt haben soll, beruht auf einer unzuverlässigen Datenbasis und vielen spekulativen Annahmen. Probleme

wie ein durch den starken Treibhauseffekt des Methans resultierendes Backofen-Klima oder durch Anreicherung von Sauerstoff resultierende dauerhafte globale Vereisungen oder das Fehlen einer schützenden Ozon-Schicht vor dem Einsetzen des GOE werden in der Literatur bisher nicht in gebührender Weise behandelt. Die Frage, wie es zur Feinabstimmung der vielen Parameter wie Intensität der Sonneneinstrahlung, Zusammensetzung der Atmosphäre und Beschaffenheit der Biosphäre kam, so dass die Erde ein lebensfreundlicher Planet wurde, wird gar nicht thematisiert. Jedenfalls scheint die passende Einstellung dieser Parameter durch rein natürliche Vorgänge extrem unwahrscheinlich zu sein. Insgesamt sind die geologischen und paläobiologischen Indizien zum postulierten GOE unklar und inkonsistent, sodass Hypothesen einer frühen Evolution von Mikroorganismen damit nicht gut untermauert werden können. Noch weit schwieriger ist es jedoch, die Umstellung des Stoffwechsels von anaerob auf aerob durch Evolution zu erklären. Dieser Fragestellung wird eine weitere Folge dieser Artikelserie gewidmet sein.

Anmerkungen

- ¹ „The continuing puzzle of the great oxydation event.“
- ² <https://www.lubw.baden-wuerttemberg.de/luft/zusammensetzung-der-luft>, abgerufen am 10. 3. 2021
- ³ <https://www.dw.com/de/methan-der-b%C3%B6se-zwillingsbruder-von-co2/a-49208882> (abgerufen am 22. 2. 21) mit Verweis auf NISBET et al. (2019).

Literatur

- ANBAR et al. (2007) A Whiff of Oxygen Before the Great Oxidation Event? *Science* 317, 1903–1906.
- BLÄTTLER CL (2018) Two-billion-year-old evaporites capture earth's great oxidation. *Science* 360, 320–323.
- BUTTERFIELD NJ (2000) Bangiomorpha pubescens n. gen., n. sp.: implications for the evolution of sex, multicellularity, and the Mesoproterozoic/Neoproterozoic radiation of eukaryotes. *Paleobiology* 26, 386–404.
- BROCKS et al. (1999) Archean molecular fossils and the early rise of eukaryotes. *Science* 285, 1033–1036.
- CLOUD P (1973) Paleological significance of the banded Iron-Formation. *Economic Geology* 68, 1133–1143.
- CUI X et al. (2020) Niche expansion for phototrophic sulfur bacteria at the Proterozoic-Phanerozoic transition. *PNAS* 117, 17599–17606.
- DAUPHAS N & SCHAUBLE EA (2016) Mass-independent effects, and isotopic anomalies. *Annu. Rev. Earth. Planet. Sci.* 44, 709–783.

- FARQUHAR J et al. (2000) a.) Atmospheric Influence of earth's earliest sulfur cycle. *Science* 289, 756–758; b.) Evidence of atmospheric sulphur in the martian regolith from sulphur isotopes in meteorites. *Nature* 404, 50–52.
- FRALICK P & PUFFAHL PK (2006) Iron formation in neoarchaeal deltaic successions and the microbially mediated deposition of transgressive systems tracts. *J. Sediment. Res.* 76, 1057–1066.
- GOLE MJ & KLEIN C (1981) Banded Iron-Formations through much of Precambrian time. *J. Geol.* 89, 169–183.
- GUENELI N et al. (2018) 1.1-billion-year-old porphyryns establish a marine ecosystem dominated by bacterial primary producers. *PNAS* 115, E6978–E6986.
- GUMSLEY AP et al. (2017) Timing and tempo of the great oxidation event. *PNAS* 114, 1811–1816.
- HOHMANN-MARRIOTT MF & BLANKENSHIP RE (2011) Evolution of photosynthesis. *Annu. Rev. Plant. Biol.* 62, 515–548.
- KNOLL AH & NOWAK AN (2017) The timetable of evolution. *Sci. Adv.* 3: e1603076.
- KOEHLER MC et al. (2018) Transient surface ocean oxygenation recorded in the 2,66 Ga Jeerinah Formation, Australia. *PNAS* 115, E8323.
- LUO G et al. (2016) Rapid oxygenation of Earth's atmosphere 2.33 billion years ago. *Sci. Adv.* 2: e1600134.
- MILLER SL (1953) A production of amino acids under possible primitive earth conditions. *Science* 117, 528–529.
- MILLER SL & UREY HC (1959) Organic compound synthesis on the primitive Earth. *Science* 130, 245–251.
- NISBET EG et al. (2019) Very strong atmospheric methane growth in the 4 years 2014–2017: Implications for the Paris agreement. *Global Biogeochemical Cycles* 33, 318–342.
- OPARIN AI (1938/1949) Die Entstehung des Lebens auf der Erde. Leipzig.
- PFLUG HD (1978) Yeast-like microfossils detected in oldest sediments of the earth. *Naturwissenschaften* 65, 611–615.
- SCHOPF JW (1993) Microfossils of the early archaean apex chert: new evidence of the antiquity of life. *Science* 260, 640–646.
- SCHOPF JW (2006) Fossil evidence of archaean life. *Phil. Trans. R. Soc. B* 361, 869–885.
- SCHOPF JW et al. (2017) An anaerobic 3400 Ma shallow-water microbial consortium: presumptive evidence of earth's paleoarchaean anoxic atmosphere. *Precambrian Research* 299, 309–318.
- SCHOPF JW et al. (2018) Sims analyses of the oldest known assemblage of microfossils document their taxon-correlated carbon isotope compositions. *PNAS* 115, 53–58.
- SESSIONS AL et al. (2009) The continuing puzzle of the great oxidation event. *Curr. Biol.* 19, 567–574.
- THIEMENS MH (2013) Introduction to Chemistry and Applications in Nature of Mass Independent Isotope Effects Special Feature. *PNAS* 110, 17631–17637.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Boris Schmidt Gall, SG Wort und Wissen,
Blumenhofstr. 9, 72290 Lossburg;
E-Mail: boris.schmidt Gall@wort-und-wissen.de

Planeten um ferne Sterne

Was wissen wir über extrasolare Planeten?

Immer wieder gehen Nachrichten von neu entdeckten Planeten um andere Sterne durch die Presse. Was wissen wir wirklich über sie? Mit welchen Methoden wird gearbeitet? Was ist mittlerweile darüber bekannt, wie andere Planeten und Sonnensysteme beschaffen sind? Ein Einblick in das junge und dynamische Gebiet der Erforschung ferner Planeten soll Antworten auf diese Fragen geben.

Albrecht Ehrmann

Introbild Künstlerische Darstellung eines Exoplanetensystems. Die Planeten sind nicht direkt beobachtbar. (NASA)

Einführung

Die Erforschung von Planeten außerhalb unseres eigenen Sonnensystems hat seit den ersten Entdeckungen in den 1990er-Jahren eine stürmische Entwicklung genommen. Mehrere Weltraumteleskope suchten und suchen extrasolare Planeten, die um andere Sterne als die Sonne kreisen, und auch auf erdgebundenen Teleskopen laufen jahrelange Beobachtungsprogramme. Mittlerweile wurden mehr als 4000 extrasolare Planeten entdeckt. Neben dem akademischen Interesse, außer den Sternen nun auch deren Planeten besser zu verstehen, ist der Treibstoff für diese Entwicklung auch die Suche nach Leben im Universum außerhalb der Erde.

Während Sterne als bereits an der Oberfläche mehrere Tausend Grad heiße Gaskugeln für Leben *per se* ungeeignet sind, trifft dies auf Planeten nicht von vornherein zu. Wer findet als erster einen Planeten, der in der nachweisbaren

Größe und Entfernung vom Zentralgestirn der Erde gleicht und dessen Atmosphäre Charakteristika aufweist, die für Leben ähnlich wie auf der Erde als notwendig erachtet werden? Der Nobelpreis wäre ihm sicher. Nachdem schon jahrzehntelang Filme durch unsere Kinos und Wohnzimmer flimmern, in denen Menschen Außerirdischen begegnen, ist die Sehnsucht groß, diese Pseudo-Erfahrung von der Wissenschaft bestätigt zu bekommen. Evolutionsbefürworter würden es als Bestätigung auffassen, dass die Evolution auch woanders funktionierte. Statt die Erde als einzigartiges Geschenk Gottes an uns Menschen wahrzunehmen, das wir bebauen und bewahren sollen, fantasiert man über die Kolonisierung anderer „Erden“ außerhalb unseres Sonnensystems. Derzeit ist dies aber absolut unmöglich. Doch bei der Verteilung von knappen und teuren Teleskopzeiten werden Programme zur Suche nach Leben im All gerne bevorzugt.

Aber auch wer Gott als Schöpfer des Universums anerkennt, interessiert sich dafür, wie Planeten um andere Sterne beschaffen sind. Doch was weiß man heute über extrasolare Planeten? Wie typisch ist unser Sonnensystem? Dieser Artikel soll dazu einen Überblick verschaffen.

Wie finden wir extrasolare Planeten?

Der Weg führt über das Sternenlicht

Jahrhundertlang gehörte mangels technischer Möglichkeiten die Erforschung extrasolarer Planeten nicht zu den aktiv betriebenen Gebieten der Astronomie. Stattdessen wurde intensiv an Sternen geforscht. Ihr Licht erreicht uns von überall her, selbst einzelne helle Sterne aus anderen Galaxien können untersucht werden. Man beobachtet heiße, Licht abstrahlende Zentren in dichten Gaswolken, die als entstehende Sterne interpretiert werden. Man beobachtet auch Sterne in dichten Gaswolken, in Supernovae explodierende Sterne und das, was nach der Explosion von den Sternen übrigbleibt – weiße Zwerge, Neutronensterne und Schwarze Löcher. Mit Hilfe der Daten von zehntausenden von Sternen wurden Modelle entwickelt, die Lebenszyklen von Sternen beschreiben. Aus gemessener Entfernung und Helligkeit wird die Abstrahlungsleistung berechnet. Anhand ihrer Spektren, die im Wesentlichen mit Absorptionslinien* durchsetzte Schwarzkörperspektren sind, gewinnt man eine Fülle an Information, zum Beispiel über die Oberflächentemperatur, Fallbeschleunigung an der Oberfläche und über relative Elementhäufigkeiten. Beobachtet man diese Spektren über einen gewissen Zeitraum, sieht man Schwingungen, durch die man auf die Schichtung im Sterninnern schließen kann. Die Masse von Sternen kann man in Doppelsystemen bestimmen. Für einige nahe oder große Sterne kann man sogar den Durchmesser und die Abplattung aufgrund ihrer Rotation durch Interferometrie* direkt messen. Die wichtigste Erkenntnis aus der Erforschung der Sterne und daraus entwickelter theoretischer Vorstellungen ist, dass sie während der meisten Zeit ihres Lebenszyklus ziemlich stabil sind und dass man aus dem Licht eines Sternes ableiten kann, wie groß und schwer er ist.

Diese Informationen über die Sterne sind wichtig, weil man zur Auffindung und Charakterisierung der Planeten ein gutes Verständnis der Sterne benötigt, um die die Planeten kreisen. Fast alle Planeten wurden ausschließlich dadurch gefunden, dass man das Licht von Sternen genau untersucht, und in diesem Licht Hinweise auf Planeten findet.

Kompakt

Bislang wurden über 4000 extrasolare Planeten gefunden. Die Planetensysteme treten in einer größeren Fülle und Verschiedenheit auf, als zunächst erwartet worden war. Einfache Modelle reichen nicht aus, um diese Fülle vorherzusagen. Dennoch kristallisiert sich heraus, dass die Mehrzahl der Systeme grob zur herrschenden Planetenentstehungstheorie passt. Man muss allerdings bedenken, dass die Astrophysiker noch weit davon entfernt sind, Planetenentstehung im Detail zu verstehen. Auf dem Weg von Gasmolekülwolken mit submikrometergroßen Staubeilchen zu Planeten gibt es noch etliche Schritte, für die kein überzeugendes Modell vorliegt. Außerdem sind die Möglichkeiten, den gesamten Prozess durch Simulationsrechnungen nachzuvollziehen, nicht ausreichend. Die Modellierungen liefern also keinesfalls zwingende Ergebnisse.

Es kann noch nicht gesagt werden, ob unser Sonnensystem typisch oder untypisch ist. Planeten mit so langen Umlaufzeiten und Entfernungen von ihrem Stern wie die Gasplaneten des Sonnensystems oder so kleine Planeten wie die inneren Planeten des Sonnensystems wurden noch nicht genügend erfasst.

Die Erforschung extrasolarer Planeten ist ein sehr spannendes Teilgebiet der Astronomie und wird es auch noch einige Jahrzehnte lang bleiben. In den nächsten zehn Jahren sind deutliche Fortschritte zu erwarten, falls die nächste Generation Großteleskope wie geplant fertiggestellt wird und das James-Webb-Weltraumteleskop tatsächlich Beobachtungsdaten zu Planeten aufnimmt.

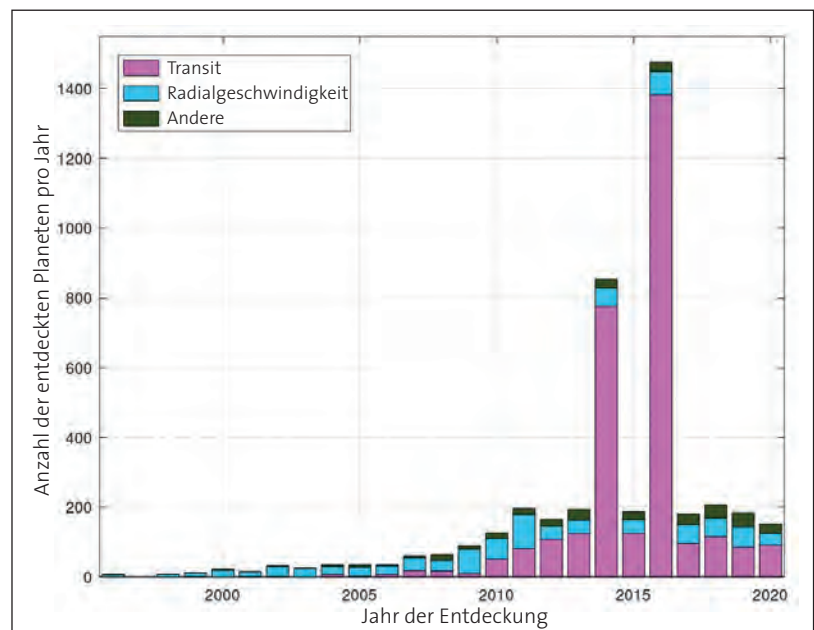
Wie viele Planeten wurden bisher gefunden?

Mit Stichtag 27.10.2020 sind 4368 Exoplaneten in 3228 Systemen bekannt (THE EXTRASOLAR PLANETS ENCYCLOPAEDIA 2020). Knapp drei Viertel von ihnen, genau 3107, wurden mit der Transitmethode gefunden, ungefähr ein Viertel, genau 909, mit der Radialgeschwindigkeitsmethode und 348 mit anderen Methoden (Abb.1). Wie funktionieren diese Methoden, und was kann man aus den Messdaten schließen?

Die Transitmethode – partielle Sternfinsternis

Die Transitmethode ist im Prinzip denkbar einfach: Man richtet ein Teleskop auf einen Stern

Abb. 1 Anzahl entdeckter extrasolarer Planeten seit 1996 (THE EXTRASOLAR PLANETS ENCYCLOPAEDIA 2020)



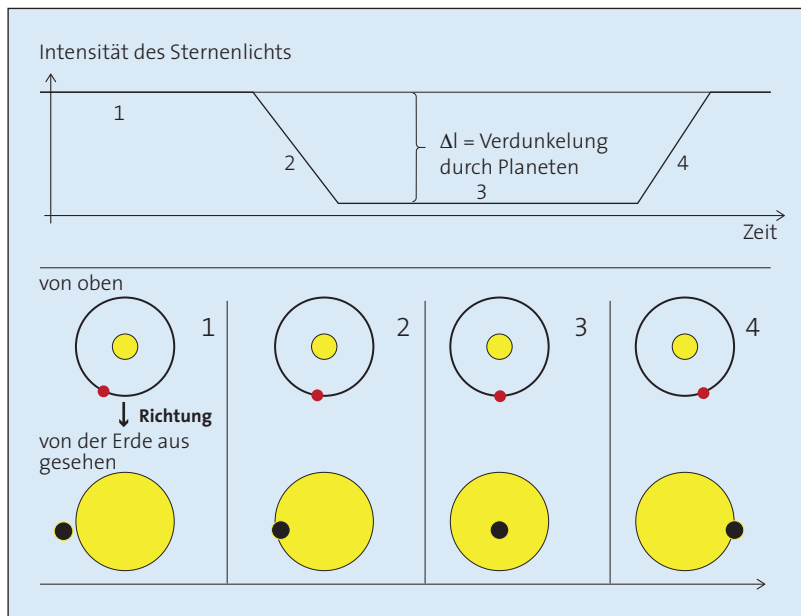
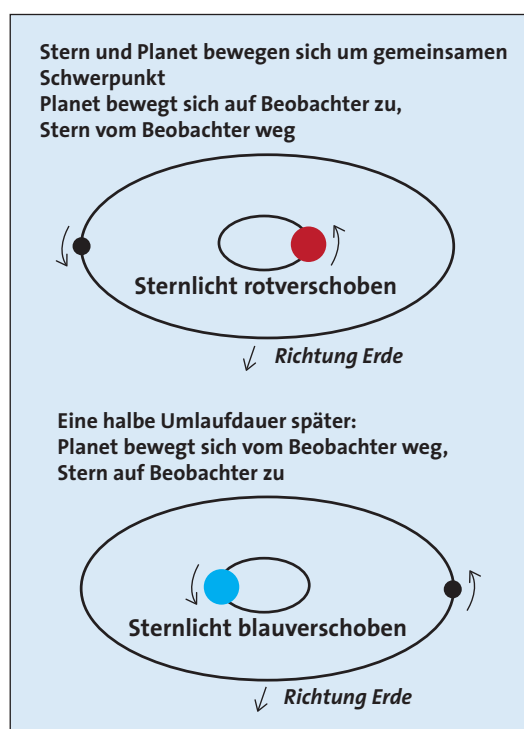


Abb. 2 Auf das Wesentliche reduziertes Schema eines Transits eines Planeten vor einem Stern, oben: der mit der Teleskopkamera aufgenommene zeitliche Verlauf der Intensität, Mitte: Transit senkrecht zur Bahnebene betrachtet, unten: Transit von der Erde (Beobachter) aus gesehen.

und misst über einen längeren Zeitraum die vom Stern kommende Lichtleistung. Zieht ein Planet auf seiner Bahn um den Stern in der Sichtlinie zwischen Teleskop und Stern vor dem Stern vorbei, verdunkelt er den Stern in erster Näherung um das Flächenverhältnis der längs dieser Linie projizierten Fläche von Planet und Stern (Abb. 2). Himmelskörper von Planeten-größe sind ebenso wie noch größere Körper nur als Kugel mechanisch stabil. Man kann das in unserem Sonnensystem sehen: Planeten und große Monde wie der Erdmond oder die galileischen Jupitermonde sind annähernd Kugeln; kleinere Objekte wie Asteroiden oder die Marsmonde Phobos und Deimos sind unregelmäßig, zum Beispiel kartoffelförmig. Von der Kugelgeometrie ausgehend ermittelt man aus dem Flächenverhältnis von Sonne und Planet das

Abb. 3 Prinzip der Radialgeschwindigkeitsmethode



Radiusverhältnis. Da auf die Eigenschaften des Sterns, also auch auf den Radius, aus Eigenschaften des ausgestrahlten Lichts geschlossen werden kann, kann man den Radius des Planeten bestimmen.

Um aus der zeitweisen Verdunkelung des Sternenlichts auf einen Planeten schließen zu können, muss man mehrere dieser Transits nachweisen. Die Zeitabstände zwischen den einzelnen Transits entsprechen der Umlaufdauer des Planeten um den Stern, mit Hilfe der Sternmasse schließt man unter Anwendung der Kepler'schen Gesetze auf den mittleren Abstand vom Stern.

Radialgeschwindigkeitsmethode: Dopplereffekt im Sternenlicht

Bei dieser Methode nutzt man die Gravitationskraft der Planeten auf ihren Stern aus. Diese sorgt dafür, dass sich der Stern um den gemeinsamen Schwerpunkt von Stern und allen Planeten bewegt. Diese Bewegung erzeugt einen Dopplereffekt*, den man mit hochgenauen Spektrometern im Spektrum des Sterns beobachten kann: Bewegt sich der Stern auf die Erde zu, ist sein Licht blauer, bewegt er sich von ihr weg, rötlicher. Man misst damit die Radialgeschwindigkeitskomponente der Bewegung, d. h. die Komponente längs der Sichtlinie Stern-Teleskop. Aus dieser wird das Massenverhältnis zwischen Planet und Stern bestimmt, allerdings nur die minimale Masse des Planeten. Diese minimale Masse ist gleich der realen Masse, wenn die Sichtlinie in der Umlaufbahn des Planeten liegt. Läge die Sichtlinie senkrecht zur Umlaufbahn, würde auch ein unendlich massereicher Planet keine Radialgeschwindigkeitsvariation im Sternenlicht hinterlassen.

Außer der minimalen Masse erhält man auch die Umlaufdauer des Planeten um den Stern und Eigenschaften der Bahn parallel zur Sichtlinie.

Andere Methoden

Die direkte Abbildung von Planeten mit Teleskopen ist bisher für 142 Planeten gelungen. Es handelt sich dabei meist um heiße, jupitergroße

Kaum hatte man die Beobachtungsprogramme gestartet, begegnete man Planeten, die man vorher für unmöglich gehalten hätte.

Planeten in großer Entfernung vom Stern. Ähnlich viele, nämlich 131, hat man mithilfe von Microlensing entdeckt. Bei dieser Methode nutzt man aus, dass auch das Licht durch die

Schwerkraft abgelenkt wird. Für passende Entfernungen zwischen einem Hintergrundstern, einem Stern mit Planeten, die als Gravitationslinsen wirken, und dem irdischen Beobachter kommt es zu einer einige Tage dauernden Aufhellung des Sternenlichts des Hintergrundsterns. Aus der Lichtkurve kann man auf Eigenschaften des Planeten schließen.

Was hat man aus den bisherigen Beobachtungen gelernt?

Die wichtigsten Daten der bisher gefundenen Planeten sind in den Internet-Katalogen www.exoplanet.eu und exoplanetarchive.ipac.caltech.edu für jedermann zugänglich. Die NASA hat auf ihren Seiten exoplanets.nasa.gov/discovery/exoplanet-catalog das Thema publikumsgerecht aufbereitet, so dass auch Nichtspezialisten sich über die bisher gefundenen Planeten informieren können. Die hier präsentierten Diagramme wurden mit den Daten von www.exoplanet.eu erstellt.

Überraschungen in den ersten Jahren

Die ersten Jahre der Suche nach Exoplaneten waren von großer Verwunderung geprägt. Man hatte erwartet, dass auch bei anderen Sternen die Planetensysteme ähnlich aufgebaut seien wie unser Sonnensystem: in einem inneren Bereich einige kleinere Gesteinsplaneten wie Merkur, Venus, Erde und Mars, weiter außen, jenseits der sogenannten Eislinie*, Gasriesen wie Jupiter, Saturn, Uranus und Neptun. Kaum hatte man jedoch die Beobachtungsprogramme gestartet, begegnete man Planeten, die man vorher für unmöglich gehalten hätte: Gasriesen, deren Umlaufbahnen sehr nah am Stern waren, mit Umlaufdauern von nur wenigen Tagen.

Auch bei den Eigenschaften der Planeten selbst, also ihrer durch Masse und Radius charakterisierten Größe, gab es einen wichtigen Zugewinn der Erkenntnis: In unserem Sonnensystem gibt es keine Zwischengröße zwischen Erde und dem viermal größeren Neptun. In der Statistik der aufgefundenen Exoplaneten sind die Planeten dieser Zwischengröße dagegen die häufigsten. Haben sie eine mittlere Dichte wie die Gesteinsplaneten unseres Sonnensystems, nennt man sie „Supererden“, entspricht diese derjenigen unserer Gasplaneten, handelt es sich um „Sub-Neptune“.

Eine zweite Überraschung gab es, als man mit dem Kepler-Weltraumteleskop Planetensysteme mit vielen Planeten mit relativ nahe beieinander liegenden Umlaufbahnen fand. Ein Beispiel dafür ist das System um den sonnen-

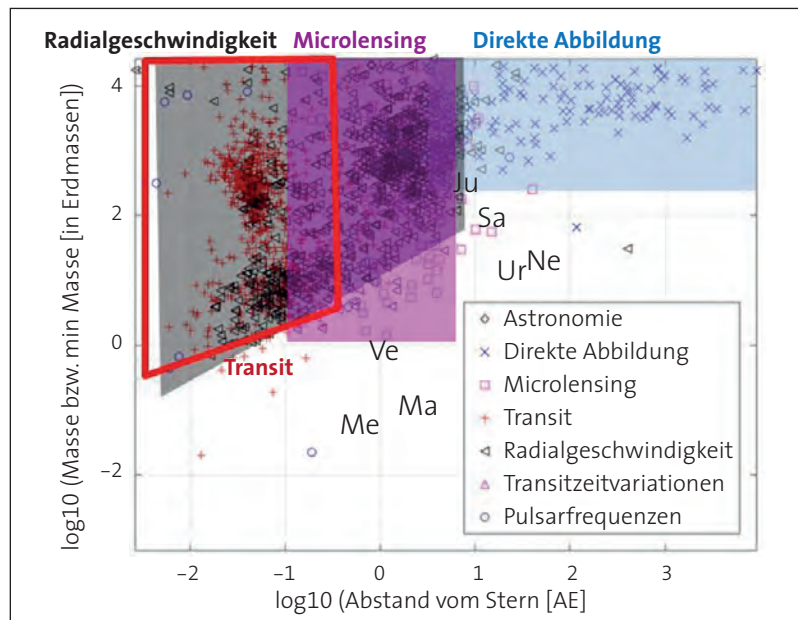


Abb. 4 Planeten, deren Masse oder minimale Masse bekannt ist, logarithmisch aufgetragen über den Abstand zum Stern und nach Entdeckungsmethode aufgeschlüsselt; zum Vergleich sind die Planeten unseres Sonnensystems eingetragen (Me = Merkur, V = Venus, E = Erde, Ma = Mars, J = Jupiter, S = Saturn, U = Uranus, N = Neptun). 1 AE = 1 Astronomische Einheit = Abstand Erde-Sonne.

ähnlichen Stern Kepler-11, um den fünf Planeten mit Umlaufdauern zwischen 10 und 47 Tagen kreisen und ein weiterer mit 118 Tagen Umlaufdauer. Zum Vergleich: In unserem Sonnensystem befindet sich in diesem Bereich nur der Planet Merkur mit 88 Tagen Umlaufdauer. Damit hatte vorher niemand gerechnet, da man erwartet hatte, dass solche Systeme nicht langzeitstabil wären.

Nachträglich durchgeführte Simulationsrechnungen lieferten allerdings als Ergebnis, dass sie doch langzeitstabil sein könnten. Da man die Bahnparameter und die Massen der Planeten allerdings nicht so genau kennt wie bei den Körpern unseres Sonnensystems, kann nur rechnerisch überprüft werden, ob es stabile Bahnen im von den Messergebnissen her möglichen Parameterraum geben kann. Es wird sogar so vorgegangen, dass man die Ergebnisse der Rechnungen verwendet und unter der Voraussetzung, dass die Bahnen langzeitstabil sind, den

Tab. 1 Die wichtigsten Methoden zum Nachweis von Planeten

Methode	Erfassung	Erfasste Planeten
Transit	Planetenradius; bei mehreren Planeten im System über Umlaufzeitenvariationen Rückschluss auf relative Massen	≥ Erdgröße; bis 200 Tage Umlaufdauer; bis einige hundert Parsec* Entfernung von der Erde
Radialgeschwindigkeit	Minimale Planetenmasse wird ermittelt	≥ Neptunmasse; bis einige Jahre Umlaufdauer; bis ca. 100 Parsec
Direkte Abbildung	Spektrum	≥ Jupitergröße; ab mehrere Jahre Umlaufdauer; bis ca. 100 Parsec nur heiße Planeten
Microlensing	Planetenmasse	≥ Erdmasse; ein bis mehrere Jahre Umlaufdauer; ca. 2000 bis 4000 Parsec

Glossar

Absorptionslinien: Heiße Gase an der Oberfläche von Sternen verschlucken die von weiter innen kommende Strahlung in durch ihre atomaren Eigenschaften bestimmten engen Wellenlängenbereichen; dadurch kann man feststellen, welche chemischen Elemente in welcher Häufigkeit dort vorkommen.

Astronomische Einheit (AE): Astronomische Längeneinheit, die ungefähr dem mittleren Abstand zwischen Erde und Sonne entspricht. Sie ist auf 149 597 870 700 Meter festgesetzt.

Brauner Zwerg: Ein brauner Zwerg ist ein Himmelskörper mit einer Masse zwischen 13 und 80 Jupitermassen. Im Gegensatz zu normalen Sternen fusioniert in ihrem Innern nicht der normale Wasserstoff, sondern nur das weitaus weniger häufige → Deuterium.

Deuterium: Isotop des Wasserstoffs. Während der Atomkern des normalen Wasserstoffs nur aus einem Proton besteht, besitzt der Kern eines Deuteriumatoms ein Proton und ein Neutron.

Doppler-Effekt: Der nach dem österreichischen Physiker Christian Doppler benannte Effekt tritt auf, wenn ein Schall- oder Lichtwellen aussendendes Objekt sich auf einen Beobachter zu oder von

ihm weg bewegt. Dabei erhöht sich die wahrgenommene Frequenz der Wellen, wenn sich das Objekt auf den Beobachter zu bewegt.

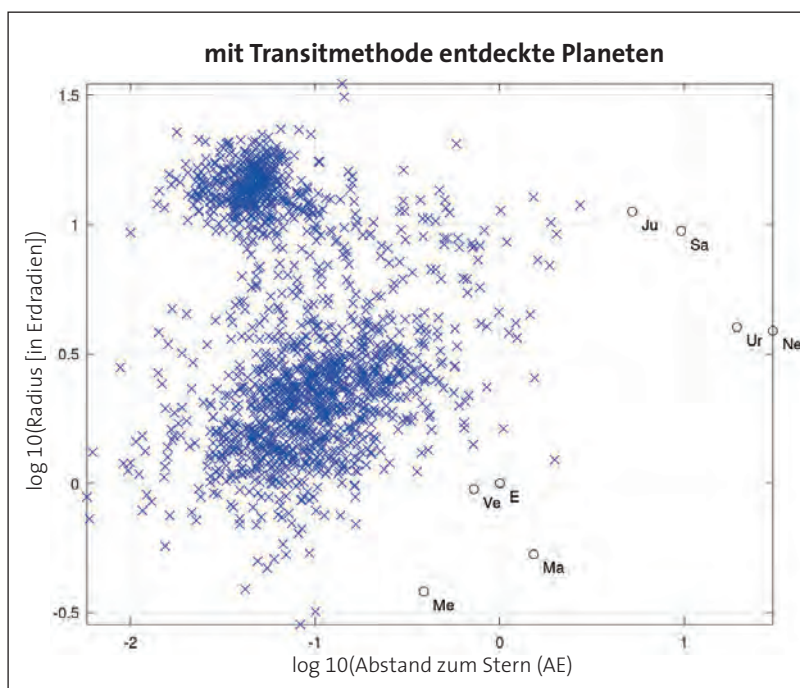
Eislinie: Die Eislinie markiert die Entfernung vom Stern, jenseits der Wasser in der Gas- und Staubwolke als Eiskristall vorliegt; weiter innen ist Wasser wegen der dort höheren Temperaturen gasförmig.

Interferometrie: Bei der Überlagerung von Wellen entstehen bestimmte Muster, sogenannte Interferenzen. Die Eigenschaften dieser Muster erlauben Rückschlüsse auf die die Wellen aussendende Quelle, zum Beispiel deren Ausdehnung. Bei der Sterninterferometrie kann man so den Winkeldurchmesser bestimmen, unter dem von der Erde aus ein Stern erscheint. Kennt man die Entfernung, kann man daraus den Sterndurchmesser berechnen.

Parsec: Kurzwort aus „Parallaxensekunde“. Das Parsec, Einheitenzeichen pc, ist eine in der Astronomie übliche Längeneinheit und entspricht 3,26 Lichtjahren bzw. $3,0857 \cdot 10^{16}$ Meter. Aus dieser Entfernung erscheint der mittlere Abstand zwischen Erde und Sonne unter einem Winkel von einer Bogensekunde.

Parameterraum eingrenzt (TAMAYO et al. 2020). So kommen dann Aussagen zustande wie: „Die Planeten bewegen sich auf nahezu idealen Kreisbahnen, die Exzentrizität ist sehr gering.“ Solange keine gemessenen Daten vorliegen, sind diese Schlussfolgerungen hypothetisch. Die hier angewandte Vorgehensweise unterstellt ein hohes Alter der Planetensysteme. Wissenschaft-

Abb. 5 Mit der Transitmethode entdeckte Planeten, aufgetragen ist der Planetenradius über dem Abstand zum Stern (logarithmisch)



lich sauber wäre es, entweder nur das Ergebnis der Berechnungen zu präsentieren oder die Annahmen hinter einer derartigen Schlussfolgerung explizit zu benennen.

In eine ähnliche Kategorie bezüglich der Langzeitstabilität fallen Planeten, die um Doppelsterne kreisen. Dynamische Simulationen zeigen, dass es instabile und stabile Regionen um Doppelsterne gibt. Bisher stimmen die Beobachtungen damit überein, dass Planeten nur in den stabilen Regionen zu finden sind.

Insgesamt gesehen ist die Bandbreite an unterschiedlichen Planetensystemen viel größer als ursprünglich erwartet. Man hat auch Planeten um Riesensterne gefunden, und andere, die um „Sternleichen“, also weiße Zwerge und Neutronensterne, kreisen, und mit ziemlicher Sicherheit auch Planeten um entstehende Sterne. Die Anzahl gefundener Planeten ist inzwischen groß genug, um statistisch relevante Aussagen über charakteristische Eigenschaften der Systeme zu machen.

Welche Charakteristika weisen die entdeckten Planetensysteme auf?

Eine Anzahl von über 4000 Planeten erlaubt, nach typischen Eigenschaften der Planeten und der Planetensysteme zu suchen. Welche Zusammenhänge kann man erkennen? Um nicht Äpfel mit Birnen zu vergleichen, werden die Ergebnisse für jede Methode gemäß GAUDI (2020) separat betrachtet.

Die meisten Planeten wurden mit der Transitmethode entdeckt (Abb. 5).

Quantitativ den größten Fortschritt erreichte man durch das Kepler-Weltraumteleskop (Abb. 6), das tausende Planeten entdeckte. Der Fangbereich des Messprogramms eignete sich hauptsächlich für den Nachweis von Planeten, die nah am Stern, bis etwa zur Merkurbahn-Entfernung umlaufen. Folgende Charakteristika stellten sich für diesen Bereich heraus:

1. Planeten mit Größen um 1,7 Erdradien kommen weniger häufig vor als etwas kleinere oder größere Planeten („the Radius Gap“, FULTON & PETIGURA 2018). Die Planeten zwischen 1,0 und 1,7 Erdradien nennt man Super-Erden, die Planeten von 1,7 Erdradien bis 4,0 Erdradien Sub-Neptune.

2. Es gibt viel weniger neptungroße Planeten sehr nah am Stern als größere und kleinere Planeten („the hot Neptune desert“, MAZEH et al. 2016).

Führender Deutungsvorschlag für diese beiden Beobachtungen ist, dass Planeten der Neptunklasse ihre Gashüllen nahe am Stern nicht behalten. Die starke Strahlung der Sterne sorgt dafür, dass die Gashülle in den Weltraum abdampft

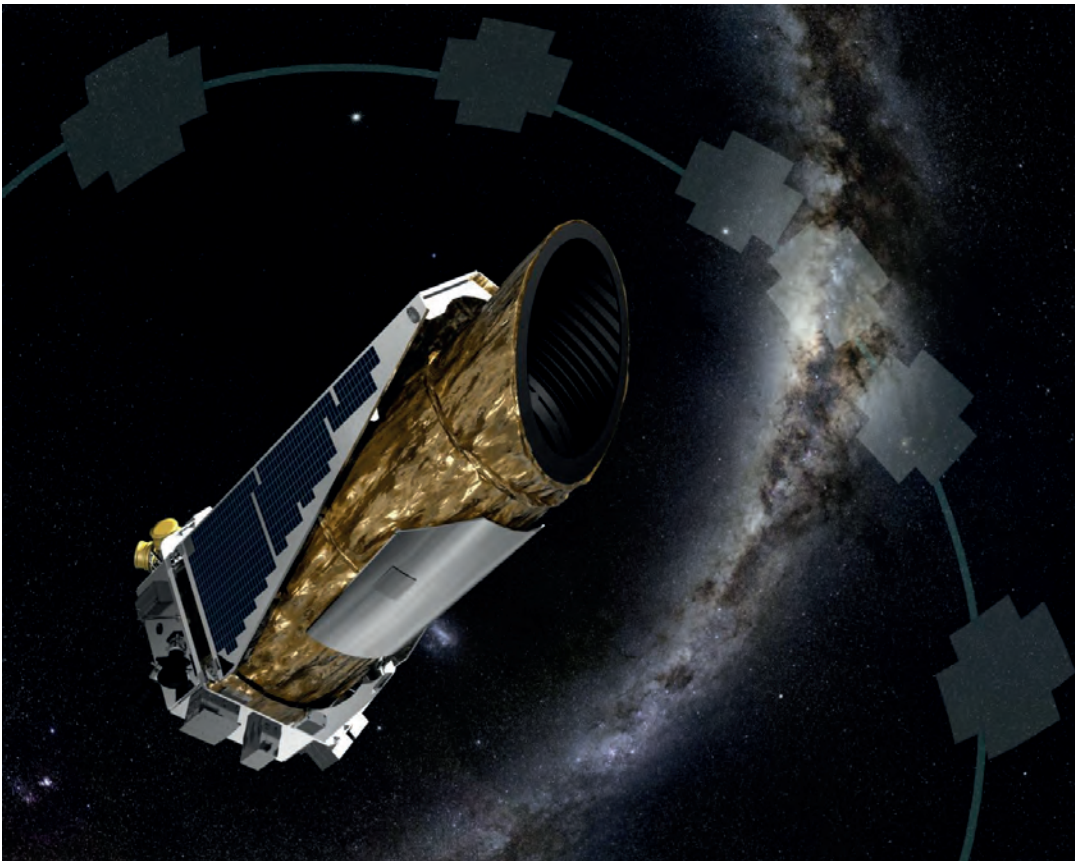


Abb. 6 Kepler-Weltraumteleskop, künstlerische Darstellung (NASA)

Quantitativ den größten Fortschritt erreichte man durch das Kepler-Weltraumteleskop, das tausende Planeten entdeckte.

(Photoevaporation). Es bleibt dann ein Gesteinsplanet ohne Gashölle übrig, also eine Super-Erde.

3. Sind mindestens drei Planeten in einem System, so sind diese meist von ähnlicher Größe und haben ähnliche Abstände voneinander. Vergleicht man benachbarte Planeten, so ist der äußere in zwei Drittel der Fälle größer als der innere. („Peas in a Pod“, WEISS et al. 2018). Diese Beschreibung trifft im Übrigen auch für die vier Gesteinsplaneten des Sonnensystems zu.

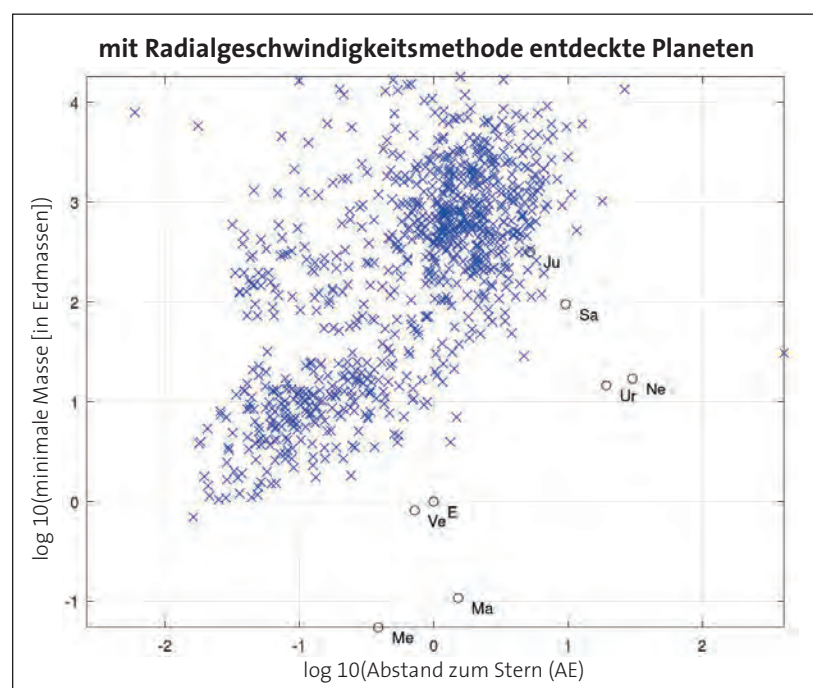
4. Je mehr chemische Elemente, die schwerer als Helium sind, ein Stern enthält, desto häufiger handelt es sich bei den Planeten um große Planeten, während bei kleineren Planeten diese Abhängigkeit wesentlich schwächer ist (PETIGURA et al. 2018). Diese Beobachtung passt zu der Hypothese, dass sich größere Körper bilden können, wenn mehr schwerere Elemente in der Gas- und Staubwolke vorhanden sind.

Zu diesem Ergebnis kamen auch Analysen der mit der Radialgeschwindigkeitsmethode gefundenen Planeten. Ein derartiger Zusammenhang ist nach dem Standardmodell der Stern- und Planetenentstehung zu erwarten: Beim Kollaps einer Gas- und Staubwolke bei der Stern- und Planetenentstehung gibt es einen Wettlauf zwischen der Ansammlung des um

den Stern befindlichen Materials zu Planeten und dem Wegblasen oder Aufsaugen von Gas und Staub durch den eben entstandenen Stern. Für die Bildung von Planetenkernen benötigt man schwerere Elemente; sind mehr von ihnen verfügbar, werden diese Kerne schnell genug groß, um das Wasserstoff- und Heliumgas an sich zu binden und zu Gasplaneten zu werden.

Bei der Analyse der durch die Radialgeschwindigkeitsmethode gefundenen Planeten (Abb. 7) ergaben sich folgende Resultate:

Abb. 7 Mit Radialgeschwindigkeitsmethode entdeckte Planeten, aufgetragen ist die Planetenmasse über dem Abstand zum Stern (logarithmisch)



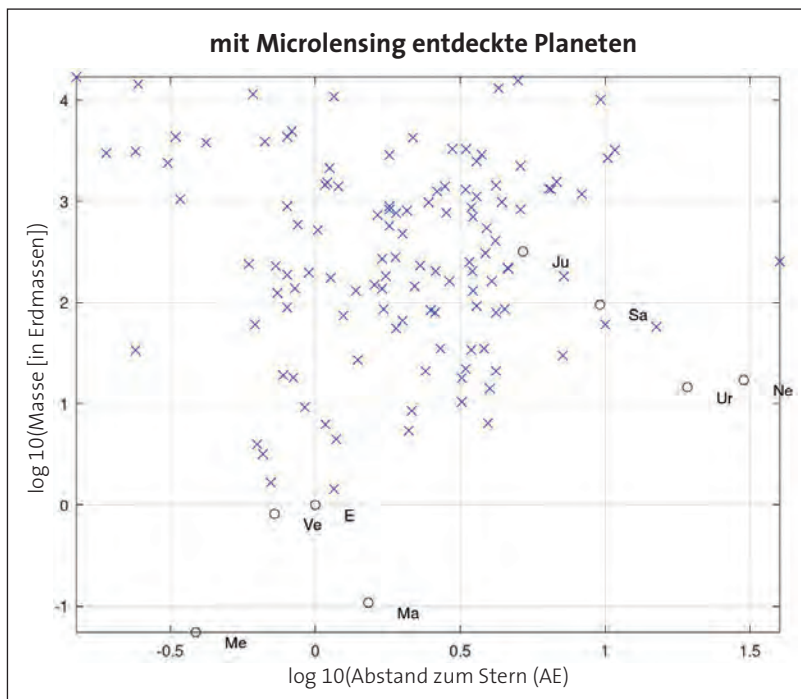


Abb. 8 Mit Microlensing gefundene Planeten, aufgetragen ist die Planetenmasse über dem Abstand zum Stern (logarithmisch)

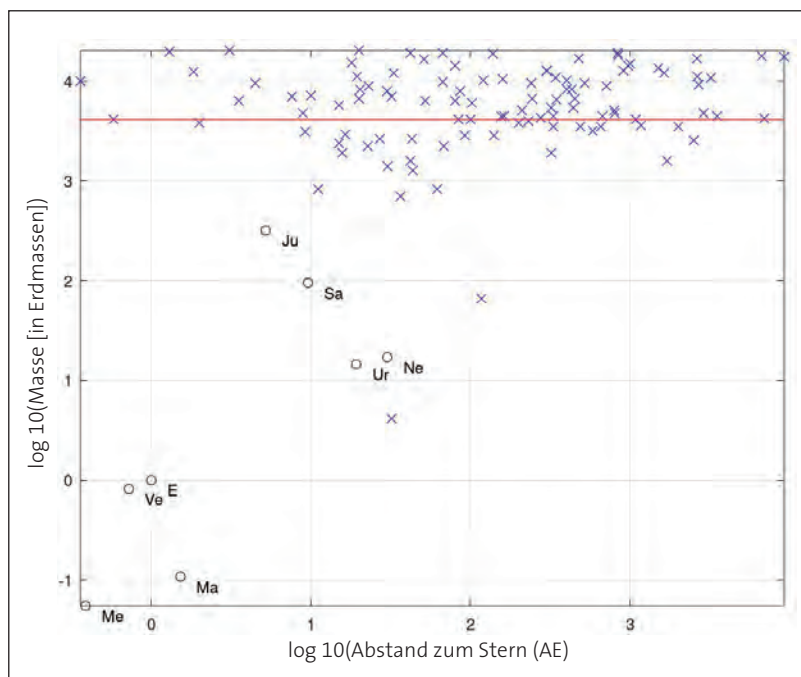


Abb. 9 Durch direkte Abbildung gefundene Planeten – oberhalb der roten Linie handelt es sich nicht mehr um Planeten im herkömmlichen Sinn, sondern um braune Zwerge*.

1. Bei sonnenähnlichen Sternen im Bereich kürzerer Umlaufdauern sind Super-Erden und Sub-Neptune etwa zehnmal häufiger als jupitergroße Planeten.

2. Gasriesen um sonnenähnliche Sterne haben am häufigsten Umlaufdauern von 5 Jahren (im Sonnensystem entspricht dies dem Asteroidengürtel zwischen Mars und Jupiter), nach innen und außen nimmt die Häufigkeit jeweils ab. Diese Beobachtung passt zu der anhand der Architektur unseres Sonnensystems aufgestellten Hypothese, dass Gasriesen in Regionen entste-

hen, in denen während der Bildung des Systems Temperaturen herrschen, bei denen Wasser zu Eis kristallisiert und nicht nur als Dampf vorliegt. Da viel mehr Wassereis als Steinstaub in den Gas- und Staubwolken anzutreffen ist, würde dies die schnelle Bildung großer Planetenkerne begünstigen, die dann das Gas an sich binden würden.

Beim Microlensing (Abb. 8) ist die Entdeckungswahrscheinlichkeit für Planeten am höchsten in einer Entfernung vom Stern, die jenseits der Eislinie liegt. Eine Analyse von 23 Planeten des MOA-II Microlensingprogramms ergab, dass Planeten eines Massenverhältnisses zum Stern wie Neptun zur Sonne jenseits der Eislinie am häufigsten sind (SUZUKI et al. 2016), d. h. sie sind häufiger als kleinere und größere Planeten. Dies stünde nicht im Widerspruch zu den Verhältnissen in unserem Sonnensystem, wo die beiden neptungroßen Planeten Uranus und Neptun den größeren Planeten Saturn und Jupiter gegenüberstehen.

Mit der direkten Abbildung (Abb. 9) kann man bis auf wenige Ausnahmen nur Planeten schwerer als eine Jupitermasse und weiter als 10 Astronomische Einheiten* vom Stern entfernt finden, die zudem relativ heiß sind. Durch hohe Oberflächentemperaturen strahlen sie hell genug, um gefunden zu werden, ohne vom Licht ihres Sterns überstrahlt zu werden. Solch hohe Temperaturen relativ weit entfernt vom Stern

Man kann derzeit noch nicht mit Sicherheit sagen, wie typisch oder untypisch unser Sonnensystem ist.

sind nur möglich, wenn sie eine andere Energiequelle haben als das Sternenlicht. Für Planeten mit einer Masse von weniger als 13 Jupitermassen wird dabei in der Regel davon ausgegangen, dass Materie auf sie einfällt und sich dabei aufheizt. Im Rahmen der Standardvorstellungen wird dies als eine der letzten Phasen der Planetenentstehung interpretiert.

Die meisten der mit der direkten Abbildung gefundenen Objekte sind keine Planeten, sondern Braune Zwerge. Diese Himmelskörper sind schwerer als 13 Jupitermassen, in ihrem Inneren findet, im Gegensatz zu Planeten, Kernfusion statt. Da aber nur Deuterium* fusioniert und dabei wesentlich weniger Energie als bei der Fusion von Wasserstoff freigesetzt wird, sind sie keine „vollwertigen“ Sterne.

Folgende Ergebnisse für Gasriesen liegen bisher vor:

1. Gasriesen jenseits 10–50 AE sind selten.
2. Gasriesen auf Bahnen >10 AE sind häufiger oder wenigstens gleich häufig bei größeren Sternen als bei kleineren anzutreffen (VIGAN 2020).

Obwohl die gefundenen Planetensysteme teils stark von unserem Sonnensystem abweichen, stellt sich heraus, dass die meisten Planetensysteme in den Rahmen der Standard-Entstehungstheorie passen.

Wie typisch ist unser Sonnensystem gemessen an den bisher beobachtbaren Eigenschaften?

Die mit den verschiedenen Methoden bisher entdeckten Planeten decken nur einen Teil der möglichen Planetengrößen und -umlaufbahnen ab. Betrachtet man die Grafik für Transitplaneten (Abb. 5), erkennt man, dass bisher keine entdeckt wurden, die in puncto Planetenradius und Abstand zum Stern einem Planeten des Sonnensystems entsprechen. Für die mit der Radialgeschwindigkeitsmethode entdeckten Planeten sind lediglich Exoplaneten mit ähnlicher Masse und ähnlichem Abstand wie Jupiter entdeckt worden. Auch bei Microlensing und Direktabbildung erfasst man Exo-Sonnensysteme, die unserem Sonnensystem entsprechen würden, bisher nicht. Die Ursache dafür ist, dass die Nachweismethoden bisher noch nicht genau genug sind und nicht lange genug eingesetzt werden konnten, um den leer erscheinenden Parameterraum abzudecken. Deshalb kann man derzeit noch nicht mit Sicherheit sagen, wie typisch oder untypisch unser Sonnensystem ist, was Planetengrößen und Umlaufbahnen betrifft. Allerdings weiß man, dass die Sonne ein gewöhnlicher Stern ist. Das schließt nicht aus, dass man trotzdem Hinweise auf Feinabstimmung finden kann. So gehört die Sonne im Vergleich zu Sternen ähnlicher Größe zu derjenigen Untergruppe, die relativ schwache und seltenere für das Leben schädliche Strahlungsausbrüche hat. Angesichts der Tatsache, dass man in den bisher untersuchten Parameterbereichen überall Planetensysteme gefunden hat, wäre es unerwartet, wenn unseres weit aus der Reihe fallen würde. Damit wäre aber noch nicht automatisch verknüpft, dass diese Systeme ähnlich gut feinabgestimmt für Leben wie unser Sonnensystem wären, weil dafür Details, die bisher für extrasolare Systeme nicht messbar sind, entscheidend sind.

Zusammenfassende Einschätzung

In den letzten Jahren konnten einige tausend Exoplaneten gefunden werden. Es kristallisiert

sich heraus, dass es eine Fülle verschiedener Arten von unerwarteten Planetensystemen gibt, darunter auch Extreme wie die „heißen Jupiter“. Daraus kann man jedoch nicht folgern, dass die Entstehungsmodelle von Planetensystemen aus Gas- und Staubwolken widerlegt seien. Die Mehrzahl der gefundenen Planetensysteme steht nicht im Widerspruch zu den grundsätzlichen Vorstellungen.

Ob unser Sonnensystem typisch ist, kann noch nicht gesagt werden, da in dem entsprechenden Bereich von Planetengrößen und Umlaufdauern noch kaum Daten aufgenommen werden konnten. Man kann die Prognose wagen, dass das Sonnensystem nicht exorbitant außergewöhnlich sein wird und damit der Stellung der Sonne unter den anderen Sternen folgen wird. Aber das wird sich zeigen müssen.

Literatur

- DAVID TJ et al. (2019) Four Newborn Planets Transiting the Young Solar Analog V1298 Tau, *The Astrophys. J. Lett.* 885, article id. L12, 10 pp.
- FULTON BJ & PETIGURA EA (2018) The California-Kepler Survey. VII. Precise Planet Radii Leveraging Gaia DR2 Reveal the Stellar Mass Dependence of the Planet Radius Gap. *Astron. J.* 156, 264; arXiv 1805.01453.
- GAUDI BS, CHRISTIANSEN JL & MEYER MR (2020) The Demographics of Exoplanets, Preprint arXiv: 2011.04703, To appear as a book chapter in „Exo-Frontiers: Big questions in exoplanetary science“, Ed. N MADHUSUDHAN (Bristol: IOP Publishing Ltd) AAS-IOP ebooks, <https://iopscience.iop.org/book-ListInfo/aas-iop-astronomy>.
- MAZEH T, HOLCZER T & FAIGLER S (2016) Dearth of short-period Neptunian exoplanets: A desert in period-mass and period-radius planes. *Astron. Astrophys.* 589, A75; arXiv 1602.07843.
- PETIGURA EA et al. (2018) The California-Kepler Survey. IV. Metal-rich Stars Host a Greater Diversity of Planets. *Astron. J.* 155, 89; arxiv: 1712.04042.
- SUZUKI D et al. (2016) The Exoplanet Mass-ratio Function from the MOA-II Survey: Discovery of a Break and Likely Peak at a Neptune Mass. *Astrophys. J.* 833, 145; arXiv 1612.03939.
- TAMAYO D et al. (2020) Predicting the long-term stability of compact multiplanet systems, arXiv: 2007.06521.
- THE EXTRASOLAR PLANETS ENCYCLOPAEDIA (2020). <http://exoplanet.eu>
- VIGAN A et al. (2020) The SPHERE infrared survey for exoplanets (SHINE). III. The demographics of young giant exoplanets below 300 au with SPHERE. arXiv:2007.06573, July 2020.
- WEISS LM et al. (2018) The California-Kepler Survey. V. Peas in a Pod: Planets in a Kepler Multi-planet System Are Similar in Size and Regularly Spaced. *Astron. J.* 155, 48; arXiv: 1808.03010

Anschrift des Verfassers:

*Albrecht Ehrmann, Gewandweg 22, 73432 Aalen,
E-Mail: albrecht.ehrmann@web.de*

„Wenn ENCODE richtig liegt, dann ist Evolution falsch“

Wie ENCODE unser Verständnis des Erbguts veränderte

Die Sequenz der 3 Milliarden DNA-Buchstaben des gesamten menschlichen Erbguts wurde 2001 nach mehr als zehn Jahren intensiver Arbeit veröffentlicht. Aber welche Informationen und damit Funktionen beinhalten diese Sequenzen? Die Entschlüsselung der funktionellen Elemente des menschlichen Genoms durch ENCODE hat die Sichtweise auf das menschliche Genom enorm verändert. Es erweist sich als ein fast vollständig funktionsfähiger superdynamischer Informationsverarbeitungscomputer und es gibt kaum noch Abschnitte, die man als „Junk-DNA“ bezeichnen könnte.

Peter Borger

Die DNA und das Erbgut

Als Beginn der Geschichte um das Erbgut kann man das Jahr 1869 betrachten, als der Schweizer Biochemiker Friedrich MIESCHER das Erbmateriale isolierte. Diesem Stoff, für den MIESCHER den Begriff „Nuklein“ prägte, wurde anfangs nur wenig Beachtung geschenkt. Die überwiegende Mehrheit der Wissenschaftler einschließlich MIESCHER war damals davon überzeugt, dass die komplexen Proteine die Träger der genetischen Information sein müssten. Man glaubte, dass die Vielfalt der Erbinformation ähnlich wie in unserem 26-teiligen Alphabet in der Abfolge der 20 Aminosäuren zu finden sei. Die neuentdeckte Kernsubstanz bestand aus nur vier Nukleotiden – viel zu wenig, so glaubte man, um die enorme Menge an genetischer Information zu speichern.

In den ersten vier Jahrzehnten des 20. Jahrhunderts gab es ein allmählich zunehmendes Interesse am „Nuklein“. Dem deutschen Arzt und Biochemiker Albrecht KOSSEL war es gegen Ende des 19. Jahrhunderts gelungen, die vier Nukleobasen der DNA (Cytosin, Thymin, Adenin und Guanin) zu isolieren, wofür er 1910 den Nobelpreis erhielt. Wichtige Beiträge, die dazu führten, dass die Bedeutung der DNA als Träger der Erbinformation zunehmend erkannt worden ist, leisteten auch Oswald AVERY durch seine Arbeit an Bakterien und die Chemiker Linus PAULING und Erwin CHARGAFF. Vorträge des österreichischen Physikers Edwin SCHRÖDIN-

GER am Trinity College in Dublin, die 1944 unter dem Titel „What is Life?“ veröffentlicht wurden (SCHRÖDINGER 1944), zeigten eine weitreichende Wirkungsgeschichte. SCHRÖDINGER verstand, dass die Ordnung in den biologischen Organismen nicht auf das statistische Verhalten von Molekülen zurückzuführen ist, sondern auf codierte Anweisungen. In diesem Buch sagte er voraus, wie die Grundlage des Lebens beschaffen ist: *Es wird kein periodischer Kristall sein, denn diese sind langweilig.* Er vermutete, dass das Erbgut von Lebewesen aus „aperiodischen Kristallen“ mit einem Mikrocode (d. h. Information) besteht. Mutig behauptete er, dass sowohl die Anweisungen zum Aufbau des Organismus als auch der Mechanismus zu dessen Erzeugung in den Chromosomen enthalten sind. Eine sowohl brillante als auch visionäre Idee.

Im gleichen Jahr wurde experimentell belegt, dass die DNA tatsächlich die genetische Information trägt (AVERY et al. 1944). Sie besteht aus vier Arten von kleineren Molekülen, die als „Nukleotide“ bezeichnet werden: Adenosin (A), Thymin (T), Cytidin (C) und Guanin (G). Knapp eine Dekade später, im Jahr 1953, beschrieben James D. WATSON und Francis CRICK mit Hilfe der Röntgenstrukturanalysen von Rosalind FRANKLIN (die CRICK und WATSON heimlich eingesehen hatten!) die chemische Struktur des DNA-Moleküls. Die dreidimensionale Struktur der Doppelhelix, die sie beschrieben, machte verständlich, wie die Eigenschaften der Elterngeneration auf die Nach-

kommen übertragen werden. Die Reihenfolge der Basen liefert die Anweisungen für den Zusammenbau der wesentlichen Bausteine des Lebens.

Seit 1961 wird das Genom nicht nur als eine Sammlung von Bauplänen betrachtet, sondern als eine Gesamtheit von aufeinander abgestimmten Programmen, die die Synthese von Proteinen koordiniert und kontrolliert (JACOB & MONOD 1961). Im 21. Jahrhundert stellen wir fest, dass eine lebende Zelle einem Datenprozessor vergleichbar ist und analog zu einem Computer funktioniert. Der Computer auf Ihrem Schreibtisch hat eine Tastatur, die Eingaben von außen ermöglicht (*Input*). Im Inneren gibt es eine Festplatte mit intelligent konzipierten Programmen zum Speichern und Verarbeiten des Inputs, und es gibt einen Bildschirm – oder ein anderes Gerät – für die Darstellung des Outputs als Resultat der Informationsverarbeitung. In Analogie dazu hat die lebende Zelle Sensoren, um Reize aus der Umwelt wahrzunehmen (*Input*), das Erbgut-Molekül DNA als System zur Datenspeicherung und -verarbeitung mit der RNA* als mobilem Zwischenspeicher, sowie einen biologischen Output, meist in Form von Stoffwechselvorgängen und letztlich biologischen Strukturen und Verhaltensweisen. Bei bestimmten Eingaben der zellulären Umgebung passt die Zelle die genetische Aktivität an.

Zusammenfassend kann also gesagt werden: Eine lebende Zelle ist ein auf DNA basierender RNA-Computer mit Protein-Output. Der Begriff „Genom“ (für Erbgut) wurde erstmals 1920 von Hans WINKLER geprägt, einem Professor für Botanik an der Universität Hamburg. Er schlug vor, den haploiden* Chromosomensatz, der zusammen mit dem dazugehörigen Protoplasma die materielle Grundlage der Zelle bildet, als „Genom“ zu bezeichnen (WINKLER 1920). Das Genom umfasst die gesamte DNA der Zelle, einschließlich der DNA in Mitochondrien und Chloroplasten (bei Pflanzen). Grundsätzlich umfasst das Genom alle DNA-Sequenzen eines Organismus.¹

HUGO und ENCODE

Das Genom des Menschen besteht aus der in 23 Chromosomen verteilten DNA und der mitochondrialen (mt) DNA.² Insgesamt beträgt die Summe der DNA-Buchstaben (Nukleotide) etwa 3 Milliarden, die aneinandergereiht im Zellkern eine molekulare Kette von etwa 1 Meter Länge ergeben. Dies ist unser genetischer Bauplan, darin ist die genetische Information in sehr dichter Form abgebildet. Von den 1980er bis zu den 1990er-Jahren wurden große Fortschritte bei der Entschlüsselung genomischer

Kompakt

Nachdem im Jahr 2001 das menschliche Genom* sequenziert und der Öffentlichkeit präsentiert worden war, vermutete man, dass die Lösung aller genetischen Grundfragen und Erbkrankheiten nur noch eine Frage der Zeit sein würde. Wie liest man jedoch eine Anleitung, ohne die Sprache zu verstehen, in der sie geschrieben ist? Um die Bedeutung aller 3 Milliarden DNA-Buchstaben (Nukleotide) zu erforschen, wurde ein internationales Konsortium von Genomforschern gegründet: ENCODE. Seit 2003 arbeiten die Forscher an der Entschlüsselung der funktionalen Elemente des menschlichen Genoms. An ENCODE beteiligte Forschergruppen veröffentlichten in einer Reihe von Publikationen, dass entgegen der lange geglaubten Annahme, das menschliche Genom sei voll von „Junk-DNA“ (DNA-Müll), mindestens 80% des Genoms eine Funktion haben. Fast jede DNA-Sequenz im Genom führt irgendeine Funktion aus und/oder wird in ein RNA-Transkript* umgeschrieben. Obwohl diese Erkenntnisse unter Evolutionsbiologen heftig umstritten sind, da ein fast vollständig funktionsfähiges Genom den Evolutionsprozess grundlegend in Frage stellt, lieferte ENCODE im Jahr 2020 weitere Beweise dafür, dass das Genom Millionen von regulatorischen Sequenzen und genetischen Schaltern enthält, um die biologischen Leistungen des Organismus zu ermöglichen oder zu optimieren. Das Genom, das von ENCODE beschrieben wird, lässt sich am besten als „RNA-Computer mit Protein-Output“ verstehen. Die DNA-Information erweist sich als überlappend, mehrschichtig und mehrdimensional und darüber hinaus in hohem Maße dynamisch. Sie wird sowohl vorwärts als auch rückwärts gelesen und es gibt kaum noch Abschnitte, die man als „Junk-DNA“ bezeichnen könnte. Die neuen Daten von ENCODE stellen einen ungerichteten Evolutionsprozess, wie es derzeit gelehrt wird, abermals in Frage. Oder, wie der Evolutionsbiologe Dan GRAUR es 2012 formulierte: „Wenn ENCODE richtig liegt, ist die Evolution falsch.“

Information erzielt. Aber es war eine langsame und aufwendige Arbeit, die von unabhängigen und selbständig arbeitenden Wissenschaftlern durchgeführt wurde. Erst der Start des internationalen HUGO-Projekts (HUGO ist das Kürzel für *Human Genome Organisation*) im Jahr 1988 ermöglichte einen systematischen Ansatz zur Entschlüsselung der kompletten menschlichen DNA-Sequenz, einschließlich der Anordnung unserer Gene und ihrer Verteilung auf den Chromosomen. Die Fertigstellung eines „Arbeitsentwurfs“ des menschlichen Genoms wurde am 26. Juni 2000 auf einer gemeinsamen US/UK-Pressekonferenz von Präsident Clinton und Premierminister Blair bekannt gegeben.

Die Ergebnisse aus HUGO zeigten, dass das Genom des Menschen überraschenderweise nur etwa 20.000-25.000 Protein-Gene umfasst.

Die Ergebnisse aus HUGO zeigten, dass das Genom des Menschen überraschenderweise nur etwa 20.000–25.000 Protein-Gene* umfasst (aktuelle Schätzungen gehen vom unteren Ende dieses Bereichs aus, also etwa 20.000)³ (Nature Definitions 2021). Die Entschlüsselung des Genoms stellte nichts Geringeres in Aussicht als die Offenlegung des Bauplans der menschlichen Biologie. In euphorischer Stimmung berichteten viele Medien, dass, weil wir nun das Genom kennen, genetische Krankhei-

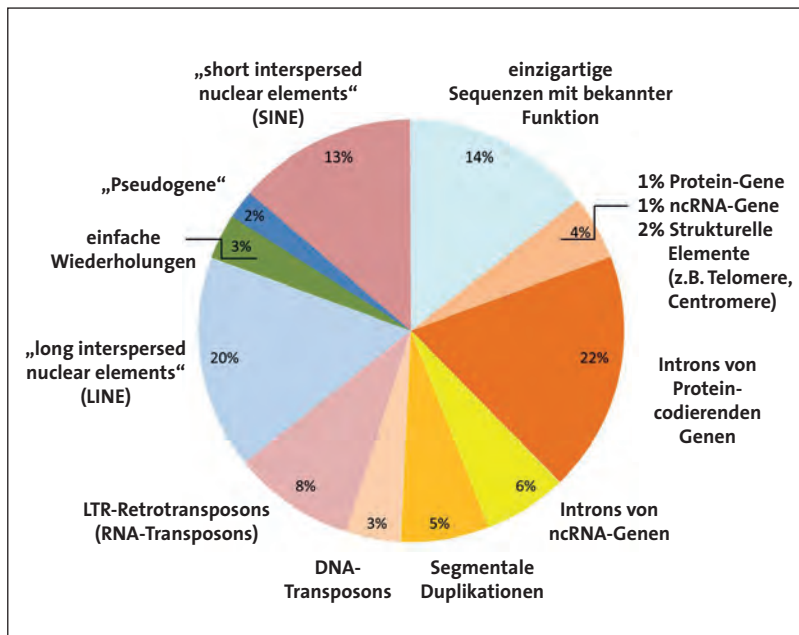


Abb. 1 Die verschiedenen funktionellen Teile des Genoms. Vor ENCODE wurden nur 4-5% des Genoms als biologisch-funktionelle Sequenzen angesehen. Bis zu 95% wurde als „junk DNA“ betrachtet. Nachdem die ersten beiden Phasen von ENCODE veröffentlicht wurden, wurde der funktionelle Anteil auf maximal 25% geschätzt (GRAUR 2017). Je tiefer Genomforscher in die DNA schauen, desto mehr Funktion entdecken sie. Die neueste Erkenntnis ist die Existenz von Regionen mit langen strukturellen DNA-Elementen, die für die Entstehung der räumlichen Konfiguration der Chromosomen verantwortlich sind. (vgl. S. XX in dieser Ausgabe).

ten bald der Vergangenheit angehören würden. Zehn Jahre danach hieß es in der Zeitschrift *Nature* kleinlaut: „Wir haben uns darin getäuscht, dass das Genom eine transparente Bauanleitung sein würde, aber das war es nicht“ (HAYDEN 2010). Es liegt eine gewisse Naivität in der Vorstellung, dass es ausreicht, eine sehr große Menge an Sequenzen zu analysieren, um zu verstehen, was in einer Zelle vor sich geht. Die DNA enthält lineare Information, die für dreidimensionale Proteine codiert, deren Funktion und Menge sich mit der Zeit ändern. Hinzu kommt, dass Gene nie alleine, sondern in kooperierenden Netzwerken funktionieren. Außerdem ist die Regulation der Genexpression* beim Menschen (und anderen eukaryotischen Zellen) völlig anders als bei Bakterien. Letztere ist mehr oder weniger entschlüsselt und basiert auf linearen Funktionseinheiten (Operons), genetischen Programmen, die kolinear auf dem einzelnen bakteriellen Chromosom zu finden sind, in denen Gene gleichzeitig oder nacheinander aktiviert werden. In Organismen mit mehr als einem Chromosom müssen genetische Plattformen (vergleichbar mit bakteriellen Operons) konstruiert werden, um die richtigen Gene, die sich oft auf verschiedenen Chromosomen befinden, für die Transkriptionsmaschinerie zugänglich zu machen. Nur im richtigen raumzeitlichen Zusammenhang können mehrere biologische Funktionen zeitgleich abgerufen werden. Es erfordert eine Menge Rechenleistung (Auslesen von Sequenzen), um die 1-dimensionale DNA-Information im richtigen Moment und in den richtigen Zellen in 4-dimensionale (d. h. in Raum und Zeit) biologische Funktionen umzuwandeln.

Das Genom lässt sich am besten mit einer codierten Anleitung vergleichen, deren Bedeutung uns größtenteils noch unbekannt ist. Die Frage

ist: Wie liest man eine Anleitung, ohne die Sprache zu verstehen, in der sie geschrieben ist? Zu der Zeit, als das menschliche Genom entschlüsselt wurde, war nur der Teil des Erbguts gut verstanden, der für Proteine codiert. Dieser Teil macht jedoch lediglich maximal 2 % des menschlichen Genoms aus (sog. „Protein-Code“). Man ging immer davon aus, dass diese 2 % und ungefähr weitere 3-5 %, die zur Expression des Protein-Codes benötigt werden („Schaltsequenzen“), das gesamte funktionale Genom darstellen. Die gängige Lehrmeinung war (und wird vereinzelt immer noch vertreten), dass etwa 90-95 % des Genoms ohne Funktion sind und daher als „Junk-DNA“ („Abfall-DNA“) betrachtet werden sollten, d. h. als funktionslose Überbleibsel des evolutionären Prozesses (siehe Kasten).

Abb. 1 zeigt die genetischen Elemente und Sequenzen, die im menschlichen Genom zu einem bestimmten Prozentsatz vorhanden sind. Proteincodierende Gene nehmen etwa 23 % des Genoms ein (1 % Exons*, 22 % Introns*). Gene für funktionelle nichtcodierende RNAs (ncRNA) nehmen weitere 7 % des Genoms ein (1 % Exons, 6 % Introns). Beim Abschreiben eines Gens (Transkription) werden jedoch nicht nur die Exons (der proteincodierende Teil des Gens) abgeschrieben, sondern auch die Introns. Wenn wir also ein Gen als eine DNA-Sequenz definieren, die transkribiert (in RNA umgeschrieben) wird, sind etwa 30 % des Genoms Gene. Das menschliche Genom enthält jedoch weit mehr als nur Gene. Etwa die Hälfte des Genoms besteht aus Transposons* und transposonähnlichen genetischen Elementen. Man unterscheidet DNA-Transposons (3%), RNA-Transposons (auch: endogene Retroviren, ERV; 8%), LINEs* (20%) und SINEs* (13%). Sie werden evolutionstheoretisch als Überbleibsel alter Einfügungen durch Viren interpretiert, insbesondere weil RNA-Transposons („endogene Retroviren“) einen ähnlichen Aufbau haben wie bestimmte RNA-Viren⁴. Obwohl sie alle mit dem bekannten vierbuchstabigen DNA-Alphabet (A, C, G und T) geschrieben sind, ist die biologische Bedeutung der meisten dieser DNA-Sequenzen immer noch ungeklärt. Sind sie funktionslos? Oder haben sie biologische, biochemische oder strukturelle Funktionen? Die Aktivität und Expression* von Genen zum richtigen Zeitpunkt und im richtigen Gewebe muss eng und präzise kontrolliert werden. Zu diesem Zweck gibt es eine Vielzahl an DNA-Elementen wie Promotoren*, transkriptionelle regulatorische Sequenzen und Regionen, die die dreidimensionale Anordnung des genetischen Materials kontrollieren, damit Genprogramme abgerufen oder geschlossen werden können. An dieser Stelle setzt das ENCODE-

Projekt an (Abb. 2). Das primäre Ziel des ENCODE-Projekts ist es, eine umfassende Karte der funktionellen Elemente des Humangenoms zu erstellen.

ENCODE wurde vom US National Human Genome Research Institute (NHGRI) im September 2003 ins Leben gerufen. Ähnlich wie bei HUGO steht auch hinter dem ENCODE-Projekt ein großes internationales Konsortium von mehreren hundert Genomforschern. Das Ziel von ENCODE stellt den nächsten logischen Schritt aufbauend auf HUGO dar: die Identifikation aller funktionellen Elemente im menschlichen Genom. Der Begriff selbst, ENCODE, ist eine Abkürzung und steht für „Encyclopedia of DNA Elements“ (Enzyklopädie der DNA-Elemente). Dieses Kürzel informiert bereits über das angestrebte Ziel: Alle funktionellen Elemente im menschlichen Genom sollten bestimmt (annotiert*) werden. Die Wissenschaftler wollten nicht nur alle Gene und die Schalter, die die Gene an- und ausschalten, lokalisieren, sondern auch herausfinden, wie viele RNA-Transkripte existieren und was sich sonst noch alles im Genom mit biochemischen oder genetischen Funktionen zeigt. Die an ENCODE beteiligten Wissenschaftler entwickelten neue Technologien der Genkartierung*, um biochemische Aktivitäten genetischer Regionen und damit Kandidaten für regulatorische Elemente ausfindig zu machen. Die Identifikation der funktionellen Elemente im menschlichen Genom durch ENCODE erfolgt in vier aufeinander folgenden Phasen. Im Juli 2020 wurde die dritte Phase abgeschlossen, deren wichtigste Ergebnisse in der Zeitschrift *Nature* veröffentlicht wurden.

Wie wird im Rahmen von ENCODE vorgegangen?

Phase 1 (2003–2007) war als eine Vorstudie gedacht, wobei man etwa ein Prozent des menschlichen Genoms untersuchte, um neu entwickelte Technologien zu bewerten. Die Hälfte von diesem einen Prozent befand sich in Genregionen von hoher funktioneller Relevanz, und die andere Hälfte wurde ausgewählt, um Erkenntnisse über die Nutzung des Genoms zu erhalten, insbesondere aus welchen Sequenzen Gene zusammengesetzt sind und wie sie transkribiert werden. Neue Technologien wurden eingesetzt, um festzustellen, wo Transkriptionsfaktoren* an diese DNA-Regionen binden. Außerdem wurden neue Methoden verwendet, um den Histoncode* zu identifizieren, der die Zugänglichkeit der DNA für Enzyme und andere regulatorische Makromoleküle durch Chromatinmodifikationen* reguliert (Abb. 3).

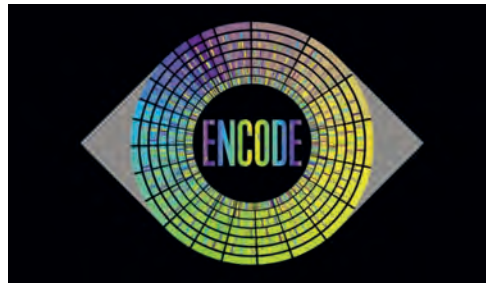


Abb. 2 ENCODE ist ein großes internationales Konsortium von mehreren hundert Genomforschern, das vom National Human Genome Research Institute (NHGRI) im September 2003 ins Leben gerufen wurde, um alle funktionellen Elemente im menschlichen Genom zu identifizieren.
(Quelle: <https://www.nature.com/collections/aghcdefffg/>)

Glossar

Annotieren: Die Annotation einer DNA-Sequenz beschreibt die genaue Lage von → Exons und → Introns sowie die repetitiven und funktionellen DNA-Elemente in diesen Sequenzen.

Chromatin: Material, aus dem Chromosomen bestehen, ein Komplex aus DNA und speziellen Proteinen (→ Histonen). Chromatin kann dicht oder locker sein, je nachdem, wie es chemisch modifiziert wird.

Enhancer: DNA-Sequenzen, die mit → Promotoren vergleichbar sind, aber im Gegensatz zu diesen nicht unmittelbar stromaufwärts der proteincodierenden Sequenz liegen, sondern in einem gewissen Abstand.

Epigenetisch (Epigenetik): bezieht sich auf Faktoren, die vorübergehend die Aktivität eines Gens und damit die Entwicklung der Zelle bestimmen.

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

Expression (Gene) / exprimieren: Ausprägen/Verwirklichen eines Gens im Erscheinungsbild (Phänotyp) eines Lebewesens.

Genom: Das vollständige → haploide Erbgut eines Organismus.

Haploid: Das Vorhandensein eines einfachen Chromosomensatzes.

Histon: DNA-bindendes Protein.

Histoncode: Spezifische → Histonmodifikationen, die die Übersetzung von genetischer Information kontrollieren.

Histonmodifikationen: Chemische Veränderungen der → Histon-Proteine, die die Zugänglichkeit des → Chromatins für → Transkriptionsfaktoren beeinflussen

Immunpräzipitation: Labortechnologie, um mit Hilfe von Antikörpern Moleküle (z. B. Chromatinbausteine) zu binden und isolieren.

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

kartieren: Feststellen, welche Bereiche in RNA transkribiert werden und wo sie sich im Genom befinden.

konserviert: In der Evolutionsbiologie werden DNA-Abschnitte, die bei vielen Organismen sehr ähnlich sind, als über lange Zeiträume unverändert und somit konserviert eingestuft.

LINEs: Kürzel für „long interspersed nuclear elements“. Komplexe genetische Elemente, die sich mit Hilfe ihrer selbst-codierten Gene (Reverse Transkriptase und Integrase) im Genom vermehren und umlagern können. Sie werden evolutionstheoretisch als die Überbleibsel von uralten Vireninvasionen betrachtet („Junk DNA“).

Methylierung: eine chemische Veränderung, bei der eine Methylgruppe durch Enzyme (DNA-Methyltransferasen) an die DNA übertragen wird.

Promotor: eine Nukleotid-Sequenz, die die regulierte → Expression eines Gens ermöglicht.

Protein-Gen: Gen, das für ein Protein codiert. Daneben gibt es RNA-Gene, die nur in RNA → transkribiert, aber nicht in Proteine → translatiert werden.

RNA: ein einzelsträngiges, mit der DNA chemisch verwandtes Molekül

SINEs: Kürzel für „short interspersed nuclear elements“. Kleine genetische Elemente, die sich mit Hilfe von → LINEs im Genom vermehren und umlagern können. Sie werden als die Überbleibsel von degenerierten LINEs betrachtet („Junk DNA“).

Transkription, transkribieren: Das Abschreiben von DNA in mRNA.

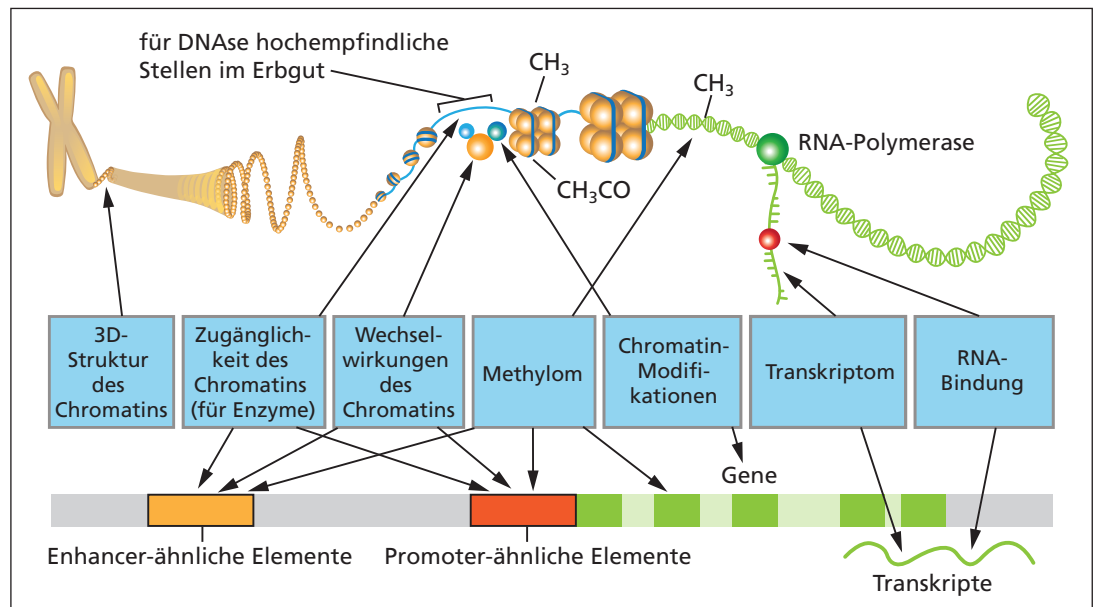
Transkriptionsfaktor: (Komplex von) Proteinen (und manchmal auch RNA), der das Abschreiben (Transkription) eines Gens initiiert, indem er an DNA bindet und einen Ansatzpunkt für die RNA-Polymerase bildet.

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

Translation, translatieren: Übersetzung von mRNA in ein Protein.

Transposon: genetisches Element (DNA-Sequenz), das sich im Genom umlagern kann.

Abb. 3 Aufbau des Genoms in schematischer Darstellung. Chromosomen bestehen aus eng gewickeltem Chromatin, das aus der DNA-Kette besteht, die um Histon-Proteine gewickelt ist. Um genetische Programme mehr oder weniger zugänglich zu machen, werden DNA und Histone methyliert (eine $-CH_3$ -Gruppe angeheftet), während Histone auch acetyliert werden können (Anheftung von $-CH_3CO$). ENCODE-Forscher untersuchen diese und andere Prozesse, die steuern, wie Gene an- und abgeschaltet werden (im Kasten unten erwähnt).



In Phase 1 wurde herausgefunden, dass 93% der ausgewählten Teile des Genoms in RNA-Moleküle abgeschrieben werden (und nicht nur 1–2%, wie aufgrund des Protein-Codes erwartet wurde). Dabei gibt es eine ausgeprägte Mehrfachverwendung: Jeder beliebige Buchstabe des Genoms wird im Durchschnitt in sechs verschiedenen RNA-Transkripten verwendet. Fast das ganze Genom ist somit permanent damit beschäftigt, etwas zu tun (BIRNEY et al. 2007). Da für die Transkription viel Energie und Koordination erforderlich ist, bedeutet dies, dass wahrscheinlich (fast) das gesamte Genom von der Zelle genutzt wird und es so etwas wie funktionslose „Junk-DNA“ gar nicht gibt. Die funktionelle Bedeutung dieser RNA-Transkripte, die man zusammen als *Epitranskriptom* bezeichnet, wurde in Phase 2 und 3 weiter analysiert.

ENCODE fand heraus, dass für mehr als 80% des Genoms „biochemische Funktionen zugewiesen werden konnten, insbesondere außerhalb der gut untersuchten proteincodierenden Regionen.“

In Phase 2 (2007–2012) wurden neue Technologien eingeführt wie die RNA-Sequenzierung (kurz: RNA-seq) und die Chromatin-Immunpräzipitation*-Sequenzierung (kurz: ChIP-seq). Diese Techniken ermöglichten es, das gesamte Transkriptom* von über hundert unterschiedlichen menschlichen Zellen vollständig zu kartieren* (Abb. 4). Zusätzliche Methoden ermöglichten es, die Bindungsregionen der Transkriptionsfaktoren und ihre Interaktion mit regulatorischen Proteinen im gesamten Genom zu bestimmen. Weitere Analysen zellulärer Kompartimente (Zellkern, Zytosol und subnu-

kleare Kompartimente) ermöglichten es, die genauen Stellen der Transkripte zu bestimmen.

Im Jahr 2012 wurde mitgeteilt, dass für mehr als 80% des Genoms „biochemische Funktionen zugewiesen werden konnten, insbesondere außerhalb der gut untersuchten proteincodierenden Regionen. Fast jede DNA-Sequenz im Genom führt also irgendeine Funktion aus. Viele der entdeckten Kandidaten für regulatorische Elemente sind physisch miteinander und mit exprimierten Genen assoziiert, was neue Einblicke in die Mechanismen der Genregulation ermöglicht“ (ENCODE Consortium 2012). DNA-Regionen, die nicht für Proteine codieren, werden jetzt als nicht übersetzte Regionen („untranslated regions“, UTR) bezeichnet, da sie zwar in RNA transkribiert, aber nicht in Proteine übersetzt werden. Im Rahmen des ENCODE-Projekts wurde festgestellt, dass die UTR, gemessen an der Anzahl der in RNA-Transkripten vorkommenden Basen, viel aktiver sind: DNA-Regionen, die für Proteine codieren, werden im Durchschnitt auf fünf verschiedene überlappende und verschachtelte Weisen transkribiert*, die UTR sogar auf sieben. Zudem wurde herausgefunden, dass nicht nur ein Strang des DNA-Moleküls, sondern beide Stränge der DNA fast vollständig transkribiert werden. Damit erweisen sich früher verwendete Begriffe wie „sense“- bzw. „antisense“-Strang als irreführend.

In Phase 3 (2012–2017) machten sich die Forscher die neuesten genetischen Technologien zunutze, um Daten aus biologischen Proben zu sammeln und die regulatorischen Regionen außerhalb der Gene, in denen die meisten Variationen des Genoms von Mensch zu Mensch liegen, eingehend zu untersuchen (ENCODE consortium 2020). Anhand ihrer Daten identifizierten die Wissenschaftler etwa vier Millionen regulatorische Sequenzen („Genschalter“) in Regionen des Genoms, von

denen man bisher annahm, dass sie ohne Funktion seien. Sie erweisen sich nun als entscheidend für die Kontrolle der Entwicklung und des Verhaltens von Zellen, Organen und Geweben. Darüber hinaus wurden 2.157.387 offene Chromatinregionen* gefunden und 750.392 Regionen mit modifizierten Histonen*. Diese Regionen fungieren im Sinne einer epigenetischen* Kontrolle. Bekannt als „Histoncode“ oder „epigenetischer Code“ regulieren diese Genregionen die Zugänglichkeit des Genoms, so dass Transkriptionsfaktoren in die DNA eindringen können, um die Transkription des Gens vorzubereiten. Zudem wurden 1.224.154 Regionen beschrieben, an welche Transkriptionsfaktoren und Chromatin-assoziierte Proteine binden, 845.000 RNA-Sequenzen, die von RNA bindenden Proteinen besetzt sind, und mehr als 130.000 Interaktionen mit langer Reichweite zwischen bestimmten Genregionen (Chromatin-Loci). Die meisten dieser DNA-Abschnitte beinhalten Abschnitte, an die Proteine und RNA-Moleküle binden. Diese regulatorischen Moleküle werden dann so angeordnet, dass sie durch kooperative Interaktion die Funktion und das Expressionsniveau der proteincodierenden Gene regulieren.

Überraschungen

ENCODE bestätigte HUGOs überraschenden Befund, dass es im menschlichen Genom nur etwa 20.000 Protein-Gene gibt. Darüber hinaus fanden die ENCODE-Forscher über 37.000 RNA-Gene, die nicht in Proteine übersetzt werden, sondern regulatorische Funktionen erfüllen. Zudem sind die Gene nicht klar voneinander abgegrenzt. Sie sind nicht wie „Perlen auf einer Schnur“ (linear) angeordnet, wie man das von Bakterien kennt. Vielmehr gibt es eine verschachtelte Struktur von (mehrfach) überlappenden DNA-Segmenten, wobei typischerweise fünf Segmente (sog. Exons*) für Protein-Gene verwendet werden. Gene, die nicht für Proteine codieren (RNA-Gene), können sogar aus mehr als sieben Transkripten hergestellt werden und von verschiedenen „Genen“ stammen. Exons sind also nicht gen-spezifisch, sondern Module, die zu vielen verschiedenen RNA-Transkripten zusammengefügt werden können. Ein Exon* kann in Kombination mit anderen Exons von bis zu 33 verschiedenen Genen verwendet werden, die sich auf bis zu 14 verschiedenen Chromosomen befinden. Das bedeutet, dass ein Exon ein Strukturelement darstellen kann, das von vielen verschiedenen Proteinen gemeinsam genutzt wird. Die Kombinationsmöglichkeiten und damit die Zahl der funktionellen Produkte ist schier unendlich!

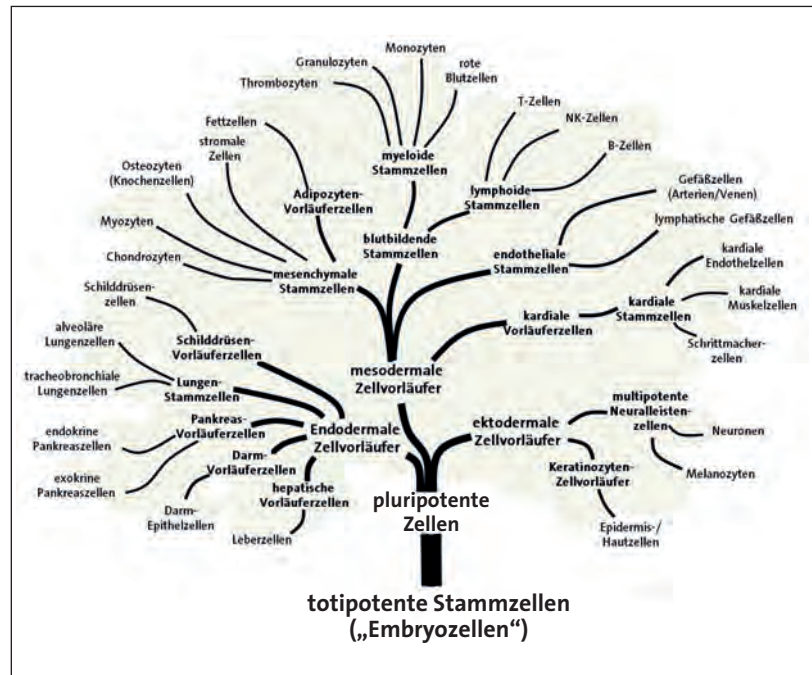


Abb. 4 Der Baum zeigt die Hauptwege im Prozess der zellulären Differenzierung (vereinfacht). Im Rahmen des ENCODE-Projekts wurden hunderte von unterschiedlich differenzierten Zellen des menschlichen Körpers untersucht und Millionen von funktionellen genetischen Elementen gefunden. Aus diesen Studien geht hervor, dass alle Zelltypen unterschiedliche genetische Programme verwenden. Wenn man sie zusammenzählt, ist das Genom zu über 80% funktional.

Eine zweite Überraschung war, dass Gene durch Sequenzen kontrolliert werden, die zehn- oder sogar hunderttausende von Basenpaaren von den DNA-Sequenzen, die sie kontrollieren, entfernt sein können. Die meisten davon wurden bisher immer als Überbleibsel alter Virusintegrationen⁵ interpretiert, d. h. als „Junk-DNA“. Die Resultate von ENCODE belegen, dass es sich dabei um funktionelle genetische Schalter handelt. Es gibt also nicht eine einzige START-Stelle oder einen einzigen Promotor* unmittelbar vor dem ersten Exon des Gens wie bei bakteriellen Genen, sondern viele, und sie befinden sich in verschiedenen Genregionen. Im menschlichen Genom werden sie als „Enhancer“ bezeichnet, d. h. als Transkriptionsinitiatoren, die mit Promotoren vergleichbar sind, aber nicht unmittelbar vor der proteincodierenden Sequenz liegen. Die Genome von eukaryotischen Zellen unterscheiden sich also stark von

Gene werden durch Sequenzen kontrolliert, die zehn- oder sogar hunderttausende von Basenpaaren von den DNA-Sequenzen, die sie kontrollieren, entfernt sein können.

denen von Bakterien. Die Schlussfolgerung, dass wir es mit zwei unterschiedlichen und separaten Designs zu tun haben, ist also nicht weit hergeholt. Im menschlichen Genom kann jedes Gen von 60–70 Schaltsequenzen angesteuert werden, welche auch auf mehrere Chromosomen verteilt sein können. Ein Gen muss daher als eine oder mehrere codierende Inseln in einem Ozean von regulatorischen Elementen verstanden werden. Das ist ein völlig neues und unerwartetes Gesamtbild unseres Genoms!

Häufung im Genom von schwach-schädlichen Mutationen: Warum sind wir nicht schon längst ausgestorben?

Wissenschaftler des ENCODE-Konsortiums berichteten im Juli 2020, dass das menschliche Genom etwa vier Millionen Schalter enthält, die die Entwicklung und das Verhalten von Zellen, Organen und Geweben steuern. Sie beschreiben unter anderem 2.157.387 offene Chromatinregionen* und 750.392 Regionen mit für die DNA-Zugänglichkeit wichtigen Histon*-Modifikationen. Die bedeutendsten sind die Mono-, Di- oder Tri-Methylierung von Histon H3 an Lysin-4 (H3K4me1, H3K4me2 oder H3K4me3) und die Acetylierung von Histon-3 an Lysin-27 (H3K27ac). Diese Regionen fungieren als sogenannte epigenetische Schalter, die den Zugang zu Informationen im Genom überwachen. Sie bestimmen also, ob die DNA in RNA umgeschrieben werden kann oder nicht (Transkription). Darüber hinaus werden 1.224.154 DNA-Sequenzen und 845.000 RNA-Sequenzen von zusätzlichen regulatorischen Proteinen besetzt. Zudem wurden mehr als 130.000 DNA-Regionen gefunden, die direkte Langstreckenkontakte mit anderen Chromosomen unterhalten, damit sich die Chromosomen im Kernraum richtig positionieren können. Diese Ergebnisse bestätigen frühere Berichte von ENCODE, dass mehr als 80 Prozent des Genoms irgendeine Art von biochemischer oder interaktiver Funktion haben. Darwinistisch gesonnene Wissenschaftler bezweifeln seit 2012 diese Erkenntnisse. Sie sind nicht damit einverstanden, dass die ENCODE-Forscher den Begriff „Funktionalität“ recht weit definieren, nämlich als jede Art von biochemischer Funktion (einschließlich Histon- und DNA-Modifikationen und DNA-DNA- und DNA-RNA-Interaktionen). Sie wissen, dass für ein Genom, das zu 80% funktional ist, die Anzahl der Mutationen (spontane, zufällige Veränderungen der DNA), die pro Generation auftreten, viel zu hoch ist. Denn Mutationen zerstören normalerweise funktionelle Elemente. Wenn mindestens 80% des Genoms

funktionell sind, wären die Funktionsverluste durch Mutationen einfach zu groß. Für die Evolution werden große funktionslose Bereiche benötigt, in denen Mutationen keine negativen Folgen bewirken. Die Ergebnisse von ENCODE sprechen gegen eine nennenswerte Existenz solcher Pufferbereiche.

Die Anzahl der zufälligen Mutationen, die pro Generation auftreten, wird auf 100-1000 geschätzt (SANFORD 2006). Ein Kind hat also entsprechend wesentlich mehr zufällige Mutationen in seiner DNA als seine Eltern.

Der Evolutionsbiologe H. J. MÜLLER berechnete, dass eine zufällige Mutation pro Person bereits zu viel ist und das Genom zerfallen lässt, selbst wenn extreme Selektion solche Mutationen aus der Population entfernt (MÜLLER 1950). Das liegt daran, dass die Menschen nicht genügend Nachkommen hinterlassen, um dem degenerativen Prozess der Mutationen entgegenzuwirken („wegzuselektieren“). Ein anderer Evolutionsbiologe, A. S. KONDRASHOV, ist der gleichen Meinung wie MÜLLER. Er schrieb einen wissenschaftlichen Artikel mit dem bezeichnenden Titel: „Häufung im Genom von schwach-schädlichen Mutationen: Warum sind wir nicht schon 100 mal ausgestorben?“ (KONDRASHOV 1995). Auch er erkannte, dass die Anzahl der Mutationen pro Person viel zu hoch für einen aufsteigenden Evolutionsprozess ist. Er bezeichnete alle Mutationen zusammen als „Zeitbombe“; Wirbeltiere seien endgültig zum Aussterben verurteilt. Dass das Problem seitdem nicht verschwunden ist, sondern sich durch ENCODE eher verschärft hat, zeigt sein aktuelles Buch „Crumbling Genomes“ (KONDRASHOV 2017), was übersetzt so viel heißt wie „Zerbröselnde Genome“.

Die Information im Genom kann sich durch zufällige Mutationen dann nur noch verringern, weil auch die Auswirkungen vieler schwach schädlicher Mutationen mit der Zeit ihren negativen Einfluss geltend machen wer-

den. Dies ist den oben erwähnten Evolutionsbiologen bekannt. Aus ihren evolutionstheoretischen Überlegungen heraus kann nur ein sehr kleiner Teil des Genoms funktional sein. Wenn nämlich fast alle Mutationen mehr oder weniger schädlich sind, könnten Genome nicht dauerhaft stabil bleiben und die Mutationen würden unweigerlich zu einer „genetischen Kernschmelze“ führen. Evolutions-theoretiker brauchen also nicht-funktionalen „Schrott-DNA“, auf dem sich diese Mutationen ansammeln können, ohne Schaden anzurichten. Je weniger „Junk-DNA“ im Genom vorhanden ist, desto unwahrscheinlicher ist die Evolution. Eine mehrere Millionen Jahre lange Menschheitsgeschichte, wie sie gemäß Darwin'scher Theorie als Tatsache dargestellt wird, erscheint vor dem Hintergrund dieser Befunde durchaus fraglich.

Wenn es sich weiter bestätigt, dass praktisch das gesamte Genom funktional ist, wie die Ergebnisse des ENCODE-Projekts andeuten, haben praktisch alle Mutationen in der DNA eine negative Auswirkung. Es fehlen dann sozusagen die „Pufferzonen“ der Evolution. Diese Befunde widersprechen deutlich der in der Darwin'schen Lehre postulierten Höherentwicklung der Organismen und entziehen damit der Evolutionslehre im Wesentlichen ihre Erklärungskraft für die Entstehung der Artenvielfalt. Evolutionsbiologen sind daher gezwungen, die Ergebnisse von ENCODE in Frage zu stellen. Der Evolutionsbiologe DAN GRAUR hat deshalb vorgeschlagen, dass nicht mehr als 25 Prozent des Genoms funktional sein sollten (GRAUR 2017). Doch selbst bei 75% Junk-DNA kann das Genom lediglich zerfallen, nur geht es dann etwas langsamer. Sein Kommentar „Wenn ENCODE richtig liegt, dann ist die Evolution falsch“ ist bezeichnend für das Problem, das Befürworter der Darwin'schen Evolutionslehre mit einem fast vollständig funktionalen Genom haben.

Bedeutung der Ergebnisse von ENCODE

Die Veröffentlichungen von ENCODE haben zu einem stark veränderten Blick auf das menschliche Genom geführt. Es wurde belegt, dass fast das ganze Genom in RNA übersetzt wird, und mindestens 80% davon funktional sind – im Gegensatz zur lange geglaubten Annahme, das menschliche Erbgut sei voller „Junk-DNA“. Das Genom ist ein Datenspeicher und -prozessor und einem Computer sehr ähnlich: Der Code für Protein- und RNA-Gene entspricht dem *read-only-memory* (ROM) des Computers, d. h. Anweisungen, um die Startbefehle für einen Computer zu speichern. Der epigenetische Code (Gen-Regulation) ist wie das *ran-*

dom-access-memory (RAM), ein kurzfristiger Datenspeicher für Informationen, die der Computer aktiv nutzt, so dass schnell auf sie zugegriffen werden kann.

Eine wichtige Frage ist nun: Kann das Genom ein Produkt der natürlichen Selektion bzw. Darwin'schen Evolution sein? Denn Computer sind offensichtlich konzipierte und konstruierte Systeme und es liegt nahe, dass Zellen aufgrund ähnlicher Konstruktionsmerkmale auch geschaffen sind.

Das Autorenkollektiv von ENCODE berichtete, dass 95% der funktionellen Transkripte* (d. h. translatierte* und UTR-Transkripte mit mindestens einer bekannten Funktion) keine Anzeichen von Selektionsdruck zeigen, denn sie sind nicht merklich konserviert* (also nicht

stabil) und mutieren mit einer durchschnittlichen Häufigkeit (ENCODE project consortium 2012). Das ist ein Anzeichen für neutrale Evolution: Ansammlung ungerichteter Mutationen ohne Selektion. Dies ist wirklich merkwürdig. Wenn der Mensch sich durch Mutation und natürliche Selektion aus affenähnlichen Vorfahren entwickelt haben soll, wie kann es dann sein, dass fast alle funktionellen Informationen im menschlichen Genom keinerlei Anzeichen von natürlicher Selektion aufweisen? Dies kann nur bedeuten, dass die natürliche Auslese keinen wesentlichen Beitrag zu unserer Entwicklung geleistet hat. Die Darwin'sche Evolution spielte demnach keine bedeutende Rolle bei der Entstehung des Menschen.

Darwinisten argumentieren dagegen, dass das Nichtvorliegen einer natürlichen Selektion beweist, dass diese Sequenzen funktionslos sind und damit die Junk-DNA-Hypothese bestätigen. Tatsächlich werden alle neuen von ENCODE gemachten Erkenntnisse von Befürwortern des evolutionären Paradigmas angezweifelt, da sie die Gültigkeit ihres Paradigmas gründlich in Frage stellen (Abb. 5). In einem Vortrag an der Universität von Houston argumentierte der Evolutionsbiologe Dan GRAUR: „Wenn das menschliche Genom tatsächlich fast frei von Junk-DNA ist, wie das ENCODE-Projekt andeutet, dann kann ein langer, ungerichteter

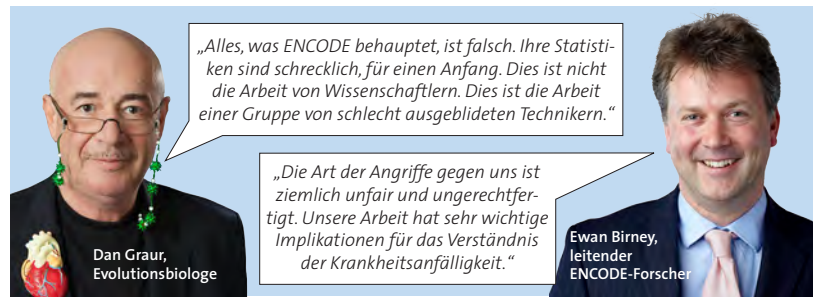
Die von ENCODE gemachten Erkenntnisse werden von Befürwortern des evolutionären Paradigmas angezweifelt, da sie die Gültigkeit ihres Paradigmas gründlich in Frage stellen.

Evolutionsprozess das menschliche Genom nicht erklären.“ Und weiter sagte GRAUR im Sinne einer Schlussfolgerung: „Wenn ENCODE richtig liegt, dann ist die Evolution falsch.“ Nun, nach Abschluss der 3. Phase des ENCODE-Projekts, verstärkt sich die Erkenntnis: Gemäß den Befunden bezüglich des menschlichen Genoms ist die Darwin'sche Evolutionslehre falsch.

Anmerkungen

¹ Manchmal besteht das Genom aus RNA (nur bei RNA-Viren).

² Heutzutage wäre es besser, die Definition des Genoms zu ändern, da die Sequenzierung der ersten diploiden Genome ergab, dass sich die beiden elterlichen Genome um 1-3 % im genetischen Inhalt unterscheiden können. Zwischen menschlichen Populationen wurden sogar bis zu 12 % Unterschied beobachtet.



- ³ Nach der neuesten Version des menschlichen GENCODE (<https://www.genecodegenes.org/>) beträgt die Anzahl der Gene, die für Proteine codieren, 19.901.
- ⁴ Die Ansicht, dass LINEs (wie endogene Retroviren) ihren Ursprung in Viren haben, ist unhaltbar, weil es keine RNA-Viren gibt, die LINEs ähneln. LINEs haben einen einzigartigen genetischen Aufbau, und der einzige Grund, sie als Überbleibsel von RNA-Viren anzusehen, ist, dass sie ein Reverse-Transkriptase-Gen besitzen.
- ⁵ Wahrscheinlich ist es umgekehrt: RNA-Viren könnten ihren Ursprung in diesen genetischen Schaltern haben.

Quellen

- EVERY OT, MACLEOD CM & MCCARTY M (1944) Studies of the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types. Induction of transformation by a deoxyribonucleic acid fraction isolated from pneumococcus type III. J. Exp. Med. 79, 137–158.
- BIRNEY E et al. (2007) Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project. Nature 447, 799–816.
- JACOB F & MONOD J (1961) Genetic regulatory mechanisms in the synthesis of proteins. J. Mol. Biol. 3, 318–356.
- ENCODE Project Consortium (2012) An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. Nature 489, 557–574.
- ENCODE Project Consortium (2020) Perspectives on ENCODE. Nature 583, 693–698.
- GRAUR D (2017) An Upper Limit on the Functional Fraction of the Human Genome. Genome Biol. Evol. 9, 1880–1885.
- HAYDEN EC (2010) Human genome at ten: Life is complicated. Nature 464, 664–667.
- KONDRASHOV AS (1995) Contamination of the genome by very slightly deleterious mutations: why have we not died 100 times over? J. Theor. Biol. 175, 583–594.
- KONDRASHOV AS (2017) Crumbling Genomes. John Wiley & Sons Inc.
- MULLER HJ (1950) Our load of Mutations. Am. J. Human Gen. 2, 111–176.
- Nature Definitions (2021) www.nature.com/scitable/definition/human-genome-project-hgp-112 (abgerufen Februar 2021)
- SANFORD J (2005) Genetic Entropy. The mystery of the genome. Feed My Sheep Foundation.
- SCHRÖDINGER E (1944) What is Life? Mind and Matter. Cambridge University Press.
- WINKLER HL (1920) Verbreitung und Ursache der Parthenogenesis im Pflanzen- und Tierreiche. Jena: Verlag Fischer, S. 165.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Peter Borger, Rosenbergweg 29, 72270 Bayersbronn
E-Mail: peter.borger@wort-und-wissen.de

Abb. 5 Die Ergebnisse von ENCODE, einer Gruppe von Genomforschern unter der Leitung von Ewan BIRNEY, werden von Dan GRAUR, einem Evolutionsbiologen und bekennenden Atheisten, heftig kritisiert. (<https://www.theguardian.com/science/2013/feb/24/scientists-attacked-over-junk-dna-claim>). Fotos: D. Graur: University of Houston, E. Birney: CC BY-SA 4.0)

„Eisenplattenkäfer“ – hart wie ein Panzer

Ein im Westen der USA lebender Käfer hat innerhalb kürzester Zeit Berühmtheit erlangt, weil er mechanischen Beanspruchungen gegenüber außerordentlich robust ist. So können Vögel als potenzielle Fressfeinde den Käfer mit ihrem Schnabel nicht knacken und ihn höchstens am Stück verschlucken. Ein Forscherteam hat die mikroskopischen Grundlagen dieser auffälligen Eigenschaften untersucht und dabei auch Impulse für die Verbesserung technischer Konstruktionen gefunden.

Harald Binder

Abb. 1 „Teuflischer Eisenplattenkäfer“ (*Nomoderma diabolicus*) auf Entdeckungstour. Schon seine äußere Erscheinung – die Außenschicht enthält keine Mineralien – spiegelt etwas von seiner außerordentlichen Robustheit wider. (© Kisa-Ilus Biomimetics and Nanostructured Materials Lab, University of California at Irvine)

Ein erstaunlich robuster Käfer, der bis vor Kurzem selbst unter europäischen Käferkennern nur wenigen bekannt gewesen sein dürfte, hat in wenigen Tagen aufgrund spektakulärer Berichte in den Medien große Aufmerksamkeit gefunden und entsprechende Bekanntheit erlangt. Der Käfer mit dem Namen *Nomoderma diabolicus*¹ lebt in trockenen, wüstenartigen Lebensräumen im Westen der USA und wird dort „diabolical ironclad beetle“ genannt, was man mit „teuflischer Eisenplattenkäfer“ wiedergeben könnte. Die Autoren der hier zitierten Forschungsarbeit verwendeten in Interviews auch Begriffe wie „kleiner Panzer“ („little tank“). Seine Härte, die

Der Eisenplattenkäfer überlebt es, wenn er von einem Auto überrollt wird.

ihn auch erstaunlich hohe mechanische Kräfte unbeschadet überleben lässt und potenzielle Fressfeinde wie Eidechsen und Vögel vor entsprechende Herausforderungen stellt, hat zu dieser Bezeichnung inspiriert. Um einen solchen Käfer für eine Sammlung zu präparieren, muss er durchbohrt werden, um ihn „nadeln“ zu können, denn beim Versuch, die Stahlnadel

wie üblich durch die Deckflügel zu stechen, verbiegen sich diese. Beim Laufen erhebt der ca. 2 cm lange, flach gebaute Käfer seinen Körper nur wenig über den Boden. Wenn er von einem Auto überrollt wird, stellt er sich zwar tot, überlebt aber diese ungeheure Belastung.

Mikroskopische Strukturen als Ursachen für die Robustheit

Nun hat ein internationales Forschungsteam den Käfer einer genaueren Analyse unterzogen, um dem Geheimnis seiner erstaunlichen Belastbarkeit auf die Spur zu kommen (RIVERA et al. 2020). Käfer sind mit über 350.000 beschriebenen Arten die größte Ordnung in der Klasse der Insekten. Man findet bei diesen Tieren viele spezielle Besonderheiten für ein Leben in verschiedensten Lebensräumen, sei es an Land, im Wasser oder in der Luft. Ein auffälliges und wesentliches Unterscheidungsmerkmal zwischen Käfern und anderen Insekten liegt im Aufbau der Flügel. Das erste Flügelpaar (Deckflügel; Elytron (gr.): Hülle, Futteral, Behälter) ist bei Käfern typischerweise sklerotisiert (skleros (gr.): trocken, hart, rau). Bei flugfähigen Käfern bede-

cken sie das zweite Flügelpaar, das teilweise kunstvoll gefaltet darunter verborgen liegt. *N. diabolicus* ist flugunfähig, bei ihm sind die Elytren miteinander verwachsen und weisen im Vergleich zu flugfähigen Käfern eine deutlich höhere Dichte auf: 0,97 g/cm³ (zum Vergleich: *Trypoxylus dichotomus*, eine flugfähige asiatische Nashornkäferart: 0,51 gcm⁻³). Eine chemische Analyse der Elytren ergab 32,6 Gew.% Chitin, 52,2 Gew.% Protein und 15,1 Gew.% Lipide; für die Elytren von *T. dichotomus* fanden die Autoren dagegen 42,0 Gew.% Chitin, 43,4 Gew.% Protein und 15,0 Gew.% Lipide (RIVERA et al. 2020, Suppl. Inf.). Die Autoren vermuten, dass der relativ hohe Proteinanteil in den Elytren von *N. diabolicus* u. a. am Aufbau der Matrix zwischen den Chitinfasern und damit wesentlich am Aufbau der Mikrostruktur beteiligt ist und somit einen bedeutenden Faktor bei der Energieabsorption darstellt. Die Proteine der Deckflügel vom Teuflichen Eisenplattenkäfer sind auch in einem höheren Maße quervernetzt im Vergleich zu denen des asiatischen Nashornkäfers.²

Für Überraschungsmomente sorgten aber mikroskopische Strukturen an der Naht zwischen den beiden Elytren und den Verbindungsstellen zwischen Elytrum und der bauchseitigen Kutikula. Im Verlauf von Brust und Hinterleib verändert sich die Struktur der Verbindung zwischen verwachsenen Deckflügeln und dem von der Bauchseite her kommenden Teil des Außenskeletts. Im Brustbereich, in dem die Organe eng an der Außenhaut anliegen und der nur wenig mit Hämolymphe gefüllte innere Zwischenräume aufweist, greifen Deckflügel und Kutikula fingerartig ineinander und verteilen den Druck sehr gleichmäßig. Im weiteren Verlauf verändert sich die Verbindung zu einer stufenartigen Struktur, die die Autoren als arretiert („launching“) bezeichnen. Diese Struktur erlaubt bei hoher Belastung eine Überschiebung. In Bereichen, die eine gewisse Flexibilität erlauben, sind die Verbindungsstellen also so ausgelegt, dass Elytrum und Kutikula bei Belastung übereinander gleiten können. So wird insgesamt über den Kontakt zwischen Deckflügel und bauchseitigem Exoskelett die Belastung optimal abgeleitet und verteilt.

Die Naht zwischen den beiden Elytren auf dem Rücken des Käfers zeigt bei computertomographischen (CT) Aufnahmen im Querschnitt eine Struktur, die mit Verbindungen von Puzzleteilen zu vergleichen ist; dort passt eine pilzartige Ausstülpung exakt in eine entsprechende Aussparung des benachbarten Teils. Bei flugfähigen Käfern greifen die Elytren an der Naht fingerartig ineinander und können vor dem Start voneinander gelöst werden. Im Vergleich zu anderen robusten und flugunfähigen Käfern erweist sich die Naht bei *N. diabolicus*

hinsichtlich der Robustheit als optimiert. RIVERA et al. haben die Nahtstruktur auch in Modellrechnungen³ geprüft und darin gezeigt, dass die Festigkeit der Naht zwar mit der Anzahl der pilzartigen Verknüpfungen steigt, aber dabei die Kraftverteilung und die Flexibilität schlechter werden. Die Verbindung nach Art von Puzzleteilen entlang der Naht der Elytren ist nach diesen Modellrechnungen für *N. diabolicus* optimal.

Über den Kontakt zwischen Deckflügel und bauchseitigem Exoskelett wird die Belastung optimal abgeleitet und verteilt.

Darüber hinaus ist das Gewebe im Bereich der Naht laminar, also geschichtet aufgebaut. Dieser Aufbau bewirkt, dass die Verbindung bei extremer Belastung zerstörungsfrei eine Trennung der Elytren ermöglicht, ohne dass die Struktur beschädigt wird. Dabei lösen sich die einzelnen Gewebeschichten voneinander und ermöglichen so ein zerstörungsfreies Ausklicken.

RIVERA et al. beschließen ihre Publikation mit einer bionischen Anwendung beim Turbinenbau. Sie haben in einem Modell die Turbinenschaufeln an der Achse mit einer Verbindung befestigt, die der Naht der Elytren von *N. diabolicus* nachempfunden ist.

Bei der Lektüre der populären Beiträge zu diesem Käfer in den Medien fällt auf: Mit einer gedankenlosen Penetranz wird in diesem wie auch in vergleichbaren Fällen behauptet, dass die Natur 4,6 Milliarden Jahre Zeit hatte, die erstaunlichsten Kreaturen hervorzubringen (MENNE 2020). Das entspricht zwar der gängigen Meinung vieler Fachleute, hat aber erstens mit dem eigentlichen Thema und dem Phänomen nichts zu tun und ist zweitens keine naturwissenschaftlich nachweisbare Tatsache, kein Faktum! Zeit an sich stellt keinen Mechanismus zu Optimierungsprozessen oder gar für Neukonstruktionen dar. Solange aber Fachkollegen in unreflektierter Gewohnheit die Einleitungen ihrer Veröffentlichungen mit Sätzen wie „Seit Millionen von Jahren haben Selektionsdruck der Umwelt und Jäger-Beutebeziehungen dazu geführt, ...“⁴ beginnen, kann man von Journalisten wohl keine sachlich angemesseneren Formulierungen erwarten. Schade eigentlich!

Anmerkungen

¹ In der Fachliteratur – auch in dem zitierten *Nature*-Artikel – wird er *Phloeodes diabolicus* genannt; dieser Artname ist aufgrund von Revisionen inzwischen jedoch überholt.

² Die Proteine sind für die Analyse schwieriger zu extrahieren.

³ Finite-Elemente-Methoden

⁴ „For millions of years, environmental pressures and predator-prey relationships have driven arthropods to develop structures that are both mechanically robust and multifunctional“ (erster Satz im Text von RIVERA et al. [2020]).

Literatur

MENNE K (2020) Der Unkaputtbare. DIE ZEIT 44, 22. 10. 2020; hier nur als ein Beispiel von vielen.

RIVERA J, HOSSEINI MS, RESTREPO D, MUTARA S, VASILE D, PARKINSON DY, BARNARD HS, ARAKAKI A, ZAVATTIERI P & KISAILUS D (2020) Toughening mechanisms of the elytra of the diabolical ironclad beetle. *Nature* 586, 543–548.

RIVERA J, HOSSEINI MS, RESTREPO D, MUTARA S, VASILE D, PARKINSON DY, BARNARD HS, ARAKAKI A, ZAVATTIERI P & KISAILUS D (2020) Toughening mechanisms of the elytra of the diabolical ironclad beetle. Supplementary Information and Extended Data, <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2813-8>

Drumherum oder mitten durch? Entscheidungsfindung im Ameisen-Straßenbau

Soll die Autobahn in grader Linie mitten durch den Wald gebaut werden, oder ist der Umweg ohne Baumfällarbeiten weniger aufwändig? Bei uns Menschen spielen heutzutage bei solchen Fragen Umweltschutzgründe und zu erwartende Proteste eine große Rolle bei der Entscheidungsfindung, während man bei sozialen Insekten wie den Ameisen doch eher schnöde Parameter wie Energieaufwand und Kosten/Nutzen als bestimmende Faktoren vermutet.

Hans-Bertram Braun

Ameisenstraßen hat wohl jeder schon gesehen. Wir verstehen darunter oft die schwarzen Linien auf dem Küchenboden, die aus vielen kleinen wuseligen Tierchen auf der Suche nach Zucker gebildet werden, die alle der Pheromonspur folgen, die vorher von fündig gewordenen Scouts gelegt worden ist. Ameisen machen aber auch Wege in der Wildnis frei, um schneller und ungehindert entweder zwischen verschiedenen Kolonien einer Art verkehren zu können, oder Nahrung von einer ergiebigen Quelle heim zum Nest zu transportieren. Dabei räumen die kleinen Insekten die Wege gezielt frei. Andere tierische „Straßen“ dagegen, wie sie von weit größeren Arten gebildet werden, wie etwa bei Wildwechsel von Rehen oder Urwaldpfade von Elefanten, werden einfach nur passiv durch das häufige Benutzen durchgetrampelt. Räuberisch lebende Ameisen bilden sogar lebende Brücken, um Hindernisse für Artgenossen zu überwinden, die dann bei Bedarf dynamisch an wechselnde Ansprüche angepasst werden (REID et al. 2015). Auch lebende Flöße sind von Ameisen bekannt. Ameisen sind einfach faszinierend!

Der Hindernisparcours

Deutsche Forscher haben in Zusammenarbeit mit australischen Kollegen untersucht, wie

Ameisen Down Under beim Straßenbau vorgehen (OBERHAUSER et al. 2019). Sie untersuchten, wie die in Australien weit verbreitete Art der Fleisch-Ameise (*Iridomyrmex purpureus*, Abb. 1) reagiert, wenn sie die Wahl zwischen zwei Wegen zur Futterquelle hat: einem direkten, der allerdings durch Hindernisse verstellt ist, und einem Umweg, der keine weiteren Hindernisse bereithält, aber verschieden umständlich gestaltet ist. Sie führten ihre Untersuchungen in der freien Wildbahn durch, indem sie 17 verschiedene Ameisenkolonien zeitversetzt vor zwei verschiedene Aufgaben stellten. Ein Versuchsaufbau, der immer aus vier verbundenen Teilen bestand, wurde vor einem Ausgang der Ameisenkolonie platziert: Ein Zuckerwasserbehälter als Nahrungsquelle, der hinter einer standardisierten Hindernis-Fläche lag, die mit 300 in Reih und Glied aufgestellten „Grashalmen“ aus Papier gespickt war (15 Reihen à 20 Halmen), die links und rechts von je einem Block von 10 cm Höhe (um Überklettern zu verhindern) eingerahmt waren (Abb. 2). Die beiden Umwege-Blöcke waren entweder nur 10 cm breit (kleiner Umweg) oder 80 cm breit (großer Umweg). Etwa die Hälfte der Kolonien wurde zuerst mit dem großen und dann in mindestens 5 Tagen Abstand mit dem kleinen Umweg-Aufbau konfrontiert. Bei der anderen Hälfte verfahren die Wissenschaftler umgekehrt, zuerst mit dem kleinen Umweg-Aufbau, dann dem

großen. Als Messwerte wurden die Anzahl und Lage gefällter Grashalme nach 24 und nach 48 Stunden ausgewertet (Abb. 3) und der Anteil an Ameisen, die das Hindernis direkt durchqueren, bzw. den Umweg wählten. Auch die zurückgelegten Wege einzelner Ameisen durchs Hindernis wurden mit Kameras aufgezeichnet und per Software ausgewertet.

Wie bewertet man Verhalten: Zählt die Statistik oder der Einzelfall?

Die populärwissenschaftliche Zusammenfassung liest sich nun wie erwartet, man ist ja schon an erstaunliche Fähigkeiten bei Ameisen gewöhnt: Beim kleineren Umweg wählen mehr Kolonien vor allem den Umweg anstatt mühsam eine Schneise durch den „Grashalm-Wald“ zu schlagen; bei einem großen Umweg machen sich mehr Kolonien daran, Halme zu fällen, um den Weg selbst abzukürzen. Die Ameisenkolonien entscheiden also schwarmintelligent nach einem Abwägen von Kosten/Nutzen-Aspekten, was wirklich sehr beeindruckend ist. Sieht man sich die Originalarbeit allerdings im Detail an, dann zeigt sich, was für eine mühsame und komplizierte Disziplin die Verhaltensbiologie doch ist: Mit statistischer Signifikanz ($p < 0.05$) treffen die Schlussfolgerungen tatsächlich zu, im Mittel verhalten sich die Kolonien abhängig vom Versuchsaufbau unterschiedlich, aber es gibt eine breite Überlappung der Verhaltensweisen: Auch bei großem Umweg gibt es Kolonien, die nach 24 und auch 48 Stunden noch kaum oder gar keine Halme gefällt haben, während im Gegensatz dazu Kolonien auch bei der verführerischen Alternative des kurzen Umwegs trotzdem nach 48 Stunden praktisch „tabula rasa“ im Hindernispark gemacht haben. Wenn man den Anteil der Ameisen betrachtet, die den „Wald“ durchqueren, ist die Überlappung zwischen kleinem und großem Umweg geringer, aber auch hier gibt es noch Kolonien, in denen viele Ameisen auch bei kurzem Umweg den Hindernisweg wählen. Interessant war auch, dass

Warum entscheiden die Kolonien im Mittel eher so, wie wir Menschen es ausgehend von sinnvollen Überlegungen erwarten würden?

tendenziell Kolonien, die zuerst mit dem kurzen Umweg konfrontiert worden waren, beim Erscheinen des langen Umwegs eher den langwierigen Umweg bevorzugten, der beim ersten Experiment kürzer und deshalb sinnvoller gewesen war. Andersherum, wenn zuerst der lange



Abb. 1 Die Fleisch-Ameise (*Iridomyrmex purpureus*). (patrickkavanagh, CC BY 2.0)

Umweg als Aufgabe gestellt war, tendierten die Kolonien auch beim nachfolgenden kurzen Umweg dazu, sich den Weg durchs Hindernis freizuräumen. Mindestens 5 Tage währte das Ameisengedächtnis also schon. Statistisch gesehen.

Eigentlich macht die Betrachtung der überlappenden Einzelmesspunkte, die ja immer das Verhalten einer Kolonie von Zehntausenden von Ameisen repräsentieren, den Befund noch viel spannender, denn wie „entscheidet“ eine einzelne Kolonie, was ihre Mitglieder vorwiegend tun? Entscheidet sie überhaupt oder entscheiden einzelne Individuen und ziehen andere nach? Und warum entscheidet die eine Kolonie so, die andere so? Und warum entscheiden die Kolonien im Mittel eher so, wie wir Menschen es ausgehend von sinnvollen Überlegungen erwarten würden, aber sicher nicht zufallsbasiert? Ab welcher zusätzlichen Länge des großen Umwegs würde man noch einen statistischen Unterschied im Verhalten messen können?

Abb. 2 Schematischer Aufbau des Hindernisparcours. Der direkte Weg zur Nahrungsquelle ist durch ein Hindernis bestehend aus 15 Reihen zu je 20 Papier-„Grashalmen“ verstellt (2), der von 10 cm hohen Wänden flankiert ist. Die Wände sind sowohl links wie rechts entweder je 10 oder je 80 cm breit. (Anders als im wirklichen Aufbau sind in der Darstellung beide Breiten gleichzeitig dargestellt.) Um zur Nahrung zu gelangen, können die Ameisen entweder das Hindernis durchqueren oder den Umweg je nach Aufbau kurz (1) oder lang (3) nehmen. (Nach OBERHAUSER et al. 2019)

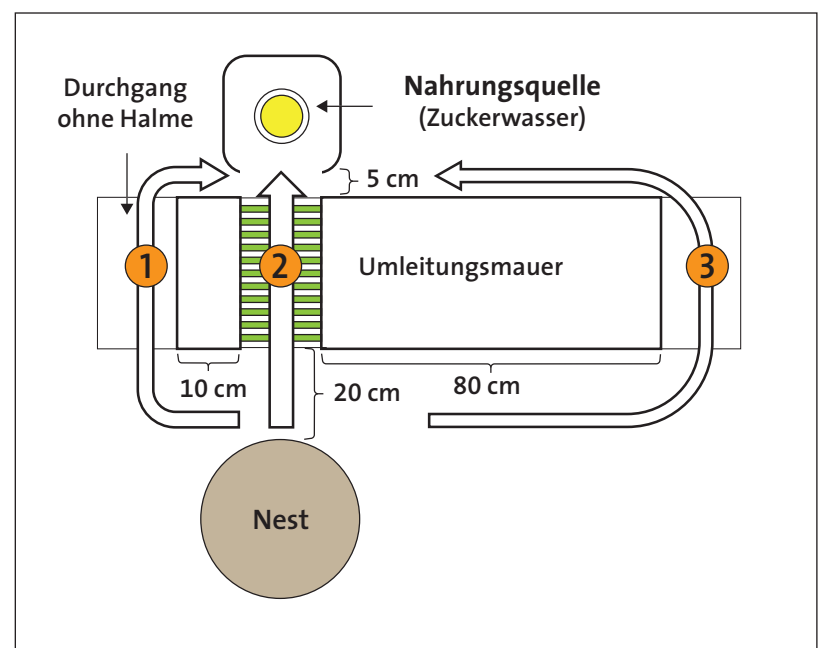




Abb. 3 Beispiel eines Hindernisparcours 48 Stunden nach Platzierung. In diesem Fall wurde auch nach 48 Stunden noch eine große Anzahl Halme stehen gelassen. Vor allem in Zentrum wurden „Grashalme“ gefällt, um einen relativ schmalen Weg durch das Hindernis zu bahnen. (Aus OBERHAUSER et al. 2019, <http://www.biologists.com/user-licence-1-1/>)

Interessant wird es im Detail: Komplexität und Vielfalt

Die Forscher stellten zudem fest, dass manche Kolonien wohl eher von vornherein „Baumfäller“ sind, die unabhängig von der Länge des Umwegs immer die Ärmel hochkrempeln und ohne lange zu fackeln ans Fällern gehen, ob es nun theoretisch sinnvoll erscheint oder nicht. Es erschien auch keineswegs notwendig, alle 300 Halme zu fällen, um zügig zur Nahrung zu gelangen – der Weg war sicher breit genug. Trotzdem ließen manche Kolonien wirklich nichts stehen. Ein solches Verhalten ist schon früher dokumentiert worden, als beobachtet wurde, dass die Ameisen ihre Straßen breiter gestalten, als es selbst bei maximalem Rush-hour-Verkehr notwendig wäre (FARJI-BRENER et al. 2012). Wie erwähnt ließen dagegen andere Kolonien immer alle Halme stehen. Aber dieses abweichende Spezialverhalten ist nicht auf Kolonie-Ebene beschränkt: Der Hauptautor beobachtete einzelne Ameisen, die besonders aufs Fällern versessen waren und ausdauernd an den Papierhalmen arbeiteten, während die Standard-Ameise nur wenige Sekunden pro Halm arbeitete und

dann weiterzog – Komplexität und Vielfalt auf jeder Ebene. Die in unseren Augen sinnvolle Hauptaussage der Studie ist also statistisch begründet und sicherlich kein Zufall. Im Verhalten von Ameisen-Kolonien und auch individuellen Ameisen zeigt sich dennoch eine breite Vielfalt, die sicher auch eine nicht-zufällige Begründung hat, die allerdings noch schwerer zu erforschen ist.

Man muss den hier angetretenen Verhaltensforschern, aber auch allen anderen Naturwissenschaftlern wirklich Bewunderung und Dankbarkeit entgegenbringen. Ohne ihre akribische und geduldige Arbeit in Experiment, Auswertung und Publikation in kleinen Teilbereichen der Natur gäbe es kaum Erkenntnisgewinn und viel weniger Wissen über Details bezüglich der Wunder der Schöpfung. Das Stauen wird immer größer. Je mehr man ins Detail geht, umso komplizierter wird alles. Nie stellen

Im Verhalten von Ameisen-Kolonien und auch individuellen Ameisen zeigt sich eine breite Vielfalt, die sicher eine nicht-zufällige Begründung hat.

sich Lebewesen als zufallsgetriebene Maschinen dar, die im großen Mittel irgendetwas zustande bringen. Im Gegenteil, Leben bedeutet immer Planung und nicht Zufall, ob das Gehirn der Individuen auch aus noch so wenigen Zellen besteht. Publikationen wie diese scheinen deshalb regelmäßig mehr Fragen aufzuwerfen, als sie klären können, so dass die Ehrfurcht vor der Intelligenz, die offensichtlich hinter diesen Wundern stecken muss, nur wachsen kann. Oder will irgendwer behaupten, all diese Vielfalt, dieses komplexe Verhalten und Zusammenspiel auf allen Ebenen sei letzten Endes nur eine Eigenschaft der Materie?

Literatur

- OBERHAUSER FB, MIDDLETON EJT, LATTY T & CZACZKES TJ (2019) Meat ants cut more trail shortcuts when facing long detours. *J. Exp. Biol.* 222: jeb205773 doi:10.1242/jeb.205773
- FARJI-BRENER AG, MORUETA-HOLME N, CHINCHILLA F, WILLINK B, OCAMPO N & BRUNER G (2012) Leaf-cutting ants as road engineers: the width of trails at branching points in *Atta cephalotes*. *Ins. Soc.* 59, 389–394.
- REID CR, LUTZ MJ, POWELL S, KAO AB, COUZIN ID & GARNIER S (2015) Army ants dynamically adjust living bridges in response to a cost-benefit trade-off. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 112, 15113–15118.

Chamäleon-ähnlicher Beutefang mit Zungenschleuder bereits in der Kreide

Die vor allem auf dem afrikanischen Kontinent und angrenzenden Gebieten beheimateten Chamäleons fangen ihre Beute mit einer sehr speziellen und komplexen Methode. Habe sie ein entsprechendes Insekt fixiert, so können sie es mit ihrer Zunge erfassen, die sie bis zum 2,5-fachen ihrer Körperlänge herausschleudern, und es in ihr Maul befördern. Bernsteininklusen aus der Kreide von Myanmar zeigen, dass solche Mechanismen bereits damals etabliert waren.

Harald Binder

Ein faszinierender Bernsteineinschluss zeigt fossile Hinweise auf einen bei heute lebenden exotischen Tieren bekannten Jagdmechanismus. Im Rahmen einer Studie an zwölf fossilen Eidechsen in Bernstein aus der Kreide (ca. 100 Millionen radiometrische Jahre; MrJ) von Myanmar beschrieben DAZA et al. (2016) auch eine kleine Eidechsen-Inkluse (10,6 mm Länge). Diese Eidechse hatte einen relativ großen Kopf, kaum erkennbare Schuppen, gut erhaltene Klauen und wies einen auffallend kurzen, gebogenen Schwanz auf. Die Autoren sahen darin ein neugeborenes („neonatal“) Tier, das aufgrund von Ähnlichkeitsvergleichen als zur Stammgruppe der Chamäleons gehörend interpretiert wurde.

Ein Amphib in Bernstein

Kürzlich berichteten DAZA et al. (2020) von einem in Bernstein eingeschlossenen Kopf eines Amphibiiums aus der Familie der Albanerpetontidae ebenfalls aus der Kreide von Myanmar. Die Albanerpetontidae sind eine nur fossil bekannte Amphibienfamilie, die den Schwanzlurchen zugerechnet wird und deren Arten kleinen Salamandern ähnlich sehen (GARDENER & BÖHME 2008). Der dreidimensional erhaltene Schädel ist von der Schnauzenspitze bis zum Hinterkopf 12,2 mm lang. Die Autoren schätzen die Körperlänge (Schnauze bis Becken) durch Vergleich mit einem anderen fossilen Albanerpetontiden (*Celtdens ibericus*; MCGOWAN & EVANS 1995) auf 52 mm. Das Tier wurde *Yaksha perettii*¹ benannt (Abb. 1).

Im Bernstein ist der enthaltene Kopf nicht wirklich gut zu sehen. Ein hochaufgelöstes computertomographisches Bild lässt allerdings erstaunliche Details erkennen. Am bezahnten Unterkiefer ist die Verwachsung (Symphyse) von linkem und rechtem Unterkieferteil (am Kinn) verzahnt, was auf eine gewisse Flexibilität schließen lässt. Sehr auffällig ist eine knorpel-

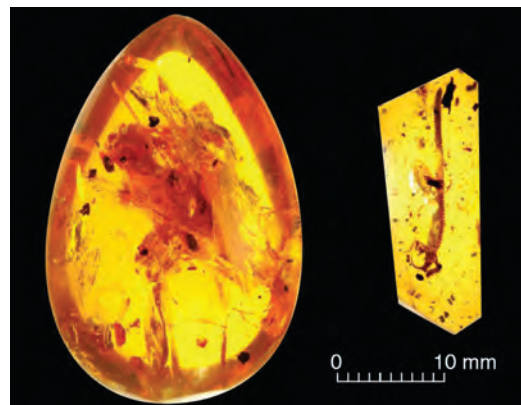


Abb. 1 Fossilien von *Yaksha perettii*. (Aus DAZA et al. 2020, mit freundlicher Genehmigung)

artige Verlängerung des Zungenbeins (hyoid entoglossal process, *hep*). Dieselbe Struktur war bei dem von DAZA et al. (2016) beschriebenen neugeborenen Tier aufgefallen und war der Hauptgrund, warum es als zur Stammgruppe der Chamäleons gehörend eingestuft wurde.

Zungenschleuder bei Chamäleons

Das Zungenbein ist bei Wirbeltieren nicht direkt mit dem übrigen Skelett verknüpft, sondern bildet Ansatzstellen für Muskeln und wird dadurch in seiner Position gehalten. Der Fortsatz des Zungenbeins spielt bei der für Chamäleons typischen Art, Beute zu fangen, eine grundlegende Rolle. Sie können ihre Zunge herausschleudern und dabei eine Beute in einer Entfernung von 1 bis 2,5 Körperlängen zielsicher treffen und ins eigene Maul befördern. Der gesamte Prozess hat eine extreme Dynamik und läuft im Bereich von wenigen Millisekunden ab, so dass den Beutetieren nur sehr geringe Fluchtchancen bleiben.

Der Mechanismus der Zungenschleuder von Chamäleons ist intensiv untersucht worden, auch mit dem Ziel, ihn für technische Problemlösungen zu nutzen. Im Aufbau zeigt der Zungenapparat eines Chamäleons, dass unmittelbar auf dem Fortsatz des Zungenbeins mehrere La-

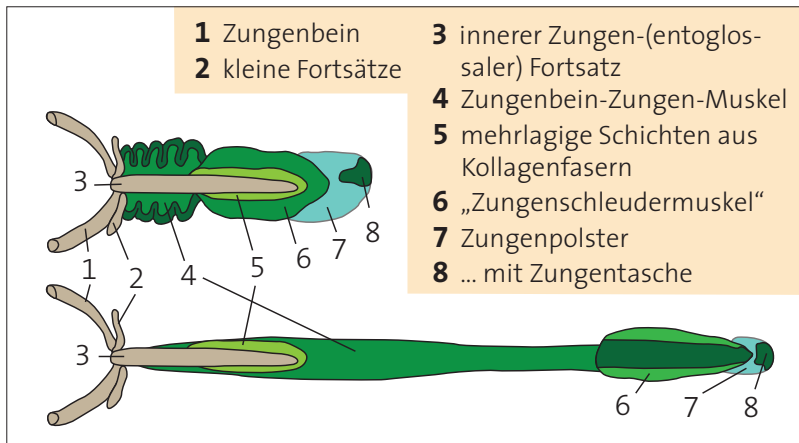


Abb. 2 Schematische Skizze einer Chamäleonzunge (zu Beginn bzw. während des Zungenschusses). (Nach www.madcham.de)

gen aus Bändern von Kollagenfasern liegen, die ihrerseits von einem Muskelschlauch umgeben sind. Zunächst war nicht klar, wie das Chamäleon seine Zunge mit einer Geschwindigkeit von bis zu 500 m s^{-1} in Richtung des erspähten Beutetiers abschießen kann, denn allein mit der von den vorhandenen Muskeln gelieferten Energie ist eine solche Beschleunigung nicht zu erreichen. Beobachtungen und entsprechende Modellversuche haben gezeigt, dass der Muskelschlauch den *hep* nicht komplett bedeckt, sondern der *hep* zur Mundöffnung hin noch aus dem Muskelschlauch herausragt. (Weiteres, über dem Muskelschlauch liegendes Zungengewebe umschließt den *hep* vollständig und mündet in der Zungenspitze, dem Zungenpolster.)

Hat das Chamäleon nun ein Beutetier erspäht, so kontrahiert es den Muskelschlauch, der sich dadurch verlängert und sich dem Vorderende des *hep* nähert. Beim Tier beobachtet man, dass es den Mund öffnet und die Zunge mitsamt dem vorderen Teil des *hep* aus dem Mund hervorsteht. Durch die Muskelkontraktion und die dadurch bewirkte Verlängerung des Muskelschlauchs werden die Kollagenbänder direkt über dem *hep* vorgespannt und speichern damit bereits Muskelarbeit (Abb. 2).

Der Abschuss der Zungenschleuder erfolgt in dem Moment, wenn der Muskelschlauch die abgerundete Spitze des *hep* erreicht. Dieser wird im selben Moment noch weiter durch die Mundöffnung nach außen geschoben. Durch weitere Kontraktion trägt der Muskelschlauch zu Beschleunigung des Zungengewebes bei. Ein wesentlicher Teil der Beschleunigungsenergie kommt aus der Vorspannung der Kollagenschichten. Durch entsprechende Muskelstränge wird der Zungenapparat – im Erfolgsfall mit der Beute – dann wieder in das geöffnete Maul befördert. Der Rückholvorgang ist verglichen mit dem Herausschleudern langsamer.

Kleine, lungenlose Salamander (Plethodontidae) nutzen eine interessante und noch schnellere Variante zum Beutefang. Sie können ihr *hep* falten und schießen es beim Zungenschuss wie ein Projektil mit dem Zungenapparat so heraus,

Aus der Zeit der Kreide gibt es Befunde einer hochspezialisierten Jagdtechnik wie die Zungenschleuder.

dass es den Mund komplett verlässt. Dadurch erreichen diese kleinen Salamander noch höhere Geschwindigkeiten bei ihrem Zungenschuss.

Zungenschleuder bei *Yaksha perettii*

Es ist nun sehr interessant, dass die CT-Aufnahmen des *Yaksha perettii*-Schädels den *hep* und sogar noch einen Teil des Zungenpolsters an der Spitze des *hep* abbilden. DAZA et al. (2020) interpretieren diesen Befund als Hinweis darauf, dass *Y. perettii* in ähnlichen Lebensräumen gelebt und mit ähnlichen Methoden Beute gejagt hat wie wir das von Chamäleons heute kennen. Für die Albanerpetontiden wurden auch schon unterirdische Lebensräume diskutiert; dort würden solche Lebens- und Ernährungsweisen aber keinen Sinn ergeben.

Es ist sehr interessant, dass wir schon aus der Zeit der Kreide Befunde haben, die eine hochspezialisierte Jagdtechnik wie die Zungenschleuder belegen und dass der zugrundeliegende Mechanismus heute die Bionik herausfordert und bereichert.

Anmerkung

¹ „Yaksha“ ist ein Geist, ein Wächter natürlicher Kostbarkeiten, der in der Erde oder in Baumwurzeln verborgen ist; mit „perettii“ wird Adolf PERETTI für seine Verdienste im Zusammenhang mit der Erforschung von Bernsteininklusionen geehrt. Dieser gründete 1996 das GEM RESEARCH SWISSLAB (GRS; gemresearch.ch). Der hier vorgestellte Schädel ist als Holotyp dort gelagert und wird als Herzstück der dortigen Ausstellung präsentiert. Eine Dokumentation der Arbeit ist online verfügbar: <https://www.youtube.com/watch?v=jO2cHlujLDM&feature=youtu.be>

Literatur

- DAZA JD, STANLEY EL, WAGNER P, BAUER AM & GRIMALDI DA (2016) Mid-Cretaceous amber fossils illuminate the past diversity of tropical lizards. *Sci. Adv.* 2:e1501080
- DAZA JD, STANLEY EL et al. (2020) Enigmatic amphibians in mid-Cretaceous amber were chameleon-like feeders. *Science* 370, 687–691.
- GARDENER JD & BÖHME M (2008) Review of Albanerpetontidae (Lissamphibia) with comments on the paleoecological preferences of European Tertiary Albanerpetontids. In: SANKEY JT & BASZIO S (eds) *Vertebrate microfossil assemblages – Their role in paleoecology and paleobiogeography*. University of Indiana Press, Bloomington, p. 178–218.
- MCGOWAN G & EVANS SE (1995) Albanerpetontid amphibians from the Cretaceous of Spain. *Nature* 373, 143–145.
- Anschauliche Erklärung des Zungenschuss von Chamäleons: <https://www.madcham.de/de/der-zungenschuss/>

Auffällige Himmelskörper in unserem Sonnensystem

Bei der Durchmusterung unseres Sonnensystems nach Himmelskörpern stoßen die Astronomen immer wieder auf eigenartige Objekte mit überraschenden Eigenschaften. Dies wirft auch Fragen nach ihrem Alter auf.

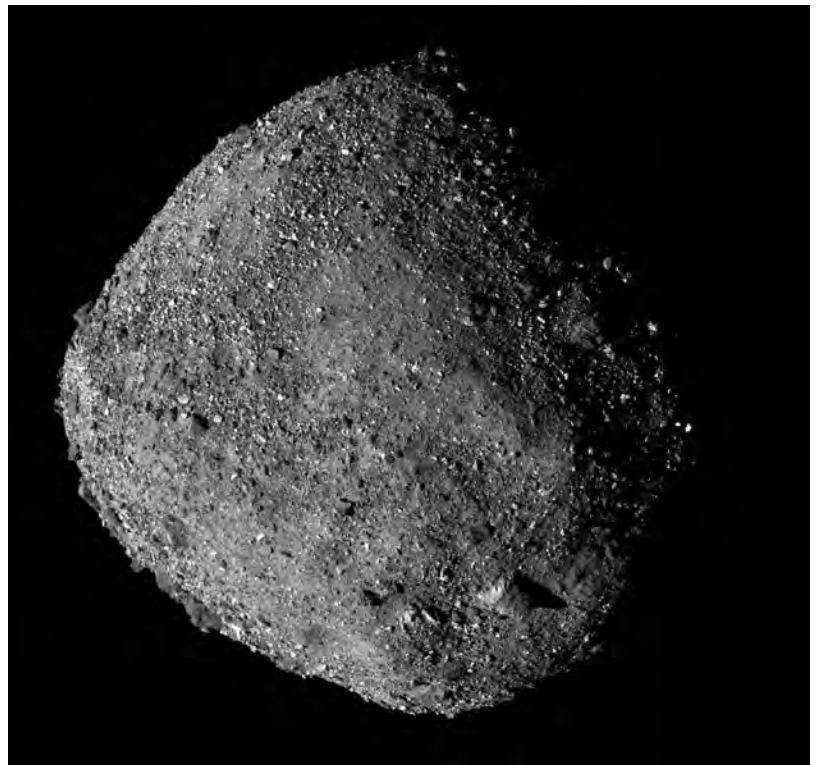
Peter Korevaar

Die meisten Asteroiden und Kometen im Sonnensystem sind lediglich eine Nummer im MPCAT, dem Minor Planet Catalogue, der vom Minor Planet Center der Harvard Universität gepflegt wird. Dieser Katalog enthält aktuell schon über 1 Million Einträge und täglich kommen weitere Objekte hinzu. Kontinuierlich werden die Bahnparameter durch neue Beobachtungen verfeinert und aktualisiert.

Einige dieser Objekte stechen aus den verschiedensten Gründen hervor, bekommen eigene Namen, werden genauestens beobachtet, und manche werden sogar von Raumsonden besucht. Drei solcher Himmelskörper, die Fragen zu ihrem Ursprung und ihrem Alter aufwerfen, werden hier näher betrachtet.

Bennu, das bedrohliche Weichei

Besonders im Fokus der Astronomen befinden sich die sogenannten NEOs, die Near-Earth-Objects, also Himmelskörper, die der Erde gelegentlich sehr nahe kommen. Einige von ihnen sind zusätzlich PHOs (Potentially Hazardous Objects), potenzielle Kandidaten für einen Zusammenstoß mit der Erde, was verheerende Folgen haben könnte. Solche Einschläge sind aus der Erdgeschichte aus alten Kratern bekannt, in Deutschland zum Beispiel das Nördlinger Ries. Ein solches PHO ist der Asteroid Bennu. Entdeckt wurde Bennu im Jahr 1999 und er bewegt sich zwischen Erde und Mars auf einer stark elliptischen Bahn, die ihn alle sechs Jahre sehr nah an die Erde bringt. Mit knapp 500 m Durchmesser und einer Masse von 7,6 Millionen Tonnen ist Bennu eine ernstzunehmende Bedrohung. Die Bahnparameter werden ständig verbessert, aber aktuell kann noch nicht mit Sicherheit gesagt werden, ob Bennu der Erde wirklich gefährlich werden kann. Bennu kommt der Erde fast so nah wie der Mond, die höchste Kollisionsgefahr besteht nach aktuellen Daten Ende des 22. Jahrhunderts. Simulationen der Bahnparameter zeigen aber, dass die Wahrscheinlichkeit einer Kollision auch dann bei lediglich 0,037% liegt.



Um potenzielle Einschläge besser studieren und ggf. Maßnahmen dagegen ergreifen zu können, wird Bennu gerade von der Raumsonde OSIRIS-REx besucht. Im Oktober 2020 sammelte die Raumsonde erfolgreich 60 Gramm Material von Bennu ein. Geplant ist, dieses Material im September 2023 zur Erde zurück zu bringen. Aber schon aus den gemachten Bildern (siehe Abb. 1) und sonstigen Messungen ist klar, dass Bennu nicht aus festem Gestein, sondern aus losem Material besteht. Dies hat zu Folge, dass Bennus mittlere Dichte kaum größer ist als die von Wasser und das Material so weich, dass er, läge er auf der Erde, einfach aufgrund der Schwerkraft in sich zusammenfallen würde. Die Astronomen vermuten, dass Bennu aus Material entstanden ist, das andere Asteroiden bei Zusammenstößen hinterließen. Eine andere Vermutung ist, dass Bennu ein ausgebrannter Komet sei. Auffallend ist allerdings, dass Bennu aktiv ist und Material ausstößt (JIANG 2020). Dies ist für einen vermeintlich uralten Asteroiden gelinde gesagt befremdlich. Ist Bennu also jünger als gedacht?

Abb. 1 Asteroid Bennu (101955), fotografiert am 2. Dezember 2018 von der Raumsonde OSIRIS-REx aus 24 km Entfernung. (NASA / Goddard)

Arrokoth, der ferne Schneemann

Außerhalb der Neptun-Bahn befindet sich der Kuipergürtel, eine große Sammlung von Objekten, die wegen ihrer Kleinheit nur schwer zu entdecken sind. Sie werden auch TNOs genannt (Trans-Neptune-Objects); der Zwergplanet Pluto und sein Begleiter Charon gehören dazu. Nachdem diese beiden im Jahr 2015 von der Raumsonde *New Horizons* besucht worden waren, setzte *New Horizons* die Reise weiter in Richtung Kuipergürtel fort. Dabei wurde die Sonde auf Arrokoth gelenkt. Dieses Objekt war zu Beginn der *New Horizons*-Mission noch gar nicht entdeckt, wurde aber gezielt vom Hubble Teleskop im Jahr 2014 aufgespürt, als man auf der Suche nach möglichen Objekten war, zu denen *New Horizons* nach dem Pluto-Besuch mit der verbleibenden Energie weiterreisen könnte. Im Vorfeld vermutete man aufgrund von Messungen mit Hilfe von Sternbedeckungen, dass Arrokoth (auch Ultima Thule genannt) eine stark asymmetrische Form habe und um die 30 km groß sei. Diese Erwartungen wurden von *New Horizons* Anfang 2019 beim Vorbeiflug bestätigt. Dennoch staunten die Astronomen nicht schlecht, als die fernübertragenen Bilder zeigten, dass Arrokoth in Wirklichkeit aus zwei aneinander „geklebten“ Objekten besteht (Abb. 2). Dieser Form verdankt er seinen populären Namen „Schneemann“. Es handelt sich allerdings um einen „platten“ Schneemann, da weitere Beobachtungen zeigten, dass die Teile stark abgeflacht sind, wie eine zerdrückte Walnuss und ein Pfannkuchen. Man geht davon aus, dass die beiden Teile zur selben Zeit entstanden sind,

dann zunächst gravitativ gebunden umeinander drehten, bis sie schließlich sanft aneinander stießen und haften blieben (STERN 2020). Wie in Abb. 2 klar ersichtlich, ist der Verbindungsbereich der beiden Teile heller. Es könnte sich dabei um Wassereis handeln. Da das erstbeste Objekt im Kuipergürtel, das zufällig auf dem Flugweg von *New Horizons* lag, gleich so besonders war, wird vermutet, dass viele Kuipergürtel-Objekte ähnlich sein werden. Für diese Vermutung spricht auch, dass das Spektrum von Arrokoth den Spektren anderer Kuipergürtel-Objekte ähnelt, die man aber noch nicht im Detail beobachten konnte. Einmal mehr scheint das Sonnensystem ganz anders zu sein als erwartet.

Komet Hartley 2, der junge Auspuff

Kometen unterscheiden sich von Asteroiden hauptsächlich dadurch, dass sie der Sonne so nahe kommen, dass gefrorenes Material, in der Regel Wassereis, verdampft und entweicht. Dabei wird auch loses Material mitgerissen, da die Schwerkraft von Kometen sehr gering ist. Die ausströmende Materie wird dann von der Sonne angestrahlt und als Schweif sichtbar. Wiederkehrende Kometen können diesen Prozess nur maximal einige hundert Male durchmachen, bevor sie vollständig ausgegast sind. Ein solch wiederkehrender Komet ist 103P/Hartley, oft einfach als Hartley 2 bezeichnet. Er wurde 1986 entdeckt, kehrt alle 6,5 Jahre zurück, und aufgrund von Größe und Massenverlust wird geschätzt, dass Hartley 2 noch ca. 100-mal erscheinen wird, bevor er vollständig ausgebrannt ist, was also in knapp 700 Jahren der Fall sein wird. Dies ist an sich nichts Besonderes, weil es allen kurzperiodischen Kometen so ergeht. Zwei Dinge machen Hartley 2 jedoch besonders: 1. Er wurde im Jahr 2010 von der Raumsonde *Deep Impact* besucht und 2. er bläst wie ein Auspuffrohr große Mengen an Kohlendioxid in den Weltraum.

Deep Impact hatte als Hauptmission die Erforschung des Kometen Tempel 1, auf den er im Jahr 2005 gezielt einen extra für diesen Zweck mitgeführten 372 kg schweren *Impaktor* einschlagen ließ, um die innere Beschaffenheit des Kometen zu erforschen. Dabei stellte man fest, dass Tempel 1 mehr Staub und weniger Eis enthält als bis dahin angenommen. Danach änderte die NASA den Namen der Mission von *Deep Impact* zu *EPOXI* und in dieser neuen Identität besuchte die Raumsonde Hartley 2 im November 2010. Dabei wurden Bilder vom Kometen gemacht (siehe Abb. 3) und Spektralmessungen vorgenommen. Dies lieferte eine erstaunliche Überraschung: Die von Hartley 2 ausgestoßenen Jets bestehen zum größten Teil nicht aus

Abb. 2 Kuipergürtel-Objekt Arrokoth (2014 MU₆₉), fotografiert im Januar 2019 von der Raumsonde *New Horizons*. (NASA)



Wasserdampf, sondern aus CO₂, dem Treibhausgas Kohlendioxid. Von der Erde aus lässt sich CO₂ bei Kometen nicht direkt nachweisen, da die zur Identifikation notwendige Spektrallinie zu weit im Infrarotbereich liegt und folglich von der Erdatmosphäre absorbiert wird. Der Infrarotspektrometer an Bord von *EPOXI* brachte aber den eindeutigen Beweis. Dieser Befund lässt aufhorchen. Denn CO₂ sublimiert bei viel niedriger Temperatur als Wasser und gast daher entsprechend viel schneller aus. Kometen werden gemeinhin als so alt wie das Sonnensystem eingestuft. Die kurzperiodischen Kometen sollen aus dem kalten Kuipergürtel stammen und nie warm gewesen sein. Die Befunde der *Stardust*-Mission zeigen jedoch, dass diese Theorie fragwürdig ist, weil die vom Kometen Wild 2 eingefangenen Partikel eindeutig kristalline Strukturen aufweisen, die bezeugen, dass das Material dieses kurzperiodischen Kometen vorübergehend heißen Phasen ausgesetzt war (KOREVAAR 2004, 2007). Dies macht das Vorkommen von Trockeneis (gefrorenem Kohlendioxid) auf Hartley 2 umso erstaunlicher. Eine passende Erklärung für diesen Befund wurde bislang nicht präsentiert, die Astronomen stehen auf dem Schlauch: „Die größte offene Frage ist, warum es so viel CO₂ in diesem Kometen gibt“, meint der leitende Wissenschaftler der Mission, Michael A’HEARN. Die einzig logische Erklärung scheint, dass der Komet viel jünger ist als bislang angenommen und daher das CO₂ noch nicht vollständig ausgasen konnte. Auch bei

Fast alle Raumsonden, die das Sonnensystem erforschen, warten mit unerwarteten Ergebnissen auf.

Tempel 1 hatte das Infrarotspektrometer von *Deep Impact* CO₂ festgestellt. Es ist somit nicht auszuschließen, dass Kometen generell einen hohen CO₂-Gehalt haben könnten. Dies wäre brisant, weil es ein starkes Indiz dafür wäre, dass Kometen generell jünger sind als gedacht.

Fazit

Es ist bemerkenswert, dass fast alle Raumsonden, die das Sonnensystem erforschen, mit unerwarteten Ergebnissen aufwarten, die die bis dahin sicher gewählte Sicht auf das Sonnensystem in Frage stellen. So auch bei den drei hier besprochenen Missionen: Der Asteroid Benu



Abb. 3 Komet Hartley 2 (103P/Hartley), fotografiert von der Raumsonde *EPOXI* (ehem. *Deep Impact*) im November 2010. (NASA / JPL)

besteht aus losem Material, verliert aktiv Materie, was sein vermeintlich hohes Alter in Frage stellt. Akkoroth besteht aus zwei Teilen und erfordert ein Umdenken bei der Entstehung des Kuiper-Gürtels. Und der Komet Hartley 2 verliert viel mehr CO₂ als erwartet und könnte deutlich jünger sein als allgemein angenommen.

Anmerkungen

- 1 Asteroiden sind kleine Himmelskörper im Sonnensystem, die meisten davon bewegen sich auf einer Bahn um die Sonne zwischen den Planeten Mars und Jupiter, einige jedoch auch zwischen den anderen Planeten.
- 2 <https://minorplanetcenter.net/iau/ECS/MPCAT/MPCAT.html>
- 3 <https://solarsystem.nasa.gov/asteroids-comets-and-meteors/asteroids/101955-bennu/overview/>
- 4 https://en.wikipedia.org/wiki/101955_Bennu
- 5 <http://pluto.jhuapl.edu/News-Center/News-Article.php?page=20190208>
- 6 [https://de.wikipedia.org/wiki/Deep_Impact_\(Sonde\)](https://de.wikipedia.org/wiki/Deep_Impact_(Sonde))
- 7 <https://skyandtelescope.org/astronomy-news/comet-hartley-2-fullofsurprises/>
- 8 Die Raumsonde *Stardust* (englisch für Sternenstaub) war eine Mission der NASA, die 1999 gestartet und 2011 beendet wurde. Ziel der Mission war das Einfangen von Partikeln aus der Koma des Kometen Wild 2 sowie interstellaren Staubs. Die Proben wurden im Januar 2006 zur Erde gebracht.
- 9 <https://www.space.com/11989-quirky-comet-hartley-2-solar-system-theories.html>
- 10 <https://deepimpact.astro.umd.edu/results/spectrometer.html>

Literatur

- JIANG Y (2020) Motion of Dust Ejected from the Surface of Asteroid (101955) Bennu. <https://arxiv.org/ftp/arxiv/papers/2010/2010.10127.pdf>
- KOREVAAR P (2004) Die rätselhafte Ursprung der Kometen. *Stud. Integr. J.* 11, 78–80.
- KOREVAAR P (2007) Woher stammen kurzperiodische Kometen? *Stud. Integr. J.* 14, 38–39.
- STERN SA et al. (2020) Initial results from the New Horizons exploration of 2014 MU₆₉, a small Kuiper Belt Object. <https://arxiv.org/ftp/arxiv/papers/2004/2004.01017.pdf>

Cystein: eine besondere Aminosäure – auch im Hinblick auf Ursprungsfragen

Cystein ist neben Methionin die zweite schwefelhaltige, proteinogene* Aminosäure. In vielen Organismen erfolgt die Einführung des unverzichtbaren Elements Schwefel in andere Biomoleküle über das Cystein. Es erscheint undenkbar, dass Organismen ohne Cystein überhaupt lebensfähig sein könnten. POWNER et al. haben kürzlich versucht, durch chemische Experimente die präbiotische* Entstehung des Cysteins und kleiner Peptide zu plausibilisieren. Handelt es sich um eine belastbare Hypothese zur Entstehung der Biochemie des Schwefels?

Boris Schmidtgal

Leben ist uns nur in einer hochgradig komplexen Form bekannt. Hinweise auf einfachere Lebensformen als Bakterien gibt es bisher nicht. Von den vielen molekularen Komponenten, die von Anfang an für Leben erforderlich sind, gehören die 20 kanonischen* Aminosäuren zu den wichtigsten. Aus diesen kleinen organischen Molekülen sind die Proteine aufgebaut, die einen wichtigen Bestandteil des Gewebes vieler höherer Lebewesen darstellen. Darüber hinaus katalysieren* als Enzyme bezeichnete Proteine den Stoffwechsel aller Organismen.

Eine besondere Rolle kommt hierbei der Aminosäure Cystein zu, deren Seitengruppe als Thiol-Gruppe bezeichnet wird (Abb. 1). Diese

molekulare Einheit ermöglicht verschiedene chemische Reaktionen (Elektronenübertragungsreaktionen, Säure-Base-Reaktionen, nukleophile Substitutionen), weswegen Cystein ein wichtiger Bestandteil vieler enzymatisch aktiver Proteine ist (u. a. Eisen-Schwefel-Proteine und Proteasen). Zudem besitzt Cystein die einzigartige Eigenschaft, mit seinesgleichen über die Seitengruppe Bindungen zu knüpfen. Diese Verknüpfungen werden als Disulfidbrücken bezeichnet und stellen bei vielen Proteinen eine wichtige Komponente der Stabilisierung der dreidimensionalen Struktur dar (ohne diese funktionieren Proteine nicht). Darüber hinaus liefert das Cystein in vielen Organismen das Element Schwefel für den Aufbau vieler biologisch relevanter Moleküle wie Coenzym-A, Methionin, Glutathion und Thiamin (ROMERO et al. 2014; JURGENSON et al. 2009). Außerdem fungieren Cystein-haltige Proteine als Antioxidantien*, indem sie reaktive Sauerstoff-Verbindungen (ROS, reactive oxygen species) neutralisieren, wodurch Gewebeschäden verhindert werden (STADTMAN & LEVINE 2003). Das Cystein erfüllt also zugleich mehrere unverzichtbare Funktionen in der Biokatalyse (Enzyme und Cofaktoren), dem Aufbau von Proteinen und der Synthese anderer Biomoleküle. Ohne Cystein wären sehr viele Proteine funktionsunfähig oder instabil. In Pflanzen, Bakterien und einigen Protozoen wird Cystein ausgehend von Serin, einer anderen Aminosäure, synthetisiert, während die Cystein-Synthese in Säugetieren und Pilzen ausgehend vom Methionin beginnt (ROMERO et al. 2014; BIRKE et al. 2012). Bei diesen Synthesen sind jedoch stets Enzyme beteiligt, die wiederum selbst Cystein enthalten – ein weiteres Henne-Ei Problem bezüglich des Ursprungs von Lebewesen (FUJISHIMA et al. 2018). Die angeführten Sachverhalte legen nahe, dass das Cystein von Anfang an ein Teil des molekularen Baukastens der Lebewesen war.

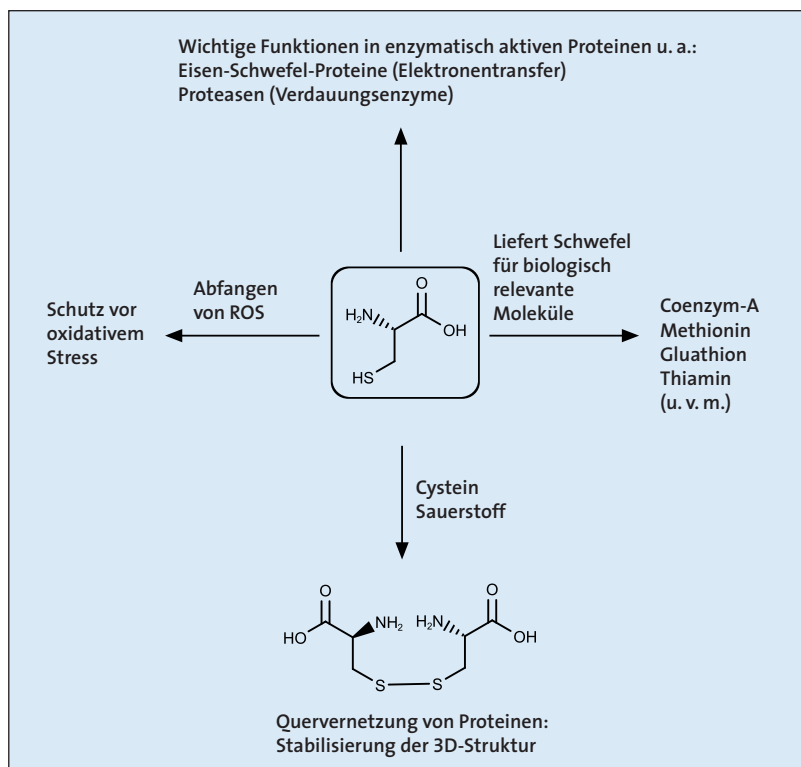


Abb. 1 Schematische Übersicht zu den Funktionen der Aminosäure Cystein in Organismen. Bei ROS (reactive oxygen species) handelt es sich um verschiedene Abbauprodukte des Sauerstoffs (Sauerstoffradikale), die sehr reaktiv sind und daher das Gewebe schädigen, wenn sie nicht abgefangen werden.

Naturalistische Hypothesen zum Ursprung des Cysteins

Im Gegensatz dazu wurde im Rahmen von naturalistischen Hypothesen zum Lebensursprung lange Zeit angenommen, dass zunächst ein reduzierter Satz von Aminosäuren zur Verfügung stand. Cystein soll demnach nicht durch chemische Vorgänge bereits vor der Existenz erster Lebewesen entstanden sein, sondern erst später im Laufe der Evolution von Organismen. Begründet wurde dies zum einen damit, dass Cystein relativ leicht verschiedene chemische Reaktionen eingeht (s. o.) – damit wäre es in einem noch wenig geordneten chemischen System, wie die präbiotische Welt es gewesen sein soll, nicht beständig. Zum anderen wurde bisher keine plausible Erklärung dafür gefunden, wie Cystein durch ungesteuerte Prozesse synthetisiert worden sein könnte. Bisherige chemische Versuche, die ein denkbare Szenario der Entstehung dieses Moleküls über eine Strecker-Synthese¹ nachstellen sollten, resultierten in komplexen Gemischen (FODEN et al. 2020, Abb. 2). Auch bei Ursuppen-Simulationsexperimenten nach MILLER konnte Cystein höchstens in Spuren im Reaktionsgemisch nachgewiesen werden (ZAIA et al. 2008).

Allerdings ist die Annahme des späteren Hinzukommens von Cystein durch dessen Biosynthese im Verlauf der Evolution ebenfalls kaum denkbar, da in diesem Falle der genetische Code neu programmiert werden müsste – ein äußerst aufwändiger Vorgang für den bisher nichts spricht. Im Fall von Cystein als neu hinzugefügter Aminosäure wären außerdem die damit einhergehenden strukturellen Änderungen der Proteine besonders gravierend, da Cystein als einzige Aminosäure die dreidimensionale Struktur von Proteinen durch Knüpfen von Disulfidbrücken unterstützt bzw. stabilisiert (s. o.).

Cystein und Methionin sind systemrelevante Aminosäuren. Sie durften niemals fehlen noch konnten sie irgendwann neu hinzukommen.

Erschwerend kommt hinzu, dass ohne Cystein auch das Methionin fehlen würde, da Methionin in vielen Organismen biosynthetisch ausgehend von Cystein erzeugt wird. Dies ist ein weiteres gravierendes Problem, da Methionin

Glossar

Abiogenetisch, Abiogenese: Entstehung ohne Beteiligung von Lebewesen.

Antioxidantien: Chemische Verbindungen, die leicht mit Sauerstoff oder dessen Abbauprodukten reagieren und daher deren potenziell schädliche Reaktionen im Organismus verhindern.

demineralisiert: von Salzen (Mineralien) befreit.

Enantiomere: Moleküle, die sich zueinander wie Bild und Spiegelbild verhalten.

Homochiralität: In der Natur vorkommende molekulare Bausteine weisen eine streng einheitliche Geometrie auf (z. B. nur L-Aminosäuren oder nur D-Zucker). Dabei ist unter Voraussetzung rein chemischer Entstehungsvorgänge die Wahrscheinlichkeit, dass diese Moleküle in der spiegelbildlichen Form auftreten (d. h. D- und L-Aminosäuren oder D- und L-Zucker), gleich groß.

kanonisch: zu einem bestimmten Satz gehörig. In Bezug auf die Aminosäuren bedeutet diese Bezeichnung, dass sie zum Satz der 20 Aminosäuren gehören, die in Organismen vorkommen.

katalysieren: eine chemische Reaktion beschleunigen.

präbiotisch: vor der Existenz von Organismen.

proteinogen: Aminosäuren, aus denen Proteine zusammengebaut sind, werden als „proteinogene“ Aminosäuren bezeichnet.

racemisch: Ein 1:1-Gemisch aus zwei Enantiomeren* wird als Racemat oder racemisches Gemisch bezeichnet.

stereoselektiv: Eine chemische Reaktion wird als „stereoselektiv“ bezeichnet, wenn bei Vorhandensein mehrerer geometrisch verschiedener möglicher Reaktionsprodukte eines in bedeutendem Überschuss vorliegt.

bei der Proteinbiosynthese stets am Anfang der Aminosäuresequenz steht und damit das Startsignal für die Synthese von Proteinen darstellt. Es müsste folglich erklärt werden, wie der Start der Proteinsynthese vor dem Vorhandensein von Methionin reguliert wurde und wie eine Neudefinierung des Startsignals durch ungerichtete chemische Vorgänge ablaufen konnte. Insgesamt wird also deutlich, dass sowohl Cystein als auch Methionin in allen Organismen systemrelevante Aminosäuren sind. Sowohl ihr Fehlen bei den ersten Organismen als auch ein späteres Hinzukommen durch evolutive Vorgänge erscheinen unmöglich.

Motivation und Syntheseplanung der Forschungsgruppe FODEN et al.

Diese Problemstellung motivierte die Forschungsgruppe um Matthew W. POWNER (FODEN et al. 2020) an der Universität London dazu, eine neue präbiotische* Synthese von Cystein-haltigen Peptiden auszuprobieren. Auf diese Weise beabsichtigten sie, die Hypothese zu untermauern, dass Cystein sehr wohl im Zuge präbiotischer Vorgänge entstanden sein könnte. Dabei orientierten sie sich an der Biosynthese von Cystein, wie sie gegenwärtig in einigen Le-

Abb. 2 Gescheiterter Versuch der Cystein-Synthese über die Strecker-Synthese (NaCN: Natriumcyanid; NH₃: Ammoniak)

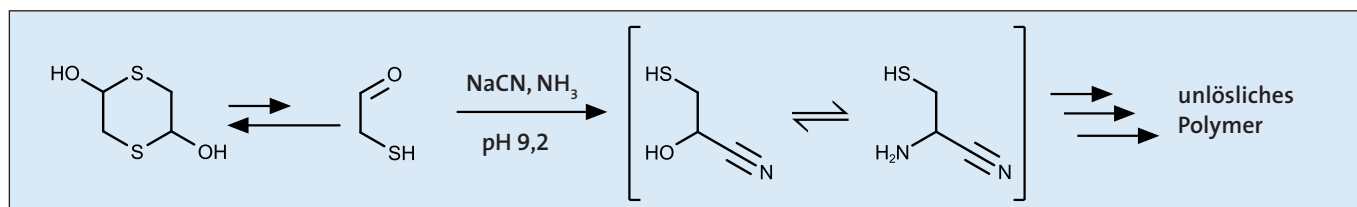
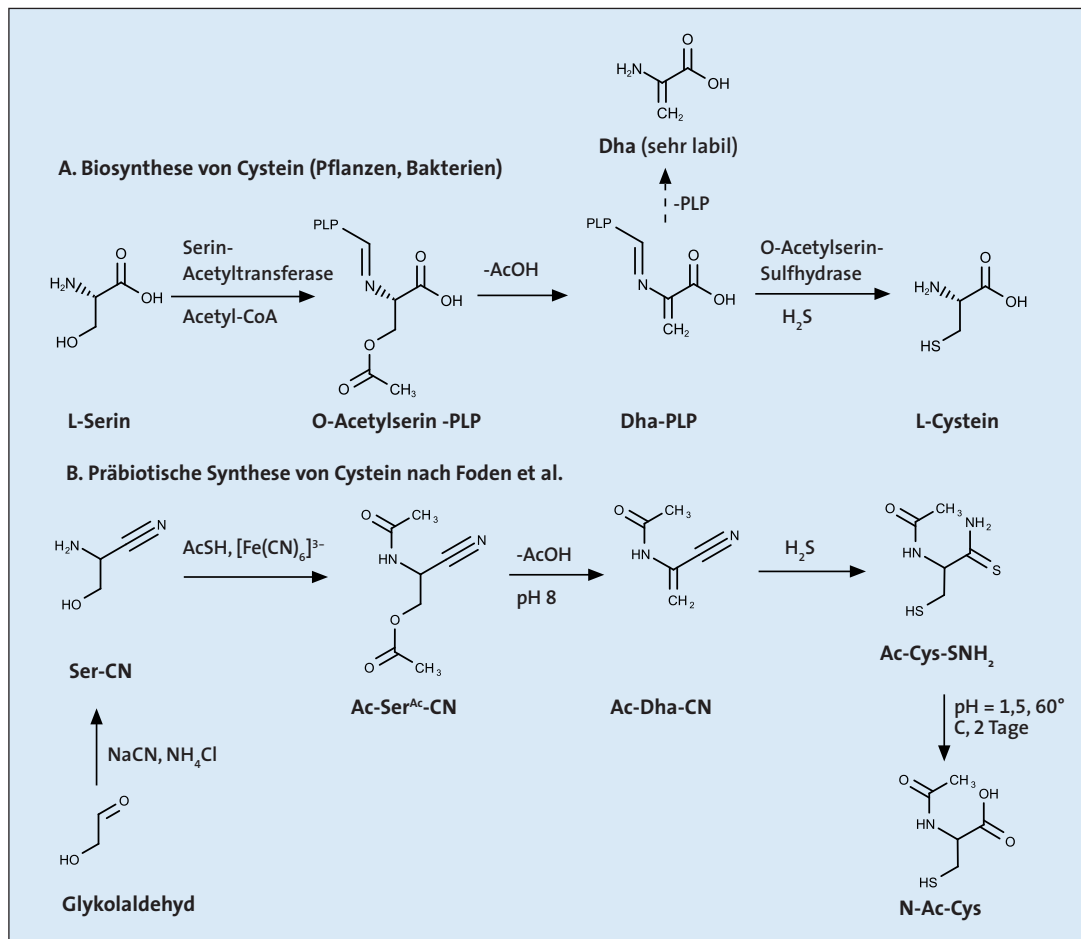


Abb. 3 A Biosynthese des Cysteins, wie sie in Pflanzen und Bakterien abläuft. Als Ausgangsverbindung wird Serin, eine andere Aminosäure, verwendet. Zunächst wird durch das Enzym Serin-Acetyltransferase eine Acetylgruppe an der Seitengruppe des Serins angebracht. Die Acetylgruppe wird dabei von Acetyl-Coenzym-A auf das Serin übertragen. Im darauf folgenden Schritt findet eine Eliminierung eines Acetat-Moleküls und nachfolgende Addition von Schwefelwasserstoff unter Katalyse durch O-Acetylserin-Sulfhydrase statt, sodass die Acetatgruppe durch eine Hydrogensulfid-Gruppe ersetzt wird und schließlich L-Cystein erhalten wird.

B Als „präbiotisch“ bezeichnete Laborsynthese des Cysteins nach FODEN et al. Im ersten Schritt wird ausgehend von Glykolaldehyd über eine Strecker-Reaktion mit Natriumcyanid und Ammoniumchlorid das Nitril Ser-CN erhalten, welches durch Reaktion mit Thioacetat sowohl an der Aminogruppe als auch an der Hydroxygruppe acetyliert wird. Aus diesem Molekül spaltet sich bei pH 8 langsam Essigsäure ab. Anschließend kann das resultierende Ac-Dha-CN mit Schwefelwasserstoff zur Reaktion gebracht werden, sodass sich Ac-Cys-SNH₂ bildet.



bewiesen (z. B. Pflanzen, Bakterien) abläuft. Hierbei handelt es sich allerdings um einen anspruchsvollen chemischen Vorgang, der über mehrere Schritte unter Beteiligung zweier komplexer Enzyme verläuft (Serin-Acetyltransferase und O-Acetylserin Sulfhydrase, s. Abb. 3). Wie derzeit üblich, gehen FODEN et al. von der nicht weiter begründeten Annahme aus, dass komplexe Enzyme das Resultat bisher unbekannter evolutiver Prozesse sind: „[...] doch moderne Enzyme sind das Produkt einer Milliarden Jahre langen Evolution.“⁴² Demnach können solche Enzyme nicht in einer präbiotischen Welt existiert haben, sodass die ersten Bausteine der Lebewesen ohne ihre Beteiligung entstanden sein müssten.

Dieser Sachverhalt verweist auf die weiterführende Frage nach der Entstehung der ersten Proteine. Dazu ist die Verknüpfung einzelner Aminosäuren zu Kettenmolekülen vonnöten – ein Vorgang, der in heute bekannten Organismen ebenfalls von komplexen Enzymen bewirkt und katalysiert wird. Auch dafür suchten FODEN et al. einen Lösungsansatz, indem sie das Potenzial des Cysteins und anderer Thiol-Verbindungen als Organokatalysatoren in der Knüpfung von Peptidketten untersuchten.

Um solche Synthesen ohne Beteiligung von Enzymen zu verwirklichen, sodass sie als „präbiotisch“ gelten können, mussten bereits im Voraus einige absehbare Probleme gelöst werden.

Aus der Arbeit von FODEN et al. geht deutlich hervor, dass die Autoren sich gründlich Gedanken gemacht haben, wie die „präbiotische“ Synthese zum *gewünschten Ziel* gebracht werden kann. Ein zentrales Problem ist die Tatsache, dass die Vorstufen des Cysteins im Verlauf der kompletten Biosynthese an den Cofaktor Pyridoxalphosphat (PLP) gebunden bleiben. Bei einer Abspaltung einer der Vorstufen würde sich das überaus labile Dehydroalanin (Dha) bilden, das dann durch schnelle Zersetzung verlorengehe. Daher wählten FODEN et al. als Schlüsselverbindung für ihre präbiotische Cystein-Synthese

Es sind gründliche strategische Überlegungen zur enzymfreien Cystein-Synthese erforderlich.

N,O-Diacetylserin-Nitril (Ac-Ser^{Ac}-CN, Abb. 3). Diese chemische Verbindung ist deutlich stabiler als die biologische Zwischenstufe Dha, geht eine Vielzahl an *unerwünschten* Reaktionen nicht ein und ermöglicht zugleich andere Reaktionen, die zum *Synthesziel* Cystein führen können. Entscheidend ist, dass Ac-Ser^{Ac}-CN bei einem milden pH-Wert 8 in wässriger Lösung zu Acetyl-Dha-Nitril (Ac-Dha-CN) reagiert (unter Abspaltung eines Essigsäure-Moleküls), das im nächsten Schritt durch Reaktion mit Schwefelwasserstoff N-Acetyl-Cystein ergibt.

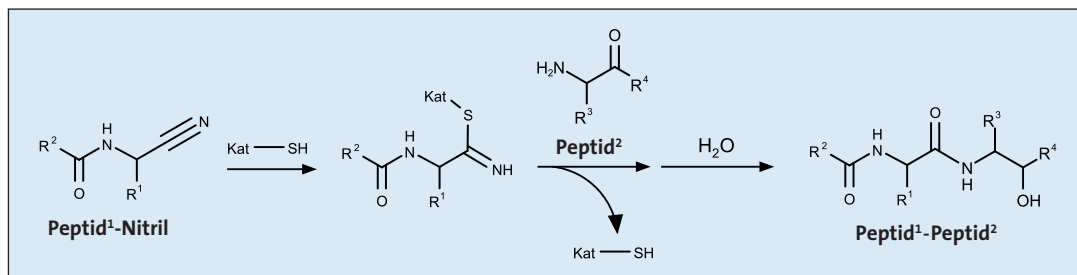


Abb. 4 Kupplung eines Peptid-Nitrils mit einem Peptid unter Katalyse durch ein Thiol (Kat-SH).

Die Autoren beschreiben ihren Ansatz vielsagend als „einfache biomimetische Strategie für die präbiotische [...] Cystein-Synthese“⁴³ (Hervorhebung hinzugefügt). Die Notwendigkeit gründlicher strategischer Überlegungen zur enzymfreien Synthese von Cystein widerspricht jedoch dem Ansatz, nur ungerichtete chemische Vorgänge als Ursache für die Entstehung dieses Moleküls zuzulassen.

Vorgehensweise zur Synthese des Cysteins und der Peptide

Als Ausgangsverbindung für die präbiotische Synthese von Cystein wurde Glykolaldehyd gewählt. Durch Strecker-Reaktion mit Natriumcyanid und Ammoniumchlorid in wässriger Lösung wurde daraus Ser-CN erhalten, das durch Reaktion mit Thioessigsäure in Gegenwart von Kaliumhexacyanoferrat(III) zur zweifach acetylierten Verbindung Ac-Ser^{Ac}-CN umgesetzt wurde. Dieses labile Molekül wandelte sich bei pH 8 langsam zu Ac-Dha-CN um, das dann mit Schwefelwasserstoff zu Acetyl-Cys-SNH₂ reagierte. Schließlich wurde durch Erhitzen von Acetyl-Cys-SNH₂ in saurer wässriger Lösung (pH 1,5) die Abspaltung der Acetyl-Schutzgruppe und Umwandlung zu N-Acetyl-Cystein bewirkt (Abb. 3). In weiteren Versuchsreihen wurden Kupplungsreaktionen verschiedener Aminosäuren mit Ac-Gly-CN unter Katalyse mittels N-Acetyl-Cystein durchgeführt und verschiedene Katalysatoren für die Peptidkupplung zwischen verschiedenen Di- und Tripeptiden eingesetzt (Abb. 4).

Kritik

Wahl der Chemikalien und Reaktionsbedingungen. Alle von FODEN et al. beschriebenen chemischen Reaktionen wurden mit kommerziell erhältlichen chemischen Reagenzien in der üblich hohen Reinheit durchgeführt, wobei demineralisiertes* Wasser als Lösungsmittel diente. Reaktionen mehrstufiger Synthesen wurden isoliert durchgeführt und nicht als Eintopf-Reaktion, wie es in einem realistischen präbiotischen Szenario zu erwarten wäre. Einige dieser Reaktionen wurden unter Argon-Schutzgas durchgeführt, da sie offenbar gegen

über Sauerstoff sehr empfindlich sind (Ac-Dha-CN zu Ac-Cys-SNH₂). Zur Aufreinigung einiger Reaktionsprodukte wurden Laboroperationen angewendet, die nicht einmal im Entferntesten natürlichen Bedingungen nahe kommen (Ausschütteln mit reinem Methanol, Gefriertrocknen, Säulenchromatographie).

Genaues Einstellen von Reaktionsparametern. Die Konzentrationen der chemischen Verbindungen in den Reaktionslösungen waren z. T. außerordentlich hoch (bis zu 1 M!). Bei vielen Reaktionen wurde der pH-Wert auf einen sehr genauen Wert eingestellt, damit die Reaktion ablaufen kann (z. B. pH 9,2 bei der Synthese von Ser-CN). Hier wäre es von Interesse gewesen, in welchem Ausmaß die jeweiligen Reaktionen auf Schwankungen der Konzentration bzw. des pH-Werts reagiert hätten. Allein schon diese Sachverhalte reichen aus, um die Behauptung, es handele sich hier um Simulationen möglicher präbiotischer Vorgänge, ad absurdum zu führen – zumal nicht geprüft bzw. nicht dokumentiert wurde, wie empfindlich die Reaktionsverläufe auf störende chemische Verbindungen oder schwankende Parameter reagieren. Solche Kontrollexperimente wären jedoch zwingend nötig, da chemische Robustheit eine notwendige Eigenschaft für ein präbiotisches chemisches System darstellt.

Problematische Schutzgruppenstrategie. Ein unverzichtbarer Teil der als präbiotisch bezeichneten Synthesestrategie waren Acetyl-Schutzgruppen. Um diese Schutzgruppen an den chemischen Verbindungen der Wahl einzuführen, wurde Thioessigsäure verwendet – eine Verbindung, die selbst in kalter wässriger Lösung nur kurzfristig beständig ist und vor allem bei höheren Temperaturen schnell mit Wasser unter Bildung von Essigsäure reagiert (HIPKIN & SACHELL 1965). Im Rahmen des Transports für kommerzielle Zwecke wird Thioessigsäure üblicherweise durch Zusatz von Chloressigsäure stabilisiert, damit diese Verbindung bei 50° C ca. 1–2 Monate stabil bleibt. Aufgrund ihrer ausgeprägten Labilität würde Thioessigsäure also nicht unter präbiotischen Bedingungen vorkommen können.

Nicht weniger problematisch als die Einführung der Acetylgruppe ist deren abschließende Abspaltung. Diese Reaktion gelingt nur bei relativ unnatürlichen Bedingungen: zwei Tage bei

60°C und pH 1,5. Da andere Reaktionen der von FODEN et al. gewählten Abfolge bei mild-alkalischem pH-Wert von 9,2 verlaufen, müsste erklärt werden, wie unter geologischen Bedingungen eine solche Schwankung um knapp 8 pH-Einheiten sich zeitlich passend zur Reaktionsabfolge ereignen könnte. Im Übrigen wurde von den Forschern an keiner Stelle mitgeteilt, dass die *vollständige* Abspaltung der Acetyl-Schutzgruppen des Cysteins tatsächlich erfolgt ist. Die Synthese ist nur bis zum N-Acetyl-Cystein geführt worden. Daher ist es auch nicht angebracht, von einer „präbiotischen Cystein-Synthese“ zu sprechen, wie dies an verschiedenen Stellen in der Arbeit von FODEN et al. getan wurde.

Fazit

Es zeigt sich insgesamt, dass die Synthese der Aminosäure Cystein, wie sie von FODEN et al. konzipiert und durchgeführt worden ist, keineswegs als mögliche Erklärung für die erstmalige Entstehung des Cysteins angeführt werden kann. Vielmehr handelt es sich um eine intelligent geplante und sorgfältig durchgeführte chemische Synthese, die in keiner Weise die Bezeichnung als „präbiotische Synthese“ verdient. Zudem ist das eigentliche Produkt der Synthese von FODEN et al. gar nicht das Cystein, sondern N-Acetyl-Cystein, da in der Arbeit nirgends gezeigt worden ist, wie die letzte Acetylgruppe abgespalten wurde. Es ist auch aus diesem Grund irreführend, die Synthese als „präbiotische Cystein-Synthese“ zu bezeichnen. Auch für die katalytische Peptidkupplung von Ac-Gly-CN mit Glycin oder andere Peptidkupplungsreaktionen mussten mehrere Parameter zugleich genau eingestellt sein, damit die Reaktion abläuft (pH-Wert, Konzentrationen der Substrate und des Katalysators). Bei den Peptidkupplungen handelte es sich um isoliert durchgeführte Reaktionen und nicht um spontan ablaufende Polymerisations-Kettenreaktionen, die 20 oder mehr Aminosäuren über die für Proteine typischen Peptidbindungen verknüpfen würden. Die Arbeit gibt somit keinen Aufschluss darüber, wie es unter annähernd natürlichen Bedingungen zur Entstehung von Proteinen hätte kommen können. Außerdem sind alle Produkte (Aminosäuren, Peptide) in racemischer* Form erhalten worden, da die Reaktionen in keiner Weise stereoselektiv* waren. Das grundlegende Problem der Homochiralität* von Aminosäuren und anderen Biomolekülen stellt sich auch hier als unüberwindbares Problem für eine schrittweise natürliche Lebensentstehung dar.

Darüber hinaus stellen sich weiterführende Fragen im Hinblick auf die Entstehung bioche-

Die Cystein-Synthese von FODEN et al. ist intelligent geplant und kann nicht als „präbiotische Synthese“ gelten.

mischer Systeme überhaupt. FODEN et al. spekulieren in ihrem Artikel, dass „[...] Nitrile als frühe Energiewährung auf der präbiotischen Erde dienten.“⁴ Hier ist allerdings zu bedenken, dass es dann in der Naturgeschichte zu einer Umstellung von der Energiewährung der Nitrile auf ATP* hätte kommen müssen mitsamt den entsprechenden Änderungen bei allen biochemischen Energieverwertern – ein völlig absurdes Szenario, für dessen Möglichkeit es nicht den geringsten Hinweis gibt.

Die Arbeit von FODEN et al. ist aus chemischer Sicht durchaus sehr interessant. Aber wie auch andere präbiotische Experimente zeigt sie keinen Weg eines natürlichen Lebensursprungs auf – im Gegenteil: Es wird einmal mehr deutlich, dass ausgefeilte Versuchsplanung erforderlich ist; damit unterstreicht sie unbeabsichtigt die Plausibilität von Schöpfung.

Anmerkungen

- ¹ Die Reaktion eines Aldehyds mit einem Amin und Blausäure ergibt ein Aminosäurederivat und wird als „Strecker-Synthese“ bezeichnet
- ² „... but modern enzymes are a product of billions of years of evolution. ...“
- ³ „... presents a simple biomimetic strategy for prebiotic Dha synthesis, and we identified N,O-diacetyl-serine nitrile (Ac-Ser^{AC}-CN) as a key intermediate for prebiotic cysteine synthesis.“
- ⁴ „... in which nitriles served as an early energy currency on the primordial Earth, perhaps acting as a forerunner to adenosine 5-triphosphate and thioesters that drive reactions in extant biology.“

Literatur

- BIRKE H et al. (2012) Cysteine biosynthesis, in concert with a novel mechanism, contributes to sulfide detoxification in mitochondria of *Arabidopsis thaliana*. *Biochem. J.* 445, doi:10.1042/BJ20120038.
- FODEN CS et al. (2020) Prebiotic synthesis of cysteine peptides that catalyze peptide ligation in neutral water. *Science* 370, 865–869.
- FUJISHIMA K et al. (2018) Reconstruction of cysteine biosynthesis using engineered cysteine-free enzymes. *Scientific Reports* 8 (12), 1776.
- HIPKIN J & SATCHELL DPN (1965) The spontaneous and acid-catalyzed hydrolysis of thiocarboxylic acids. *Tetrahedron* 21, 835–842.
- JURGENSON CT (2009) The structural and biochemical foundations of thiamin biosynthesis. *Annu. Rev. Biochem.* 78, 569–603.
- ROMERO I et al. (2014) Transsulfuration is an active pathway for cysteine biosynthesis in *Trypanosoma rangeli*. *Parasites & Vectors* 7, 197–208.
- STADTMAN ER & LEVINE RL (2003) Free radical-mediated oxidation of free amino acids and amino acid residues in proteins. *Amino Acids* 25, 207–218.
- ZAIA DAM et al. (2008) Which Amino Acids Should Be Used in Prebiotic Chemistry Studies? *Orig. Life Evol. Biosph.* 38, 469–488.

Eiszeit: Indizien für abrupten Zusammenbruch des laurentischen Eisschildes

Zahlreiche groß- und kleinskalige Oberflächenformen in vielen Teilen Kanadas werden als Produkte subglazialer, hochenergetischer Schmelzwasserströme im Kontext von Megaflut-Ereignissen interpretiert. Einen neuartigen Blick auf einige dieser Formen bieten die Drohnen-Fotografie und die Videoanimation.

Michael Kotulla

Die Kontroverse: Eis oder Wasser

Drumlins, Eskers*, Tunnelkanäle (Tunneltäler, glaziale* Rinnen), S-Formen. – In der wissenschaftlichen Literatur besteht eine Jahrzehnte währende und weiter anhaltende Debatte darüber, ob die aufgezählten subglazialen* Landformen durch Eis oder durch Wasser (unter dem Eis) gebildet wurden (MUNRO-STASIUK et al. 2009). Während ihre Entstehung durch Eis quasi „gesetzt“ ist, wird der herausfordernde Erklärungsversuch – durch Wasser – von John SHAW und anderen als „Schmelzwasser-Hypothese“, „Ausbruchs-Flut-Hypothese“ oder einfach „Megaflut-Hypothese“ bezeichnet. Er besagt, dass diese Erosions- und Ablagerungsformen durch regionale Schmelzwasserfluten mit flächenhaften, mitunter schnell schießenden, turbulenten und Sediment-beladenen Wasserströmen entstanden. Für das Gebiet des French River (Ontario; bezogen auf eine Breite von 75 km) beträgt die geschätzte Abfluss- bzw. Durchflussrate $7,5 \times 10^6 \text{ m}^3\text{s}^{-1}$ (MUNRO-STASIUK et al. 2009, 97); Fluten dieser Dimension werden als Megafluten bezeichnet.

Die Entstehung dieser Formen (unter dem Eis) kann nicht beobachtet werden. SHAW (2002) zufolge müssen postulierte Prozesse für ihre Entstehung mit den Charakteristika der Formen übereinstimmen. Hierfür wendet er methodisch hauptsächlich den Analogieschluss an.

Zusammenbruch des Eisschildes

Was hat am Ende der Eiszeit initial den Zusammenbruch des laurentischen Eisschildes* bewirkt? BLANCHON & SHAW (1995, 7) schlagen vor, dass der Kollaps durch katastrophische Freisetzung von Schmelzwasser-Megafluten ausgelöst wurde, deren Wassermassen glazialen oder proglazialen* Reservoiren entstammten (s. Video 5, Kasten 2).

Diese Sichtweise wird u. a. durch die Beobachtung unterstützt, dass die mutmaßlich von

Zahlreiche subglaziale Formen können nur durch die Bildung von strömendem Wasser und nicht durch Gletscher-Aktivität erklärt werden.

Schmelzwasserströmen gebildeten subglazialen Oberflächenformen – nach Abfluss der Wasser – von der dann aufsetzenden (Rest-) Eismasse nicht mehr oder örtlich nur geringfügig überprägt worden sind; also wohl keine signifikante Eisbewegung mehr stattgefunden hat.



Abb. 1 S-Formen vom Typ Sichelwannen, French River (Ontario). Strömungsrichtung vom Betrachter weg. Inlet: Seitliche Aufsicht auf Sichelwannen; Strömungsrichtung von links nach rechts. Größe: jeweils Meter-Bereich. Fotos: © Geodoxa; Inlet: Screenshot von Video 1.



Abb. 2 S-Form. Visualisierung der Strömung, von rechts nach links: Hufeisenwirbel (horseshoe vortices). „Die skulpturierten Felsen von Cantley“, Quebec. Screenshot von Video 2 (© Geodoxa), siehe Kasten 1.



Abb. 3 Kavitationsmarken, French River (Ontario). Strömungsrichtung auf den Betrachter zu. Screenshot von Video 3 (© Geodoxa), siehe Kasten 1.

Die Formen und ihre Visualisierung

Eine neuartige Perspektive auf zahlreiche kleinskalige Formen bietet die Drohnen-Fotografie aus unterschiedlichen Höhen und Winkeln und ihre Erweiterung zu 3D-Darstellungen (Video-grammetrie). Daneben liegen inzwischen auch

vermehrt reine Animationsvideos vor, die insbesondere die mögliche Entstehung der Formen eindrucksvoll und nachvollziehbar präsentieren. Für die Formen, die in Kasten 1 und 2 in Kurzform beschrieben werden, werden Videoempfehlungen ausgesprochen, die teilweise in Vorträgen und in Verbindung mit universitären Lehrveranstaltungen verwendet wurden.

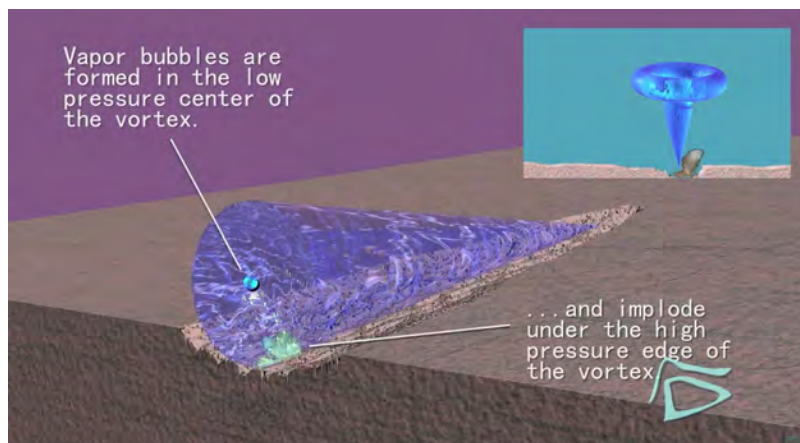


Abb. 4 Entstehung von Kavitationsmarken durch Kavitationserosion. Screenshot von Video 3 (© Geodoxa), siehe Kasten 1. Strömungsrichtung des turbulenten, schießenden Wassers von links nach rechts. Beschriftung übersetzt: „Im Niederdruckzentrum des Wirbels bilden sich Dampfblasen. ... und implodieren unter der Hochdruckkante des Wirbels.“

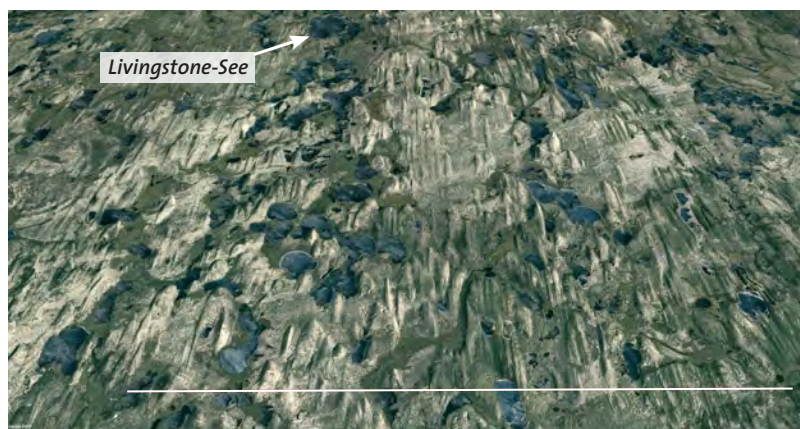


Abb. 5 Drumlin-Feld im Gebiet des Livingstone-See, Nord-Saskatchewan (Kanada). Strömungsrichtung von Nordosten (= oben) nach Südwesten. Schräge Aufsicht, N etwa links oben, weiße Linie (unten) 15 km; Koordinaten Bildmitte: 58°30'09"N, 107°26'27"W. Bild: Google Earth Pro, Eintragungen durch den Verfasser.

Resümee

Zur Entstehung der skulpturierten Formen (S-Formen) haben SHAW et al. (2020)⁴ kürzlich eine umfassende Arbeit vorgelegt, die u. a. die wissenschaftlich methodische Vorgehensweise nachvollziehbar und überzeugend aufzeigt: a) Ähnlichkeit der Formen: moderne Erosionsmarken und subglaziale S-Formen; b) Analogie der Entstehung dieser Formen: durch Fließprozesse; Vergleich von Geländebeobachtungen, Wasserkanal-Experimenten und rechnergestützten Dynamiken von Fluiden (Strömungslehre); c) daraus resultierend die Interpretation der subglazialen, hydrologischen Konditionen. – Die Autoren folgern erneut: Die S-Formen müssen sich unter einer abrupt endenden katastrophischen Flutströmung gebildet haben.

Anmerkungen

- ¹ Diese Video-Vorlesung hielt John SHAW bei einem Mini-Symposium 2017 mit dem Titel „The Beauty of Drumlins and the Mystery of their Genesis“.
- ² Dieses Video wurde für die Quartärkonferenz CANQUA/AMQUA 2018 in Ottawa produziert, insbesondere zur Vorbereitung der Teilnehmer auf die Exkursion zu den skulpturierten Felsen von Cantley, Quebec.
- ³ Landesamt für Geologie, Rohstoffe und Bergbau Baden-Württemberg: <https://lgrbwissen.lgrb-bw.de/glossar/drumlin>
- ⁴ John SHAW verstarb 2018; der Artikel ist von Kollegen posthum fertiggestellt und schließlich publiziert worden.

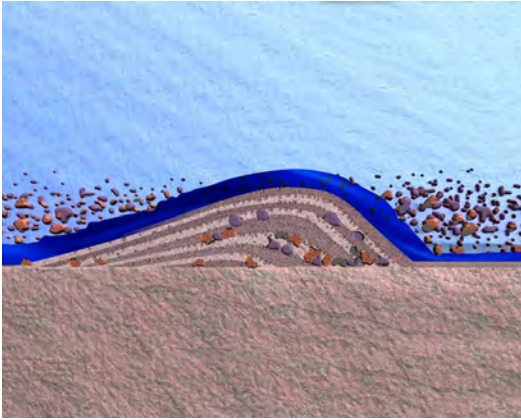


Abb. 6 Entstehung eines Ablagerungs-Drumlins. Screenshot von Video 4 (© Geodoxa), siehe Kasten 2.

Glossar

Esker: Höhenrücken (irische Herkunft); geschwungener Kamm aus teilweise geschichtetem Sand und Kies. Auch als Os (skandinavische Herkunft) bezeichnet.

Glazial: Eiszeitlich; allgemein für Erscheinungen der Eiszeit(en) oder konkret für Tätigkeit des Gletschereises (→ glazigen).

Glazigen: Vom Gletscher- oder Inlandeis geschaffene Formen und abgelagerte Sedimente, z. B. Till (Geschiebemergel). – Diese kurze Definition geht auf die

Wirkkraft subglazialer Schmelzwasser nicht ein.

Glaziofluvial: Unter dem Einfluss von Schmelzwasser entstanden; → pro- oder subglazial.

Laurentischer Eisschild: Größter Teil des nordamerikanischen Eismassen-Komplexes; laurentisch: ausgestorbene Sprache der irokesischen Sprachfamilie (ehemals an den Ufern des Sankt-Lorenz-Stroms verbreitet).

Pro-/subglazial: vor/unter der Eismasse/ dem Gletscher gebildet/befindlich.

1 | Skulpturierte Formen (sog. S-Formen) – Videos 1 bis 3

Alle S-Formen sind durch Erosion entstanden (Abb. 1-4). Aus dem Gebiet des French River (Georgsbucht) werden transversale (querverlaufende), longitudinale (längslaufende) und ungerichtete Formen beschrieben und unterschieden (KOR et al. 1991, MUNRO-STASIUK et al. 2009). Sie reichen vom Millimeter- bis zum Zehnermeter-Bereich.

Sichelwannen: Sichelförmige, konvexe Strömungsmarken, mit „Armen“, die sich um den Mittelkamm erstrecken (Abb. 1). Sie treten häufig in Gruppen auf, mitunter verschachtelt oder kaskadiert („hintereinandergeschaltet“).

Muschelbrüche: Flache Einsenkungen, die inversen Muschelabdrücken ähneln; mit schar-

fen, konvexen (Aufströmungs-) Rändern.

Spindelmarken: Längliche, flache, spindelförmige Erosionsfurchen mit scharfen Rändern an der Aufströmungsseite.

Strudellöcher: Trichterförmige oder zylindrische Aushöhlungen (Kolke) in Festgestein; Erosion durch Sediment-beladene spiralförmige Strömung.

Kavitationsmarken: Längliche, tiefere, unregelmäßig spindelförmige Riefen im Millimeter- bis Zentimeter-Bereich, häufig in Gruppen neben- und hintereinander (Abb. 3-4).

Videoempfehlungen

Video 1: S-forms: form, pattern and process – Evidence for megafloods (13:10 min.)¹

[S-Formen: Form, Muster und Prozess – Evidenz für Megafluten];

<https://www.youtube.com/watch?v=Qg74Qmg9hKI>

Video 2: Cantley, Quebec – Monument of the Ice Age (10:31 min.)² [Monument der Eiszeit];

https://www.youtube.com/watch?v=wYp8nolc_Uk

Video 3: Hydraulic Shock by Subglacial Water – French River (7:51 min.) [Hydraulischer Schock durch subglaziale Wasser];

<https://www.youtube.com/watch?v=JDF6m-6t1lo>

2 | Drumlins – Videos 4 und 5

Im Glossar von „LGRBwissen“³ heißt es: „Drumlin: von Gletschern aus den an der überfahrenen Geländeoberfläche anstehenden Gesteinen stromlinienförmig herausmodellierte längliche Hügel, deren Längsachse in Richtung der Eisbewegung weist“ (im Tatsachen-Modus). SHAW et al. (1989) unterscheiden in Nord-Saskatchewan „Erosions-Drumlins“ (Residual-Hügel) und „Ablagerungs-Drumlins“ (sedimentärer Aufbau). Ihre Länge variiert von Zehner Meter bis zu Zehner Kilometer und ihre Breite reicht bis Hunderte Meter.

In beiden Fällen werden die Drumlins als glaziofluviale* Bildungen interpretiert. Im zweiten Fall wird angenommen, dass strömendes, turbulentes Wasser das Eisbett von unten erodiert und in den dann entstandenen Hohlräumen angeliefertes und aus dem Eisbett gespültes Material sedimentiert wird (Abb. 5-6). Als Argument nennen sie u. a., dass diese Drumlins hauptsächlich von geschichtetem Material aufgebaut seien. – Die Verbreitung von Drumlin-Feldern in Kanada ist enorm, sie nehmen dort etwa drei Viertel der Fläche ein.

Videoempfehlungen

Video 4: Theory of depositional drumlin (1:30 min.)

[Theorie des Ablagerungs-Drumlin];

<https://www.youtube.com/watch?v=xKtUpWZ8RqQ>

Video 5: Ice age controversy (6:32 min.)

[Eiszeit-Kontroverse];

https://www.youtube.com/watch?v=vWPew_EzUY

Literatur

- BLANCHON P & SHAW J (1995) Reef Drowning during the last deglaciation: Evidence for catastrophic sea-level rise and ice-sheet collapse. *Geology* 23, 4-8.
- MUNRO-STASIUK MJ, SHAW J, SJÖRGEN DB, BRENNAND TA, FISHER TG, AHARPE DR, KOR PSG, BEANEY CL & RAINS BB (2009) The morphology and sedimentology of landforms created by subglacial megafloods. In: BURR DM, CARLING PA & BAKER VR (eds.) *Megaflooding on Earth and Moon*, 78-103.
- KOR PSG, SHAW J & SHARPE DR (1991) Erosion of bedrock by subglacial meltwater, Georgian Bay, Ontario: a regional view. *Can. J. Earth Sci.* 28, 623-642.

SHAW J (2002) The meltwater hypothesis for subglacial bedforms. *Quaternary International* 90, 5-22.

SHAW J, KVILL D & RAINS B (1989) Drumlins and catastrophic subglacial floods. *Sedimentary Geology* 62, 177-202.

SHAW J, GILBERT RG, SHARPE DR, LESEMANN J-E & YOUNG RR (2020) The origins of s-forms: Form similarity, process analogy, and links to high-energy, subglacial meltwater flows. *Earth-Science Reviews* 200, 102994.

Link

Geodoxa: <https://www.geodoxa.com/>

■ „Säbelzähne“ nicht nur bei ausgestorbenen Katzen

1996 beschrieb der russische Insektenkundler und Ameisenspezialist DLUSSKY erstmals Gattungen von Ameisen aus Bernstein von Myanmar. Auffälliges Merkmal bei der neuen Gattung *Haidomyrmex* waren an den Wangen sitzende Mandibeln, die extrem verlängert sind und einen Ellenbogen-artigen Winkel aufweisen, was den Hautflüglern ein raubtierartiges Aussehen verleiht. Einige der Exemplare weisen darüber hinaus Horn-artige Auswüchse am Kopf auf, die mit den extrem verlängerten und gebogenen Mandibeln ein hinsichtlich der Beutetiere beängstigendes „Gebiss“ bilden (Abb. 1). Den Autor hat das an den Hades (gr.: haidos = Totenreich) erinnert und so hat er den Gattungsnamen *Haidomyrmex* gewählt; auf Deutsch hat sich die Bezeichnung „Höllenameisen“ etabliert.

BARDEN & GRIMALDI (2012) haben zwei neue *Haidomyrmex*-Arten als Bernsteininkluden aus der Kreide von Myanmar beschrieben, die sie im entsprechenden Titel als „bizarr“ beschreiben. MCKELLAR et al. (2013) charakterisieren eine weitere Art aus der späten Kreide von Kanada, die ebenfalls als Einschluss in fossile Harz vorliegt. Unter verschiedenen in Bernstein eingeschlossenen Ameisen aus der Mittleren Kreide von Frankreich beschrieben PERRICHOT et al. (2008) ebenfalls eine fos-

sile Höllenameise. Eine Untersuchung der Ähnlichkeiten von Ameisen anhand von 42 morphologischen Merkmalen liefert ein Cladogramm, in dem die *Haidomyrmex*-Arten von den anderen Ameisen getrennt sind, bevor der Ausgangsknoten (hypothetischer letzter gemeinsamer Vorfahr) aller heute lebenden Ameisen auftaucht (BARDEN & GRIMALDI 2012). Die Höllenameisen zeigen sich im Cladogramm also als abgegrenzte Ameisengruppe.

Bisher ist völlig unklar, wie die *Haidomyrmex*-Arten so extreme Kauwerkzeuge in einer erstaunlichen Vielfalt ausbilden konnten, die inzwischen vollständig verschwunden und bei keiner der heute lebenden Ameisen zu finden. Nun beschreiben BARDEN et al. (2020) eine in Bernstein fixierte Erbeutung einer durchaus wehrhaften Nymphe einer ausgestorbenen Schabenart (*Caputoraptor elegans*, Ordnung Alienoptera) durch eine Höllenameise (*Ceratomyrmex ellenbergeri*).

In ihrer Arbeit bemerken die Autoren einleitend, dass nach derzeitigem Kenntnisstand der Fossilbericht der Ameisen in Bernstein in Schichten beginnt, die den Stufen Albium und Cenomanium (ca. 100 Millionen radiometrische Jahre, MrJ) und Campanium (ca. 78 MrJ), also dem System der Kreide in Frankreich und Myanmar bzw. Kanada zugeordnet werden. Von den über 50 daraus beschriebenen Ameisenarten können nur zwei eindeutig heute vorkommenden Arten zugeordnet

werden. Fast alle Ameisen aus der Kreide gehören also ausgestorbenen Formen mit teilweise exotischem Aussehen an, wobei die Gattung *Haidomyrmex* davon die extremsten Formen aufweist.

Zunächst stellten BARDEN et al. Ähnlichkeitsvergleiche an, indem sie 64 verschiedene Merkmale von 112 Arten heute lebender und fossiler Ameisentaxa mittels verschiedener Algorithmen (Bayes'sche und Parsimony-Methoden) miteinander vergleichen und als entsprechende Cladogramme darstellen. Diese zeigen erneut, dass die zu *Haidomyrmex* gehörenden Arten eine geschlossene Gruppe bilden, die sich von den übrigen Ameisen abspaltet, bevor sich diese gemäß dem evolutionären Modell weiter aufspalten und sich dabei in die sogenannten Stamm-Ameisen (ebenfalls ausgestorben) und die Kronen-Ameisen (heute lebend) verzweigen.

In der fossil überlieferten Jagdsituation, in der die extrem geformten Mandibeln und das Horn von *C. ellenbergeri* den Halsbereich der Beute umschließen, lässt sich die Funktionsweise des „Bisses“ erahnen. Bei Höllenameisen scheinen die extremen Mandibeln in einer Weise zu funktionieren, wie das bei heutigen Ameisen nicht beobachtet wird. Die Mandibeln heutiger Ameisen bewegen sich im Vergleich zur ausgestorbenen Gattung um 90° verdreht, also seitlich oder horizontal. Die im Vergleich zu heutigen Ameisen vertikal (dorsoventral) verlängerte Kopfkapsel scheint dazu geeignet, dass die markanten Mandibeln extrem nach unten ausgelenkt und möglicherweise sehr schnell vertikal gegen das Horn nach oben „geschlossen“ werden können. Eine computertomographische Untersuchung könnte möglicherweise erhaltene Gewebestrukturen in der Kopfkapsel abbilden und so dazu beitragen, die Funktion weiter aufzuklären. BARDEN et al. (2020) spekulieren darüber, dass der Mechanismus ähnlich wie bei einer Schnappkieferrameise funktionieren könnte.

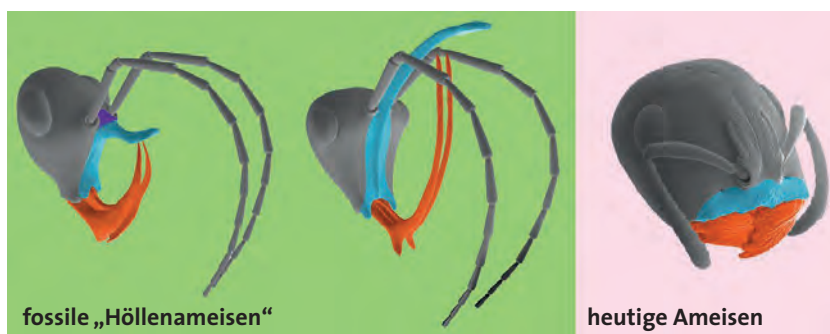


Abb. 1 Modelle von Kopfkapseln fossiler *Haidomyrmex*-Exemplare (links) und die einer typischen heute lebenden Ameise (rechts). Die Mandibeln (orange) scheinen für ihre Funktion eine unterschiedlich orientierte Beweglichkeit zu erfordern. Die Hornstruktur bildet sich aus dem Clypeus (blau). (Aus BARDEN et al. 2020, mit freundlicher Genehmigung)

Bei dieser sind die Mandibeln wie bei einer Schlagfalle vorgespannt und schnappen mit einer extrem schnellen vertikalen Bewegung zu, wenn das Beutetier entsprechende Sinneshaare berührt und damit den Mechanismus auslöst (WINKLER 2007). Dieser vermutete Mechanismus kann natürlich durch eine fossile Momentaufnahme nicht nachgewiesen, sondern bestenfalls mehr oder weniger plausibel gemacht werden.

Insgesamt bleibt die erstaunte Verwunderung, dass es nicht nur bei ausgestorbenen Wirbeltieren exotisch ausgerüstete Jäger – z.B. die Säbelzahnkatzen – gibt, sondern dass entsprechende Beispiele auch bei den Insekten zu finden sind. (BARDEN et al. (2020) wählen für die extrem ausgeformten Mandibeln der Höllenameisen den bildhaften Vergleich von Sensen.) Die behauptete „Erklärung“ für die extrem ausgeformten Mandibeln, dass sie sich aufgrund entsprechenden Jagdverhaltens herausgebildet haben sollen, ist zwar eine interessante Spekulation, aber angesichts des – bisher – einzigen Hinweises durch eine entsprechende Bernsteininkluse ist sie nicht wirklich plausibel zu machen. In der naturwissenschaftlichen Arbeit ist es geboten, nicht einfach einem gängigen Denkschema (hier: evolutionäre Dynamik) entsprechend den Interpretationsspielraum aufzublasen, sondern diesen der Datenlage entsprechend nüchtern und sachbezogen zu gestalten. Warum und wie sich diese exotischen und extremen Formen herausgebildet haben und warum sie ausgestorben sind, ist bisher nicht verstanden und wird vermutlich auch zukünftig Gegenstand unterschiedlichster Spekulationen sein bzw. durch neue Funde weiter erhellt werden.

Die hier vorgestellte Arbeit stellt ein eindruckliches Beispiel dafür dar, wie der Fossilbefund ein oft überraschend reichhaltiges Spektrum an exotischen Lebensformen liefert, das uns aus der Gegenwart nicht bekannt ist. Gleichzeitig wird uns vor Augen geführt, dass die Informationen durch diese Momentaufnahmen aus der Erdgeschichte

begrenzt sind und damit auch unser Zugang und unsere Erkenntnis in diesem so spannenden Forschungsfeld der Paläontologie.

[BARDEN P, PERRICHOT V & WANG B (2020) Specialized predation drives aberrant morphological integration and diversity in the earliest ants. *Curr. Biol.* 30, 3818–3824 • BARDEN P & GRIMALDI D (2012) Rediscovery of the bizarre Cretaceous ant *Haidomyrmex Dlussky* (Hymenoptera: Formicidae), with two new species. *Am. Museum. Novitates* 3755, 1–16 • DLUSSKY GM (1996) Ants (Hymenoptera: Formicidae) from Burmese Amber. *Paläont. J.* 30, 449–454 • MCKELLAR RC, GLASIER JRN & ENGEL MS (2013) A new trap-jawed ant (Hymenoptera: Formicidae: Haidomyrmecini) from Canadian late Cretaceous amber. *Can. Entomol.* 145, 454–465 • WINKLER N (2007) Ameisen – Neue Überraschungen (Teil 3). *Stud. Integr. J.* 14, 30–32] H. Binder

■ Fossiler „Mini-Tukan“ mit unerwarteten Merkmalen

Haben neu entdeckte Fossilien Merkmale bzw. Merkmalsausprägungen, die evolutionstheoretisch zu erwarten sind und Lücken im mutmaßlichen Stammbaum schließen? Das wird oft behauptet, aber entspricht häufig nicht der Realität. Von einem außergewöhnlichen Fund, der in kein Evolutionsschema passt, berichteten Patrick O'CONNOR von der Ohio University und sein Team (O'CONNOR et al. 2020). Auf Madagaskar entdeckten sie Teile eines Vogelschädels (Abb. 1), dessen Fundschicht in die oberste Oberkreide gestellt wird (Maastrichtium, mit 72 bis 66 Millionen radiometrischen Jahren angegeben). Das Besondere daran ist der relativ lange, hohe und vorne gebogene Schnabel, der keinem Schnabel anderer mesozoischer Vögel gleicht. FIELD (2020, 221) bezeichnet seine Form als „verblüffend“ und „äußerst bizarr“ („stunning“, „utterly bizarre“); sie erinnert am ehesten an den Schnabel heutiger Tukane; allerdings ist der neu entdeckte Vogel mit nur wenigen Zentimetern Größe sehr viel kleiner.

Die neue Art wurde *Falcatakely forsterae* („Forsters kleiner Sensenschnabel“) genannt und wurde zur Gruppe der sogenannten Gegenvögel (Enantiornithes) gestellt, die am Ende der Kreidezeit ausstarb. Diese Zuordnung ist aber unsicher, denn

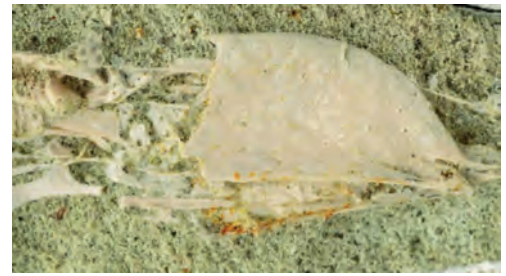


Abb. 1 Der ungewöhnlich tiefe und verlängerte Schnabel von *Falcatakely* ist fossil gut erhalten. (Aus O'CONNOR et al. 2020)

der Schädel weist außer der Schnabelform noch weitere ungewöhnliche Merkmale auf. So besitzt er am Oberkiefer einen einzigen Zahn am Ende seines sichelförmigen „Tukan-Schnabels“. Es könnte sein, dass es an der Spitze weitere Zähne gab (die Schnabelspitze ist nicht vollständig erhalten), aber es gibt eindeutig keine Zähne irgendwo sonst entlang des Kiefers. Diese Konstellation ist im Gegensatz zur Situation aller anderen Vögel, die aus dem Mesozoikum bekannt sind: Diese haben Zähne im gesamten Kiefer, aber keine an der Schnabelspitze (es gibt auch völlig zahnlose Formen). Unter den etwa 200 bekannten mesozoischen Vogelarten hat keine einen Schädel, der dem von *Falcatakely* auch nur annähernd ähnelt, so FIELD (2020, 221).

Die sehr gute fossile Erhaltung erlaubte es, ein 3D-Modell des Schädels zu entwerfen. Dabei zeigte sich bei der Untersuchung des Gaumens ein unerwarteter Knochen, das Ektopterygoid. Dieser fehlt bei heutigen Vögeln, ist aber von manchen Dinosauriern und frühen Vögeln wie dem „Urvogel“ *Archaeopteryx* und *Sapeornis* bekannt – eine ungewöhnliche Merkmalskombination. Aufgrund anderer Merkmale schließen O'CONNOR et al. (2020) jedoch dennoch, dass *Falcatakely* zu den Gegenvögeln gehört, obwohl das Ektopterygoid auf eine andere Verwandtschaft hinweist. Die Gesichtsanatomie gleicht einerseits den Neornithes (heutige Vögel), andererseits ähnelt die Maxilla-Prämaxilla-Organisation derjenigen von Theropoden, die nicht zu den Vögeln gestellt werden (O'CONNOR et al. 2020, 274); die Forscher nehmen daher eine konvergente Entwicklung an. FIELD (2020, 222) merkt an,

dass diese Merkmalswidersprüche gegenwärtig eine Entscheidung über die systematische Zugehörigkeit nicht erlauben.

Kommentar. Einmal mehr wird vom *Nature*-Kommentator FIELD (2020, 222) die evolutionsbiologische Deutung einer „Experimentierung“ herangezogen und er argumentiert, dass innerhalb der Gegenvögel auch gegen Ende ihrer Existenz mit neuen Formen „experimentiert“ worden sei. Ein „Experimentieren“ hat im evolutionstheoretischen Sprachspiel jedoch keinen Platz, weil der Begriff Zielorientierung beinhaltet. *Falcatakely* ist eine evolutionstheoretisch unerwartete Form, die evolutionstheoretisch eine neue Linie erfordert statt Lücken in etablierten Linien zu füllen.

Es scheint allgemein einen Trend zu geben: Je mehr Funde, desto vernetzter die Merkmalsbeziehungen, was evolutionstheoretischen Erwartungen wiederum nicht entspricht. Bei *Falcatakely* handelt es sich wohl um eine Vernetzung zwischen Gegenvögeln und Urvögeln, angereichert mit nicht ins gängige System einordenbaren Merkmalen. Diese Situation entspricht einer freien Kombinierbarkeit von Merkmalen, nicht dem Ergebnis eines nach bestimmten Regeln verlaufenden natürlichen Evolutionsprozesses.

FIELD (2020, 222) merkt noch an, dass es eines der größten Rätsel der Evolutionsgeschichte der Vögel sei,

warum die Gegenvögel durch das Massenaussterben an der Kreide/Tertiär-Grenze verschwanden, während die frühesten modernen Vogelstämme überlebten. „Also, lasst uns weiter graben!“ so sein Schlusssatz. Aber vielleicht machen weitere Funde das Rätsel nur noch größer, wie es bei *Falcatakely* der Fall ist.

[FIELD DJ (2020) The changing face of birds from the age of dinosaurs. *Nature* 588, 221–222 • O’CONNOR PM et al. (2020) Late Cretaceous bird from Madagascar reveals unique development of beaks. *Nature* 588, 272–276.] R. Junker

■ Nachtfalter mit optimaler Antennenstruktur

Fliegende Insekten können sich typischerweise über weite Distanzen mittels ihres auffällig gut ausgebildeten Geruchssinns (olfaktorische Wahrnehmung) orientieren und finden so geeignete Lebensräume, Nahrung und Fortpflanzungspartner. Bei vielen Schmetterlingsarten scheiden die Weibchen geringe Mengen von Pheromonen aus, um damit spezifisch die artgleichen Männchen anzulocken. Diese nehmen mit ihren gut ausgebildeten Antennen diese flüchtigen Sexuallockstoffe wahr und machen sich auf den Weg, um die Weibchen zu befruchten. Die entsprechende Signalwirkung funktioniert bei Entfernungen von einigen hundert Metern bis zu wenigen Kilometern. Beim Empfänger kommen daher

nur wenige Moleküle an, die zuverlässig detektiert werden müssen, um den Fortpflanzungserfolg zu ermöglichen.

JAFFAR-BANDJEE et al. (2020) haben Untersuchungen bei Pfauenspinnern (Saturniidae) angestellt, um besser zu verstehen, wie eine derart hohe Sensitivität realisiert wird. Die Autoren haben für ihre Untersuchungen den Götterbaum- oder Ailanthus-Spinner (*Samia cynthia*) als Modellobjekt gewählt (Abb. 1). Dies ist eine in Ostasien beheimatete Art, mit der aber weltweit Seidenzuchten durchgeführt wurden und die in Gegenden mit verwildertem Götterbaum (z. B. um Wien oder im Tessin) sich seit langem als Neozoon (Neubürger) etabliert hat. Bei allen Pfauenspinnern – also auch beim Götterbaum-Spinner – muss die Fortpflanzung in einem sehr engen Zeitfenster erfolgen, da diese als erwachsene Tiere (Imagines) nur verkümmerte Verdauungsorgane aufweisen und daher keine Nahrung aufnehmen; sie leben von den Reserven, die sie in den Larvenstadien angesammelt haben, und leben nur bis wenige Tage. Die Antennen der Saturniidae-Männchen und vieler weiterer Nachtfalter weisen eine an Federn erinnernde Struktur auf: Sie besteht aus einem Hauptast, dem Flagellum, von dem Seitenäste (Rami) abgehen; von diesen gehen noch feine Härchen ab (Sensillen). Für ihre strömungsdynamischen Untersuchungen haben die Autoren ein vergrößertes 3D-Modell einer Ramusspitze gedruckt. Damit haben sie sich in ihren Untersuchungen darauf konzentriert, wie der Einfang der Pheromonmoleküle, die sich in der umgebenden Luft befinden, durch die Sensillen erfolgt.

JAFFAR-BANDJEE et al. konnten an ihrem Modell den in der Literatur bereits beschriebenen Effekt der „olfaktorischen Linse“ nachvollziehen. Dieser beschreibt das Phänomen, dass an der Spitze der Sensillen die Konzentration der Pheromonmoleküle am höchsten ist. Am Modell lässt sich nachvollziehen, dass dafür die Anströmung sowie der Aufbau und die Geometrie der Sensillen ausreichen.



Abb. 1 Der Götterbaum- oder Ailanthus-Spinner *Samia cynthia* (Hectonichus, CC BY-SA 4.0)

Die Untersuchung an dem vergrößerten Modell der Antennen von *S. cynthia* ergab, dass die Geometrie der Antenne entscheidend für die hochempfindliche Detektion von Pheromonmolekülen ist. Die Ergebnisse an dem kleinen Ausschnitt der komplexen Antenne zeigen, dass die Sensitivität bei den Fluggeschwindigkeiten dieser Pfauenspinners-Art optimal ist. Die Autoren gehen davon aus, dass durch detaillierte Untersuchungen der Geometrien der Antennen von verschiedenen Saturniidae-Arten noch viele spannende und technisch inspirierende Erkenntnisse zu gewinnen sind.

[JAFFAR-BANDIEE M, STEINMANN T, KRIJNEN G & CASAS J (2020) Insect pectinate antennae maximize odor capture efficiency at intermediate flight speed. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 117, 28126–28133] H. Binder

■ „Tarnkappen“-Flügel von Nachtschmetterling: ein Metamaterial?!

Manche Materialien mit entsprechender Beschaffenheit zeigen bei Wechselwirkung mit elektromagnetischen Wellen oder mit Druckwellen außerordentliche Effekte. Sie werden als Metamaterialien bezeichnet. Ein Beispiel dafür sind sogenannte Tarnkappen: Aufgrund sehr feiner und regelmäßiger Oberflächenstrukturen lässt sich z.B. der Brechungsindex des Lichts so beeinflussen, dass das Objekt bei entsprechendem Licht unsichtbar wird. In manchen Definitionen für Metamaterialien wird betont, dass solche Materialien aufwändig konzipiert werden müssen und in der Natur nicht vorkommen.

Nun haben NEIL et al. (2020) eine Arbeit veröffentlicht, in deren Titel sie die Flügel von Nachtschmetterlingen als akustische Metamaterialien bezeichnen. Durch den Aufbau des Flügelsystems sind die Nachtfalter vor Fledermäusen, die sie mit Hilfe akustischer Signale und Echoortung jagen, mit einer Tarnkappe geschützt. Sie können sich damit der Ultraschallortung durch diese Fressfeinde weitgehend entziehen. Die komplexen Schuppen auf den Fal-



Abb. 1 Chinesischer Eichenseidenspinner (*Antheraea pernyi*), ein Nachtfalter, an dem NEIL et al. (2020) aufgrund von elektronenmikroskopischen und mikrocomputertomographischen Aufnahmen zeigen konnten, dass die Struktur der Flügel diese als akustisches Metamaterial ausweist. (Kugamazog commonswiki, CC BY-SA 2.5)

terflügeln absorbieren 72 % der Schallintensität bei einer Frequenz von 78 kHz. Durch die Kombination der einzelnen Schuppen mit der sehr dünnen, vernetzten Flügelmembran bilden sie einen akustischen Breitbandabsorber, der wie eine akustische Tarnkappe gegenüber dem Ortungssystem der Fledermäuse wirkt. Die Autoren bemerken, dass diese ultradünnen Strukturen, die als akustisches Metamaterial wirken, interessante Möglichkeiten zur Lärmdämmung aufzeigen. Sie argumentieren mit dem Stereotyp der evolutionären Reaktion der Nachtfalter auf den Fraßdruck durch die mit Ultraschall-Echoortung jagenden Fledermäusen. Dabei ist aber nicht klar, wie der vorherrschende Druck durch den Jäger beim Beutetier die Entwicklung eines solchen Metamaterials auslösen und erreichen soll; ein solches soll doch – zumindest nach manchen Definitionen – in der Natur gar nicht vorkommen, sondern nur von intelligenten und beharrlichen Entwicklergruppen konzipiert und realisiert werden können.

Wenn dieses akustische Metamaterial bei Nachtfaltern realisiert ist, dann kann das als Hinweis auf eine Konzeption und damit auf einen Schöpfer interpretiert werden.

[NEIL TR, SHEN Z, ROBERT D, DRINKWATER BW & HOLDERRIED MW (2020) Moth wings are acoustic metamaterials. *Proc. Nat. Acad. Sci.*; doi:10.1073/pnas.2014531117] H. Binder

■ Flugunfähigkeit bei Vögeln – ein verbreitetes Phänomen

Ein seit Langem bekanntes Phänomen ist der Verlust der Flugfähigkeit bei Vögeln. In den meisten Fällen sind flugunfähige Vogelarten mit flugtauglichen Arten nah verwandt, so dass ein sekundärer Flugverlust offenkundig und eine primäre Flugunfähigkeit (s. u.) unwahrscheinlich ist. Besonders häufig kommen flugunfähige Vogelarten auf ozeanischen Inseln vor; ein relativ bekanntes Beispiel ist der Galapagos-Kormoran, der auf zwei der Galápagos-Inseln im Pazifik lebt (Abb. 1).

Unter den heutigen Vogelarten sind etwa 60 Arten flugunfähig. Doch in einer aktuellen Analyse zeigt ein Forscherteam um Manuel Steinbauer von der Universität Bayreuth, dass Flugverlust in der Geschichte der Vögel viel öfter eingetreten ist. Denn seit dem Ende der Eiszeit sind überproportional viele flugunfähige Vögel – mindestens 166 Arten – ausgestorben, direkt oder indirekt bedingt durch menschliche Tätigkeit (SAYOL et al. 2020).

Es zeigt sich, dass in mehr als der Hälfte aller Vogelordnungen mindestens eine Vogelart ihre Flugfähigkeit verloren hat; insgesamt mindestens 150 Mal unabhängig; 35 Mal bei den heute lebenden Arten (SAYOL et al. 2020, 2). Durch weitere Un-



Abb. 1 Flugunfähiger Galapagos-Kormoran (*Nannopterum harrisi*) auf Isabela, Tagus Cove, beim Trocknen der kurzen Flügel. (Ellen Goff/Danita Delimont, AdobeStock)

tersuchungen wird sich diese Zahl wahrscheinlich noch erhöhen.

Ursprünglich muss der Flugverlust vorteilhaft gewesen sein. Fliegen ist energetisch sehr aufwändig, und wenn aufgrund der Konkurrenzverhältnisse (besonders auf Inseln) die Flugfähigkeit nicht benötigt wird, können durch den Verlust Ressourcen gespart werden. Flugunfähige Vögel sind größer und schwerer als ihre flugfähigen Verwandten und haben oft andere ökologische Nischen erschlossen, die andernorts durch Säugetiere besetzt sind. Mit der Ankunft des Menschen und der durch ihn eingeführten Tiere änderte sich diese Situation jedoch; die flugunfähigen Vögel waren nun deutlich im Nachteil, da sie agilen Jägern nicht gut entkommen können. Es liegt also ein Selektionsdruck zur Re-Etablierung des Fliegens vor.

Neben diesen bedauerlichen ökologischen Konsequenzen ist die Häufigkeit des Flugverlusts aber auch relevant für evolutionstheoretische Fragen. Flugunfähigkeit bei heutigen Arten mit echten Federn wird nämlich immer als sekundär angesehen (CHIAPPE 2002). Ein Weg

zurück zur Flugfähigkeit wurde nie beschritten. Das ist insofern bemerkenswert, als Flugerwerb ursprünglich evolutiv ausgehend von primär flugunfähigen Dinosauriern erfolgt sein soll. Das ist paradox: Ein sehr viel aufwändigerer Um- und Neubau des Flugapparats soll zwar möglich gewesen sein, nicht aber die Wiedererlangung der Flugfähigkeit ausgehend von sekundär flugunfähigen Formen, und das, obwohl dazu aufgrund der großen Artenzahl viele Möglichkeiten dafür bestehen sollten. Außerdem: Wenn Flugfähigkeit energetisch so „teuer“ ist, dass sie anscheinend bei jeder sich bietenden Möglichkeit aufgegeben wurde, ist es auch aus diesem Gesichtspunkt unplausibel, dass Flugfähigkeit jemals *de novo* ausgehend von flugunfähigen Formen entstanden ist – bei sehr viel größerem Aufwand des Neuerwerbs.

Am Rande sei noch angemerkt: Aus der Sicht der Schöpfungslehre könnte man bei einigen flugunfähigen Vögeln eine *primäre* Flugunfähigkeit annehmen, so zum Beispiel bei den Kiwis oder den Pinguinen. Denn diese Formen sind deutlich

gegen andere Vogelgruppen abgegrenzt und mit flugfähigen Arten nicht näher verwandt. Nicht jede Vogelart muss fürs Fliegen erschaffen worden sein.

[CHIAPPE LM (2002) Osteology of the flightless *Patagopteryx deferrariasi* from the Late Cretaceous of Patagonia (Argentina). In: CHIAPPE LM & WITMER LM (eds) Mesozoic birds: Above the heads of dinosaurs. Berkeley, Los Angeles, London: University California Press, pp 281–316 • SAYOL F, STEINBAUER MJ, BLACKBURN TM, ANTONELLI A & FAURBY S (2020) Anthropogenic extinctions conceal widespread evolution of flightlessness in birds. Sci Adv. 6:eabb6095] R. Junker

■ Die Frage nach der Entstehung von Arten

Drei Biologen, Evolutionsbiologen und Populationsgenetiker, haben einen Perspektiv-Beitrag in „Science“ mit der Titelfrage überschrieben: Wie viele genetische Veränderungen sind für die Entstehung neuer Arten erforderlich?“ („How many genetic changes create new species?“; NOSIL, FEDER & GOMPERT 2021). Sie eröffnen den Text mit dem Lehrbuchwissen, dass neue Arten die Vielfalt

der Lebewesen bewirken und deren Neubildung oft evolutiv durch natürliche Selektion verursacht wird. Die folgende Feststellung aber lässt aufhorchen: Wie viele genetische Veränderungen zur Artbildung erforderlich sind, ist weitgehend unbekannt! Die Autoren führen verschiedene, von den Fachleuten diskutierte theoretische Modelle an. Wenn beispielsweise keine geographische Isolation im Spiel ist, erfolgt Artneubildung durch eine kleine Anzahl von Genen, was dem ausgleichenden Effekt durch den Genfluss (Vermischung) entgegenwirkt. Untersuchungen an Insekten und Pflanzen haben aber gezeigt, dass genetische Veränderungen in nur wenigen Bereichen des Genoms oft mit bestimmten Erscheinungsformen (Phänotyp) im Zusammenhang stehen und z. B. bei Schmetterlingen nur zu verschiedenen Morphphen (Flügelmuster-Variationen), nicht aber zu neuen Arten führen. NOSIL et al. führen auch die Buntbarsche (Cichlidae) an, in denen wenige Genbereiche die unterschiedlichen Farbmuster bestimmen. Aber neue Arten entstehen dadurch nicht. Damit meinen sie hier, dass zu einer stabilen, das Genom umfassenden Differenzierung auch eine veränderte Kiefergestalt und Körperform einbezogen werden müssen; dass also viele genetische Bereiche betroffen sind. Am Ende der Diskussion kommen die Autoren zu dem Schluss, dass bei der Artneubildung wenige oder viele Genbereiche involviert sein können; es komme dabei auf die Umstände an.

Die Autoren fügen an, dass noch viel Arbeit zu tun bleibt, um experimentell nach den ursächlichen Effekten der verschiedenen Einflussgrößen der Artbildung zu suchen. Sie äußern die Hoffnung, dass Evolutionsbiologen durch die Vereinigung von Theorie und empirischen Daten eine Möglichkeit haben, die Entstehung neuer Arten besser zu verstehen. NOSIL et al. beschließen ihren Beitrag mit der Feststellung, dass eine grundsätzliche Hauptfrage das Ausmaß betreffe, in dem mikroevolutionäre Prozesse größere, makroevolutionäre Muster der Biodiversität erklären können, wie dies bei der

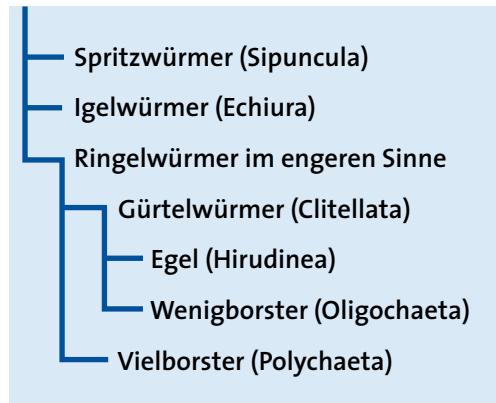
Ausbreitung der Buntbarsche (Cichlidae) beobachtet werden kann.

Zunächst ist es erfrischend zu lesen, wie viel Unwissen hinter etablierten Lehrbuchaussagen stecken kann; das kann zu Freiraum für ein ungebundeneres Nachdenken führen. Für den Autor war der Schlusssatz insofern sehr aufschlussreich, als für die Vielfalt der Familie der Buntbarsche (Cichlidae) auf der chromosomalen Ebene durch die Mendel'schen Gesetze und auf der molekularbiologischen Ebene durch die transponierbaren Elemente durchaus erfolgversprechende Erklärungsansätze vorliegen (CROMPTON 2019). Evolutionsbiologen aber haben noch eine viel größere Aufgabe zu lösen, nämlich wie die Fülle der unterschiedlichsten Baupläne der Lebewesen entstanden sein kann. Verglichen damit sind die Herausforderungen für diejenigen, die von einer Schöpfung ausgehen, bei diesem Thema relativ klein!

[CROMPTON N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 1. Woher kommt die Artenvielfalt? Stud. Integr. J. 26, 86-92 • NOSIL P, FEDER JL & GOMPERT Z (2021) How many genetic chances create new species? Science 371, 777-779] H. Binder

■ Der älteste fossile Ringelwurm mit „modernen“ Merkmalen

Den Tierstamm der Ringelwürmer (Annelida) kennen wir vor allem durch unseren heimischen Regenwurm (*Lumbricus*). Er gehört zur Klasse der Gürtelwürmer (Clitellata) und zur Unterklasse der Wenigbor-



Tab. 1 Systematik der Ringelwürmer (Annelida)

ter (Oligochaeta). Eine zweite, sehr formenreiche Klasse der Ringelwürmer bilden die Vielborster (Polychaeta), die sich durch den Besitz zahlreicher Borsten auszeichnen, die als Stützelemente und Fortbewegungsapparat dienen. Zu den Wenigborstern gehören auch die Egel (Hirudinea). Auch die deutlich artenärmeren Igelwürmer (Echiura) und Spritzwürmer (Sipuncula) gehören zu den Ringelwürmern (Tab. 1). Insgesamt sind die Ringelwürmer ausgesprochen formenreich und umfassen etwa 18.000 Arten.

Die Ringelwürmer gehören zu den zahlreichen Tierstämmen, die fossil seit der sogenannten „kambri-schen Explosion“ bekannt sind (vgl. ERWIN & VALENTINE 2013); sie sind ab dem Unterkambrium nachgewiesen. Die meisten kambrischen Formen werden zu den Vielborstern gerechnet und unterscheiden sich deutlich von heutigen Formen (CHEN et al. 2020, 250). Unter den Fossilien der noch älteren Ediacara-Fauna (Präkambrium) konnten keine eindeutigen Ringelwürmer nachgewiesen werden (CHEN et al.



Abb. 1 Rekonstruktion von *Dinnychaeta*. (Aus CHEN et al. 2020; mit freundlicher Genehmigung)

2020, 252). Die Ringelwürmer erscheinen in der Fossilüberlieferung daher plötzlich.

Kürzlich berichteten CHEN et al. (2020) von einer neu entdeckten Gattung aus dem Unterkambrium der Canglangpu-Formation (Yunnan-Provinz China), die zu den ältesten fossil erhaltenen Formen der Ringelwürmer gehört und zwar zur Unterklasse der Vielborster. Zu Ehren von Danny EIBYE-JACOBSEN, der viel zum Verständnis fossiler Ringelwürmer beigetragen hat, wurde die neue Gattung *Dannychaeta tucolus* genannt („chaeta“ = Borsten). Der Artname *tucolus* ist aus den lateinischen Wörtern *tubus* (Röhre) und *colus* (Bewohner) zusammengesetzt und bezieht sich auf die festsitzende Lebensweise in Röhren am Grund eines Gewässers. Einer der Forscher, Hong CHEN, äußerte sich überrascht über den Fund: „Wir waren ziemlich überrascht, einen Polychaeten-Wurm aus der Zeit vor 514 Millionen Jahren zu finden, der in einer Röhre lebte, zumal er Arten, die heute noch leben, so ähnlich ist.“ Der Kopf hat ein ausgeprägtes, spatelförmiges vorderes Ende mit verlängerten Fortsätzen. Der vordere Bereich des Körpers ist breit und gedungen; der Hinterkörper langgestreckt und mit zweigliedrigen Fortsätzen zur Fortbewegung ausgestattet. Diese Merkmalskombination teilt *Dannychaeta* mit der heutigen Vielborster-Familie Megaloniidae die neue Gattung ist aber größer als die heutigen Megaloniiden, deren Körperdurchmesser unter 1 mm beträgt. Nach Angabe der Forscher ist *Dannychaeta* der älteste Vielborster, der eindeutig zu den Kronen-Ringelwürmern gehört (Kronengruppen sind solche Tier- oder Pflanzengruppen, zu denen auch Vertreter der heutigen Lebewelt gehören).

CHEN et al. stellen zu Beginn ihrer Arbeit fest, dass die frühe Evolution der Anneliden unklar oder umstritten sei; zum Teil sei dies darauf zurückzuführen, dass molekulare Stammbäume (auf der Basis des Vergleichs des Erbguts heutiger Formen) und die Fossilüberlieferung nicht zusammenpassen. Fossilien von Ringelwürmern aus dem Kam-

brium weisen Baupläne auf, die auf eine Lebensweise am Seeboden hindeuten, wohingegen molekulare Studien darauf hindeuten, dass festsitzende und in Röhren lebende Gruppen an der Basis der Ringelwürmer stehen. Als Röhrenbewohner unterstützt *Dannychaeta* somit die Deutung der Phylogenomik. *Dannychaeta* vergrößert die Vielfalt der unterkambrischen Ringelwürmer. Der differenzierte Kopf ist einzigartig unter den kambrischen Fossilien. CHEN et al. (2020, 252) merken an, dass *Dannychaeta* bestätige, dass die Kronen-Ringelwürmer bereits im Unterkambrium vertreten waren. Die Ringelwürmer zeigten eine „frühe Erkundung ökologischer Nischen durch festsitzende Formen“. Ringelwürmer der Stammgruppe lebten im frühen Kambrium gleichzeitig mit Mitgliedern der Kronengruppe. Auch die Spritzwürmer sind bereits im Unterkambrium vertreten. Das heißt: Eine größere ökologische Vielfalt tritt ohne Vorläufer in Erscheinung, was nicht zu einer schrittweisen Evolution passt.

Außerdem kommt das Bewohnen von Röhren bei verschiedenen nicht näher verwandten Ringelwürmern vor (CHEN et al. 2020, 252) und müsste daher mehrmals unabhängig entstanden sein. Einmal mehr zeigt sich, dass Konvergenz (unabhängige Entstehung) eher die Regel als die Ausnahme ist, was evolutionstheoretisch nicht zu erwarten ist.

[ERWIN D & VALENTINE JW (2013) The Cambrian Explosion. Greenwood Village • CHEN H, PARRY LA, VINTHER J, ZHAI D, HOU X & XIAOYA M (2020) A Cambrian crown annelid reconciles phylogenomics and the fossil record. *Nature* 583, 249–252] R. Junker

■ Das 3D-Genom des Menschen: ganz anders als das des Schimpansen

Das Genom eines Organismus umfasst die gesamte DNA der Zelle, einschließlich der DNA in den Zellorganellen. Der größte Teil des Genoms von Mensch und Schimpanse (etwa 3 Milliarden Nukleotide A, C, T und G) befindet sich in den Chro-

mosomen im Zellkern. Man stellt sich die Chromosomen normalerweise als lineare Makromoleküle vor, aber im Zellkern sind sie alles andere als linear. Vielmehr bilden sie gezielt 3D-Strukturen, wie z.B. Schleifen, Windungen und Schlingen. Alle bisher untersuchten pflanzlichen und tierischen Genome weisen je nach Zelltyp (z.B. Leber, Lunge, Gehirn, etc.) komplexe und ausgeprägte dreidimensionale (3D) Strukturen in ihren Chromosomenkonfigurationen auf. Die 3D-Konfiguration wird durch Codes bestimmt, die in der DNA oder in mit der DNA assoziierten Proteinen (den sogenannten Histonen) vorhanden sind.

Angesichts der Variabilität der Genomkonfigurationen innerhalb einer einzigen Art von Lebewesen war dieser Bereich der Molekularbiologie für die Evolutionsforschung bisher schwierig. Nun zeigt eine neue Studie, die in der Zeitschrift *Trends in Genetics* veröffentlicht wurde, dass die menschliche 3D-Konfiguration des Genoms markant und einzigartig für den Menschen ist. Damit werden frühere Forschungen bestätigt, die zeigten, dass sie sich von der 3D-Anordnung des Genoms von Schimpansen genauso deutlich unterscheidet wie von derjenigen von Mäusen (ERES & GILAD 2020).

Eine der besten Möglichkeiten, die 3D-Konfiguration von Chromosomen im Zellkern empirisch zu erfassen, ist die Suche nach sogenannten „topologically associating domains“ (kurz: TADs) in den DNA-Sequenzen des Chromosoms (vgl. Abb. 1). TADs sind DNA-Sequenzen, die in bestimmten Zelltypen bevorzugt miteinander in Kontakt treten und interagieren und mit biologischen Funktionen in Verbindung gebracht werden. Sie sind stark mit sogenannten CCCTC-Bindungs-faktor- (CTCF) und Cohesin-Bindungsstellen angereichert, so dass gut definierte chromosomale Bereiche entstehen – eine Art Plattformen, die zusammenarbeitende Genprogramme miteinander verbinden. Bis vor kurzem konnten TADs nicht untersucht werden, weil es dafür keine geeigneten Technolo-

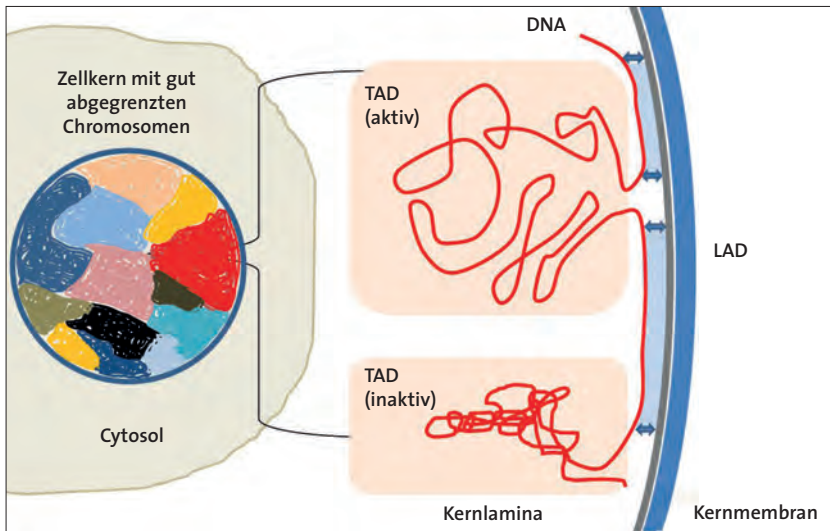


Abb. 1 Neu entdeckte funktionelle Elemente im Genom sind TAD und LAD. TADs sind definiert als Regionen, deren DNA-Sequenzen vorzugsweise miteinander in Kontakt stehen. Lamina-assoziierte Domänen (LADs) sind Teile des Chromatins, die stark mit der Lamina des Zellkerns interagieren. Die Lamina ist ein dichter Verbund von Fibrillen (winzigen Fasern). LADs bilden Langstreckeninteraktionen innerhalb der Chromosomen und sind für die 3D-Konfiguration des Genoms verantwortlich, d.h. sie bestimmen, wie die Chromosomen im Kernraum positioniert sind.

gien gab. Die jüngste Entwicklung von Techniken zur Analyse von Chromosomenkonformationen offenbarte ihre Existenz im Jahr 2012 (DIXON et al. 2012).

Es zeigt sich, dass TADs einen großen Teil der Chromosomen der Eukaryonten (Organismen mit kernhaltigen Zellen) ausmachen. Bei Säugetieren ist die mittlere TAD-Länge etwa 880.000 DNA-Buchstaben (Basen) lang – ein beträchtlicher Abschnitt der DNA, der typischerweise mehrere Gene und viele regulatorische Schalter und Kontrollfunktionen enthält (YU & REN 2017). Die 3D-Genomstruktur wird vor allem durch epigenetische Modifikationen (wie Acetylierung oder Phosphorylierung) von Histonen bestimmt, das sind Proteine, um die die DNA gewickelt sind. Diese Modifikationen zeigen nur eine etwa 70-prozentige Ähnlichkeit zwischen Mensch und Schimpanse (CAIN et al. 2012). Bemerkenswerterweise zeigte eine andere Studie aus dem Jahr 2012, dass Menschen für dasselbe Merkmal eine Ähnlichkeit von ebenfalls etwa 70 % mit Mäusen aufwiesen (WOO & LI 2012). Mit anderen Worten: Menschen unterschieden sich in Bezug auf diese spezielle Metrik der Genomkonformation genauso sehr von Mäusen wie von Schimpansen.

In der in *Trends in Genetics* vorgestellten Studie untersuchten die Wissenschaftler nun die TAD-Ähnlichkeit zwischen Menschen und Schimpansen. Sie fanden heraus, dass beim Vergleich von Menschen und Schimpansen „nur 43% der TADs konserviert [= ähnlich] sind“ und „nicht mehr als 78% der Domänen und 83% der TAD-Grenzen von Menschen und Schimpansen geteilt werden“. Dieses unerwartete Ergebnis veranlasste sie zu der Schlussfolgerung: „Unserer Meinung nach gibt es keine solide Grundlage für die verbreitete und oft unbestrittene Vorstellung, dass TADs hoch konserviert sind“ (ERES et al. 2020). Ein Mangel an Konservierung bedeutet hier: unerwartet große Unterschiede, viel zu groß für eine gemeinsame Abstammung.

Diese neue Studie stellt die vermeintliche sehr enge Verwandtschaft zwischen Mensch und Schimpanse weiter in Frage. Sie unterstreicht vielmehr die Einzigartigkeit beider Genome (vgl. BORGER 2019). Diese Befunde stehen dagegen in völliger Übereinstimmung mit der Schöpfung, wie sie in dem ersten Buch der Bibel beschrieben wird, wo es heißt, dass Gott die Geschöpfe nach ihrer Art und den Menschen zu seinem Bilde geschaffen hat (1. Mose 1,25–27). Diese tiefgründige Wahrheit wird durch die moderne Genetik immer wieder bestätigt.

[BORGER P (2019) Das Erbgut von Mensch und Schimpanse. Stud. Integr. J. 26, 4–10 • CAIN CE et al. (2011) Gene Expression Differences Among Primates Are Associated With Changes in a Histone Epigenetic Modification. Genetics 187, 1225–1234 • DIXON JR et al. (2012) Topological domains in mammalian genomes identified by analysis of chromatin interactions. Nature 485, 376–380 • ERES IE & GILAD Y (2020) A TAD Skeptic: Is 3D Genome Topology Conserved? Trends Genet. 37, 216–223 • YU M & REN B (2017) The Three-Dimensional Organization of Mammalian Genomes. Ann. Rev. Cell Dev. Biol. 33, 265–289 • WOO YH & LI WH (2012) Evolutionary Conservation of Histone Modifications in Mammals. Mol. Biol. Evol. 29, 1757–1767] P. Borger

■ Standing Variation: Das Rätsel der Buntbarsche gelöst?

Im afrikanischen Viktoriasee gibt es hunderte Arten von Buntbarschen, die alle möglichen ökologischen Nischen des Sees einnehmen. Man beobachtet Pflanzenfresser, Räuber und Aasfresser und sogar fast parasitär lebende Schuppenfresser. Viele Arten sind in ihrem biologischen Erscheinungsbild so unterschiedlich, dass man auf den ersten Blick meinen könnte, es handle sich um verschiedene Fischfamilien. Dennoch gehören alle Buntbarsche zu einer Familie, den *Cichlidae*.

Interessanterweise ist der Viktoriasee aus geologischer Sicht sehr jung: Vor etwa 14.000 radiometrischen Jahren war der See komplett ausgetrocknet und es gab keine Buntbarsche (JOHNSON 2000). Die Entwicklung dieser Fische – die Mindestschätzung ist, dass es über fünfhundert verschiedene Arten gegeben haben könnte – erfolgte innerhalb eines geologischen Augenblicks.

Wie schnell Artbildung ablaufen kann, erweisen fünf Cichliden-Arten, die nur im Nabugabo-See leben, einem kleinen Ausläufer des Viktoria-Sees, von dem er seit ca. 4.000 Jahren durch einen Sandwall abgeschnitten ist. Hier entstand ein ganzes Ökosystem innerhalb weniger Tausend Jahre. Eine derart schnelle Artbildung lässt für die Erzeugung neuer Gene bei weitem keinen ausreichenden zeitlichen Spielraum. Tatsächlich ist der Grad



Abb. 1 Drei Beispiele der Vielfalt der Buntbarsche im Viktoriasee: **A** *Astatoreochromis alluaudi*, **B** *Haplochromis thereuterion* und **C** *Pundamilia (Haplochromis) nyererei*. (Quellen: Banyankimbona, Gaspard, CC BY 3.0; User:Haplochromis, CC BY-SA 3.0; Kevin Bauman, CC BY 1.0)

der genetischen Variation zwischen den Arten aufgrund der kurzen Zeitspanne nach ihrer Aufspaltung sehr gering. Wie ist eine solch enorm schnelle Speziation dann möglich?

Frühere Studien haben bereits gezeigt, dass es zwischen den Arten hochdifferenzierte Allele (Genvarianten) im Opsin-Gen der Augen gibt, durch die sie sich leicht an unterschiedliche Tiefen und Trübungen anpassen können (MIYAGI 2012). Zudem kann aufgrund der Plastizität der doppelten Kieferausrüstung jede einzelne Buntbarschart eine sehr spezifische ökologische Nische einnehmen: Jede spezialisiert sich auf einen ganz bestimmten, sehr engen Ausschnitt aus dem Nahrungsspektrum (MUSCHICK 2011). Eine neue molekulargenetische Analyse, die in *Molecular Biology and Evolution* veröffentlicht wurde, deckt nun die wichtigsten genetischen Mechanismen der artspezifischen Anpassung der Viktoriasee-Buntbarsche auf.

Eine japanische Bioinformatikergruppe verglich die gesamten Genomsequenzen von drei Arten von Viktoriasee-Buntbarschen (*Haplochromis chilotes*, *H. sauvagei* und *Lithochromis rufus*), die in sehr unterschiedlichen Umgebungen leben,

um die evolutiven Anpassungsprozesse zu klären (NAKAMURA 2021). *H. chilotes* und *H. sauvagei* sind zwei auf felsige Biotope spezialisierte Arten, während *L. rufus* eine generalistische Art ist, die verschiedene Biotope am Seegrund im Viktoriasee bewohnt.

Im Artikel werden 99 neue Gene beschrieben, die mit Anpassungen der Fische verbunden sein könnten, von denen einige auf selektive Sweep-Ereignisse hinweisen. Im darwinistischen (selektionistischen) Rahmen bedeutet ein selektiver Sweep, dass eine Sequenz extrem schnell fixiert wird, weil sie dem Organismus einen extremen Selektionsvorteil bietet. Danach wird sofort gegen Mutationen in solchen Sequenzen selektiert und diese werden aus der Population entfernt. Es wurden artspezifische Allele entdeckt, die nur bei bestimmten verschiedenen Buntbarscharten vorhanden sind. Einige davon sollen extrem alt sein, sogar noch vor der Existenz des Viktoriasees vorhanden gewesen sein.

Von besonderem Interesse sind zwei Gene, die für Kollagen VI codieren. Kollagen VI ist ein wichtiges extrazelluläres Matrixprotein, das die Ausprägung des Skelettmuskels

und die Integrität der Haut beeinflusst. Eine wichtige Beobachtung ist, dass die Stammbäume der beiden Gene nicht mit dem Artenbaum übereinstimmen. Die Gene müssen daher als „standing genetic variation“ (= „bereits zuvor bestehende genetische Variation“) erklärt werden.

„Standing Variation“ ist ein Begriff, der in der Evolutionsbiologie verwendet wird, um die genetische Variation zu beschreiben, die in einer Population von Organismen bereits vorhanden ist und die der natürlichen Selektion direkt zur Verfügung steht, um speziell angepasste Formen zu erzeugen. Weitere Analysen ergaben, dass ein großer Teil der genetischen Diversität unter den Buntbarschen des Viktoriasees aus einer bereits bestehenden genetischen Variation stammt, die ihren Ursprung bereits vor der adaptiven Radiation hatte. „Standing variation“ ist sogar eines von fünf Schlagwörtern, mit denen die Autoren ihre Arbeit zusammenfassen und damit die Bedeutung der neuen Erkenntnisse hervorheben.

Diese neuen Daten zeigen, dass die sehr schnellen Anpassungen und die Artbildung bei den Buntbarschen im Viktoriasee hauptsächlich auf bereits vorhandene genetische Information zurückzuführen sind. Es stellt sich heraus, dass die Viktoriasee-Buntbarsche keine neuen Gene evolvieren mussten; ihre Genome waren auf Veränderungen vorbereitet.

[JOHNSON TC et al. (2000) The Holocene History of Lake Victoria. *Ambio* 29, 2–11 • MIYAGI R et al. (2012) Correlation between nuptial colors and visual sensitivities tuned by opsins leads to species richness in sympatric Lake Victoria cichlid fishes. *Mol. Biol. Evol.* 29, 3281–3296 • MUSCHICK M et al. (2011) Adaptive phenotypic plasticity in the Midas cichlid fish pharyngeal jaw and its relevance in adaptive radiation. *BMC Evol. Biol.* 11, 116; <https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-116> • NAKAMURA H et al. (2021) Genomic Signatures for Species-Specific Adaptation in Lake Victoria Cichlids Derived from Large-Scale Standing Genetic Variation. *Mol. Biol. Evol.*, <https://doi.org/10.1093/molbev/msab084>] P. Borger

■ Langzeitstabilität des Klimas benötigt Feinabstimmung

Immer wieder stellen Forscher fest, dass die Naturgesetze, das Sonnensystem oder Aufbau und Position der Erde für Leben ausgezeichnet geeignet sind. Darüber hinaus kommen sie auch zum Schluss, dass fast alle denkbaren Naturgesetze und Ökosysteme lebensfeindlich sind. In diesem Fall sagt man, dass ein System fein abgestimmt ist im Hinblick auf Leben. Eine solche Feinabstimmung kann prinzipiell das Resultat von Design, Zufall, Notwendigkeit oder eines Auswahl-effektes sein (WIDENMEYER 2019, Kapitel 9 und 10). Wenn es wie im Falle der Feinabstimmung der Naturgesetze möglich ist, die drei letztgenannten Ursachen auszuschließen, ergibt sich dadurch ein Hinweis auf einen intelligenten Schöpfer (TRÜB 2015).

In einem kürzlich erschienenen Artikel geht der Erdsystemwissenschaftler Toby TYRRELL von der Universität Southampton der Frage nach, wie wahrscheinlich es ist, dass die Temperatur eines Planeten während drei Milliarden Jahre lebensfreundlich bleibt (TYRRELL 2020). Dies ist aus zwei Gründen alles andere als selbstverständlich. Erstens kann sich die Energiezufuhr, die ein Planet von seinem Zentralgestirn erhält, über diese Zeitspanne merklich ändern. Im Falle der Erde geht man davon aus, dass die Sonneneinstrahlung heute etwa 30% intensiver ist als zum vermuteten Zeitpunkt der Entstehung des Lebens. Diese Abschätzung erhält man aus Modellen zur Evolution der Sterne. Ohne eine Anpassung des Erdklimas muss die Erde vor 3–4 Milliarden Jahren völlig zugefroren gewesen sein. Trotzdem soll zu dieser Zeit das erste Leben auf der Erde entstanden sein. Bis heute ist dieses Paradox der schwachen, jungen Sonne ungelöst. Der zweite Grund, welcher eine lebensfreundliche Temperatur über lange Zeit schwierig macht, ist die Anfälligkeit des Klimas auf Schwankungen des Kohlenstoff-Kreislaufs. Weichen die Zufuhr und die Entnahme von Kohlendioxid zur Atmosphäre über längere Zeit mehr als

25% voneinander ab, würden die Ozeane innerhalb von Millionen Jahren zufrieren oder zum Sieden gebracht werden.

TYRRELL diskutiert zwei Hypothesen, wie das Erdklima über Milliarden Jahre stabil bleiben konnte. Die favorisierte Lösung geht davon aus, dass es stabilisierende Rückkopplungseffekte gibt. Diskutiert wird zum Beispiel, dass die verstärkte Verwitterung von Silikaten bei erhöhten Temperaturen der Atmosphäre Kohlendioxid entziehen könnte und somit eine Erwärmung bremsen könnte. Nach der zweiten Hypothese soll die Langzeitstabilität des Erdklimas lediglich die Folge eines Auswahl-effektes sein. Bei einer genügend großen Anzahl an Planeten wird es früher oder später einige geben, deren Klima durch glückliche Umstände über lange Zeit stabil bleibt. Beispielsweise könnte der Kohlendioxidgehalt der Atmosphäre parallel zur stärkeren Einstrahlung zufällig gesunken sein, ohne dass der Rückgang durch die Veränderung der Sonne verursacht worden wäre. Da sich höhere Lebensformen nur unter konstanten Bedingungen entwickeln können, sei es deshalb nicht überraschend, dass das Klima unseres Planeten über Milliarden Jahre stabil geblieben sei. Dem Zusammenspiel dieser beiden Hypothesen versucht TYRRELL mit Hilfe von Computersimulationen weiter nachzugehen.

In seiner Arbeit präsentiert TYRRELL das Klimamodell eines Planeten mit der Temperatur als einzigem Zustandsparameter. Der Temperaturverlauf wird vor allem durch eine Antwortfunktion bestimmt, welche beschreibt, wie das Klima auf Temperaturänderungen reagiert. Zusätzlich werden ein langfristiger Temperaturtrend (z.B. eine Änderung der Sonneneinstrahlung) sowie zufällig auftretende Temperaturschwankungen (z. B. Kometeneinschläge, Vulkanausbrüche) berücksichtigt. Die Antwortfunktion, der langfristige Trend sowie die Anfangstemperatur werden zufällig innerhalb plausibler Grenzen ausgewählt. Insgesamt hat TYRRELL für 100.000 verschiedene Planeten (d.h. für 100.000 verschiedene Antwortfunktionen) jeweils

100-mal getestet, ob die Temperatur während drei Milliarden Jahren in einem lebensfreundlichen Bereich bleibt. Insgesamt fand TYRRELL lediglich einen einzigen Planeten, der in allen 100 Simulationen während 3 Milliarden Jahren lebensfreundlich blieb. Über alle Simulationen gemittelt zeigten 1,45 % aller Testläufe einen stabilen Temperaturverlauf. TYRRELL schließt daraus, dass sowohl Glück als auch eine passende Antwortfunktion für ein stabiles Klima notwendig sind.

Die Resultate von TYRRELL bekräftigen, dass ein über Milliarden Jahre lebensfreundliches Erdklima keine Selbstverständlichkeit ist. Lediglich ein kleiner Teil der von ihm simulierten Planeten ist dauerhaft lebensfreundlich, ein typisches Beispiel von Feinabstimmung. Wie TYRRELL in seiner Publikation ausführlich bespricht, hängen die numerischen Resultate natürlich stark von den gewählten Simulationsparametern ab. Wenn man bedenkt, dass TYRRELL immer von einer geeigneten Starttemperatur ausgeht und dass eine passende Temperatur nur eine von ganz vielen notwendigen Voraussetzungen für Leben ist, lassen seine Resultate erahnen, wie unwahrscheinlich es ist, dass ein Planet während Milliarden Jahren ein lebensfreundliches Klima besitzt. In seiner Publikation kritisiert TYRRELL, dass die Rolle glücklicher Umstände in vielen Publikationen zum Thema Klimastabilität gar nicht erwähnt wird. Die Möglichkeiten, dass das günstige Erdklima auf Design zurückzuführen oder dass Leben vielleicht gar nicht Milliarden Jahre alt sein könnte, bleiben jedoch auch bei ihm außerhalb des Blickfelds.

[TRÜB P (2015) Der bewohnbare Kosmos – Die Feinabstimmung der Naturgesetze als Hinweis auf einen Schöpfer-Gott. www.wort-und-wissen.org/artikel/kosmos-feinabstimmung-naturgesetze-schoepfer • TYRRELL T (2020) Chance played a role in determining whether Earth stayed habitable. *Communications Earth & Environment* 1, 61. doi:10.1038/s43247-020-00057-8 • WIDENMEYER M (2019) Das geplante Universum. Wie die Wissenschaft auf Schöpfung hindeutet. SCM Hänssler] P. Trüb

■ Kommentar zu Nigel Crompton (2020)

Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 3. Fortpflanzungsisolation und adaptive Radiationen. Stud. Integr. J. 27, 78-87.

Mit großem Interesse habe ich den Beitrag von Nigel Crompton gelesen. Als Ergänzung zu seinen Ausführungen möchte ich hier kurz auf meine Arbeiten zu Gregor Mendel und zum Thema Artbildung auf die Arbeit *Artbegriff, Evolution und Schöpfung* (LÖNNIG 1993) aufmerksam machen und dazu die folgenden Punkte hervorheben:

A. Zu Mendel und Gärtner (CROMPTON, S. 81): In meinem Beitrag in der *Encyclopedia of Life Sciences* (2017): *Mendel's Paper on the Laws of Heredity (1866): Solving the Enigma of the Most Famous 'Sleeping Beauty' in Science* habe ich angemerkt, dass Mendel in seiner kurzen Arbeit von nur 45 Seiten (S. 3–47) *Versuche über Pflanzenhybriden* regelmäßig das Adjektiv „constant“ (Rechtschreibung von Mendel) gebraucht hat (z. B. „constant differierende Merkmale“, „constante Nachkommen“, „constante Combinationsformen“, „constante Verbindungen“, „constante Formen“, „einem constanten Gesetze“, „constante Art“ usw.). In solchen Kombinationen kommt das Adjektiv „constant“ in der Originalarbeit insgesamt 67mal vor. Er war überzeugt und erklärte ja auch direkt, dass die von ihm entdeckten Vererbungsgesetze Carl Friedrich von Gärtners Schlussfolgerung (1848) untermauerten, „dass der Spezies feste Grenzen gesteckt sind, über welche hinaus sie sich nicht zu ändern vermag“ (MENDEL 1866, S. 46/47, siehe direkt http://www1.biologie.uni-hamburg.de/b-online/d08_mend/mendel.htm).

B. Zum Thema der Spezies-Konstanz gehören sicher auch die aufschlussreichen Anmerkungen Mendels zur Kulturpflanzenzüchtung, mit seinem klaren Fazit: „...allein 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 aus einander gehen.“ – Demnach war nach Mendels Ansicht eine endlose Evolution weder bei Kulturpflanzen noch bei Wildarten wahrscheinlich.

C. Zur Ergänzung der möglichen Formen der Fortpflanzungsisolation sei hier auf die Ausführungen in der *Artbegriffsarbeit* zu den präzygotischen und postzygotischen Isolationsmechanismen (<http://www.weloennig.de/Artbegriff.html>) und vor allem auch auf den genetisch-plasmatischen Artbegriff des Genetikers Herbert Lamprecht hingewiesen (LÖNNIG 1993, S. 210–270 sowie wieder direkt zugänglich 2001: <http://www.weloennig.de/AesIV3.Lam.html>).

D. Heterozygotie: Man könnte als Ausgangsformen („Urahn-Arten“) auch mit homozygoten Linien rechnen: Ich selbst habe sieben Jahre mit *Pisum sativum*

(Gartenerbse/Speiseerbse; selbstfertil) gearbeitet. Durch Behandlung einer einzigen homozygoten Ausgangslinie („Dippes gelbe Viktoria“) mit mutagenen Agenzien ist ein umfangreiches Mutanten-Sortiment mit oft ganz erstaunlich unterschiedlichen Phänotypen entstanden, die ein klassischer Systematiker nach Form und Größe in viele Arten aufteilen würde. Ähnliches kann von *Antirrhinum majus* (Löwenmaul; z.T. selbstfertil) gesagt werden, mit dem der Genetiker Hans Stubbe ein ebenfalls erstaunlich vielfältiges Mutanten-Sortiment aufgebaut hat, – Mutanten, die allesamt von einer einzigen Ausgangslinie abstammen. Weitere eigene Untersuchungen: Über *Pisum* und *Antirrhinum* hinaus habe ich mit *Misopates* (Feldlöwenmaul, selbstfertil) und *Physalis pubescens* (Kapstachelbeere/Andenbeere; selbstfertil) mutationsgenetisch gearbeitet (insgesamt 2,1 Millionen Pflanzen in 32-jähriger Arbeit) und auch dort eine ganz beachtliche Formenvielfalt erhalten (siehe zum Beispiel zu *Physalis* direkt die vielen farbigen Abbildungen unter <http://www.weloennig.de/Hunderassen.Bilder.Word97.pdf> pp. 253–264).

Zusammenfassend kann vielleicht gesagt werden, dass – auch ausgehend von *homozygoten* Ausgangsformen – stark abweichende Phänotypen, die fast jeder Systematiker als eigene Arten und in einigen Fällen sogar als eigene Gattungen bestimmen würde, durch unterschiedliche genetische Prozesse und Faktoren entstehen können. Zu den Buntbarschen (Cichlidae) hatte ich 2003 folgende Möglichkeiten genannt (http://www.weloennig.de/Gesetz_Rekurrente_Variation.html#cichlidae, im Folgenden z.T. ergänzt):

Erstens: Das Vorhandensein alternativer Promotoren (je nach Bedarf werden Genfunktionen raumzeitlich unterschiedlich exprimiert).

Zweitens: Alternative Leserahmen (ein und dieselbe DNA-Sequenz codiert mit Start- und Stopcodons an verschiedenen Stellen völlig unterschiedliche Gene).

Drittens: Zum Teil durch spezifische Umweltfaktoren gesteigerte Transposonaktivitäten (DNA-Transposons, die durch ihren „Cut-and-Paste“-Mechanismus Gene für alternative morphologische Merkmale und Verhaltensweisen an- und abschalten können).

Viertens: Die „normalen“ Mutationsprozesse schalten im Laufe der Zeit in den Cichliden-Populationen unterschiedlich funktionsfähige, aber für die Existenz der Gattung am Biotop redundante Gene ab (also Abschalten durch die bekannten, häufigen Verlust-Mutationen). Das führte zu unterschiedlichen Differenzierungen, welche Tendenz noch durch die Rekombination mutierter Gene verstärkt werden konnte. Siehe dazu auch M.J. BEHE (2019), Darwin Devolves.

Heutzutage könnte man zum genetischen Potenzial homozygoter „Urahn-Arten“ z. B. noch das alternative Spleißen und das umfangreiche Thema Epigenetik erwähnen.

Wolf-Ekkehard Lönnig

DFG-Geokommission: Naturwissenschaften in direkter Konkurrenz zur Schöpfungslehre

Michael Kotulla

Die DFG¹-Senatskommission für Geowissenschaftliche Gemeinschaftsforschung (kurz Geokommission)² hat 2010 durch ihren damaligen Vorsitzenden Prof. Dr. Gerold WEVER eine Strategieschrift mit dem Titel „Dynamische Erde – Zukunftsaufgaben der Geowissenschaften“ herausgegeben. Recht unvermittelt heißt es dort auf Seite 118: „Die Naturwissenschaften stehen wieder vermehrt in direkter Konkurrenz zu einer fundamentalen Schöpfungslehre“ (in der Überschrift verkürzt wiedergegeben). Die



Strategieschrift wird z. B. unter marumfreunde.de weiter vertrieben, und das Thema ist ohnehin aktuell.

Die Frage nach den Ursprüngen ist eingebettet in Kapitel 5.1 der Strategieschrift („Die Entstehung des Sonnensystems und der Erde“), unter der Zwischenüberschrift „Wissenschaftliche Herausforderungen“: Die Planetenforschung befriedige ein grundlegendes Interesse der Menschheit an ihren Wurzeln. In den letzten zehn Jahren habe sich in unserer Gesellschaft unerschwellig eine gewisse Skepsis gegenüber wissenschaftlicher Grundlagenforschung verbreitet. So lasse sich hier beispielhaft die heute wieder aktuelle Debatte über Kreationismus oder Intelligent Design nennen.³ Es folgen die oben zitierte Feststellung und die sich daraus ergebende Herausforderung (formuliert durch den Verfasser): Wie also kann diese negative Entwicklung gestoppt und gar umgekehrt werden?

Zur Lösung des Problems der Konkurrenz-Situation schlägt der Verfasser folgende Vorgehensweise vor.

Problembeschreibung

Die Konkurrenz-Situation, die hier gemeint ist, ist nicht sportlicher und nicht wirtschaftlicher Natur. Es handelt sich auch nicht um konkurrierende Forschungsprogramme, zumal heute Kooperation angesagt ist. Es geht um das, was der Mensch die Ursprünge betreffend letztendlich für *wahr* hält.

Und hier scheint eine vermeintlich negative Entwicklung vorzuliegen; das drückt das „wieder vermehrt“ (s. o.) aus. Die Strategieschrift konstatiert: „Planetenforschung befriedigt ein grundlegendes Interesse der

Menschheit an ihren Wurzeln.“ Aber tut sie das ausschließlich und wirklich?

Problemursache

Die Entstehung des Universums, der Himmelskörper, der Erde und des Lebens sind vergangene – und bis dato – einmalige Ereignisse; die Entstehungsergebnisse sind nicht wissenschaftlich dokumentiert. Die Naturwissenschaft versucht eine Rekonstruktion auf der Grundlage heutiger Beobachtungen und theoretischer Überlegungen (kosmische, chemische und biologische Evolution). Im Buch Genesis (Gen 1-2) werden die Entstehungsergebnisse offenbart und beschrieben; sie sind charakterisiert durch: a) Gott, den Schöpfer, den Handelnden; b) die Erschaffung quasi aus dem Nichts (ex nihilo): Gott sprach und es geschah; c) die Dauer: ein Sechs-Tagewerk; d) ihre Vollständigkeit oder Universalität.

Bei den „Erklärungen“ handelt es sich um unterschiedliche „Kategorien“: Naturwissenschaftliche Hypothesen und Gott-gewirkte Offenbarung.

Diese zwei „Erklärungen“ sind sehr unterschiedlich und stehen der Strategieschrift zur Folge in Konkurrenz, denn es kann ja nur *eine* Geschichte geben. Zu betonen ist, dass es sich bei den „Erklärungen“ um unterschiedliche „Kategorien“ handelt: Einerseits naturwissenschaftliche Hypothesen oder Theorien, andererseits Gott-gewirkte Offenbarung.

Ein Beweisführung darüber, ob die Entstehungsergebnisse sich so oder so zugetragen haben, ist für diesen Teil der Vergangenheit – rückblickend – nicht möglich.

Problemlösung

Lösungsweg 1: Mehr und weitere Planeten- und Kosmochemieforschung und implizit noch mehr Aufklärung; denn (Strategieschrift): „Die moderne Planetenforschung und Kosmochemie spielen eine wichtige Rolle dabei, den drohenden Einzug naturwissenschaftlichen Halbwissens in den Bildungssektor und in das gesellschaftliche Allgemeinbewusstsein zu verhindern.“

Lösungsweg 2: Die Vorhersagbarkeit als Mittel der Verifizierung anwenden.

Die Naturwissenschaft sagt vorher (KOTULLA 2014): Eine neue Eiszeit, das Aussterben des Menschen, einen neuen Superkontinent, eine neue makroevolutiv veränderte Tierwelt, einen erkalteten Erdkern und schließlich eine unbewohnbare Erde – auf einem Zeitstrahl, der von 50.000 bis 7 Milliarden Jahre reicht.

Die Bibel sagt vorher: Die Wiederkunft Christi und das Auftreten eines neuen Himmels und einer neuen Erde (2 Petr 3,13; Offb 21,1) – ohne Zeitangabe (aber zeitnah).

Lösungsbewertung

Lösungsweg 1 beschreibt eine vermeintliche kurzfristige Lösung. Es ist aber anzunehmen, dass die Konkurrenz-Situation – sofern keine signifikante Änderung der Bedingungen eintritt – trotzdem weiter anhalten wird.

Lösungsweg 2 beschreibt eine ganzheitliche Lösung. Tritt die biblische Vorhersage ein, bedeutet dies, dass Christus, der Mit-Schöpfer, auftritt und sich als solcher

zu erkennen gibt und teilweise ähnliche Dinge geschehen, wie sie im Schöpfungsbericht beschrieben werden. Durch dieses Handeln des Schöpfers würde auch die Schöpfung (Gen 1-2) bestätigt (verifiziert) werden.

Anmerkungen

- ¹ DFG, Deutsche Forschungsgemeinschaft.
- ² Die DFG-Senatskommission für Geowissenschaftliche Gemeinschaftsforschung ist zwischenzeitlich beendet worden. Folgekommission: Zukunftsaufgaben der Geowissenschaften 2019.
- ³ Die Begriffe Kreationismus, Intelligent Design und Schöpfungslehre werden nicht näher beschrieben oder definiert; es erfolgt keine weitere Auseinandersetzung, und es werden keine konkreten Beispiele genannt. Der Text vermittelt eine negative Konnotation.

Literatur

- KOTULLA M (2014) Megafluten. *Studium Integrale Journal* 21, 4-11.
- WEFER G (Hrsg.) (2010) *Dynamische Erde – Zukunftsaufgaben der Geowissenschaften*.

Rezeption



David Gooding & John Lennox : Was ist der Mensch? Würde, Möglichkeiten, Freiheit und Bestimmung. Christliche Verlagsgesellschaft Dillenburg 2020. 380 Seiten; 24,90 Euro.

Der 1943 in Nordirland geborene Mathematiker John Lennox lehrte zunächst in Wales und dann bis zu seiner Emeritierung an der Universität Oxford. Er war zu Forschungsaufenthalten auch in der ehemaligen Sowjetunion, hat dort in russischer Sprache gelehrt und auch Werke russischer Mathematiker ins Englische übersetzt. Als bekennender Christ, der sich intensiv mit dem Verhältnis von Wissenschaft und Glaube auseinandergesetzt hat, trägt er bis heute vor allem vor akademischem Publikum darüber vor und führt öffentliche Diskussionen.

Nach dem Zerfall der Sowjetunion wurde die Notwendigkeit offenbar, neue Orientierungsmöglichkeiten und Lehrmaterial zur umfassenden Bildung junger Menschen verfügbar zu machen. Gemeinsam mit seinem Mentor, dem Theologen David Gooding (1925–2019), der bis zu seiner Emeritierung an der Queen's University in Belfast Professor für alttestamentliches Griechisch war, hat John Lennox die Herausforderung angenom-

men und ein mehrbändiges Werk zur grundlegenden Bildung für Studenten verfasst. Dieses Werk ist 2018 bei Myrtlefield Trust unter dem Titel „The Quest of Reality and Significance“ erschienen. Nun hat es die Christliche Verlagsgesellschaft Dillenburg (unterstützt durch das Institut für Glaube und Wissenschaft und die VEBS-Akademie) gewagt, das Werk zu übersetzen und in deutscher Sprache herauszugeben; der erste Band „Was ist der Mensch?“ liegt vor. Band 2 „Was können wir wissen?“ (ursprünglich Band 3) ist im Oktober 2020 erschienen.

Bereits im Vorwort machen die beiden erfahrenen Lehrer deutlich, dass ihr Ziel nicht irgendein spezifisches Lehrbuch für Anthropologie ist, sondern dass sie ein Werk vorlegen möchten, das jungen Menschen Hilfestellung gibt bei der bewussten Gründung des persönlichen Welt- und Menschenbildes. Lennox und Gooding wollen dazu anleiten, grundlegende Fragen zu stellen und Antworten, die in der Vergangenheit von Menschen unterschiedlicher Denktraditionen und aus unterschiedlichen Kulturen gegeben worden sind, zu verstehen, zu reflektieren, kritisch zu prüfen und dadurch die eigene Position zu begründen. Dabei geben sich die Autoren im Vorwort als Christen zu erkennen und machen damit deutlich, dass ihre persönliche Charakterbildung sie zu einer spezifischen Position geführt hat und dass sie eine persönliche Entscheidung für ein bestimmtes Weltbild getroffen haben.

In einem einleitenden Kapitel zur gesamten Serie legen die Autoren ihre Vorgehensweise dar und erläutern diese ausführlich. In sieben Kapiteln wird die Titelfrage „Was ist der Mensch?“ entfaltet. Im ersten Kapitel geht

es um den Wert des Lebens, den Grundwert des Menschen vor dem Hintergrund von Kindstötungen in der Gegenwart und verschiedenen Massakern in der Geschichte. Abschließend wird in diesem Kapitel auch die Transzendenz menschlichen Lebens thematisiert.

Im zweiten Kapitel widmen sich die Autoren der Freiheit als einem sehr hohen Gut des Menschen und deren Gefährdung. In der ausführlichen Aufnahme marxistischer Aspekte spiegelt sich der oben erwähnte Anlass

Es handelt sich um ein Lehrbuch im besten Sinn des Wortes, in dem sich die enorme Erfahrung der beiden Autoren als akademische Lehrer zeigt.

zur ursprünglichen Herausgabe des Werkes wider, wobei das marxistische Gedankengut bei Denkern überall auf der Welt Spuren im Hinblick auf das Menschenbild hinterlassen hat.

Das Thema Moral wird in den beiden folgenden Kapiteln behandelt, wobei im dritten zunächst Wesen und Grundlagen von Moral entfaltet werden. Dabei werden auch Gewissen und Scham thematisiert, bis hin zur Frage, ob Moral objektiv ist. Im vierten Kapitel werden verschiedene Moralvorstellungen angeführt und miteinander verglichen. Hier werden zunächst einflussreiche Biowissenschaftler zitiert und die Folgen dargelegt, die sich absehbar aus ihren Positionen ergeben. Im letzten Teil dieses Kapitels analysieren die Autoren die Einwände gegen die Hypothese, dass Gott die Autorität hinter moralischen Maßstäben sei.

Das fünfte Kapitel widmen die Autoren der eigentlichen Titelfrage nach dem Menschen. Dabei streifen sie kurz Körper und Geist des Menschen sowie das Phänomen des Bewusstseins. Zu den damit im Zusammenhang stehenden Fragen werden die Antworten einer Reihe von philosophischen Positionen vorgestellt und abschließend auch in der Bibel offenbarte Aussagen zur Sprache gebracht. Dabei werden auch Aspekte der Herrschaft des Menschen über die Natur angesprochen. Im folgenden Kapitel werden die Grenzen dieser Machtausübung angesprochen. Nach einem kritischen Blick in die Geschichte wird auch Fragen über den Ursprung der Würde des Menschen und seiner Rechte nachgegangen. Dabei kommt auch die Rolle der Religionen angesichts der Unzulänglichkeiten und Schwächen von Menschen zur Sprache und wie verschiedene Religionen damit umgehen. Die Autoren stellen sich zum Abschluss dieses Kapitels auch der Diskrepanz, die zwischen biblischen Aussagen zum Menschen und dem Verhalten von Christen im Verlauf der Kirchengeschichte bestehen.

Im siebten Kapitel wird der Blick in die Zukunft gerichtet. Dabei beschränken sich Gooding und Lennox

auf die Darlegung und Erläuterung biblischer Perspektiven.

Der 35-seitige Anhang zur Frage „Was ist Wissenschaft?“ dürfte vor allem aus der Feder von John Lennox stammen. Dieser Anhang ist durchaus angemessen, da im Hauptteil des Buches wissenschaftliche bzw. sich wissenschaftlich nennende Positionen angeführt werden. In bewährter Weise werden die Faszination und Leistung vor allem naturwissenschaftlicher Forschung vorgestellt, aber auch sehr klar ihre Grenzen benannt.

Das Buch enthält eine ausführliche Bibliographie und der Lehrbuchcharakter spiegelt sich in dem abschließenden Teil wider, in dem die Autoren zu jedem Unterkapitel Fragen formuliert haben. Diese Fragen zielen vor allem darauf, dass der Leser sich über seine persönliche Position hinsichtlich der angesprochenen Punkte klar wird und eigene Antworten formuliert.

Der Rezensent hat sich bei der Lektüre an manchen Stellen gefragt, warum beispielsweise einige Philosophen nur kurz namentlich angeführt werden (z.B. W. V. O. Quine, S. 216), ohne auf ihre Positionen einzugehen. In einem europäischen Kontext vermisst er auch Stimmen, wie z. B. die des im Vorwort des Verlags zur deutschen Ausgabe erwähnten Jürgen Habermas (Auch eine Geschichte der Philosophie, 2019). An einflussreichen Stimmen könnte auch der israelische Historiker N.Y. Harari mit seinen beiden Bestsellern „Homo sapiens – eine kurze Geschichte der Menschheit“ und „Homo deus – eine Geschichte von Morgen“ oder der indische Philosoph V. Mangalwadi mit seinem Werk „Das Buch der Mitte“ Platz finden. An der einen oder anderen Stelle wünschte man sich eine intensivere Auseinandersetzung mit den verschiedenen Positionen.

Bei den erwähnten offenen Wünschen bleibt zu berücksichtigen, dass es sich um ein Lehrbuch im besten Sinn des Wortes handelt und in einem solchen ist Aktualität nicht das erste Kriterium und bei den wichtigen Positionen muss nicht zuletzt aus pädagogischen Gründen eine Auswahl getroffen werden. Die ausgewählten Stimmen kann man kritisieren, aber insgesamt zeigt sich darin, wie bereits erwähnt, die enorme Erfahrung der beiden Autoren als akademische Lehrer.

Bei aufmerksamer Betrachtung der Bildungslandschaft in Deutschland treten auch gerade im Hinblick auf Vorbilder und Vermittlung beim Themenfeld „Mensch“ hinsichtlich seiner Würde, der Werte, des Menschen- und Weltbildes einige Untiefen ans Licht: In Unterricht und Lehre stehen Entgrenzungen (z.B. in Geschlechterfragen) auf der Tagesordnung, Vorbildfunktion wird für unnötig erklärt und häufig verweigert. Nicht nur deshalb ist dem Lehrbuch von Gooding und Lennox eine weite Verbreitung, intensive Lektüre und Nutzung zu wünschen!

Harald Binder

