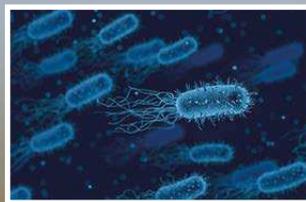


# JOURNAL STUDIUM ■ INTEGRALE

## Inspiriert vom Zufall?



Verhaltens-  
ähnlichkeiten



Ursprung der  
Bakterien



Gelbe Pilzblüte –  
täuschend echt

# Editorial



In den letzten Jahrzehnten hat die Forschung nach dem Ursprung der Vögel einen enormen Aufschwung erfahren, vor allem weil ungewöhnlich viele Fossilfunde von „alten“ Vögeln aus den geologischen Formationen der Kreide und des Jura gemacht wurden. War vor etwa 30 Jahren der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* aus dem Oberjura relativ allein auf weiter Flur, haben sich inzwischen zahlreiche Vogelgattungen aus Oberjura und Unterkreide hinzugesellt. Dazu kommt mittlerweile weit über ein Dutzend Gattungen mit haarartiger oder federartiger Körperbedeckung, die zur Dinosaurier-Gruppe der Theropoden mit zweibeiniger Fortbewegung gestellt werden. Damit scheint der Beweis erbracht zu sein, dass Vögel von Dinosauriern abstammen. Vögel gelten heute in der Fachwelt als „lebende Dinosaurier“. Bereits im Jahr 1998 titelte Henry GEE in der Wissenschaftszeitschrift *Nature*: „Birds and dinosaurs – the debate is over.“ Der Deutungsrahmen ist in der Fachwelt praktisch fix.

Vor diesem Hintergrund ist erstaunlich, dass sich die Situation bei genauerem Hinsehen deutlich komplizierter und widersprüchlicher darstellt und vieles nicht in das vermeintlich klare Bild passt, wie R. JUNKER in einigen Beiträgen berichtet. So zeigt ein aktuelles Cladogramm (Verzweigungsschema) von Vogelgattungen aus der geologischen Periode der Kreide, dass ein Großteil der Fossilformen in einem relativ engen Zeitfenster erstmals (oder überhaupt) überliefert ist. Tatsächlich erscheint also eine große Formenvielfalt in der Fossilüberlieferung fast zeitgleich. Damit aber nicht genug: Fast alle unter den ältesten in der Unterkreide fossil überlieferten Formen besitzen Merkmale, die sie als „abgeleitet“ („höherentwickelt“) kennzeichnen. Sie stehen – einfach ausgedrückt – nicht an der Basis des Cladogramms, sondern relativ weit oben, wo man sie in evolutionstheoretischer Sicht gerade nicht erwarten würde. Der Gesamtbefund der in der Kreide überlieferten Vögel widerspricht somit deutlich evolutionstheoretischen Voraussagen.

Unerwartet ist auch die mosaikartige Merkmalsverteilung bei flugfähigen Formen. Dass die Flugfähigkeit mithilfe von Federn evolutiv mehrfach entstanden sein könnte, hätte bis vor kurzem vermutlich niemand erwartet. Aber genau das wird durch die Befundlage heute erzwungen – womit wiederum eine evolutionstheoretische Erwartung widerlegt ist. Man sollte darüber hinaus erwarten, dass mit zunehmender Kenntnis der Formenvielfalt sich evolutionäre Abfolgen zunehmend klarer abzeichnen. Das ist bei den Formengruppen, die zu den Vögeln überleiten sollen und als „Paraves“ zusammengefasst werden, ebenfalls nicht der Fall. In einer aktuellen Übersichtsarbeit über diese Gruppe stellen die Autoren fest, dass ein Konsens über die phylogenetischen Beziehungen der Paraves längst nicht erreicht ist. Der evolutionäre Übergang zu den Vögeln sei durch die mosaikartige Verteilung anatomischer Merkmale im Theropoden-Stammbaum weitgehend verdeckt. Eine klare Abfolge von evolutionären Neuerungen sei nicht nachweisbar. Die Natur der frühen Auffächerung, die unter den Paraves zu den Vögeln geführt haben soll, sei „völlig ungewiss“, ebenso wie ihr Ursprungszentrum und ihre Ausbreitungswege. Kann man dennoch davon sprechen, dass die Abstammung der Vögel von Dinosauriern im Wesentlichen geklärt sei?

Das Aufstellen von Stammbäumen erweist sich auch an der Basis des Lebens, unter den einzelligen Formen, als schwierig. B. SCHMIDTGALL informiert über kürzlich veröffentlichte Arbeiten zu der Suche nach dem letzten gemeinsamen Vorfahren aller Bakterien. Die immense Vielfalt und die Flickenteppich-artige Verteilung der Merkmale der Mikroorganismen lassen sich nur mit fragwürdigen Zusatzannahmen in ein evolutionstheoretisches Konzept fügen. Es wird deutlich, dass die Ergebnisse viel mehr von den gewählten Grundannahmen abhängen als von den vorhandenen Rohdaten.

Ein oft genutztes evolutionstheoretisches Argument sind Ähnlichkeiten verschiedener Arten oder größerer Gruppen. Bekannt ist das Ähnlichkeitsargument auf der Ebene der Gestalt verschiedener Organismen. In den letzten Jahrzehnten kamen in großem Umfang molekulare Ähnlichkeiten hinzu. Aber auch Verhaltensähnlichkeiten werden schon seit Langem genutzt, um Abstammungsverhältnisse zu ermitteln. Nun zeigt eine aktuelle Studie, dass Verhaltensähnlichkeiten nichts mit Evolution zu tun haben müssen, sondern durch Umweltfaktoren geprägt sein können. Darüber berichtet B. SCHOLL und kommt zum Schluss, dass deshalb Verhaltensähnlichkeiten kein gutes Evolutionsargument sind.

„Ganz oder gar nicht“ – das zeigt sich immer wieder beim Studium der Lebewesen. In Beiträgen zur einfachsten bekannten Zelle, zur Photosynthese oder zu den ausgefeilten Flugkünsten der Libellen zeigt sich durchgehend, wie schwierig es ist, plausible Evolutionsstadien zu finden, die zwar funktionell noch nicht vollständig sind, aber dennoch einen Überlebensvorteil bieten sollen. Diese und weitere spannende Themen erwarten Sie in dieser Ausgabe.

### 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 Herausgeber.  
Das Abonnement kann zum Jahresende  
gekündigt werden. Die Kündigung  
muss schriftlich erfolgen.

Alle Rechte vorbehalten.

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

## ■ TITELBILD

**Wissenschaftler haben die Gelenkigkeit  
und Robustheit von Libellenflügeln  
genauer untersucht und erstaunliche Entdeckungen  
gemacht, worüber ab Seite 104  
berichtet wird. (Bild: Forest68, Adobe-  
Stock)**

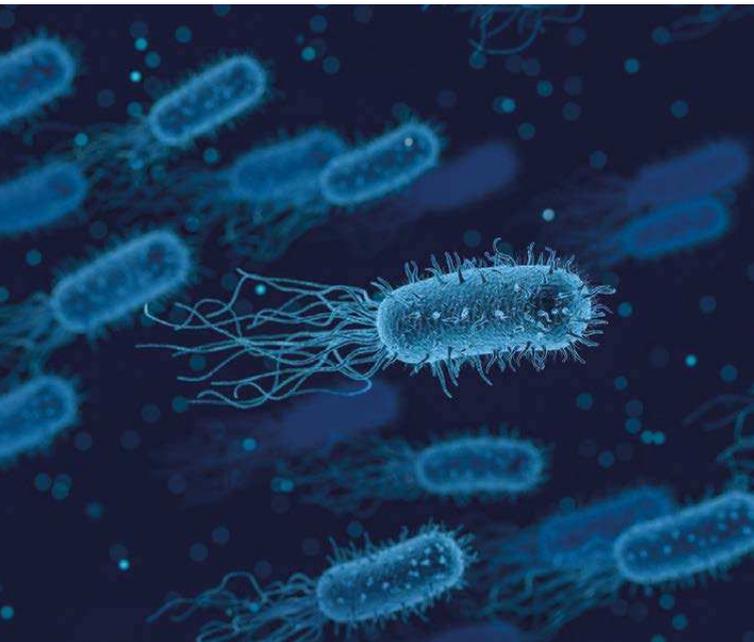
ISSN 0948-6135

# ■ Inhalt



## ■ THEMEN

B. Scholl	Verhaltensähnlichkeiten sind kein gutes Evolutionsargument. Lebensraumbedingte Konvergenzen im Verhalten von Mensch und Tier	72
R. Junker	Vögel aus der Kreide – Busch statt Stammbaum	79
M. Kotulla	Erdgeschichte: Die Erfindung der Zeit	87
B. Schmidtgall	Die „Sauerstoffkatastrophe“. 2. Forschen nach den Ursachen des „great oxygenation event“	95



## ■ KURZBEITRÄGE

H.-B. Braun	Inspiziert vom Zufall?	104
R. Junker	Vogelflug mehrfach entstanden?	107
H. Ullrich	Fossilien widersprechen dem Biogenetischen Grundgesetz	110
P. Borger	Ganz oder gar nicht: Die sich teilende Zelle benötigt mindestens 492 Gene	113
B. Schmidtgall	Ursprung der Bakterien – aktuelle Versuche „evolutionäre Bäume“ zu retten	116
M. Brandt	<i>Homo naledi</i> einzigartig – aber ein Mensch?	121

## ■ STREIFLICHTER

Gelbe Pilzblüte – täuschend echt	126
Gelenkschmiere in Beingelenken von Käfern	126
Dem Magnetsinn beim Rotkehlchen auf der Spur	128
Primitivität kein Wegweiser für Evolution	129
Sequentielle Mauser – „modernes“ Vogelmerkmal bei einem Dinosaurier	130
„Total unsichere“ Phylogenie an der Basis der Vögel	131
Das Urknallmodell unter Zeitdruck	132
Planeten ohne Stern	133
Kaum einzigartige DNA-Sequenzen im Erbgut des Menschen	134
14 „computergesteuerte“ Glieder beim Wimperntierchen	135
Fischflosse als Inspiration für die Roboterhand	137

# Verhaltens-ähnlichkeiten sind kein gutes Evolutionsargument



## Lebensraumbedingte Konvergenzen im Verhalten von Mensch und Tier

Wenn man bei Tieren Ähnlichkeiten im Körperbau und Verhalten zum Menschen beobachtet, werden diese seit DARWIN gewöhnlich als Hinweis auf eine gemeinsame evolutionäre Abstammung gedeutet. BARSBAI und Kollegen erforschten 2021 erstmals den Zusammenhang zwischen dem Verhalten von Naturvölkern und den jeweiligen Tieren in ihrem Lebensraum und kamen dabei zu überraschenden Ergebnissen.

B. Scholl

### Einleitung

Woher kommt das Verhalten des Menschen? Ist es evolutionär bedingt, d. h. hat es sich von allein aus einem Wechselspiel von Umwelteinflüssen und Genen entwickelt? Diese Frage ist insofern für das menschliche Selbstverständnis relevant, als wir in diesem Fall weiterentwickelte Tiere im Sinne von DARWIN'S Evolutionslehre wären und nicht eine besondere Schöpfung „zum Bilde Gottes“.

Toman BARSBAI und Kollegen (2021) haben in der Fachzeitschrift *Science* erstmalig eine großangelegte systematische Studie über das Verhalten von Menschen im Vergleich mit den in den gleichen Lebensräumen lebenden Vögeln und Säugetieren vorgelegt, um die Frage nach der Herkunft von menschlichem Verhalten zu beantworten. Denn bisher wurde immer nur das Verhalten in Bezug zu den Umweltbedingungen bei *nahe verwandten* Arten untersucht. Daraus wurde schließlich gefolgert, dass Verhaltensähnlichkeiten in der Regel für evolutionäre Verwandtschaft stehen, sofern es keine klaren

Indizien für Konvergenzen (unabhängige Entstehung) gibt.

BARSBAI et al. (2021) verwendeten für ihre Studie die anthropologischen Daten von Lewis BINFORD, welche dieser aus dem 19. und 20. Jahrhundert von 339 kleinen Jäger- und Sammlerpopulationen auf der ganzen Welt zusammengetragen hatte. BARSBAI et al. (2021) griffen 15 Verhaltensbereiche heraus, zu denen Daten vorlagen und verglichen sie nun mit dem Verhalten aller Säuger- und Vogelarten im jeweiligen Umkreis von 25 km. Dabei fanden sechs Kriterien der Nahrungsbeschaffung, fünf Kriterien der Fortpflanzung und vier Kriterien der Sozialverhalten Anwendung. Außerdem verglichen sie die unterschiedlichen Lebensräume anhand verschiedener Parameter wie z. B. Höhenlage oder Küstennähe.

### Der bisherige Forschungsstand zum Einfluss von Umweltbedingungen

BARSBAI et al. (2021) stellen in Bezug auf die bisherige Verhaltensforschung fest: „Bei eng



**Abb. 1** Das Verhalten von Jäger- und Sammler-Völkern ähnelt dem Verhalten von Säuger- und Vogelarten im selben Lebensraum. Hier: Nordamerikanischer Indianer, Weißkopfsaadler und Puma. (Fotos: Pixabay)

verwandten Arten wurde eine Konvergenz des Verhaltens mit den ökologischen Bedingungen festgestellt.“ Dies bedeutet, dass nahe verwandte Arten die Fähigkeit besitzen, sich im Verhalten ähnlich auf verschiedene Umweltbedingungen einzustellen, ohne dass diese Verhaltensweisen direkt evolutionär bzw. durch Abstammung von einer an die andere Gruppe weitergegeben worden sind. Die Autoren berichten weiter, dass der ökologische Einfluss der Umwelt auf den Körperbau der Lebewesen (Morphologie) auch bei nicht näher verwandten Arten bereits allgemein anerkannt sei. Dies gilt beispielsweise für die Bergmann'sche Regel, wonach Tiere in kalten Regionen zur relativen Reduktion der Körperoberfläche und damit besseren Wärmespeicherung oft größer sind, und auch die Allen'sche Regel, nach welcher Tiere in warmen Regionen größere Körperanhänge wie z. B. Ohren haben, um mehr Wärme abgeben zu können.

## Kompakt

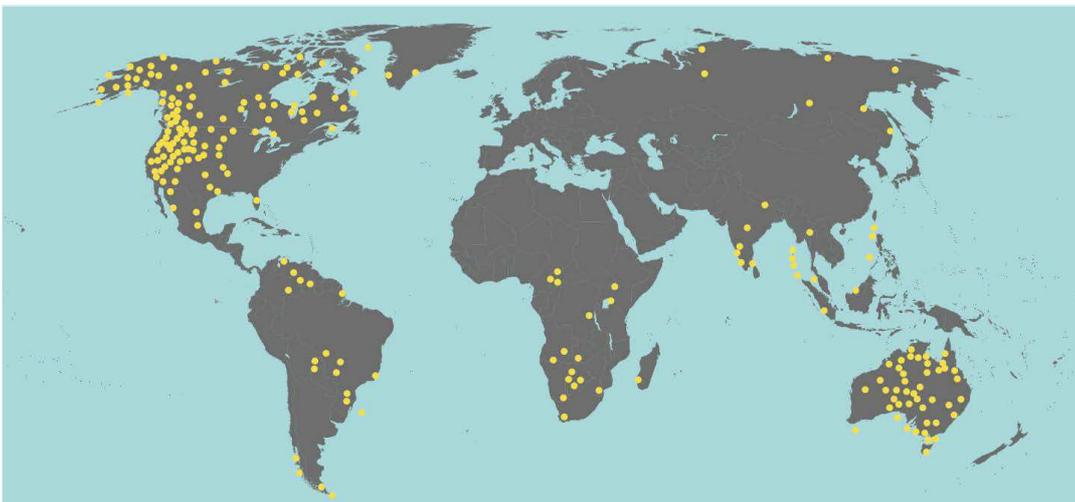
BARSBAI et al. (2021) haben in einer Studie Verhaltensweisen von Jäger- und Sammlerpopulationen mit dem Verhalten benachbarter Säugetier- und Vogelarten verglichen. Sie kamen zu dem Schluss, dass sich die Verhaltensweisen hinsichtlich Nahrungs-, Fortpflanzungs- und Sozialverhalten häufig ähneln – sogar stärker als mit nahe verwandten Arten in anderen Lebensräumen. Dies zeigt im starken Kontrast zur Darwin'schen Evolutionstheorie, dass Verhaltensähnlichkeiten kein gutes Argument für gemeinsame Abstammung (Evolution) sind. Sich ähnelnde Verhaltensweisen (Verhaltenskonvergenzen) kann man eher als präexistente genetische Programme deuten, die in ganz unterschiedlichen Arten angelegt sind. Allerdings hat die Schlussfolgerung des starken Einflusses der Umwelt auf das menschliche Verhalten von BARSBAI et al. auch die fachwissenschaftliche Diskussion entfacht, wie stark menschliche Kultur den Menschen prägt und ihn zu einem einzigartigen Geschöpf macht.

Für den Menschen stellt sich die spannende Frage, ob die Regeln der Verhaltensökologie auf ihn einfach übertragbar sind oder ob vor allem kulturelle Prozesse die großen Unterschiede im Verhalten verschiedener Gesellschaften hervorbringen.

## Die Forschungsergebnisse von BARSBAI et al. (2021)

BARSBAI et al. (2021) wiesen für die Futtersuche nach, dass in Gebieten, in denen viele Tierarten Fleisch fraßen, die Menschen prozentual mehr Tiere jagten. Bei der Fischjagd ist es ebenso. Wenn das Horten von Nahrungsmitteln bei Tierarten in einem Gebiet überdurchschnittlich oft erfolgt, ist dies auch beim Menschen der Fall. Zwischen der Länge der Streifzüge nach Nahrungsmitteln und längerfristigen Standortwechseln gab es, jedenfalls dort, wo Daten verfügbar waren, ebenfalls Ähnlichkeiten zum Verhalten der Tiere im gleichen Lebensraum.

Dies alles liegt sicherlich am Ressourcenangebot des jeweiligen Lebensraumes, welches die Lebewesen opportunistisch nutzen: Welche Nahrung ist wo, wann und in welcher Menge



**Abb. 2** Die 339 Jäger- und Sammlerpopulationen (gelbe Punkte) von Lewis BINFORD. Eigene Darstellung auf der Grundlage von BARSBAI et al. (2021).



**Abb. 3** Die Mbuti-„Pygmäen“ (Tierreservat Dja in Kamerun) haben nur wenig Vorratshaltung ebenso wie die Tiere in ihrem Lebensraum, bei denen nur 7 von 171 Arten (4%) Nahrungsvorräte anlegen. (Earwig, Wikimedia Commons)

verfügbar? Im Grunde überraschen diese Befunde nicht, da bei Nahrung ein hoher und schnell wirksamer Selektionsdruck auftritt, so dass nur diejenigen gut überleben können, die sich in ihrem Bewegungsmuster und Jagdverhalten den gegebenen Nahrungsressourcen anpassen.

Spektakulärer ist der Vergleich im Fortpflanzungsverhalten. In Gebieten, in denen Menschen früher damit beginnen, Nachkommen zu zeugen, ist dies auch bei Tieren so. Polygamie (ein Mann mit mehreren Frauen) tritt beim Menschen vor allem dort auf, wo ebenfalls Säugetiere weniger stabile Partnerbeziehungen eingehen und männliche Vögel mehrere Weibchen begatten.

Hier stellt sich die Frage: In welchem Zusammenhang könnte das Polygamie-Verhalten mit den Umweltbedingungen stehen? Polygamie kann theoretisch in Regionen, die beispielsweise gefährliche Jagd auf Großwild oder riskante Fischertouren auf hoher See erfordern und somit viel mehr jungen Männern als Frauen das Leben kosten, eine effektive (wenn auch aus christlicher Sicht ethisch fragwürdige) Strategie zur Nutzung der Umwelt sein, die sich

über mehrere Generationen manifestiert. Man könnte auch Opportunismus vermuten, dass eben dort, wo genügend geschlechtsreife Frauen „zur Verfügung“ stehen, diese von den Männern als Frauen genommen werden. Ein Beispiel dafür wäre die Vielehe des „Täuferreichs Münster“, die man schlichtweg einfuhrte, weil fast dreimal so viele Frauen wie Männer dort lebten (LAGENAU 2018).

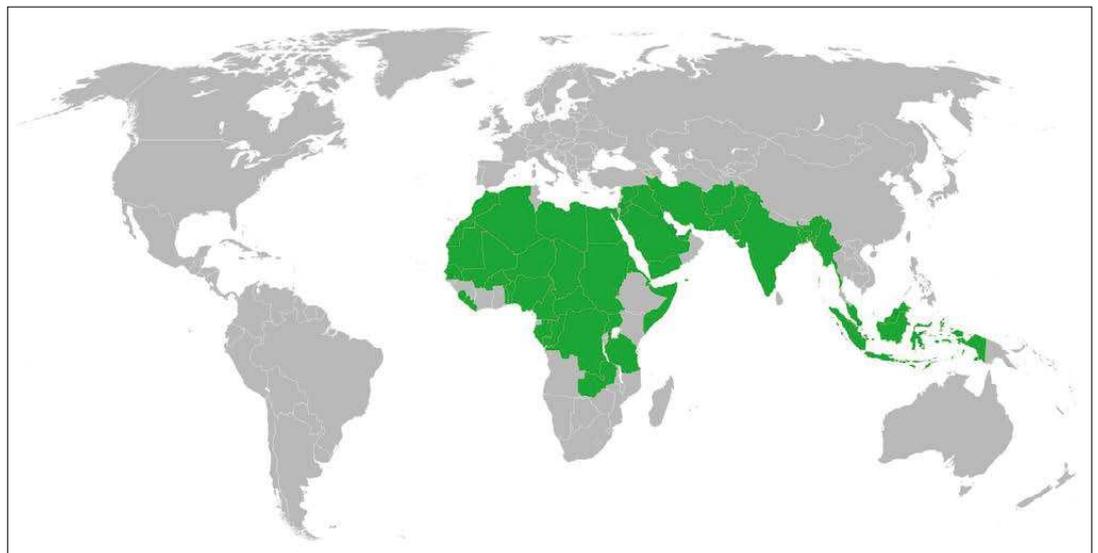
Auch bei der Frage, ob in einer Kultur Scheidungen eher zulässig sind, weist menschliches Verhalten eine Korrelation zu häufigerem Partnerwechsel bei Vögeln auf.

Wenn Menschen Partner vermehrt in einer anderen Menschengruppe suchten, war dies zwar bei Säugetieren ebenso der Fall; bei Vögeln war allerdings der Suchradius genau dort kleiner statt größer – hier trat also das Gegenteil auf. Ebenso steht die Häufigkeit der Patrilokalität (das Verlassen ihrer Gruppe bei Frauen, um zu ihren Männern zu ziehen) in keiner Relation zu dem Verhalten bei den Tieren desselben Lebensraums.

Auch beim Sozialverhalten traten interessante Parallelen je nach Lebensraum auf: Wenn die menschlichen Väter eine größere Rolle in der Ernährung der Kinder spielten, war dies im betreffenden Gebiet ebenfalls bei Vögeln und Säugern häufiger der Fall. Auch bei der Populationsdichte von Menschen bzw. Tieren und der Gruppengröße gab es Ähnlichkeiten. Wenn Menschen stärker hierarchische Gruppen bildeten, war bei Tieren eine Monopolisierung der Fortpflanzung in der Gruppe ebenfalls häufiger. Dies bedeutet, dass sich das dominante Alpha-Pärchen fortpflanzt, während es von den anderen Gruppenmitgliedern unterstützt wird, die gerade nicht sexuell aktiv sind.

BARSBAI et al. (2021) fanden also heraus, dass sich das Verhalten von Vögeln, Säugetieren und Menschen innerhalb eines Gebietes ähnelt. Spannenderweise ist das Verhalten von Mensch,

**Abb. 4** Länder mit legaler Polygamie, durch grüne Farbe hervorgehoben.



Vogel und Säuger statistisch sogar in vergleichbaren Umweltbedingungen ähnlicher als innerhalb der Arten bzw. Gattungen, wenn diese unterschiedliche Lebensräume bewohnen. Dieses Ergebnis war auch für Dieter LUKAS, Koautor der Studie und Ökologe am Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig, aus evolutionärer Perspektive überraschend: „Man würde erwarten, dass verschiedene Arten unterschiedlich mit ihrer Umwelt interagieren“ (GELITZ 2021). Möglicherweise geht LUKAS hier davon aus, dass sich die vermutete Millionen Jahre alte Anpassung und Interaktion zwischen Lebewesen und Lebensraum genetisch fixiert hätte.

### Die Forscher fanden heraus, dass sich das Verhalten von Vögeln, Säugetieren und Menschen innerhalb eines Gebietes ähnelt.

Die Verhaltensunterschiede sind also nicht evolutionär langfristig entstanden, sondern die ursprünglichen Arten wiesen wohl genügend genetische Plastizität (Formbarkeit) auf, um sich auf die unterschiedlichen Umweltbedingungen mit jeweils ähnlichen Verhaltensweisen einzustellen. Die Verhaltensunterschiede könnten des Weiteren auch durch Transposons (bewegliche genetische Elemente, die ihren Standort im Genom ändern können) vermittelt sein. Auch epigenetische Modifikationen wie z. B. Methylierung der DNA bzw. Histone (Verpackungseiwieße der DNA) und damit dichtere Verpackung und somit verminderte Genaktivität sind denkbar. Beide Prozesse sind leicht modifizierbar und z.T. auch reversibel. Epigenetische „Genschalter“ können z.T. auch über mehrere Generationen hinweg vererbt werden und würden so eine mittelfristige Anpassung an Lebensräume darstellen, die aber keineswegs durch langfristige evolutionäre Anpassung in den Genen der DNA selbst fixiert wären.

Doch wie aussagekräftig sind diese Ergebnisse? Der Korrelations-Koeffizient ist ein hilfreicher Hinweis darauf, ob tatsächlich ein linearer statistischer Zusammenhang zwischen Verhalten und Umwelt besteht (der Korrelations-Koeffizient liegt zwischen -1 und +1 und zeigt bei deutlich größer 0 einen positiven Zusammenhang an). Die Korrelations-Koeffizienten von BARSBAI et al. (2021) liegen im Verhalten von Mensch und Säugetieren insgesamt bei 0,61, zwischen Mensch und Vögeln bei 0,52 und zwischen Säugetieren und Vögeln bei 0,59. Dabei wurden die zwölf Verhaltenskriterien mit den größten Ähnlichkeiten und zehn Umweltfaktoren berücksichtigt. In der psychologischen und verhaltensbiologischen Statistik werden

Werte mit mindestens 0,5 als Signifikanz mit großem Effekt angesehen (vgl. COHEN 1988 sowie COHEN 1992 und NOSEK 2015b). Daher kann gefolgert werden, dass rein statistisch ein starker Zusammenhang zwischen den Verhaltensweisen von Menschen und Säugern und auch Vögeln besteht.

## Warnung vor Unterschätzung der Kultur

In einem begleitenden Kommentar zum oben genannten Artikel in *Science* warnen Kim HILL und Robert BOYD (2021) allerdings davor, den Einfluss der Kultur auf das Verhalten von Menschen zu unterschätzen. So widersprechen die Ergebnisse von BARSBAI et al. (2021) der Sichtweise der traditionellen Ansicht der Kultur-anthropologie, die den wesentlichen Unterschied zwischen Gesellschaften vor allem auf unterschiedliche kulturelle Glaubenssysteme zurückführt. HILL & BOYD (2021) stellen klar, dass verschiedene Zusammenhänge von Verhalten und Ökologie nicht so einfach sind, wie von BARSBAI et al. (2021) suggeriert wird. Dies wird an unter anderem an folgenden Punkten deutlich:

1. Menschliche Jäger und Sammler sind viel kooperativer als Primaten (und auch andere Tiere).
2. Kein anderes Wirbeltier kooperiert in den menschlichen Dimensionen.
3. Sozial übermittelte Normen spielen eine wichtige Rolle bei menschlichem Verhalten.
4. Die Versorgung von Angehörigen bzw. Stammesmitgliedern ist definitiv stark von der Kulturgeschichte der menschlichen Gruppe abhängig.
5. Unterschiedliche Kulturgeschichten haben tiefgreifende kognitive, emotionale und psychologische Auswirkungen auf die Menschen.
6. BARSBAI et al. (2021) untersuchten nur kleinere Jäger- und Sammlergesellschaften. Ihre Ergebnisse sind daher wohl kaum auf große Kulturnationen übertragbar.

HILL & BOYD (2021) kommentieren dementsprechend die Ergebnisse der Studie von BARSBAI et al. (2021): „Es ist jedoch ein Fehler, daraus zu schließen, dass Kultur unwichtig ist.“ Zudem schreiben sie, dass „die Wirkung von Kulturgeschichte Hunderte oder sogar Tausende Jahre besteht.“ HILL & BOYD (2021) zufolge ist es also theoretisch und empirisch gut belegt, dass soziales Lernen ein Hauptfaktor des menschlichen Verhaltens ist. Dies verdeutlicht zum Beispiel eine Studie von MATHEW & PERREAUULT (2015) über das Verhalten von 172 Indianer-Populationen im Westen Nordamerikas. Die Autoren kamen zu dem Ergebnis, dass öko-

logische Umweltbedingungen das Selbstversorgungs- und Technologienutzungsverhalten erklären können. Allerdings kamen die Forscher auch zu dem Ergebnis, dass das unterschiedliche Verhalten der Indianerpopulationen auch durch die sprachliche Distanz zwischen den Gruppen bedingt sein kann. Die sprachlichen Unterschiede der Indianergruppen können politische Ordnung, Religion und Sozialverhalten sogar noch besser erklären als die Bedingungen des Lebensraums.

Aus evolutionstheoretischer Perspektive ist die Feststellung von HILL & BOYD (2021) besonders hervorzuheben, dass menschliches Verhalten historische Einflüsse – nämlich die Kulturgeschichte – aufweist, die bei allen Tierarten fehlen. Daher können mithilfe der verhaltensbiologischen Theorien auch keine Vorhersagen zum Verhalten von Menschen aus tierischem Verhalten abgeleitet werden. HILL & BOYD (2021) formulieren es so: „Kulturelle Evolution kann auch zu Ergebnissen führen, die man nicht durch die Evolutionsmechanismen vorhersagen kann, die auf andere Arten angewendet werden.“ Das bedeutet: Wenn aufgrund von Umweltbedingungen menschliche Verhaltensweisen nicht vorhersagbar sind, dann ist der Einfluss der Ökologie eben nicht zwingend. Das wiederum heißt, dass der Mensch dem Selektionsdruck seiner Umwelt doch nicht willenlos ausgeliefert ist, sondern mit dem Knowhow seiner Kultur die Umweltbedingungen umformen kann – was Tieren so nicht möglich ist.

**Abb. 5** Diese Vertreter der Naturvölker in Brasilien in verschiedenen Trachten zeigen bereits optisch den Einfluss von Kultur auf das menschliche Verhalten. (Antonio Cruz/ABr - Câmara dos Deputados, CC BY 3.0 br)

**Wenn aufgrund von Umweltbedingungen menschliche Verhaltensweisen nicht vorhersagbar sind, dann ist der Einfluss der Ökologie eben nicht zwingend.**



Dieser Sachverhalt wird von HILL & BOYD (2021) als „einzigartige menschliche [Verhaltens-]Muster, die in Tierstudien nicht gefunden werden“, bezeichnet.

So formulieren HILL & BOYD (2021) gegen Ende ihres Kommentars: „Bisher ist keine vollständige Theorie verfügbar, die vorhersagt, wann die Kultur die Fitness außer Kraft setzen wird, um die ökologische Anpassung zu maximieren und umgekehrt. Dies wird die Herausforderung für die nächste Generation von Sozialwissenschaftlern sein [...].“

Es bleibt also nach wie vor offen, was die genauen Ursachen der jeweiligen Verhaltensanpassung bei Mensch und Tier sind, da man bisher noch nicht weiß, „welche Umweltfaktoren für welches Verhalten bedeutsam sind und wie genau beide zusammenhängen“ (GELITZ 2021).

## Ein Fazit aus schöpfungstheoretischer Sicht

In der Verhaltensbiologie versucht man, das Verhalten mit den verschiedenen Faktoren Umwelt, Gene, Evolutionsgeschichte und Kultur zu erklären, die alle in gewissem Grad interagieren. Ähnliches Verhalten kann dabei entweder als Folge einer gemeinsamen Evolutionsgeschichte, welche genetisch fixiert wurde, oder als Konvergenz und damit als unabhängige Anpassung gedeutet werden.

Die Studie von BARSBAL et al. (2021) legt (unter der Voraussetzung, dass sie reproduzierbar ist) nahe, dass Verhaltensähnlichkeiten auch dort auftreten, wo man sie evolutionär nicht erwartet hat: Zwischen Vögeln und Menschen sowie zwischen Säugetieren und Menschen, wenn diese ähnliche Lebensräume besiedeln. Säuger und Vögel trennen nach evolutionärer Anschauung eine unterschiedliche Entwicklung über 300 Millionen radiometrische Jahre. Eine gemeinsame evolutionäre Abstammung der Verhaltensweisen ist also nicht denkbar. Die Verhaltensweisen sind daher definitiv konvergente Anpassungen an die Umweltbedingungen.

JUNKER (2016) hatte zurecht darauf hingewiesen, dass häufige Konvergenzen ein schwerwiegendes Problem für die evolutionäre Systematik sind. Wenn Konvergenzen nicht gelegentlich, sondern sehr häufig auftreten, dann ist das Darwin'sche Grundprinzip der Stammbaumerstellung, von Ähnlichkeit auf evolutionäre Verwandtschaft zu schließen, prinzipiell hinfällig. Denn dann kann niemand mehr sicher sagen, welche Ähnlichkeiten evolutionärer Abstammung und welche Konvergenzen entstammen. Damit kann Evolution nicht mehr nachgezeichnet werden – und ist zudem durch das Auftreten von Ähnlichkeiten auch nicht mehr belegbar.

## Das Problem der Reproduzierbarkeit

Wissenschaftliche Studien basieren darauf, dass sie reproduzierbar (wiederholbar) sind. Dementsprechend müssten durch spätere Forschungen nicht nur die Ursachen der Korrelation zwischen dem Verhalten verschiedener Tiergruppen und der Menschen in gemeinsamen Ökosystemen untersucht werden, sondern es müsste auch geprüft werden, ob die Studienergebnisse überhaupt reproduzierbar sind.

Genau mit diesen Fragen beschäftigt sich die Forschung in der Meta-Wissenschaft. So schreiben Brian NOSEK (Sozialpsychologe am Department of Psychology at the University of Virginia und Mitbegründer des Center for Open Science) und Kollegen (2015a), die genau in diesem Bereich forschen: „Transparenz, Offenheit und Reproduzierbarkeit werden schnell als wesentliche Merkmale der Wissenschaft anerkannt. [...] Daher könnte man erwarten, dass diese geschätzten Merkmale in der täglichen [wissenschaftlichen] Praxis Routine sind. Eine wachsende Zahl von Hinweisen deutet jedoch darauf hin, dass dies nicht der Fall ist.“

Dieses Phänomen ist allgemein als Reproduzierbarkeitskrise bekannt geworden und trifft insbesondere auf verhaltenspsychologische Studien zu, die der vorliegenden Studie von BARSBAI et al. (2021) ähneln. „Daten darüber, wie viel aus der wissenschaftlichen Literatur reproduzierbar ist, sind selten und im Allgemeinen düster. Die bekanntesten Analysen aus Psychologie und Krebsbiologie ergaben Raten von rund 40 % und 10 %“, schreibt BAKER (2016b) in *Nature News*. Das bedeutet, dass 60 bis 90% der Studien in diesen Wissenschaftszweigen nicht reproduzierbar und damit möglicherweise wissenschaftlich nicht zutreffend sind.

NOSEK et al. (2015b) führten zur Reproduzierbarkeit in der Psychologie eine großangelegte Metastudie mit 270 Wissenschaftlern durch, um 98 publizierte Einzelstudien zu wiederho-

len. Die Ergebnisse waren für die Fachwelt ein Schock: Nur 39% der erneut durchgeführten Studien konnten signifikante Ergebnisse der Ursprungstudien reproduzieren. Die Positivbefunde lagen bei 36% in den Wiederholungsstudien statt bei 97% in den Ausgangsstudien. Das entspricht etwa den oben erwähnten ca. 40 Prozent Wiederholbarkeit bei psychologischen Studien – obwohl oft sogar die Originaldaten verwendet wurden. BAKER (2016a) fasst es in *Nature News* so zusammen: „In jedem Fall sahen die Ergebnisse besorgniserregend schwach aus.“

Zum Vergleich: Bei einer Studie zur Reproduzierbarkeit in den Wirtschaftswissenschaften „wurde festgestellt, dass mindestens 11 von 18 Studien reproduziert werden konnten – was sich auf 14 erhöht, wenn andere Kriterien zur Beurteilung der Reproduzierbarkeit verwendet wurden“ (BAKER 2016a). Laut NOSEK, der daran nicht beteiligt war, sei aber die Anzahl der wiederholten Studien zu gering, um abzuleiten, dass „die Ökonomie eine höhere Replikationsrate aufweist als die Psychologie“ (BAKER 2016a). Dem widerspricht Colin CAMERER (Verhaltensökonom am California Institute of Technology in Pasadena): „Dennoch ist die Größe der Effekte, die in den Replikations- und Originalstudien gefunden wurden, in der Wirtschaftsstudie besser als in der Psychologie.“

Steve LINDSAY (Psychologe an der Universität von Victoria) wurde außerdem sehr deutlich: „Wir haben viele Gründe zu der Annahme, dass viele Psychologen seit langem dazu neigen, die Auswirkungen ihrer Veröffentlichungen systematisch zu übertreiben“ (BAKER 2016a).

Um zu untersuchen, inwieweit die Replikationskrise quer durch alle Fachbereiche der Wissenschaften ein Problem darstellt, führte die Wissenschaftszeitschrift *Nature* eine großangelegte Umfrage unter 1576 Wissenschaftlern durch, die zu folgendem Ergebnis kam: „Mehr als 70% der Forscher haben ohne Erfolg

versucht, die Forschungen eines anderen Wissenschaftlers zu reproduzieren, und mehr als die Hälfte [der Wissenschaftler] hat [sogar] ihre eigenen Forschungen nicht reproduzieren können“ (BAKER 2016b). Die Umfrage ergab auch, dass insgesamt 90% der befragten Forscher von einer Reproduzierbarkeitskrise der Wissenschaft sprachen, während sich nur 3% dagegen aussprachen (BAKER 2016b).

Doch es gibt noch ein weiteres Problem: Es werden nämlich äußerst selten überhaupt negative Forschungsergebnisse veröffentlicht (vgl. JUNKER 2013). Nur „eine Minderheit der Befragten gab an, jemals versucht zu haben, eine Replikationsstudie zu veröffentlichen“, schreibt BAKER (2016b) über die oben genannte *Nature*-Umfrage unter den 1576 Wissenschaftlern. Als Gründe dafür werden von BAKER (2016b) angegeben:

1. Forscher halten die nicht reproduzierten Studien trotzdem für gültig.
2. Die Anreize zu positiven Replikationsstudien sind hinsichtlich finanziellem Gewinn und möglicher Anerkennung gering.
3. Negative Reproduktionsstudien werden von Verlagen nicht unbedingt veröffentlicht.
4. Zum Teil fordern die Verlage bei Replikationsstudien sogar, die Vergleiche mit der ursprünglichen Studie herunter zu spielen.
5. Veröffentlichungsdruck und selektive Berichterstattung können methodischen Mängeln der Studien (z. B. in der Überwachung und Protokollierung) Vorschub leisten.

NOSEK (2015b) fasst diese Befunde gut zusammen: „Die Reproduzierbarkeit ist ein bestimmendes Merkmal der Wissenschaft, aber inwieweit sie die aktuelle Forschung charakterisiert, ist unbekannt.“

Daher ist es leider fragwürdig, ob die Untersuchung von BARSBAI et al. (2021) überhaupt von der Forschung wiederholt oder gar reproduziert werden kann. Insofern ist eine gewisse Vorsicht bei der Interpretation der Forschungsergebnisse angeraten.

## Verhaltensähnlichkeiten treten auch dort auf, wo man sie evolutionär nicht erwartet hat.

Wenn nicht verwandte Tiere und Menschen sich in ähnlichen Lebensräumen ähnlich verhalten, dann müssen diese Verhaltensweisen also genetisch vorprogrammiert sein (auch als präexistente genetische Programme bezeichnet, vgl. CROMPTON 2018). Dies bedeutet, dass sie sich in kurzen Zeiträumen an die jeweiligen Umweltbedingungen in ihrem Verhalten anpassen können. Es wäre daher ein Beispiel für Mikroevolution innerhalb von Grundtypen, also einer Anpassung innerhalb des geschaffenen genetischen Rahmens. Somit kann man davon

ausgehen, dass das Verhalten aus Schöpfungsperspektive bei gemeinsam geschaffenen Grundtypen genetisch variabel programmiert ist und von der Umwelt selektiert (ausgelesen) wird. Damit gilt: Umweltbedingte Verhaltensähnlichkeiten sind kein gutes Evolutionsargument, sondern vielmehr ein Hinweis auf die geniale präexistente Programmierung von Mensch und Tier, welche ihnen das Überleben in verschiedenen Lebensräumen ermöglicht hat. Dies sollte man bedenken, wenn in evolutionärer Perspektive oberflächliche Ähnlichkeiten zwischen Menschen und Tieren – insbesondere Primaten und vor allem Schimpansen – nur auf der Grundlage von Evolution deutet (vgl. im Detail SCHOLL 2018).



**Abb. 6** Häufiges Jagen macht nur dort Sinn, wo es genügend größere Beutetiere gibt. Hier Hadza-Bogenschützen (Lake Eyasi in Tansania). (Woodlouse, CC BY-SA 2.0)

Zugegebenermaßen wirkt nun aber die Studie von BARSBAI et al. (2021) auch so, als ob Menschen ihr Verhalten genauso wie Tiere vor allem an der Natur ausrichten. Dies wiederum würde man aus evolutionärer Sicht erwarten, da man ja postuliert, der Mensch hätte sich vor ca. 5 bis 7 Millionen Jahren aus affenähnlichen Vorfahren entwickelt. Andererseits sind insbesondere die Nahrungsressourcen eines Lebensraumes logischerweise für das effektive Überleben von Jäger- und Sammlerpopulationen ganz entscheidende Faktoren hinsichtlich Ernährung und Sozialstruktur. So ist es natürlich auch auf mikroevolutiver Ebene erklärbar, dass solche Lebensgemeinschaften von Jägern und Sammlern besonders erfolgreich sind, die sich in ihrem ganzen Verhalten den Ressourcen optimal anpassen.

Der vereinfachten Entsprechung von Verhalten und Umwelt bei Tier und Mensch widersprechen auch HILL & BOYD (2021) vehement. Sie weisen auf die kategorialen Unterschiede im Verhalten von Tieren und Menschen hin, indem sie aufzeigen, dass Kulturgeschichte und insbesondere Sprache ebenfalls als starke Einflussfaktoren auf menschliches Verhalten wirken. Außerdem sind gerade diese Eigenschaften ja diejenigen, die Menschen eindeutig von Menschenaffen unterscheiden (vgl. SCHOLL 2018). Es bleibt daher für die zukünftige Verhaltensforschung eine wichtige Aufgabe, die Daten von BARSBAI et al. (2021) nun auch mit kulturellen und sprachlichen Unterschieden der Jäger- und Sammlergesellschaften in Verbindung zu brin-

gen, um zu prüfen, ob diese die Effekte vielleicht statistisch noch besser erklären können.

## Literatur

- BAKER M (2015) First results from psychology's largest reproducibility test. Crowd-sourced effort raises nuanced questions about what counts as replication. *Nature News*, <https://www.nature.com/news/first-results-from-psychology-s-largest-reproducibility-test-1.17433>.
- BAKER M (2016a) Psychology's reproducibility problem is exaggerated – say psychologists. Reanalysis of last year's enormous replication study argues that there is no need to be so pessimistic. *Nature News*, <https://www.nature.com/news/psychology-s-reproducibility-problem-is-exaggerated-say-psychologists-1.19498>.
- BAKER M (2016b) 1,500 scientists lift the lid on reproducibility. Survey sheds light on the 'crisis' rocking research. *Nature News*, <https://www.nature.com/news/1-500-scientists-lift-the-lid-on-reproducibility-1.19970>.
- BARSBAI T, LUKAS D & PONDORFER A (2021) Local convergence of behavior across species. *Science* 371, 292–295.
- COHEN J (1988) *Statistical Power Analysis for the Behavioral Sciences* (2. Ed.). New Jersey.
- COHEN J (1992) A power primer. *Psychological Bulletin* 112, 155–159.
- CROMPTON N (2018) Die Paradiesvögel. 2. Präexistente genetische Programme und die Rolle der sexuellen Selektion. *Stud. Integr. J.* 25, 12–19.
- GELITZ C (2021) Menschen verhalten sich ähnlich wie ihre tierischen Nachbarn. *Spektrum der Wissenschaft*, <https://www.spektrum.de/news/menschen-und-ihre-tierischen-nachbarn-verhalten-sich-aehnlich/1818776>.
- HILL K & BOYD R (2021) Behavioral convergence in humans and animals. Local ecology combines with culture to produce behavioral variation in hunter-gatherers. *Science* 371, 235–236.
- JUNKER R (2013) Schimpanse und Mensch: Affen äffen nicht nach. *Stud. Integr. J.* 20, 63–64.
- JUNKER R (2016) Evolution „erklärt“ Sachverhalte und ihr Gegenteil. *Stud. Integr. J.* 23, 4–12.
- LAGENAU L (2018) Als Münster ein Gottesstaat war. *sueddeutsche.de*, 8. 5.2018, <https://www.sueddeutsche.de/panorama/geschichte-als-muenster-ein-gottesstaat-war-1.3965199-0>
- MATHEW S & PERREAULT S (2015) Behavioural variation in 172 small-scale societies indicates that social learning is the main mode of human adaptation. *Proc. R. Soc. B.* 282:20150061.
- NOSEK B et al. (2015a) Promoting an open research culture. *Science* 348, 1422.
- NOSEK B et al. (2015b) Estimating the reproducibility of psychological science. *Science* 349, 943.
- SCHOLL B (2018) Affe = Mensch? Ein Überblick über verhaltensbiologische Unterschiede zwischen Affen und Menschen. *W+W Special Paper B-18-1*, [https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-18-1\\_affe-mensch.pdf](https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-18-1_affe-mensch.pdf).

*Anschrift des Verfassers:*

*B. Scholl, SG Wort und Wissen,  
Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbrunn;  
E-Mail: biolehrer.scholl@gmail.com*

# Vögel aus der Kreide – Busch statt Stammbaum



Ein aktuelles Cladogramm\* von Vogelgattungen aus der geologischen Periode der Kreide zeigt, dass ein Großteil der Fossilformen in einem relativ engen Zeitfenster (erstmalig oder überhaupt) überliefert ist. Eine große Formenvielfalt erscheint fossil plötzlich im Aptium\*. Die vergleichsweise wenigen geologisch älteren Gattungen aus dem Barremium und Hauterivium sind kaum als Vorläuferformen geeignet, im Gegenteil: Gerade einige der geologisch ältesten Gattungen sind „abgeleitet“ („höherentwickelt“) und stehen ziemlich tief eingeschachtelt (also weit oben) im Cladogramm. Der Gesamtbefund der in der Kreide überlieferten Vögel widerspricht deutlich evolutionstheoretischen Erwartungen.

Reinhard Junker

## Einleitung

Die evolutive Ableitung der Vögel von Dinosauriern hat in der Fachwelt einen Status der Gewissheit ähnlich wie Evolution insgesamt als Rahmenparadigma. Im Jahr 1998 titelte Henry GEE in der Wissenschaftszeitschrift *Nature* dazu: „Birds and dinosaurs – the debate is over“ (GEE 1998). Widerspruch in der Fachwelt gibt es kaum (FEDUCCIA 2020).

In einer Reihe von Übersichtsartikeln des letzten Jahrzehnts wird darüber hinaus behauptet, dass auch nachvollziehbar sei, dass die typischen Vogelmerkmale *schrittweise* in Dinosaurier-Vorläufer-Gruppen entstanden seien. Eine genauere Analyse zeigt jedoch, dass die Verhält-

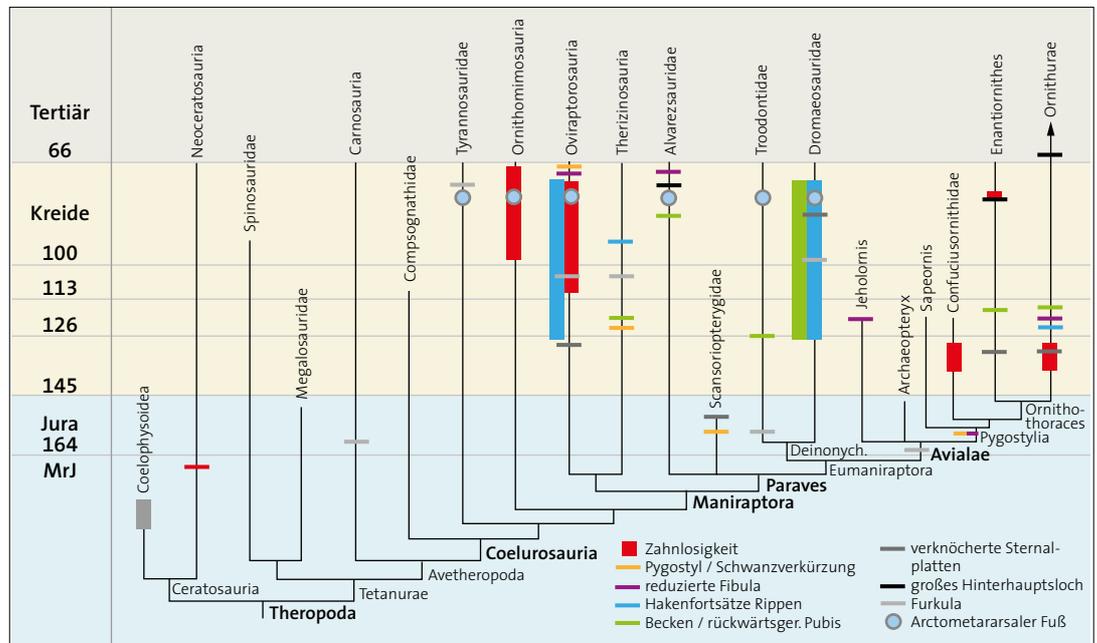
## Kompakt

Die evolutive Ableitung der Vögel von Dinosauriern gilt in der Fachwelt als gesichert. Dennoch liegen systematische Befunde vor, die einer evolutionstheoretischen Deutung der relevanten Fossilfunde entgegenstehen. Einer dieser Befunde ist das ziemlich plötzliche Auftreten verschiedenster Vogelgattungen in großer Formenfülle, was einer schrittweisen Evolution widerspricht. Zudem zeigt sich, dass die geologisch ältesten Formen, die zu den beiden Hauptgruppen der kretazischen\* Vögel gehören, in der Regel nicht wie evolutionstheoretisch zu erwarten an der Basis, sondern an unterschiedlichen abgeleiteten Positionen im hypothetischen Stammbaum positioniert sind.

nisse sehr viel komplizierter sind: Zahlreiche Vogelmerkmale kommen zwar in unterschiedlichen Dinosaurier-Gruppen der Theropoden vor, aber es muss in vielen Fällen von einer kon-

**Abb. 1** Rekonstruktion von *Archaeornithura*. (Zongda Zhang / Institute of Vertebrate Paleontology and Paleoanthropology, Beijing)

**Abb. 2** Zeitskaliertes Cladogramm der Theropoden-Dinosaurier-Gruppen und Vögel und Zusammenschau der konvergenten Verteilung von neun vogeltypischen Merkmalen. Die stammesgeschichtlichen Rekonstruktionen verschiedener Bearbeitungen ergeben häufig unterschiedliche Anordnungen einzelner Gruppen. An der vielfachen Konvergenz ändern die verschiedenen Cladogramm-Varianten jedoch nichts Wesentliches. Die Merkmalsverteilungen sind vielfach so unsystematisch, dass die Annahme zahlreicher Konvergenzen unvermeidbar ist. MrJ: Millionen radiometrische Jahre. (Nach zahlreichen Quellen zusammengestellt, siehe dazu JUNKER 2019)



Mit einem Stern\* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

vergerten und damit von den Vögeln unabhängigen Entstehung dieser Merkmale ausgegangen werden (JUNKER 2019), meist sogar mehrfach, und das oft in Gattungen, die deutlich jünger sind als die ältesten Vogelgattungen. Mit anderen Worten: Die Vogelmerkmale bei Dinosauriern passen in vielen Fällen weder im Cladogramm\* noch stratigraphisch\* als Vorläufermerkmale (Abb. 2).

FEDUCCIA (2020) vertritt die Auffassung, dass es sich bei zahlreichen Dinosaurier-Gattungen mit Vogelmerkmalen um sekundär flugunfähig gewordene Formen handelt; eine Hypothese, die gelegentlich auch von anderen Wissenschaftlern diskutiert wurde (z. B. PAUL 2002). Trifft dies zu, würden cladistische Analysen (Stammbaumrekonstruktionen) in die Irre führen, weil durch die cladistische Methode Rückentwicklungen oft nicht erkannt werden können.

Vogelfossilien sind ab dem Oberjura bekannt, allen voran der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx*. In noch älteren Schichten des Oberjura wurde der vierflügelige *Anchiornis* entdeckt, der wie *Archaeopteryx* voll befiedert war und dessen Art des Flugs ungeklärt ist (HU et al. 2009; WANG et al. 2017b). Auch die Gattungen *Caihong* (HU et al. 2018) und *Serikornis* (LEFÈVRE et al. 2017) sind hier zu nennen. Gewöhnlich werden *Anchiornis* und andere befiederte Gattungen aus dem Oberjura als „befiederte Dinosaurier“ interpretiert, doch das folgt nicht aus den Befunden, sondern aus der theoretischen Vorstellung einer Abstammung der Vögel von Dinosauriern. Darauf soll an dieser Stelle nicht weiter eingegangen werden (siehe Diskussion bei JUNKER 2017).

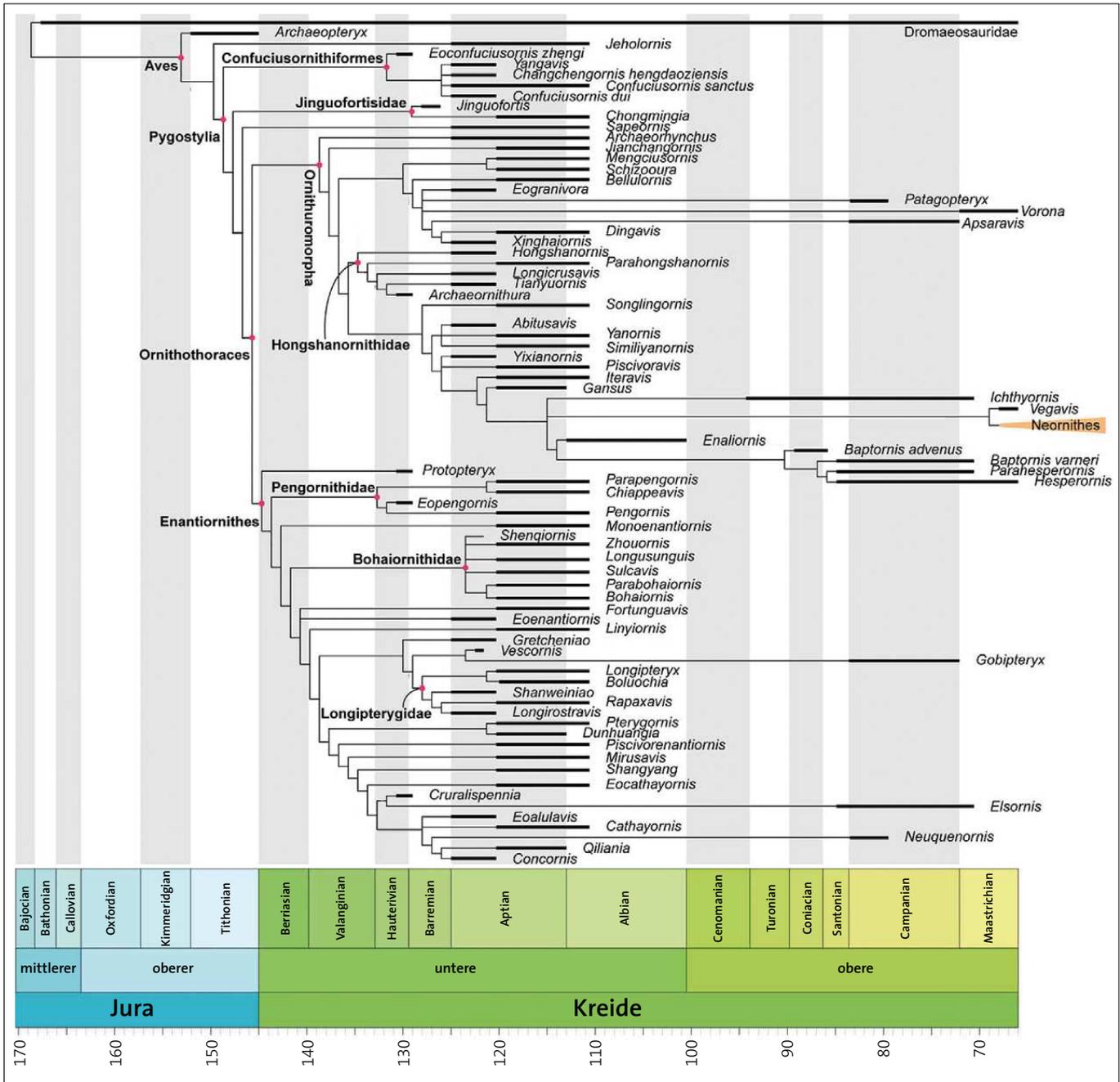
Während im Oberjura voll befiederte Gattungen eher dünn gesät sind, sind in der Unterkreide vor allem ab dem Aptium (ca. 126–113 Millionen radiometrische Jahre [MrJ]) sehr viele Vogelgattungen fossil überliefert. In einer ak-

tuellen Überblicksarbeit haben WANG et al. (2021) ein Cladogramm (Ähnlichkeitsbaum) der im Jura und in der Kreide fossil überlieferten Vogelgattungen veröffentlicht. In diesem Cladogramm ist auch angegeben, in welchen Schichten die Fossilfunde überliefert sind (Abb. 3). Schon ein flüchtiger Blick zeigt, dass ein Großteil der kretazischen\* Gattungen in der Unterkreide nur im Aptium fossil vertreten ist und dass sehr viele Gattungen annähernd gleichzeitig auftreten. Das gilt insbesondere für Vertreter der beiden Großgruppen der Enantiornithes\* (Gegenvögel) und Ornithuromorpha\* („Vogelschwänze“). Darauf weisen auch WANG et al. (2021, 1) hin: Bereits „kurz nach der Abspaltung von anderen Theropoden im späten Jura diversifizierten die Vögel des Mesozoikums in zwei Hauptgruppen – die Enantiornithes und die Ornithuromorpha“. Ihre Ergebnisse zeigen, dass diese beiden Hauptgruppen der Vögel des Mesozoikums in einem diskreten Merkmalsraum unterscheidbar sind. Beide Gruppen werden als Ornithothoraces\* („Brustbein-Vögel“) zusammengefasst.

Nur wenige Vogelgattungen sind in älteren Schichten des Hauteriviums und des Barremiums gefunden worden (Abb. 3). Evolutionstheoretisch würde man vermuten, dass diese Formen Merkmalskonstellationen aufweisen, die eine Interpretation als Vorläuferformen erlauben. Im Folgenden sollen die betreffenden Gattungen daraufhin untersucht werden.

## Die geologisch ältesten kretazischen Vogelgattungen

**Archaeornithura.** Diese zu den Ornithuromorpha gehörende amselgroße Gattung aus der Jehol-Gruppe Nordchinas ist der älteste fossile



Nachweis dieser Vogelgruppe (Alter auf 130,7 MrJ bestimmt). Dennoch erweist sie sich als überraschend „modern“ (WANG et al. 2015; Abb. 1, Seite 11). *Archaeornithura* besaß ein ziemlich „modernes“ Federkleid mit asymmetrischen Schwungfedern und gut entwickelter Alula\* (Daumenfittich) mit mindestens drei Federn und fächerförmigen Schwanzfedern, die denjenigen heutiger Vögel erstaunlich ähnlich sind (WANG et al. 2015, 7). Beide Merkmale sind bei heutigen Vögeln für langsamen Flug und Manövrierbarkeit aerodynamisch wichtig. *Archaeornithura* dürfte daher ein guter Flieger gewesen sein. Die Knochen am Ende der Flügel sind stark verschmolzen und es ist eine U-förmige Furcula (verwachsenes Schlüsselbein) ausgebildet (BALTER 2015) – beides Kennzeichen auch heutiger Vögel. Seine langen Beine waren nicht befiedert, was darauf hinweist,

### Die Position in der Schichtenabfolge und die Position im evolutionstheoretischen Stammbaum passen oft nicht zusammen.

dass es sich um einen Watvogel gehandelt haben dürfte, der im flachen Wasser herum stakste und dort nach Nahrung suchte.

*Archaeornithura* ist im Cladogramm der Gruppe tief eingeschachtelt (also weit oben; WANG et al. 2015, 6), also evolutionstheoretisch „hochentwickelt“ („abgeleitet“); die neue Gattung ist innerhalb der Hongshanornithidae eine spezialisierte Form, wobei diese Familie ihrerseits innerhalb der Ornithuromorpha ebenfalls tief eingeschachtelt ist, anders als andere Taxa aus jüngeren Schichten (also entgegen der zu erwartenden Reihenfolge). WANG et al. (2015, 6)

Abb. 3 Cladogramm der in der geologischen Formation der Kreide überlieferten fossilen Vogelgattungen mit Darstellung (Balken), in welchen Stufen sie gefunden wurden. Die Zahlen am unteren Ende geben Millionen radiometrische Jahre an. (Nach WANG et al. 2021; mit freundlicher Genehmigung)

sprechen von Inkonsistenzen zwischen Stratigraphie und Phylogenie, was die Annahme sogenannter Geisterlinien\* erforderlich mache.

**Protopteryx.** *Protopteryx* (Abb. 4) ist eines der ältesten Fossilien der Gegenvögel und wird auf 130–129 MrJ datiert (O’CONNOR et al. 2020). Die Gattung nimmt zwar im Cladogramm eine basale Position ein, weist aber auch eine Reihe von Merkmalen auf, die für eine sehr gute Flugfähigkeit sprechen – trotz deutlich verschiedener Anatomie im Vergleich mit heutigen Vögeln. NAVALÓN et al. (2015) stellen fest, dass *Protopteryx fengningensis* Vorderextremitäten mit „modernen“ Proportionen besaß, außerdem ein gekieltes Brustbein, einen „fortschrittlichen“ Schultergürtel mit einem Kanal für die Passage der Flugmuskeln (Dreiknochenkanal, triosseal canal), was alles auf die Fähigkeit zu aktivem Flug und Flügelschlag ähnlich dem heutiger

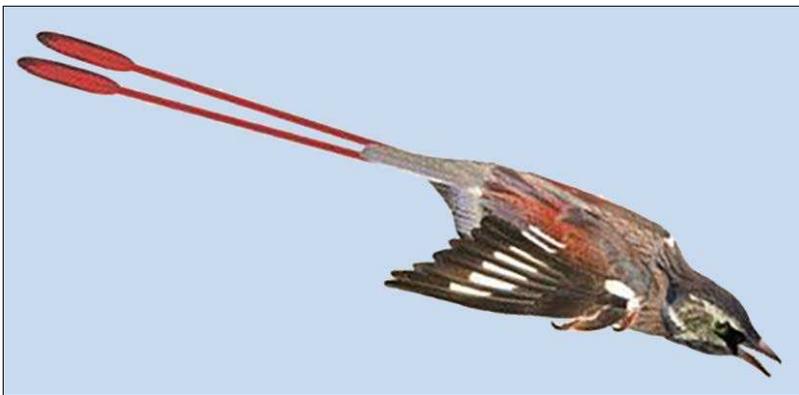
Vögel hinweise. Auch Ähnlichkeiten der Körperbedeckung mit heutigen Vögeln mit identischer Federanordnung würden in diese Richtung weisen. CHIAPPE et al. (2019) fanden an einem gut erhaltenen Exemplar Merkmale, die auf die Fähigkeit zu stoßweisem Flug („bounding“ oder „flap-gliding“) hindeuten, was das früheste Auftreten einer solchen energiesparenden Flugstrategie markiere, wie es auch bei heutigen Vögeln bekannt ist.

*Protopteryx* weist Merkmale auf, die sonst bei den Gegenvögeln fehlen, jedoch bei den Ornithuromorpha verbreitet sind, wie z. B. das Procoracoid (Teil des Schultergürtels) und die seitlichen Fortsätze am Rabenbein und der körpernah konvexe Kopf des Oberarmknochens (Humerus).

Der Humerus bei *Protopteryx* kann nach O’CONNOR et al. (2020, 15) als plesiomorphe\* (ursprüngliche) Ausprägung der Ornithothoraces\* gewertet werden, ebenso der kleine Procoracoid-Fortsatz und ein seitlicher Fortsatz am Humerus. Diese Merkmale könnten aber auch unabhängig voneinander in der *Protopteryx*-Linie und den Ornithuromorphen entstanden sein, da ein Procoracoid-Fortsatz auch unabhängig in der von beiden Gruppen unabhängigen *Jeholornis*-Linie ausgebildet ist und ein seitlicher Fortsatz am Humerus im basalen Ornithuromorphen *Schizoura* fehlt.

O’CONNOR et al. (2020, 2) weisen darauf hin, dass die Vogelwelt aus dem *Protopteryx*-Horizont morphologisch recht vielfältig ist, obwohl es

Abb. 4 *Protopteryx*-Fossil aus Fengning, Hebei, China (Tiouraren, CC BY-SA 4.0) und Rekonstruktion (es.dino.wikia.com, CC-BY-SA).



sich um das früheste fossil dokumentierte Stadium der Gegenvögel-Evolution handelt. Das spreche dafür, dass diese Vogelgruppe zeitlich früher entstanden ist. Es seien zahlreiche morphologische Merkmale vorhanden, die bei jüngeren Gegenvögeln fehlen, aber charakteristisch für Ornithuromorphen sind: ein pflugförmiges Pygostyl\* von *Cruralispennia* (s. u.), das dem Pygostyl von *Sapeornis* ähnelt, ein Procoracoid-Fortsatz bei *Protopteryx* und ein kugelförmiger Humeruskopf\* von *Eopengornis* (s. u.) und anderen Pengornithiden. Der Umstand, dass diese Vogelgruppen durch häufiges Vorkommen von Homoplasien charakterisiert sind, „erschwert die Versuche, ihre Phylogenie zu verstehen, wobei aktuelle phylogenetische Analysen nur schwach unterstützt werden und instabil sind“ (O’CONNOR et al. 2020, 15).

***Eopengornis*.** Diese Gattung gehört ebenfalls zu den ältesten Vögeln aus der Kreide (Jehol-Gruppe China, ca. 131 MrJ) (WANG et al. 2014). Die Form des Schwanzes ist ungewöhnlich: Ein Paar verlängerter, vollständig gefiederter, von der zentralen Achse (Rachis) dominierter Federn (SULLIVAN et al. 2016; vgl. Abb. 5). Das stütze nach WANG et al. (2014, 805) die Hypothese, dass Rachis-dominierte Federn („rocket-plumes“) in basalen Vögeln modifizierte Konturfedern darstellen und nicht verlängerte Schuppen (WANG et al. 2014, 805). Aufgrund morphologischer Ähnlichkeiten mit basalen Ornithuromorphen und aufgrund der Position im Cladogramm wird die Gattung als „primitiv“ eingestuft. WANG et al. (2020, 811f.) nennen „beispielsweise einen konvexen vorderen Rand und eine flache kraniale Oberfläche des Humerus, ein kurzes Hypocleidium und den Bau des Brustbeins“. Abgesehen von den Schwanzfedern, die vermutlich als Schmuckfedern fungierten, scheint diese Gattung also in eine basale Stellung zu passen.

***Cruralispennia*.** Die zu den Gegenvögeln gestellte Art *Cruralispennia multidonta* (Abb. 6) besitzt Merkmale, die typisch sind für die Ornithuromorpha, weist also einen Mix aus Merkmalen beider Vogelgruppen auf. Die Gattung erhielt ihren Namen aufgrund der ungewöhnlich befiederten Beine (crus = Schenkel, pennae = Federn). Sie gehört nach *Archaeopteryx* zu den ältesten Vögeln (Huajiyang-Formation Nordwestchinas, 131 MrJ), nimmt aber dennoch eine abgeleitete Stellung unter den Gegenvögeln ein und kann daher nicht als Übergangsform interpretiert werden. Nach phylogenetischen Analysen steht die Gattung tief eingeschachtelt weit oben im Cladogramm, was „unerwartet“ ist (WANG et al. 2017a, 1), weil evolutionär bei den ältesten Formen natürlich mit „primitiven“

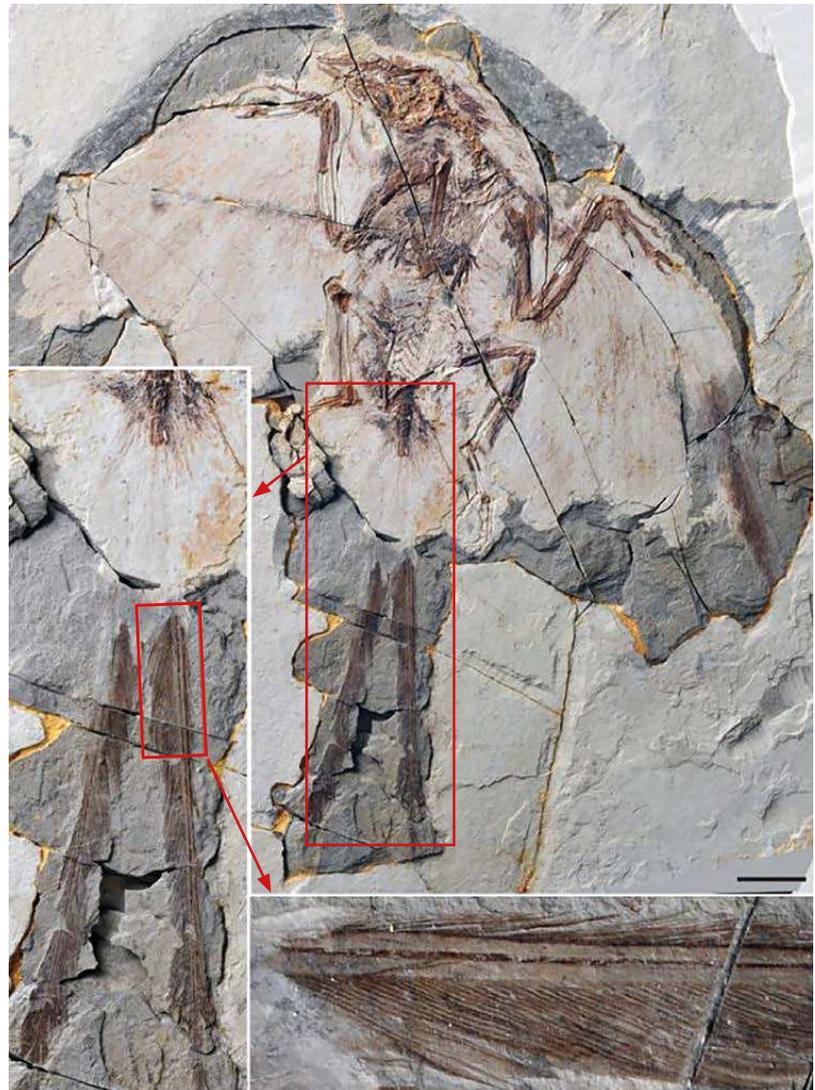


Abb. 5 *Eopengornis*-Fossil mit langen Schwanzfedern. (Aus WANG et al. 2014; CC BY-SA 4.0)



Abb. 6 Rekonstruktion von *Cruralispennia*. (Fanboyphilosoph, CC BY-SA 4.0)

Merkmalen gerechnet wird. WANG et al. (2017a) sprechen von einer „stratigraphisch-phylogenetischen Diskrepanz“.

Besonders überraschend ist der Besitz eines pflugförmigen Pygostyls, dessen Form für Ornithuromorpha typisch ist (Gegenvögel haben sonst ein längliches Pygostyl). WANG et al. (2017a) nehmen an, dass es konvergent zu den Ornithuromorpha entstanden ist. Ebenfalls bisher nicht bekannt unter den Gegenvögeln der Unterkreide war die Ausbildung eines extrem schlanken Rabenbeins (Coracoid, Element des

## Eine erhebliche Formenvielfalt erscheint fossil ziemlich plötzlich in der Unterkreide.

Schultergürtels); bisher war diese Form des Rabenbeins nur bei Formen aus der Oberkreide bekannt. Ungewöhnlich sind auch die bereits erwähnten Federn an den Schenkeln, die im körpernahen Bereich drahtartig sind und distal fädige Spitzen besitzen. Diese Federform war bisher unbekannt und erweitert das ohnehin bereits reichhaltige Spektrum von Federformen bei frühen Vögeln, das die Vielfalt heutiger Federtypen noch übersteigt. Histologische Befunde an den Knochen deuten darauf hin, dass *Cru-ralispenia* schnell wuchs und vermutlich binnen eines Jahres ausgewachsen war; für die Gegenvogel ein weiteres ungewöhnliches, als „abgeleitet“ interpretiertes Merkmal.

Der neue Fund trägt zum Bild eines plötzlichen fossilen Erscheinens einer erheblichen Formenvielfalt in der Unterkreide bei.

**Jinguoformis.** Diese etwa krähengroße Gattung aus Hebei (Nordost-China, auf 127 MrJ datiert, Abb. 7) besaß zwar wie heutige Vögel ein Pygostyl (verschmolzene Schwanzwirbel), wird aber dennoch mit unklarer systematischer Position außerhalb der Ornithothoraces in eine basale Position unter den Vögeln der Kreide gestellt (WANG et al. 2016). Ein weiteres ausgesprochen „modernes“ Merkmal sind die stark reduzierten Finger. Neben vogeltypischen Merkmalen kommen aber auch Merkmale vor, die sonst bei Theropoden-Dinosauriern bekannt und vogeluntypisch sind. Dazu gehören Krallen an den Fingern der Flügel, eine bumerangförmige, vermutlich starre Furkula (Gabelbein) anstelle einer flexiblen Ausprägung, ein Kiefer mit winzigen Zähnen statt eines Schna-

bels und ein verschmolzener Schultergürtel (Schulterblatt und Rabenbein). Da letzteres Merkmal ungünstig für das Fliegen erscheint, weil es die Flexibilität für den Schlagflug einschränkt, erhielt die Art ihren Artnamen „perplexus“. Nichtsdestotrotz waren die breiten, kurzen Flügel von *Jinguoformis* typisch für Vögel, die gut zwischen Bäumen manövrieren können. Vielleicht war eine bisher unbekannte Art des Fliegens verwirklicht. Bei heutigen Vögeln ist eine vergleichbare Fusion der beiden Schultergelenksknochen nur bei flugunfähigen Formen bekannt. Dass auch *Jinguoformis* sekundär flugunfähig war, scheint jedoch eher unwahrscheinlich, zumal die Schwungfedern ausgeprägt asymmetrisch waren (WANG et al. 2018, 10710).

Der verschmolzene Schultergürtel (Schulterblatt und Rabenbein) ähnelt zwar der Situation bei einigen Theropoden-Dinosauriern, trotzdem eignet sich dieses Merkmal nicht als Beleg für eine stammesgeschichtliche Verbindung von Dinosauriern und Vögeln, weil bei *Archaeopteryx* diese beiden Knochen nicht verschmolzen waren. Daher wird eine unabhängige (konvergente) Entstehung angenommen, und zudem ebenfalls konvergent bei *Confuciusornis* (WANG et al. 2016; 2018).

Der Besitz von Zähnen ist bei mesozoischen Vögeln verbreitet und auch bezüglich dieses Merkmals ist die Ausprägung bei *Jinguoformis* evolutionstheoretisch nicht gut passend. Denn bei *Jinguoformis* waren Prämaxilla (Zwischenkiefer) und Maxilla (Oberkieferknochen) bezahnt, während bei *Archaeopteryx* und den Ornithothoraces die Spitze der Prämaxilla und bei *Jeholornis* die ganze Prämaxilla zahnlos ist. Daher müsste bezüglich dieses Merkmals evolutionstheoretisch eine Rückentwicklung bzw. wie beim Schultergürtel eine Art evolutionärer Zickzackkurs angenommen werden, was allgemein als unplausibel gilt. Die Merkmalsvertei-

Abb. 7 Rekonstruktion von *Jinguoformis*. (© Chung-Tat CHEUNG)



lung passt somit nicht in ein hierarchisches eingeschachteltes System; daher müssen auch hier Konvergenzen angenommen werden. Das Merkmalsmosaik bei *Jinguoformis* ist so gestaltet, dass die Gattung insgesamt nicht als evolutionäre Übergangsform passt, sondern in eine eigene evolutive Linie gestellt werden muss.

**Orianius.** Diese Gattung fehlt zwar im Cladogramm von WANG et al. (2021), verdient hier aber auch Erwähnung, weil sie ebenfalls zu den ältesten Gegenvögeln gerechnet wird (Hua-jiying Formation; Hauterivium, ca. 131 MrJ). Auch *Orianius* besitzt Merkmale, die für abgeleitete Gegenvögel charakteristisch sind – entgegen der Altersstellung (LIU et al. 2019). Bemerkenswert ist die Erhaltung von Flughäuten, was darauf hindeutet, dass diese Vögel einen sehr gut manövrierfähigen, stoßweisen Flatter-Gleitflug ausüben konnten.

*Orianius ritteri* teilt mehrere Merkmale mit jüngeren und abgeleiteten Gegenvögeln einschließlich einem spezialisierten Brustbein, einem langen und schmalen Pygostyl, einer geringen Anzahl von Zähnen im Oberkiefer und einem kurzen Alula-Finger. Die erhaltene Kontur der Beinmuskulatur ist mit der von modernen Vögeln identisch, und die Weichteile um die Fußknochen deuten darauf hin, dass die Füße von *Orianius ritteri* keine größeren Muskeln besaßen, was ebenfalls der Situation bei heutigen Vögeln entspricht (LIU et al. 2019, 204).

LIU et al. (2019, 206) stellen zusammenfassend fest, dass *Orianius* zahlreiche Merkmale aufweist, die für spätere Taxa typisch sind. Die Gattung unterstreicht die Vielfalt, die die Gegenvögel zu Beginn ihrer Fossilüberlieferung aufwiesen (LIU et al. 2019, 191).

**Weitere Vogelgattungen, die nicht zu den Ornithothoraces gehören.** Einige kretazische Gattungen werden evolutionstheoretisch als primitiver eingestuft als die zu den Ornithothoraces zusammengefassten Gegenvögel und Ornithuromorpha. Dazu gehören *Confuciusornis*, *Eoconfuciusornis*, *Jeholornis* und *Sapeornis*. Diese Gattungen sind mit Ausnahme von *Eoconfuciusornis* wie die meisten anderen kretazischen Vögel erst ab dem Aptium fossil überliefert, so dass eine Unstimmigkeit von Phylogenie und Stratigraphie außer bei *Eoconfuciusornis* auch bei diesen Gattungen gegeben ist.

## Schlussfolgerungen

Nur eine der sechs hier diskutierten ältesten kretazischen Vogel-Gattungen kann aufgrund ihrer Merkmalsausprägungen relativ widerspruchsfrei in eine basale Position der Orni-

## Glossar

**Alula:** Daumenfittich; Federn am Daumen des Vogelflügels, die besonders beim Bremsen und beim Landeanflug wichtig sind.

**Aptium:** Stufe der Unterkreide, auf ca. 126-113 → MrJ datiert.

**Cladogramm:** Ähnlichkeitsbaum, der meist als Abstammungsbaum interpretiert wird.

**Enantiornithes:** Gegenvögel, eine der beiden großen formenreichen Vogelgruppen, die in der geologischen Formation der Kreide fossil überliefert sind. Es handelt sich meist um baumlebende Arten. Ihre Bezeichnung rührt daher, dass bei ihnen die Gelenke zwischen dem Schulterblatt und dem Rabenbein im Vergleich mit der anderen in der Kreide vorkommenden Vogelgruppe, den → Ornithuromorphen (zu denen auch die heute lebenden Vögel gerechnet werden), genau anders herum angeordnet sind: Bei den Gegenvögeln liegt am Schulterblatt eine Gelenkpfanne und am Rabenbein ein Gelenkzapfen vor; bei den Ornithuromorphen ist es genau umgekehrt. Diese beiden gegensätzlichen Konstellationen können kaum evolutionär auseinander hervorgegangen sein; deshalb werden die beiden Gruppen in zwei getrennte Linien gestellt.

**Geisterlinie:** Von Geisterlinien spricht man, wenn ein → Cladogramm gemäß evolutionstheoretischer Deutung die Annahme längerer Zeiträume erfordert, in

denen die betreffenden Linien existiert haben müssen, ohne dass sie fossil belegt sind; in Abb. 3 z. B. sehr ausgeprägt bei *Patagopteryx*, *Vorona* und *Apsaravis*.

**Humerus:** Oberarmknochen.

**kretazisch:** zur geologischen Formation der Kreide gehörend.

**MrJ:** Millionen radiometrische Jahre; Jahre gemäß radiometrischen Altersbestimmungen

**Ornithothoraces:** „Brustbein-Vögel“. Vogelgruppe aus → Enantiornithes und → Ornithuromorpha. Der Name Ornithothoraces bezieht sich auf das Vorhandensein eines gut entwickelten Brustbeinkiels, der eine größere Oberfläche zur Befestigung der Flugmuskulatur ermöglicht.

**Ornithuromorpha:** „Vogelschwänze“; für diese Gruppe gibt es keine eingebürgerte deutsche Bezeichnung, der Name bezieht sich auf den für heutige Vögel typischen Fächerschwanz. Die Ornithuromorpha bilden neben den → Enantiornithes die zweite in der Kreide überlieferte Vogelgruppe; die Arten lebten meist in Wassernähe.

**plesiomorph:** evolutionstheoretische Deutung eines Merkmals als ursprünglich.

**Pygostyl:** miteinander verwachsene letzte Schwanzwirbel der Vögel; daran sitzen die Schwanzfedern.

**stratigraphisch:** geologische Schichten betreffend.

thothoraces gestellt werden; mit einigen Abstrichen gilt das auch für *Protopteryx*. Die anderen Gattungen passen eindeutig nicht ins evolutionstheoretische Bild, wonach die ältesten Formen auch die evolutionär ursprünglichsten (plesiomorphen) Formen sein sollten. Vielmehr werden vier der sechs betreffenden Gattungen als evolutionär abgeleitet interpretiert. Die stratigraphischen Positionen und die aufgrund der jeweiligen Merkmalskonstellationen ermittelten phylogenetischen Stellungen passen bei Weitem nicht zusammen. Wie erwähnt kommentieren die Forscher diese Befunde als Inkonsistenzen zwischen Stratigraphie und Phylogenie (WANG et al. 2015, 6, bei *Archaeornithura*), als „stratigraphisch-phylogenetische Diskrepanz“ (WANG et al. 2017a, bei *Cruialispennia*) oder merken an, dass aktuelle phylogenetische Analysen instabil seien (O’CONNOR et al. 2020, 15).

**Die meisten älteren Gattungen passen nicht ins Bild, wonach die ältesten Formen auch die evolutionär ursprünglichsten Formen sein sollten.**

Zusammen mit dem Befund, dass ab dem Aptium plötzlich eine erhebliche Vielfalt von Vogelgattungen fossil überliefert ist (Abb. 3), passt der Gesamtbefund der stratigraphischen Abfolgen der Vogelgattungen der Kreide nicht zu einer evolutionstheoretischen Deutung der Vogelfossilien der Kreide. Dass es – unter der Annahme von Makroevolution – Lücken in der Fossilüberlieferung gibt, ist nachvollziehbar. Die Lücken scheinen hier aber systematischer Natur zu sein, so dass in großem Umfang Geisterlinien angenommen werden müssen. Daher ist aufgrund der fossilen Daten eine kritische Betrachtung des zugrundeliegenden Evolutionsmodells angebracht. Dies umso mehr, als viele Theropoden-Dinosaurier, die als Vogelvorläufer gewertet werden oder die vogeltypische Merkmale aufweisen, auch nicht geologisch älter und in vielen Fällen sogar geologisch jünger sind als ein Großteil der Vögel aus der Kreide (JUNKER 2017).

**Aus der Sicht der Schöpfungslehre: Warum sind in der Kreide andere Vogeltypen fossil überliefert als Tertiär?** Die Enantiornithes sind nur in kretazischen Schichten überliefert. Die Ornithuromorpha überlebten zwar die Kreide-Tertiär-Grenze, aber die tertiären Vogelgruppen unterscheiden sich deutlich von den Ornithuromorpha der Kreide. Wie kann dieser Befund erklärt werden, wenn man gemäß der biblischen Schöpfungslehre von einer in Jahrtausenden bemessenen Erdgeschichte ausgeht und von einer Erschaffung aller Grundtypen in der Schöpfungswoche? Warum ist die Verteilung der Vogelgruppen trotz gleichzeitiger Existenz der Grundtypen in Kreide und Tertiär bei jeweils weltweiter Verbreitung der beiden Großgruppen so verschieden? Warum ist die Vogelwelt in den Ablagerungen des Jura und in der Kreide eine ganz andere als die des Tertiärs? Die Frage muss als ungelöstes Problem der biblischen Schöpfungslehre konstatiert werden. Beide Ursprungsmodelle – Evolution und biblische Schöpfungslehre – haben mit zwar sehr verschiedenen, aber gleichermaßen schwerwiegenden Problemen zu kämpfen.

## Literatur

BALTER M (2015) When modern birds took flight. *Science* 348, 617.  
 CHIAPPE LM, DI L, SERRANO FJ, YUGUANG Z & MENG Q (2019) Anatomy and flight performance of the early enantiornithine bird *Propteryx fengningensis*: Information from new specimens of the Early Cretaceous Huajiyang formation of China. *Anat. Rec.* 303, 716–731, doi:10.1002/ar.24322.  
 FEDUCCIA A (2020) Romancing the birds and dinosaurs. Irvine, Boca Raton.  
 GEE H (1998) Birds and dinosaurs – the debate is over. *Nature*, doi:10.1038/news980702-8.  
 HU D, HOU L, ZHANG L & XU X (2009) A pre-Archaeo-

*pteryx* troodontid theropod from China with long feathers on the metatarsus. *Nature* 461, 460–463.  
 HU D, CLARKE JA, ELIASON CM, QIU R, LI Q, SHAWKEY MD, ZHAO C, D'ALBA L, JIANG J & XU X (2018) A bony-crested Jurassic dinosaur with evidence of iridescent plumage highlights complexity in early paravian evolution. *Nat. Comm.* 9:217.  
 JUNKER R (2017) Dino-Federvieh – Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug. [https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-17-1\\_feder-und-flug.pdf](https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-17-1_feder-und-flug.pdf)  
 JUNKER R (2019) Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde. [https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4\\_dinos-voegel.pdf](https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4_dinos-voegel.pdf)  
 LEFÈVRE U, CAU A, CINCOTTA A, HU D, CHINSAMY A, ESCUILLIÉ F & GODEFROIT P (2017) A new Jurassic theropod from China documents a transitional step in the macrostructure of feathers. *Sci. Nat.* 104:74.  
 LIU D, CHIAPPE LM, ZHANG Y, SERRANO FJ & MENG Q (2019) Soft tissue preservation in two new enantiornithine specimens (Aves) from the Lower Cretaceous Huajiyang Formation of Hebei Province, China. *Cretaceous Res.* 95, 191–207, doi:10.1016/j.cretres.2018.10.017.  
 NAVALÓN G, MARUGÁN-LOBÓN J, CHIAPPE LM, SANZ JL & BUSCALIONI A (2015) Soft-tissue and dermal arrangement in the wing of an Early Cretaceous bird: Implications for the evolution of avian flight. *Sci. Rep.* 5:14864.  
 O'CONNOR JK, ZHENG X, PAN Y, WANG X, WANG Y, ZHANG X & ZHOU Z (2020) New information on the plumage of *Propteryx* (Aves: Enantiornithes) from a new specimen. *Cretaceous Res.* 116, 104577.  
 PAUL G (2002) Dinosaurs of the air. The Evolution and Loss of Flight in Dinosaurs and Birds. Johns Hopkins University Press.  
 SULLIVAN C, XU X & O'CONNOR JK (2016) Complexities and novelties in the early evolution of avian flight, as seen in the Mesozoic Yanliao and Jehol Biotas of Northeast China. *Palaeoworld*, <http://dx.doi.org/10.1016/j.palwor.2016.12.001>  
 WANG X, O'CONNOR JK, ZHENG X, WANG M, HU H & ZHOU Z (2014) Insights into the evolution of rachis dominated tail feathers from a new basal enantiornithine (Aves: Ornithothoraces). *Biol. J. Linn. Soc.* 113, 805–819.  
 WANG M et al. (2015) The oldest record of ornithuromorpha from the early cretaceous of China. *Nat. Comm.* 6:6987, doi: 10.1038/ncomms7987.  
 WANG M, WANG X, WANG Y & ZHOU Z (2016) A new basal bird from China with implications for morphological diversity in early birds. *Sci Rep.* 6:19700, doi: 10.1038/srep19700  
 WANG M, O'CONNOR JK, PAN Y & ZHOU Z (2017a) A bizarre Early Cretaceous enantiornithine bird with unique crural feathers and an ornithuromorph plough-shaped pygostyle. *Nat. Comm.* 8:14141, doi: 10.1038/ncomms14141  
 WANG X, PITTMAN M, ZHENG X, KAYE TG, FALK AR, HARTMAN SA & XU X (2017b) Basal paravian functional anatomy illuminated by high-detail body outline. *Nat. Comm.* 8:14576, doi: 10.1038/ncomms14576  
 WANG M, STIDHAM TA & ZHOU Z (2018) A new clade of basal Early Cretaceous pygostylian birds and developmental plasticity of the avian shoulder girdle. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 115, 10708–10713.  
 WANG M, LLOYD GT, ZHANG C & ZHOU Z (2021) The patterns and modes of the evolution of disparity in Mesozoic birds. *Proc. R. Soc. B* 288: 20203105; doi:10.1098/rspb.2020.3105

*Anschrift des Verfassers:*

*Reinhard Junker, SG Wort und Wissen,*

*Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn;*

*E-Mail: reinhard.junker@wort-und-wissen.de*

# Erdgeschichte: Die Erfindung der Zeit

Foto: Adobe Stock

Im 19. Jahrhundert vollzog sich „eine der größten Transformationen in der Geschichte menschlichen Denkens“ (TOULMIN). Die Zeitskala von Kosmos, Erde und Leben erfuhr eine enorme Ausdehnung, von einigen Tausend Jahren zu Hunderten von Millionen Jahren. Die Protagonisten dieser „intellektuellen Revolution“ – von der Idee bis zur Etablierung der geologischen Zeit – waren James HUTTON, Charles LYELL und Charles DARWIN. Im 20. Jahrhundert ist das Zeitproblem in der Geologie, die konkrete Bestimmung von Altern, schließlich gelöst worden: Die mit radiometrischen Alterswerten geeichte stratigraphische Tabelle, meistens dargestellt als geologische Zeitskala, ist seitdem als eine Grundlage der Naturwissenschaft akzeptiert. Zur Erfindung der Zeit wird hier eine Zwischenbilanz gewagt.

Michael Kotulla

## Einleitung

Die „Erfindung der geologischen Zeit“<sup>1</sup> vollzog sich nach dem Historiker Joe D. BURCHFIELD (1998) in mehreren Schritten:<sup>2</sup>

- Das Erkennen einer Abfolge vergangener Ereignisse in der Gesteinsüberlieferung.
- Die Akzeptanz eines Erdalters, das signifikant höher ist als die historische Überlieferung der Menschheit.
- Die Entwicklung eines historischen Sinns von der Vergangenheit der Erde durch die Konstruktion einer heuristischen\* „geologischen Zeitskala“.<sup>3</sup>

- Die Schaffung quantitativer Methoden, die Dauer der „geologischen Zeitskala“ zu bemessen.

- Die Akzeptanz einer quantitativ bestimm- baren Grenze für das Alter der Erde.

Während Schritt eins bereits im 17. Jahrhun- dert mit den Arbeiten von STENO und HOOKE einsetzte<sup>4</sup>, seien die Schritte drei und vier – mit einer besonders hohen Aktivität in den letzten Dekaden – noch im Gange.

Im Rückblick stellt sich so die „Erfindung der geologischen Zeit“ wie eine zwangsläufige historische Entwicklung dar. Einer Kernfrage allerdings wird nur selten nachgegangen: Wie

**Hinweis zu den Anmer- kungen:** Die Anmerkun- gen enthalten umfang- reiche Zitate und weite- re Informationen; sie sind deshalb – wie die Z-Verweise – als Zusatz- material zum Artikel ausgelagert und unter [www.si-journal.de/jg28/ heftz/erfindung-der- zeit.pdf](http://www.si-journal.de/jg28/heftz/erfindung-der-zeit.pdf) abruf- bzw. her- unterladbar.

Mit einem Stern\* ver- sehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

## Kompakt

Geologische Zeit ist ein weithin anerkanntes Konzept, demzufolge das heutige Erscheinungsbild der Erde als Ergebnis einer *langen* Entwicklung betrachtet wird. Es wird durch radiometrische Alterswerte unterstützt, die Ergebnisse von Millionen und Hunderten von Millionen [radiometrischen] Jahren liefern.

Aber dieses enorme Zeitkonto, über welches die historische Geologie verfügt, ist scheinbar nicht gedeckt. Die radiometrische Methode ist ohne belastbare Verifizierung etabliert worden. Und konkrete Beispiele zeigen, dass eine geschätzte Zeitdauer, die auf eine geologisch-sedimentologische Indikation gründet, in einem krassen Missverhältnis zu der unmittelbar aus den radiometrischen Altersbestimmungen abgeleiteten Dauer bzw. Bildungszeit einer Sedimentfolge steht.

können wir wissen, dass „geologische Zeit“ wirkliche, reale Zeit ist? Und wie können wir wissen, dass eine Altersbestimmungsmethode – hier die radiometrische Methode – gültige (valide) Ergebnisse liefert? Der Artikel stellt zunächst die Protagonisten der Idee der geologischen Zeit und ihre Zeitentwürfe kurz vor und behandelt im Diskussionsteil in der Hauptsache den Fragenkomplex der Verifizierung.

### Erdgeschichte: Entwurf der Zeit

#### James HUTTON – unermessliche Zeiträume

1785 präsentierte der Arzt und Geologe James HUTTON (1726–1797) eine Zusammenfassung seiner Dissertation über *Die Theorie der Erde* (1788, 1795). HUTTON betrachtete die Schichtgesteine im Lichte seiner eigenen Naturbeobachtungen einer extrem langsamen Abtragung im schottischen Hügelland.<sup>5</sup> Sein Augenmerk galt insbesondere diskordanten\* Gesteinskomplexen (Abb. 1 und Abb. Z-1): Seiner Interpretation zufolge lieferten die älteren (herausgehobenen und steilgestellten) Sedimentgesteine (unterer Komplex), ehemals Meeresablagerungen, das Material für die jüngeren, überlagern-

**Abb. 1** Winkeldiskordanz am Siccar Point östlich Edinburgh (Schottland), auch als Hutton-Diskordanz bekannt. Steilstehende marine\* silurische Grauwacken (Sandsteine) und Ton-schiefer werden von flach geneigten terrestrischen\* devonischen Brekzien und Sandsteinen überlagert (s. KOTULLA 2020b, Blatt 2-20). Aufgrund radiometrischer Alterswerte soll die Grenzfläche eine zeitliche Lücke von etwa 65 Millionen [radiometrischen] Jahren repräsentieren. Foto: Anne BURGESS, <https://www.geograph.org.uk/profile/139> (Wikimedia Commons, CC BY-SA 2.0).



## Die Erfindung der Zeit stellt sich wie eine zwangsläufige historische Entwicklung dar.

den Sedimentgesteine (oberer Komplex). Doch, so folgerte HUTTON, auch die älteren Sedimentgesteine benötigten einen Sedimentlieferanten; also bedurfte es noch älterer Gesteine eines ehemaligen Festlandes, die abgetragen wurden. Und auch diese Festlandsgesteine wiederum waren ehemals Meeresablagerungen und so fort.<sup>6</sup> Diese seine „Abfolge von Welten“ ist wie ein fortwährender Zyklus und immerwährender Gesteinskreislauf. Schließlich endet HUTTONS Werk mit den Worten: „(...) wir finden keine Spur eines Anfangs, keine Aussicht auf ein Ende“ (1788).<sup>7</sup>

Nur wenige Jahre nach BUFFON (1778), der das Alter der Erde aufgrund von Experimenten mit Eisenkugeln auf 75.000 Jahre geschätzt hatte<sup>8</sup>, entwarf HUTTON vergangene Zeiträume unermesslicher Dauer.

#### Charles LYELL – 12 x 20 Millionen Jahre

Das Programm des Juristen und Geologen Charles LYELL (1797–1875) liest sich bereits im Untertitel seines erstmals 1830–1833 erschienenen Hauptwerkes *Principles of Geology: Ein Versuch, die früheren Veränderungen der Oberfläche der Erde durch heute wirkende Ursachen zu erklären*.

LYELL ließ für die Deutung der Vergangenheit als einzige Erfahrungsquelle nur beobachtbare gegenwärtige geologische Vorgänge zu.<sup>9</sup> Methodisch handelt es sich um verschiedene Ausprägungen von Uniformität (Gleichförmigkeit). WHEWELL (1832, 126) bezeichnete das Programm und seine zugrunde liegende Methodologie als Uniformitarismus und stellte diesen als Gegenentwurf zum Katastrophismus heraus.<sup>10</sup> Der sintflutlastige Katastrophismus konnte nur dadurch zurückgewiesen werden, indem die gewaltigen Kräfte, denen die umwälzenden Veränderungen der Erdoberfläche zugeschrieben wurden, durch Zeit ersetzt wurden (BURCHFIELD 1990, 9). Mit dem regulativen Prinzip des Uniformitarismus wurde genau das erreicht: Eine immerwährende Gegenwart (minimale Kräfte), projiziert in die Vergangenheit, bedingt maximale Zeit.

LYELL propagierte, HUTTON folgend, die „Unermesslichkeit der Zeit“; „von Geologen wurden Myriaden von Zeitaltern kalkuliert“ (LYELL 1830, 73). Erst in der vorletzten, zehnten Auflage seiner populären *Principles of Geology* (1867–1868) unternahm LYELL schließlich den Versuch, die aufgespannte Unermesslichkeit vergangener Zeit zu quantifizieren. Die Kon-

struktions umfasst 12 Perioden (Zyklen) zu je 20 Millionen Jahren, also für den Abschnitt Kambrium bis heute (Phanerozoikum) 240 Millionen Jahre. Auf ersten Anschein ist es ein simplizistischer Entwurf mit einer leicht zu merkenden Formel ( $12 \times 20$ ), der mit physikalischen und biologischen Parametern operiert. Die Konzeption allerdings ist eine geschickte Integration einer damals inzwischen weitgehend anerkannten, gerichteten Evolution (vgl. DARWIN 1859, s. u.) in LYELLS uniformitaristische Prinzipienwelt: Eine stete, langsame Veränderungsrate der Organismen bis eine organische Revolution vollendet ist (= ein Zyklus) und eine neue beginnen kann; so sich fortlaufend ereignende Zyklen (eine Sonderform des Uniformitarismus).<sup>11</sup>

### Charles DARWIN – sein enorm großer Zeitbedarf

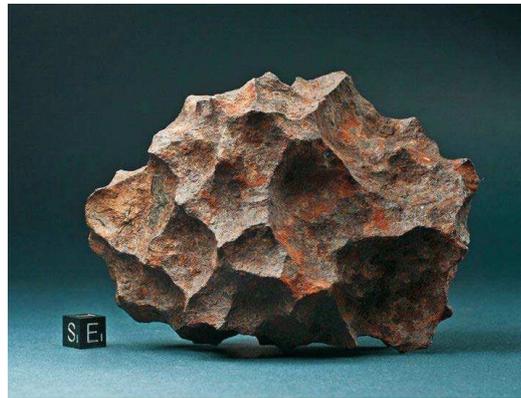
Der Naturforscher und Geologe Charles DARWIN (1809–1882) gründete seine Theorie der „Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl“ (1859) u. a. auf die Unermesslichkeit vergangener Zeitperioden, die LYELL in den *Principles of Geology* dargelegt hatte. DARWIN extrapolierte seine Beobachtungen der „Veränderlichkeit“ durch Domestizierung einfach in die Vergangenheit, bis er zu seinem Startpunkt gelangte: „(...) dass alle Tiere und Pflanzen von einem einzigen Prototyp abstammen“ (DARWIN 1859, 484). Die Vergangenheit war lange genug – so seine Annahme –, dass alle langsamen Veränderungen hatten stattfinden können.

Wie groß sein Zeitbedarf war, erschließt sich aus seiner Berechnung über die Erosion des Weald in Südengland (Abb. Z-2). Demnach soll die Abtragung (Denudation) der etwa 335 m mächtigen kretazischen Schichtenfolge 306.662.400 Jahre gedauert haben (DARWIN 1859, 287).<sup>12</sup> Diese enorm lange Zeit war nur ein kleiner Bruchteil der geologischen Zeit<sup>13</sup>, und zwar – wie er sich ausdrückte – eine „bloße Kleinigkeit“ (S. 285).

DARWIN hatte die quasi-dimensionslose geologische Zeit mit neuem Inhalt aufgeladen: Einer [theoretischen] Entwicklung der Organismenwelt über unvorstellbar lange Zeitperioden von einem gemeinsamen Ursprung zu einer reichen Vielfalt; sie zeigt sich in der fossilen Überlieferung und der heutigen Lebewelt.<sup>14</sup>

## Das Zeitproblem in der Geologie und seine Lösung

THOMSON, späterer Lord Kelvin, lieferte 1862 zwei kosmologische Bestimmungen zum Alter der Erde, die bei einem Ergebnis von etwa 100



**Abb. 2** Fragment eines Eisenmeteoriten, Henbury-Krater, Australien. Solch ein Fragment gehörte zu den Proben, die PATTERSON (1956, seine Tabelle 1) auswählte, um die isotopische Zusammensetzung von Blei in Troilit-Mineralen (Meteorokies, FeS) zu bestimmen. Unter Verwendung bestimmter Annahmen ermittelte er ein  $Pb^{207}/Pb^{206}$ -Alter von  $4,55 \pm 0,07$  Milliarden [radiometrischen] Jahren. Gewicht: 1,7 kg, Maßstab: Kubus mit Kantenlänge von 1 cm. Foto: Meteorite Recon (Wikimedia Commons, CC BY-SA 3.0).

Millionen Jahren übereinstimmten.<sup>15</sup> Der Alterswert erreichte aufgrund von THOMSONS wissenschaftlicher Autorität eine hohe Akzeptanz. Insbesondere setzte er DARWIN (1859) und den Uniformitaristen eine Grenze. Die geologische Altersbestimmung – die Bestimmung der geologischen Zeit über die Mächtigkeit (Dicke) der Schichtenfolgen –, die zwischen 1860 und 1910 sehr an Bedeutung gewann, orientierte sich häufig an diesen weitgehend akzeptierten maximalen 100 Millionen Jahren (Tab. Z-1).

Nur wenige Jahre nach der Entdeckung der Radioaktivität sah HOLMES (1913) in der „radioaktiven Uhr“ eine Lösung für das Zeitproblem in der Geologie; er publizierte eine erste radiometrisch geeichte geologische Zeitskala. Die 1926 vom US-amerikanischen Nationalen Forschungsrat eingesetzte Unterkommission „Das Alter der Erde“ verhalf der Methode schließlich zum Durchbruch. Nachdem zahlreiche Methoden zur Bestimmung der geologischen Zeit evaluiert worden waren, galt das „Problem des Alters der Erde“ mit der radiometrischen Methode als gelöst. KNOFF (1931, 3) fasst zusammen: „In Kürze, das radioaktive Zeugnis zeigt an, dass die post-kambrische Zeit, d. h. vom Ordovizium aufwärts, 450 Millionen Jahre umfasst (...) und dass das Alter der Erde mindestens 2.000 Millionen Jahre beträgt (...).“ Diese Entscheidung hatte quasi amtlichen Charakter. Gegenüber den bislang „generell akzeptierten“ max. 100 Millionen Jahren (SCHUCHERT 1931, Tab. Z-1) war dies eine Ausdehnung der geologischen Zeit um das 20-Fache.<sup>16</sup>

Im Laufe der Zeit wurde die geologische Zeitskala als eine Grundlage der Naturwissenschaft akzeptiert. PATTERSON (1956) veröffentlichte schließlich ein „Alter der Erde“ von  $4,55 \pm 0,07$  Milliarden radiometrischen Jahren. Dieses Alter war an Meteoriten-Bruchstücken ermittelt und auf die Erde übertragen worden (Abb. 2). Die Geologische Zeitskala 2020 (GTS2020) weist aktuell ein  $T_0$ -Datum von 4,567 Milliarden radiometrischen Jahren aus (GRADSTEIN et al. 2020), dem mutmaßlichen Beginn einer Staub- und Gasakkumulation als Teil des Sonnensystems.



**Abb. 3** Winkeldiskordanz im Grand Canyon (Lokalität Venus-Tempel), Arizona, USA. An der Grenzfläche der „Great Unconformity“ („Großen Unkonformität“) wird hier der schräg einfallende Schichtenkomplex der proterozoischen Grand-Canyon-Supergruppe von flach liegenden kambrischen Schichten der Tonto-Gruppe überlagert. Aufgrund radiometrischer Alterswerte soll die Grenzfläche eine zeitliche Lücke von etwa 220 Millionen [radiometrischen] Jahren repräsentieren. Mehrere Winkeldiskordanzen übereinander – im Sinne von HUTTON – kommen nicht vor: Die horizontale Schichtenfolge des Grand Canyon (Kambrium bis Perm) setzt sich in der Grand Staircase fort (Trias bis Paläogen). In der Schichtenfolge des Grand Canyon liegen aber zahlreiche Diskordanzen vor; in Summe sollen etwa 75 % der Gesteinsüberlieferung fehlen.<sup>32</sup> Foto: James St. JOHN (Wikimedia Commons, CC BY 2.0).

### Status Quo

Die „geologische Zeit“ ist – häufig verdichtet in erdgeschichtlichen Tabellen (geologische Zeitskala u. v. m.; Abb. Z-3) – seit Jahrzehnten weltweit über die Ebenen des staatlichen Verwaltungs- (z. B. geologischen Dienste) und Bildungswesens präsent und hat das gesellschaftliche Leben durchdrungen.

In der Einführung zur *Geologischen Zeitskala 2020* heißt es zu Beginn (GRADSTEIN 2020, 3): „Die geologische Zeitskala (GTS) ist das Rahmenwerk für die Entschlüsselung der langen und komplexen Geschichte unseres Planeten (...).“ Demnach ist die geologische Zeitskala *einzig* das Rahmenwerk.

### Diskussion

#### Zu HUTTON, LYELL und DARWIN

Im Phänomen der Winkeldiskordanz – mit Bezug auf HUTTONS Beobachtung und Interpretation – schlug sich der (damals) mutmaßlich längste, denkbare geologische Prozess konzentriert an einem Punkt nieder: Abtragung, Ablagerung, (Verfestigung), Heraushebung (und Verstellung); Abtragung, Ablagerung, (Verfestigung), Heraushebung; Abtragung (aktuell) (Beispiel Siccar Point, Abb. 1). Aber „eine Diskordanz oder ein anderes Merkmal der Gesteine gibt uns an sich“, so AUBRY (2009, 93), „a priori keinen intuitiven Sinn für die Zeitdauer“. Auch gibt es keinen Ort, an welchem mehrere

Winkeldiskordanzen in einer Schichtenfolge – im Sinne von HUTTON – zu beobachten wären (Abb. 3).

Der LYELL'sche Uniformitarismus ist theoriegeladen und mit zahlreichen Feldbeobachtungen überhaupt nicht verträglich (z. B. AGER 1993). DARWIN führt zwar Argumente für eine „schier unermesslich vergangene Zeit“ an, bezieht sich aber hauptsächlich auf LYELL. Zu einer Diskussion der Langzeit-Konstruktionen von LYELL und DARWIN, die auf hypothetischen, nicht verifizierbaren Annahmen basieren, siehe KOTULLA (2020b).<sup>17</sup>

Fazit: Es hat den Anschein, dass für die Protagonisten der „geologischen Zeit“ insgesamt gilt, was AGER (1993, 70) über die Uniformitaristen schreibt: Dass „die Geologie in die Hände von Theoretikern fiel, die mehr von der sozialen und politischen Geschichte ihrer Zeit bestimmt waren als von Beobachtungen im Feld.“

### Die Natur der sedimentären Überlieferung

Eine sedimentologische\* Erforschung der Schichtgesteine war im 19. Jahrhundert noch nicht gegeben; über die Prozesse und Bedingungen des Sedimenttransports und der Sedimentakkumulation war wenig bekannt. Wie sehr die Erforschung hinter ungeprüften Vorstellungen zurücklag bzw. -liegt, zeigt das Beispiel feinkörniger Sediment(gestein)e. Erst zu Beginn des 21. Jahrhunderts sind mit Wasserkanal-Experimenten weitestgehend natürliche Bedingungen nachgestellt worden, die zeigen, dass feinkörnige siliciklastische Sedimente (Ton, Silt) und feinkörnige Karbonatsedimente unter höher-energetischen Bedingungen entstehen können. Dabei werden Aggregate (Flocken) durch schnell bewegende Strömungen – wie Sand – als Bodenfracht transportiert und abgelagert. Bisher war der Idee gefolgt worden, dass feinkörnige Sedimentgesteine im Wesentlichen lange Zeit in Anspruch nehmende (Stillwasser-) Ablagerungen repräsentieren. Konsequenterweise spricht SCHIEBER (2011) von einem Paradigmenwechsel.<sup>18</sup>

AGER (1993) vertritt die Doktrin, dass die stratigraphische Überlieferung an jedem Ort „eine lange Lücke mit gelegentlicher Sedimentation“ repräsentiert, wobei die Sedimentation häufig sehr rasch erfolgt sei (Abb. 4).<sup>19</sup> Bereits BARRELL (1917) hatte eine Konzeption vorgestellt, die besagte, dass in einer Schichtenfolge zahlreiche kleinere Sedimentationsunterbrechungen vorliegen (sog. Diasteme), die in Summe genauso viel Zeit repräsentieren würden wie das Sediment selbst. Zur Dauer dieser „Zeitlücken“ nannte er eine Spanne, die von



**Abb. 4** Sedimentgesteine des Lias (Unterjura) liegen diskordant unterkarbonischen Kalksteinen auf, östlich Ogmere-by-Sea (Wales). AGER (1986) interpretiert den konglomeratischen untersten Teil der Lias-Abfolge (sog. „Sutton-Stone“) als Massenstromablagerung, als eine rasche Sediment-Schüttung an einem „Dienstagnachmittag“.<sup>33</sup> Foto: M. KOTULLA, 2016.

saisonalen Sedimentationsstillständen bis zu solchen reichten, die sich geologischen Epochen annäherten.<sup>20</sup> Auch SADLER (1981) macht eine Unvollständigkeit (Lückenhaftigkeit) der sedimentären Überlieferung geltend. MIALL (2015) versucht in seinem Hierarchie-Konzept diese „Lückenhaftigkeit“ abstrakt zu verarbeiten. Seine Klassifikation unterscheidet beobachtete und kalkulierte Sedimentationsraten über 12 Zeitskalen-Größenordnungen von  $10^{-6}$  bis  $10^6$ – $10^7$  [tw. radiometrischen] Jahren. Sedimentationsraten werden von Hierarchie-Stufe zu Hierarchie-Stufe, von Zeit-Perspektive zu Zeit-Perspektive, nivelliert – und letztlich auf die Zeitperspektive der geologischen Zeit eingephasst. In allen Publikationen ist festzustellen, dass bei diesen Überlegungen und Vorstellungen im Rahmen „absolut gesetzter“ radiometrischer Alterswerte und Zeitskalen operiert wird.<sup>21</sup>

Fazit: Mit Blick auf die konkrete, physische Sedimentgesteinsfolge ist also in jedem Fall eine Diskussion möglicher Sedimentationsunterbrechungen notwendig (s. u. und Kasten 2).

### ***Etablierung der radiometrischen Methode – ohne belastbare Verifizierung?***

Im Ergebnisbericht der Unterkommission für „Das Alter der Erde“ (s. o.) hatte KNOFF (1931) zwei Beispiele angeführt, wo radiometrische Alter und ermittelte Bildungszeiten von Sedimentfolgen über eine Abzählung von Warven (Jahresschichten) in der Größenordnung übereinstimmten. Allerdings ist in beiden Fällen nicht der Nachweis erbracht worden, dass es sich tatsächlich um Warven handelt.<sup>22</sup>

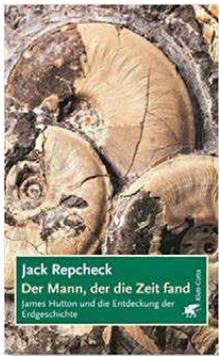
### **Die radiometrische Methode ist ohne belastbare Verifizierung etabliert worden.**

In den nachfolgenden Jahrzehnten sind solche „Übereinstimmungen“ immer wieder präsentiert worden.<sup>23</sup> Auch wird z. B. angeführt, dass die Datierung des Ausbruchs des Vesuv (79 n. Chr., Abb. 5) ein übereinstimmendes Ergebnis lieferte: Ein  $^{40}\text{Ar}/^{39}\text{Ar}$ -Alter von  $1925 \pm 94$  Jahren vor heute im Vergleich zu kalendarisch 1918 Jahren vor heute (jeweils bezogen auf 1997). Dieses  $^{40}\text{Ar}/^{39}\text{Ar}$ -Alter aber war zuvor korrigiert worden, nämlich um einen überschüssigen Argon-Anteil, der sich aus dem bekannten (wirklichen) Alter der Probe ermitteln ließ.<sup>24</sup>

HOLMES (1931), der Begründer der geologischen Zeitskala, stellte schon damals heraus, dass die radiometrische Methode „die *einzig*e Evi-

**Abb. 5** Gartenansicht der ausgegrabenen Villa von Oplontis, heutiges Torre Annunziata, westlich des antiken Pompeji. Hier ist eine Bims-Probe entnommen worden zur radiometrischen Datierung der Vesuv-Eruption von 79 n. Chr. mit der Argon-Argon-Methode (RENNE et al. 1997). Mitte und vorne rechts sind die meterhohen Tephra-Ablagerungen der Eruption noch erhalten. Foto: Miguel HERMOSO CUESTA, 2013 (Wikimedia Commons, CC BY-SA 4.0).





**Abb. 6** *Der Mann, der die Zeit fand. James Hutton und die Entdeckung der Erdgeschichte* (Buchcover). REP-CHECK (2007) zufolge ist die (geologische) Zeit von HUTTON entdeckt worden.

denz für lange Perioden“ sei (kursiv durch Verfasser). Das heißt, dass die radiometrische Altersbestimmungsmethode durch keine andere Methode verifiziert (bestätigt) werden kann bzw. bisher verifiziert werden konnte.<sup>25</sup> Das bedeutet, dass die geologische Zeitskala eine nicht verifizierte Zeitskala ist.<sup>26</sup> Es bedeutet des Weiteren, dass nicht bekannt ist, in welchem Verhältnis die radiometrischen Alter zum realen Alter stehen.

Fazit: Die radiometrische Methode ist ohne belastbare Verifizierung etabliert worden. Die Größenordnung der radiometrischen Alterswerte (implizit: Isotopenjahre = Realjahre) hat zu den generell akzeptierten Vorstellungen einer geologischen Zeit (s. o. und Tab. Z-1) gepasst.

### Verifizierung durch geologisch-sedimentologische Interpretation?

Der Verfasser zeigt anhand einiger Fallbeispiele auf, dass die Möglichkeit besteht, dass radiometrische Alter durch eine geologisch-sedimentologische Interpretation überprüft und ggf. verifiziert werden können (KOTULLA 2020a).

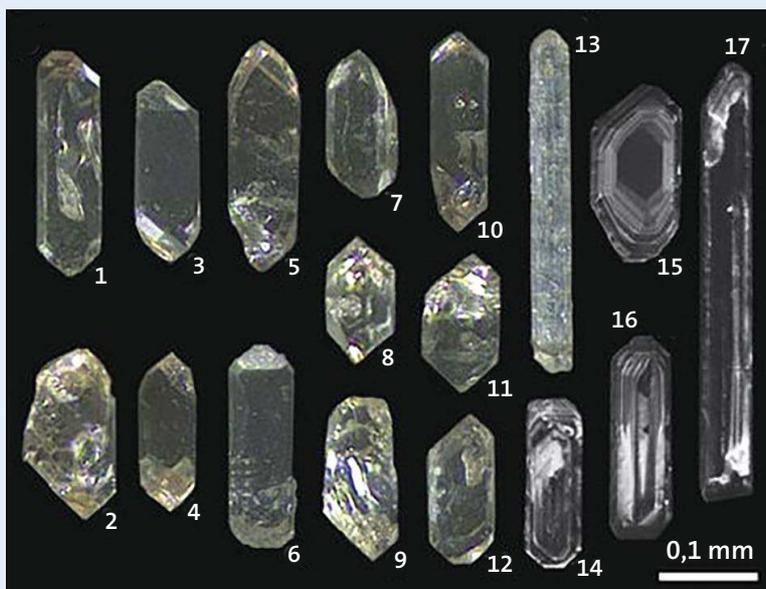
Das Beispiel „Perm/Trias-Grenzschichten“ ist in Kasten 2 dargelegt. Demnach steht die Zeitdauer, die auf eine geologisch-sedimentologische Indikation gründet, in einem krassen Missverhältnis zu der unmittelbar aus den radiometrischen Altersbestimmungen abgeleiteten und ausgewiesenen Dauer bzw. Bildungszeit der Sedimentfolge: Circa 7 Tage versus den „≤ 100–300 Tausend Jahren“, die ja von SHEN et al. (2011) als Real-Jahre verstanden werden wollen.

Zu diesem und weiteren konkreten Vergleichen ausgewählter paläozoischer Sediment(gesteins)folgen ist festzuhalten, dass die radiometrisch begründete Bildungsdauer häufig um 6–7 Größenordnungen höher ist als die geologisch-sedimentologisch begründete. Voraussetzung für diese Diskrepanz ist u. a., dass die U-Pb-Zirkonalter „absolute Zeit“ (SCHMITZ 2012a), d. h. Real-Zeit in Kalenderjahren, repräsentieren und die geologisch-sedimentologische Interpretation das damalige reelle Sedimentationsgeschehen annähernd zutreffend erfasst. Für diese Fälle wird die radiometrisch begründete Bildungsdauer und auch das absolute Alter der Ereignisse in einer ausgewiesenen Spanne von etwa 541 bis 252 Millionen Jahre vor heute in Frage gestellt (KOTULLA 2020a).

## 1 | Radiometrische Methode und geologische Zeitskala

Bei der radiometrischen Methode wird der Versuch unternommen, den radioaktiven Zerfall ausgewählter Radioisotope zur Altersbestimmung geologischer Objekte zu nutzen; z. B. die Bestimmung der verflorenen Zeit seit der Bildung eines Minerals. Der Anwendung liegen zahlreiche Annahmen zugrunde (vgl. FAURE & MENSING 2005, KOTULLA 2020b). Zur Erstellung des Altersmodells für die Geologische Zeitskala 2020 sind 81 % U-Pb- und 18 % Ar-Ar-Alterswerte (im Vergleich 2004: 54 % und 45 %) verwendet worden (siehe SCHMITZ 2020, Appendix 2). Während die Uran-Blei-(U-Pb-) Methode ein unabhängiges Altersbestimmungsverfahren ist, ist die Argon-Argon-(<sup>40</sup>Ar/<sup>39</sup>Ar-)Methode eine relative Datierungsmethode (JOURDAN et al. 2014).

Die Alter werden auf einen Mineral-Standard „bekanntem“ Alters zurück referenziert (z. B. Fish Canyon Tuff, ca. 28 Millionen radiometrische Jahre). Für die U-Pb-Altersbestimmung ist das bevorzugte (uranhaltige) Analyse-Mineral Zirkon (ZrSiO<sub>4</sub>). Die Zirkonkörner (Abb. 7) werden primär aus umgewandelten vulkanischen Aschenlagen (Bentoniten) gewonnen, die Sedimentgesteinsfolgen zwischengeschaltet sind (KOTULLA 2020a). Analytisch werden die maßgeblichen Isotopenmengen und Isotopenverhältnisse ermittelt und ausgewertet. Mit Kenntnis der mittleren (aktuellen) Zerfallsrate bezogen auf die jeweilige Ausgangsmenge (Zerfallskonstante, Halbwertszeit) erfolgt die Berechnung des Isotopenalters.



**Abb. 7** Zirkonkörner der „Likhall“-Bank (Mittelordovizium), Steinbruch Thorsberg, Kinnekulle (Schweden). Typische Körner, die für U-Pb-Altersbestimmungen verwendet werden. Körner 1–13, Auflichtaufnahmen; Körner 14–17, Kathodoluminiszenzaufnahmen. Abbildung: Wiedergabe von Fig. 2b aus LINDSKOG et al. (2017) in *Nature Communications* (CC BY-NC 4.0).

### Vorläufige Bilanz

Ist die Zeit von James HUTTON „gefunden“ worden, wie es in einem Buchtitel (Abb. 6) ausgedrückt wird? Ist es eine Entdeckung von bereits Vorhandenem, das aber bislang nicht bekannt war? Oder handelt es sich bei der „geologischen Zeit“ um eine Erfindung, wie es BURCHFIELD (1998) auffasst<sup>27</sup>, eine schöpferische Leistung einer Forschergemeinschaft, eine Problemlösung, die sich über 150 Jahre erstreckte?

„Geologische Zeit“ ist eine Idee, ein Konzept, und so wird es auch bleiben, solange die nutmaßlichen langen Zeiträume nicht validiert werden können.<sup>28,29</sup>

Die Idee der „geologischen Zeit“ drückt sich auf andere Weise in einer Aussage von LOTZE (1968, 7) aus, die er zeitlich lange nach der Etablierung der radiometrisch geeichten geologischen Zeitskala machte: „Sie [Die Geologie, MK] geht davon aus, dass das heutige Erschei-

## 2 | U-Pb-Altersbestimmungen an der Perm/Trias-Grenze: Verifizierung durch geologisch-sedimentologische Interpretation?

### Überblick und radiometrische Altersbestimmung

Die Grenze der geologischen Systeme Perm und Trias ist formal in einer marinen Sedimentgesteinsfolge bei Meishan (Südchina) definiert (Abb. 8). Die Grenzschichten (Tab. 1) sollen das sogenannte „end-permische Massenaussterben“ überliefern. SHEN et al. (2011) haben den Versuch unternommen, diesem mutmaßlichen Ereignis sowohl ein präzises numerisches Alter als auch eine präzise Zeitdauer zuzuweisen. Sie nutzen dabei den Umstand, dass im definierten Grenzbereich über eine kurze Profildistanz mehrere umgewandelte vulkanische Aschenlagen (Bentonite) eingeschaltet sind; ihre magmatogenen Zirkone verwenden sie zum Zwecke einer Altersbestimmung. Demzufolge wird das „Maximum des Massen-Extinktionsintervalls“ (maximum mass extinction interval) durch die Schichten 25-28 repräsentiert (Abb. 8). Es wird zeitlich eingegrenzt durch ein „Start-Datum“ von  $252,28 \pm 0,08$  Millionen [radiometrischen] Jahren vor heute (Schicht 25) und ein „End-Datum“ von  $252,10 \pm 0,06$  Millionen [radiometrischen] Jahren vor heute (Schicht 28). SHEN et al. (2011) zufolge soll das „Extinktionsintervall“

weniger als 200 Tausend [radiometrische] Jahre gedauert haben; die Differenz der Alterswerte,  $\Delta t$ , beträgt  $180 \pm 80$  Tausend [radiometrische] Jahre.<sup>31</sup>

### Zur Bildungszeit der Sedimente: geologisch-sedimentologische Interpretation

Zum Verständnis der Bildungszeit der Sedimente sind lithologische, sedimentologische sowie stratigraphische Untersuchungen bis in den Mikrobereich von besonderem Interesse. Der Verfasser hat eine Schicht-für-Schicht-Betrachtung dargelegt, diskutiert und in Teilen eine alternative Interpretation vorgestellt (KOTULLA 2020a, 199ff); hier erfolgt lediglich eine Zusammenfassung der Interpretation. Sie orientiert sich an geologisch-sedimentologischen Indizien einer wahrscheinlichen Real-Sedimentation.

Die Sedimentfolge von Schicht 25 bis Schicht 28 wird als eine Aufeinanderfolge von Ereignislagen interpretiert (Tab. 1, Abb. 8): A) Die Tone bzw. Tonsteine (Bentonite) – Schichten 25 und 26 – als (umgewandelte) vulkanische Aschen-niederschläge, die genetisch zusammengehören (ein- oder zwei Eruptionspulse). B) Der Grenz-Kalkstein – Schicht 27 – als Schuttkalk,

möglicherweise mit zwei Schüttungspulsen. C) Der Ton bzw. Tonstein (Bentonit) – Schicht 28 – als (umgewandelter) vulkanischer Aschenniederschlag. D) Alle Schichtglieder (hier Schichten 25/26 zusammen betrachtet) weisen scharfe Liegend- und Hangendgrenzen auf. Bioturbation ist in Schicht 27 teilweise verbreitet, sie durchdringt aber nicht die Liegendschicht 26 oder die Hangend-schicht 28. Dieser Umstand lässt auf eine rasche Überdeckung von Schicht 26 und eine rasche Überdeckung von Schicht 27 durch Schicht 28 und 29 schließen. E) Die Bildung der Ereignislagen kann Stunden (vulkanische Eruptionspulse) bzw. Minuten bis Stunden (karbonatische Schüttungspulse) gedauert haben. Die Sedimentfolge von Schicht 25 bis Schicht 28 könnte – auf Grundlage dieser alternativen Interpretation einer raschen Aufeinanderfolge der Sedimentationsereignisse – eine Zeitdauer von wenigen Tagen repräsentieren.

### Vergleich und Fazit

Die Zeitdauer, die auf eine geologisch-sedimentologische Indikation gründet, steht in einem krassen Missverhältnis zu der unmittelbar aus den radiometrischen Altersbestimmungen abgeleiteten und ausgewiesenen Dauer bzw. Bildungszeit der Sedimentfolge: Wenige Tage (z. B. 7) versus den „ $\leq 100-300$  Tausend Jahren“, die ja von SHEN et al. (2011) als Real-Jahre verstanden werden wollen. Der Dimensionsunterschied der Zeitskalen beträgt etwa 7 Größenordnungen (etwa 1 zu 10.000.000; 7 Tage zu 200.000 Jahre oder ca. 73.000.000 Tage).

Es könnte argumentiert werden, dass „nur“ 0,00001 % der Zeit durch Sediment repräsentiert ist, die Zeit also in den Schichtfugen liegen muss. Diese „leere“, nicht durch Sediment repräsentierte Zeit wäre kompensatorischer Natur; sie ist nicht nachweislich real. Es sei hier nochmals erwähnt, dass für eine rasche Aufeinanderfolge der Sedimentationsereignisse – ohne größere Sedimentationsunterbrechungen – die Erhaltung der vulkanischen Aschenlagen sowie die Nichtvermischung der Schichteinheiten durch Bioturbation sprechen.

Im Ergebnis werden die radiometrischen Alterswerte durch die geologisch-sedimentologische Interpretation nicht verifiziert; vielmehr stellt die geologisch-sedimentologische Interpretation die radiometrischen Alterswerte in Frage. Demzufolge wäre hier die Gleichsetzung von radiometrischem Jahr und Kalenderjahr inkorrekt.

In KOTULLA (2020a) führt der Verfasser weitere paläozoische Sedimentfolgen an mit Missverhältnissen der Bildungszeiten um 6-7 Größenordnungen.



**Abb. 8** Perm/Trias-Grenze, Meishan (China). Gekennzeichnet sind die Schichten 24e bis 30. Die definierte Perm/Trias-Grenze befindet sich mittig in Schicht 27 (Referenzpunkt, „GSSP“). Legende: Siehe Textteil und Tab. 1. Abbildung: Wiedergabe von Fig. 4A aus SHEN (2012), mit freundlicher Genehmigung des *Journal of Geography* (Chigaku Zasshi).

Schicht Nr.	Lithologie	Dicke [cm]	Beschreibung (kurz) und vorherrschende Interpretation
29	Kalkstein	26	Mittelbankig, grau, tonig-siltig, fossilführend.
28	Ton(stein); „clay“	4	Gräulich-gelber Illit-Montmorillonit-Ton, fossilführend. Umgewandelte vulkanische Aschenlage (Bentonit) mit magmatogenen Zirkonen.
27	Kalkstein	16	Feinkörnig bis dicht, fossilführend, teilweise Bioturbation; zur Mikrofossil-Beprobung Aufteilung in vier gleichdicke Partitionen a bis d (je 4 cm).
26	Ton(stein); „B(lack) clay“	6	„Schwarzer Ton“; dunkelgrauer Montmorillonit-Illit-Tonstein, teilweise kalkig und siltig; fossilführend. Mit magmatischen Primärkomponenten. Als „sedimentär“ betrachtet (Antransport und Ablagerung).
25	Ton(stein); „W(hite) clay“	4	„Weißer Ton“; lichter, blaugrauer Illit-Montmorillonit-Tonstein; fossilführend. Umgewandelte vulkanische Aschenlage (Bentonit) mit magmatogenen Zirkonen.
24a-e	Kalkstein	81	Mittelbankig, grau, feinkörnig bis dicht, mit sehr dünnen Tonstein-Zwischenlagen; fossilführend. Gegliedert in fünf Untereinheiten 24a bis 24e (oberste).

**Tab. 1** Beschreibung der Perm/Trias-Grenzschichten, Lokalität Meishan (China). Zusammengestellt für Profil Meishan-D (Ausschnitt) nach YIN et al. (1994) sowie weiteren Autoren.

## Glossar

**Diskordanz:** Bei Sedimentgesteinen eine „nicht übereinstimmende“ Abfolge; z. B. das winklige Abstoßen der Schichten eines (unteren) Gesteinskörpers gegenüber den aufliegenden Schichten eines (oberen) Gesteinskörpers (= Winkeldiskordanz).

**heuristisch:** Die Heuristik betreffend; von „heureskin“ (gr.) für „entdecken“. Hier ein Vorgehen, bei dem das bestimmte Wissen oder das erwünschte Ergebnis durch vorläufige Annahmen gewonnen werden.

**marin:** Das Meer betreffend; bezieht sich auf im (oder durch das) Meer (verursachte) ablaufende Prozesse und Bildungen.

**sedimentologisch:** Die Sedimentologie betreffend; geowissenschaftliche Disziplin. Lehre von der Zusammensetzung, den Eigenschaften und der Entstehung von Sedimenten und Sedimentgesteinen.

**terrestrisch:** Das Land betreffend; bezieht sich auf Prozesse, Kräfte und Bildungen, die auf dem Festland auftreten.

nungsbild der Erde das Ergebnis einer *langen* und wechselvollen Entwicklung ist (...)“ (kursiv durch den Verfasser). LOTZE benennt die fundamentale *Annahme* der historischen Geologie. Eine *lange* Entwicklung bedeutet eine *lange* (Erd-) Geschichte und folglich eine *lange* Zeitskala.

Der Verfasser argumentiert anhand ausgewählter Beispiele, dass in diesen Fällen ausschnittsweise (punktuell) eine kurze Geschichte vorliegen könnte (KOTULLA 2020a). Für Abschnitte des Paläozoikums kann initial die Vorstellung vertreten werden – in Anlehnung an LOTZE (1968) –, dass „das heutige Erscheinungsbild der Erde“ in Teilen „das Ergebnis“ einer *kurzen* „und wechselvollen Entwicklung ist“. *Kurz* wäre ein Antagonismus zu *lang*, zur „Idee der geologischen Zeit“. *Kurz* würde der historischen Geologie eine fundamentale Grundlage entziehen.

### Nicht auszuschließen ist, dass im 19. Jahrhundert überhastet ein irreführender Weg eingeschlagen wurde.

Für TOULMIN (1962–1963) ist „die Entdeckung der Zeit“ (sein Titel) „eine der größten Transformationen in der Geschichte des menschlichen Denkens“, eine „intellektuelle Revolution“.<sup>30</sup> Diese Transformation basiert möglicherweise auf unsicheren oder fragwürdigen Annahmen. Nicht auszuschließen ist, dass im 19. Jahrhundert überhastet – ohne sedimentologische und weitere Detailkenntnisse – ein irreführender Weg eingeschlagen wurde. Insofern gilt es abzuwarten, wie sich die Situation in Bezug auf eine *lange* oder möglicherweise *kürzere* Geschichte der Erde und des Lebens in 50 oder 100 Jahren darstellen wird.

## Dank

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

## Literatur (Auswahl)

- AGER DV (1993) The Nature of the Stratigraphical Record. Third Edition. Chichester.
- BARRELL J (1917) Rhythms and the measurements of geologic time. Bulletin of the Geological Society of America 28, 745–904.
- AUBRY M-P (2009) Thinking of deep time. Stratigraphy 6, 93–99.
- BURCHFIELD JD (1998) The age of the Earth and the invention of geological time. In: BLUNDELL DJ & SCOTT AC (eds.) Lyell: the Past is the Key to the Present. Geological Society, London, Special Publications 143, 137–143.
- DARWIN C (1859) On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life. London.
- FAURE G & MENSING TM (2005) Isotope Principle and Applications. 3rd Edition, Hoboken, N. J.
- GRADSTEIN FM, OGG JG, SCHMITZ MD & OGG GM (Eds., 2020) Geologic Time Scale 2020. Volume 1/2, Oxford Amsterdam.
- HUTTON J (1788) Theory of the Earth. Transactions of the Royal Society of Edinburgh 1, 209–304.
- HOLMES A (1931) Radioactivity and Geological Time. In: Physics of the Earth IV. The Age of the Earth. Bulletin of the National Research Council 80, 124–459.
- KOTULLA M (2020a) Bentonit-Horizonte in paläozoischen Sedimentfolgen: Tephrostratigraphie und U-Pb-Altersbestimmungen mit magmatogenen Zirkonen. W+W Special Paper G-20-1, Baiersbronn. [https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/Bentonit-Horizonte\\_G-20-1.pdf](https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/Bentonit-Horizonte_G-20-1.pdf)
- KOTULLA M (2020b) Gültigkeit und Grenzen geologischer Zeitbestimmung. Online-Loseblattsammlung, Stand: 2. Ergänzungslieferung 10/2020. <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/geologie-loseblattsammlung/>
- LOTZE F (1968) Geologie. Sammlung Götschen, Band 13/13a, Berlin.
- LYELL C (1830–33) Principles of Geology. Being an Attempt to Explain the Former Changes of the Earth's Surface by Reference to Cause Now in Operation. London.
- PATTERSON C (1956) Age of meteorites and the earth. Geochimica et Cosmochimica Acta 10, 230–237.
- REPHECK J (2007) Der Mann, der die Zeit fand. James Hutton und die Entdeckung der Erdgeschichte. Stuttgart.
- SADLER PM (1981) Sediment accumulation rates and the completeness of stratigraphic sections. Journal of Geology 89, 569–584.
- SCHIEBER J (2011) Shifting Paradigms in Shale Sedimentology – The Implications of Recent Flume Studies for Interpreting Shale Fabrics and Depositional Environments. Abstract 2011 CSPG SSEG CWLS Convention, 1–4.
- SHEN S-Z (2012) Meishan Sections in South China: The Witness of the largest Biological Mass Extinction during the Phanerozoic. Journal of Geography (Chigaku Zasshi) 121, 570–578.
- SHEN S-Z, CROWLEY JL, WANG Y, BOWRING SA et al. (2011) Calibrating the end-Permian mass extinction. Science 334, 1367–1372.
- THOMSON W (Lord KELVIN) (1862) On the age of the sun's heat. Macmillans's Magazine 5, 388–393.
- TOULMIN S (1962–1963) The discovery of time. Manchester Literary and Philosophical Society Memoirs and Proceedings 105, 100–112.

Weitere Literaturangaben siehe o. a. Zusatzmaterial.

*Anschrift des Verfassers:*

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

# Die „Sauerstoffkatastrophe“

## 2. Forschen nach den Ursachen des „great oxygenation event“

Der ungewöhnlich hohe Sauerstoffanteil der Erdatmosphäre im Vergleich zu anderen Planeten wird gegenwärtig durch eine unumkehrbare Anreicherung der Atmosphäre mit Sauerstoff erklärt – die sogenannte „Sauerstoffkatastrophe“. Die Forschung nach möglichen natürlichen Ursachen für dieses vermutete Ereignis in der frühen Naturgeschichte erfährt viel Aufmerksamkeit unter Naturforschern. Allerdings bieten bisher angeführte Erklärungen wie geologische Sauerstoff-Quellen oder die Evolution der Photosynthese kaum Antworten auf Kernfragen zu dieser Besonderheit unseres Planeten.

Boris Schmidtgal

### Einleitung

Der Ausspruch „never change a running system“ bringt die im Bereich der Technik oft gemachte Erfahrung zum Ausdruck, dass es anspruchsvoll ist, ein komplexes funktionales Gefüge umzubauen. Bei Automobilen kann eine Preiserhöhung oder das Verbot eines bestimmten Treibstoffs eine Herausforderung darstellen, die den Umbau veranlasst. Dabei sind allerdings technische Einschränkungen zu berücksichtigen und in manchen Fällen kann die Inkompatibilität von Bauteilen und Funktionsweisen eine Umbaumaßnahme verunmöglichen. Eine Umrüstung vom Benzinantrieb auf einen Erdgasantrieb ist problemlos machbar. Dagegen würden wegen enormen Aufwands und hoher Kosten nur wenige erwägen, einen Dieselmotor entsprechend umzubauen und die Umrüstung eines Verbrennermotors zu einer Brennstoffzelle oder einem elektrisch betriebenen Motor würde wohl niemand vornehmen. Abgesehen von ihren Unterschieden gilt für alle Umrüstungen: Bei laufendem Motor sind sie unmöglich – anders als z. B. die Neumontage eines Rückspiegels oder eines Autoradios.

In Analogie zu technischen Systemen sind auch Lebewesen auf Energieversorgung angewiesen, wobei auch hier die Verwertung verschiedener Energieträger möglich ist. Organismen, die Licht als Energiequelle nutzen, werden als „phototroph“ bezeichnet, solche, die sie aus

Mineralien beziehen, als „lithotroph“, während „heterotrophe“ Organismen auf organische Verbindungen angewiesen sind. Die zentrale Gemeinsamkeit der unterschiedlichen Energiehaushalte ist die Zwischenspeicherung der Energie in organischen Verbindungen wie ATP,

Mit einem Stern\* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

### Kompakt

Die Tatsache, dass unsere Atmosphäre ca. 21% Sauerstoff (O<sub>2</sub>) enthält, ist bisher einmalig unter allen uns bekannten Planeten. Hierfür wird seit Langem nach schlüssigen Erklärungen auf der Grundlage natürlicher Vorgänge gesucht. Dabei werden für die erstmalige Anreicherung der frühen Erdatmosphäre (sog. „great oxygenation event“, GOE) mit O<sub>2</sub> entweder geologische Quellen oder biologische Ursachen angenommen.

Geologische Ursachen für das postulierte Szenario des GOE werden von einer großen Mehrheit der Wissenschaftler nicht befürwortet. Die photolytische\* Spaltung von Kohlendioxid (CO<sub>2</sub>) bzw. Wasser durch UV-Strahlung würde zu einer sehr schnellen Anreicherung der Erdatmosphäre mit Sauerstoff führen und im Fall von Ausgasungen unterirdischer Sauerstoffvorräte wären sehr große Schwankungen der Sauerstoff-Konzentration zu erwarten, die für alle Organismen tödlich gewesen wären, sofern es bis dahin eine anoxische\* Lebenswelt gab.

Auch die Erklärung der Anreicherung der Atmosphäre durch die Entwicklung O<sub>2</sub>-erzeugender Organismen erweist sich als nicht schlüssig. Hypothesen zur Evolution der oxygenen\* Photosynthese gehen meistens von zwei verschiedenen Szenarien aus: 1. Das Modell des selektiven Verlusts, 2. Das Fusions-Modell. Es zeigt sich, dass beide Modelle keine guten Erklärungen für den schrittweisen Aufbau einer oxygenen Photosynthese darstellen. Es mangelt vor allem an stützenden Beobachtungen aus der Natur. Bei den Hypothesen handelt es sich ausschließlich um rein theoretische Überlegungen. Plausible Mechanismen für die Umrüstung von einer anoxigenen Photosynthese zu einer oxygenen fehlen dagegen.

Viel plausibler ist dagegen die Annahme, dass die verschiedenen Typen der Nutzung von Lichtenergie und die besondere Zusammensetzung der Erdatmosphäre weitere beeindruckende Zeugnisse für das ganzheitliche Werk des Schöpfers sind.

NAD(P)H oder FADH<sub>2</sub> (Abb. 1). Wie bei technischen Geräten gibt es auch bei Organismen die Nutzung von Energie ohne „Verbrennung“ (Phototrophie) und mit Verbrennung (Lithotrophie und Heterotrophie). Unter „Verbrennung“ versteht man in diesem Kontext einen exergonen\* Elektronenübertragungsvorgang (Redoxreaktion), der die nutzbare Energie für die Bildung der energiereichen organischen Verbindungen liefert. Entscheidend für die Beschaffenheit des gesamten Energiehaushalts ist die Natur der Elektronenquelle und des Elektronenakzeptors. Während der Elektronenakzeptor bei heterotrophen Organismen immer der Sauerstoff ist, nutzen einige lithotrophe Organismen dazu auch andere chemische Verbindungen wie z. B. Sulfat. Heterotrophe Organismen sind demnach auf Sauerstoff angewiesen, während es einige lithotrophe Organismen gibt, die ohne Sauerstoff auskommen.

Im Unterschied zu technischen Systemen kann der Energiestoffwechsel von Organismen zu keiner Zeit gänzlich heruntergefahren werden, da dessen vollständiges „Ausschalten“ den Tod bedeuten würde. Eine Umrüstung des Energiestoffwechsels von einem „Treibstoff“ auf einen anderen wäre demnach für alle Lebewesen ein äußerst anspruchsvoller Vorgang. Gemäß Befürwortern der Evolutionslehre soll es die größte Herausforderung dieser Art in der frühen Phase der Evolution vor ca. 2,4 Milliarden Jahren gegeben haben: die Umstellung von der anoxischen\* Atmosphäre zu einer mit Sauerstoff angereicherten – die sogenannte große „Sauerstoffkatastrophe“ („great oxygenation event“, GOE).

Wie in der vorigen Ausgabe von *Studium Integrale Journal* ausgeführt, wird die Hypothese des GOE durch eine Reihe von Indizien aus

der Geologie und Paläobiologie belegt, die jedoch nicht zwingend das besagte Szenario nahelegen (SCHMIDTGALL 2021). Für ein tragfähiges Modell müssten zudem auch plausible Ursachen eines solchen Vorgangs benannt werden können. Es muss erklärt werden, durch welche natürlichen Vorgänge molekularer Sauerstoff auf der frühen Erde entstanden sein könnte.

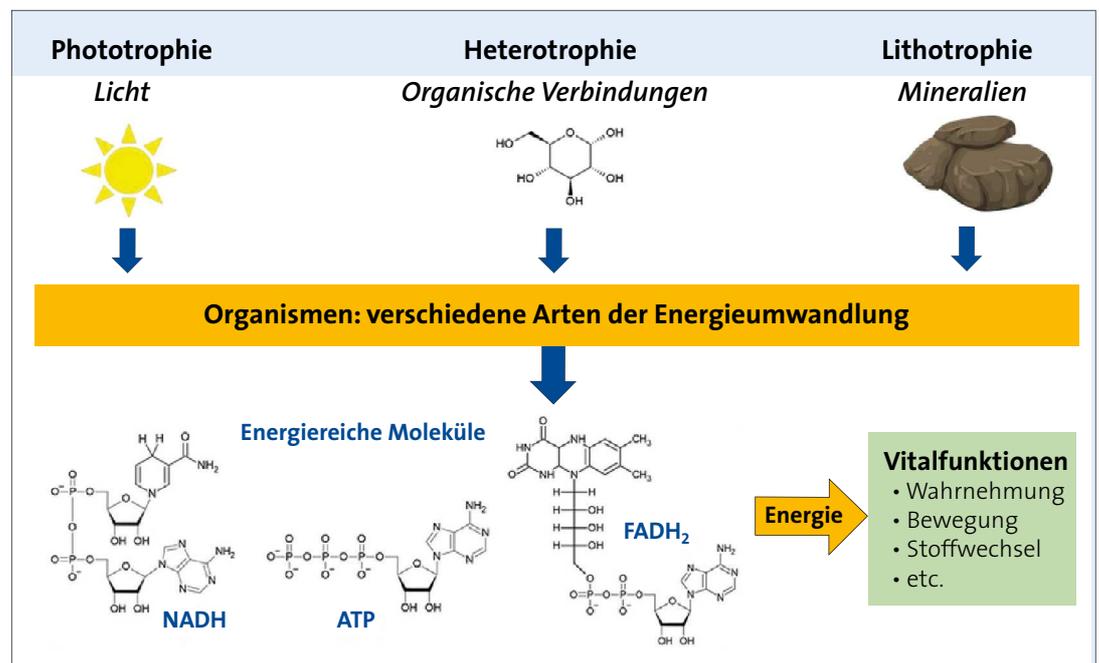
## Hypothesen für die Herkunft von O<sub>2</sub> in der Erdatmosphäre

Obwohl das Element Sauerstoff im Universum recht häufig vorkommt, ist Sauerstoff in der molekularen Form (O<sub>2</sub>) sehr selten. Daher ist es erstaunlich, dass die Erdatmosphäre zu 21% aus diesem Gas besteht. Zur Erklärung dieser Anomalie werden geochemische und biologische Vorgänge als mögliche Ursachen angeführt.

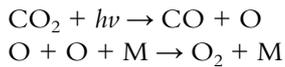
### Geochemische Vorgänge

**Photolyse\* von Wasser oder CO<sub>2</sub>.** Der Annahme einer nahezu sauerstofffreien Atmosphäre vor ca. 2,4 Milliarden Jahren zufolge dürfte es in dieser Zeit keine Ozonschicht und damit keinen wirksamen Schutz vor hartem UV-Licht gegeben haben. Hartes UV-Licht im Wellenlängenbereich von ca. 90-110 nm besitzt genügend Energie, um selbst die chemischen Bindungen stabiler Moleküle wie CO<sub>2</sub> oder Wasser zu spalten. Es konnte experimentell nachgewiesen werden, dass CO<sub>2</sub> unter der Einwirkung von hartem UV-Licht in Kohlenstoff und molekularem Sauerstoff gespalten wird (LU et al. 2014). Dieser Vorgang läuft in zwei Schritten nach den folgenden Reaktionsgleichungen ab ( $h\nu =$

**Abb. 1** Die drei Arten der Energiehaushalte in Organismen. Phototrophe Organismen nutzen Lichtenergie, heterotrophe die Energie organischer Moleküle und lithotrophe gewinnen sie aus Mineralien. In allen Organismen wird die Energie in Form von energiereichen organischen Molekülen (u. a. ATP, NADH, FADH<sub>2</sub>) zwischengespeichert.



Energie des UV-Lichts; M: beliebiges Molekül, das freiwerdende Energie abfängt):



In ähnlicher Weise verläuft auch die photolytische Spaltung von Wasser, wobei ebenfalls  $\text{O}_2$  entsteht. Bestätigt wurde dieser Sachverhalt auch durch die Korrelation der Mengen von molekularem Sauerstoff und Wasser auf Kometen (YAO & GIAPIS 2017). CHANG et al. (2021) schätzen, dass dieser Prozess aufgrund des häufigen Vorkommens von Wasser auf der Erde eine bedeutende Quelle für Sauerstoff in der frühen Atmosphäre war. Für die Rate der photolytischen Spaltung des Wassers geben sie den Wert mit  $J_{\text{H}_2\text{O}}(\text{O}) = 5,2 \cdot 10^{-5} \text{ s}^{-1}$  an. Berechnet man ausgehend von dieser Zahl mit einigen vereinfachenden Annahmen die Menge an gebildeten Sauerstoff-Molekülen in der Erdatmosphäre, ergibt sich *pro Jahr* eine gebildete Masse von  $3,8 \cdot 10^{16} \text{ t}$  an Sauerstoff-Molekülen (s. Kasten 1). Das entspricht ungefähr der siebenfachen Masse der heutigen Erdatmosphäre. Auch wenn diese Rechnung nur der Abschätzung einer Größenordnung dient, verdeutlicht sie, dass die Annahme der Wasserspaltung durch UV-Licht als Quelle für Sauerstoff eine *sehr schnelle* Anreicherung der Atmosphäre mit  $\text{O}_2$  impliziert. Dies steht jedoch in deutlichem Widerspruch zu der weit verbreiteten Annahme, dass der Sauerstoff in der Atmosphäre vor dem GOE im Verlauf von ca. 1 Milliarde Jahren nur ein Spurengas war (das  $10^{-5}$ -fache der heutigen Konzentration nach KNOLL & NOWAK 2017 und LYONS et al. 2014).

**Freisetzung von Sauerstoff aus tiefen Schichten.** Als weitere nicht-biologische Quelle für Sauerstoff in der frühen Erdgeschichte gilt die Anreicherung tiefer Schichten mit Sauerstoff durch die Disproportionierungsreaktion von Eisen(II)oxid ( $\text{FeO}$ ) (FROST et al. 2004, ANDRAULT et al. 2018):



Während das metallische Eisen ( $\text{Fe}^0$ ) weiter in Richtung des Erdkerns sinkt, verbleibt das  $\text{Fe}_2\text{O}_3$  in einer Tiefe von ca. 660 km. Auf diese Weise liegt das Element Sauerstoff im Verhältnis zum Eisen in einem Überschuss vor. ANDRAULT et al. nehmen an, dass während des Archaikums\* keine Absenkung der oberen Gesteinsschichten gegeben war, sodass der überschüssige Sauerstoff in tieferen Schichten nach Ausbildung des stark  $\text{Fe}^0$ -haltigen Erdkerns gefangen war. Diesen Sauerstoff-Überschuss berechneten ANDRAULT et al. mengenmäßig zu dem 500 bis 1000-Fa-

## 1 | Rechnerische Schätzung der entstehenden Sauerstoff-Menge durch Photolyse von $\text{H}_2\text{O}$

Das Wasservolumen  $V$  in der Atmosphäre wird auf ca.  $V(\text{H}_2\text{O}) = 1,3 \cdot 10^{16} \text{ l}$  geschätzt. Das entspricht einer Stoffmenge von  $n(\text{H}_2\text{O}) = 7,22 \cdot 10^{17} \text{ mol}$  Wasser. Um die *pro Sekunde* gebildete Stoffmenge  $n(\text{O}_2)$  an photolytisch gebildetem  $\text{O}_2$  zu erhalten, muss also die Stoffmenge  $n(\text{H}_2\text{O})$  mit der Rate der photolytischen Spaltung des Wassers  $J_{\text{H}_2\text{O}}(\text{O})$  multipliziert werden:

ziert werden:

$$n(\text{O}_2) = n(\text{H}_2\text{O}) \cdot J_{\text{H}_2\text{O}}(\text{O})$$
$$= 3,75 \cdot 10^{13} \text{ mol/s}$$

Umgerechnet auf ein Jahr ergibt dies  $1,18 \cdot 10^{21} \text{ mol O}_2$ . Die Umrechnung in Masseneinheiten ergibt  $3,8 \cdot 10^{16} \text{ t O}_2$  *pro Jahr*.

chen der gegenwärtigen Menge in der Erdatmosphäre. Erst nach einer Abkühlung der Erdoberfläche und der einsetzenden Gesteinskonvektion\* soll es zu einem allmählichen Entweichen des Sauerstoffs als  $\text{O}_2$  über Vulkanausbrüche gekommen sein. Auf diese Weise soll die zuvor anoxische Atmosphäre mit Sauerstoff angereichert worden sein. ANDRAULT et al. berechneten die Rate der Entweichung des Sauerstoffs zu  $1,5 \cdot 10^{13} \text{ mol/Jahr}$ , woraus nach ihrer Rechnung für die Zeitspanne der Oxygenierung der Atmosphäre bis zum heutigen Sauerstoffgehalt 2,6 Millionen Jahre resultierten.

Ein allmähliches, gleichmäßiges Entweichen des Sauerstoffs aus den unteren Schichten über eine so lange Zeitspanne erscheint jedoch alles andere als plausibel. Vielmehr würde es bei solchen Prozessen wiederholt zu katastrophisch schnellen Zunahmen der  $\text{O}_2$ -Konzentration in der Atmosphäre kommen. Das erwähnen auch die Autoren der besagten Arbeit: „Von Oszillationen und Schwankungen des atmosphärischen Partialdrucks des Sauerstoffs einige 100 Millionen Jahre um den Übergang vom Archaikum zum Proterozoikum\* herum ist bereits berichtet worden.“ Dabei führen sie aber keinerlei quantitative Details zu solchen Schwankungen an, die für eine hypothetische Biosphäre, welche bis dahin kaum mit Sauerstoff in Kontakt gekommen sein soll, vernichtend gewesen wären.

### Biologische Ursachen

Viele Forscher sind gegenwärtig der Auffassung, dass die nicht-biologischen Sauerstoff-Quellen höchstens für geringfügige, schubartige Zunahmen der Sauerstoff-Konzentration in der Atmosphäre ursächlich gewesen sein können (ANBAR et al. 2007). Als eigentliche Ursache des GOE wird die Entstehung eines neuartigen bakteriellen Stoffwechsels gesehen: Es wird angenommen, dass vor ca. 2,7–2,5 Milliarden Jahren bestimmte Cyanobakterien evolviert sind, deren Photosyntheseaktivität mit der Bildung von Sauerstoff einherging (oxygene Photosynthese). Um Hypothesen zum Ursprung der

oxygenen Photosynthese zu beurteilen, sollen zunächst einige Aspekte zu diesem biochemischen Vorgang zur Sprache kommen. Dabei werden ausschließlich Chlorophyll-basierte Photosysteme (PS) diskutiert, da Rhodopsin-basierte PS gegenwärtig bezüglich der Diskussion um den GOE keine Rolle spielen (FISCHER et al. 2016).

### Oxygene Photosynthese

Die Photosynthese stellt die Grundlage für Leben auf der Erde dar. Dieser Vorgang ermöglicht die Nutzung der ca. 100.000 TW (Terawatt) Strahlungsleistung der Sonne, die auf die Erde gelangen, indem etwa 1350 TW in Form von

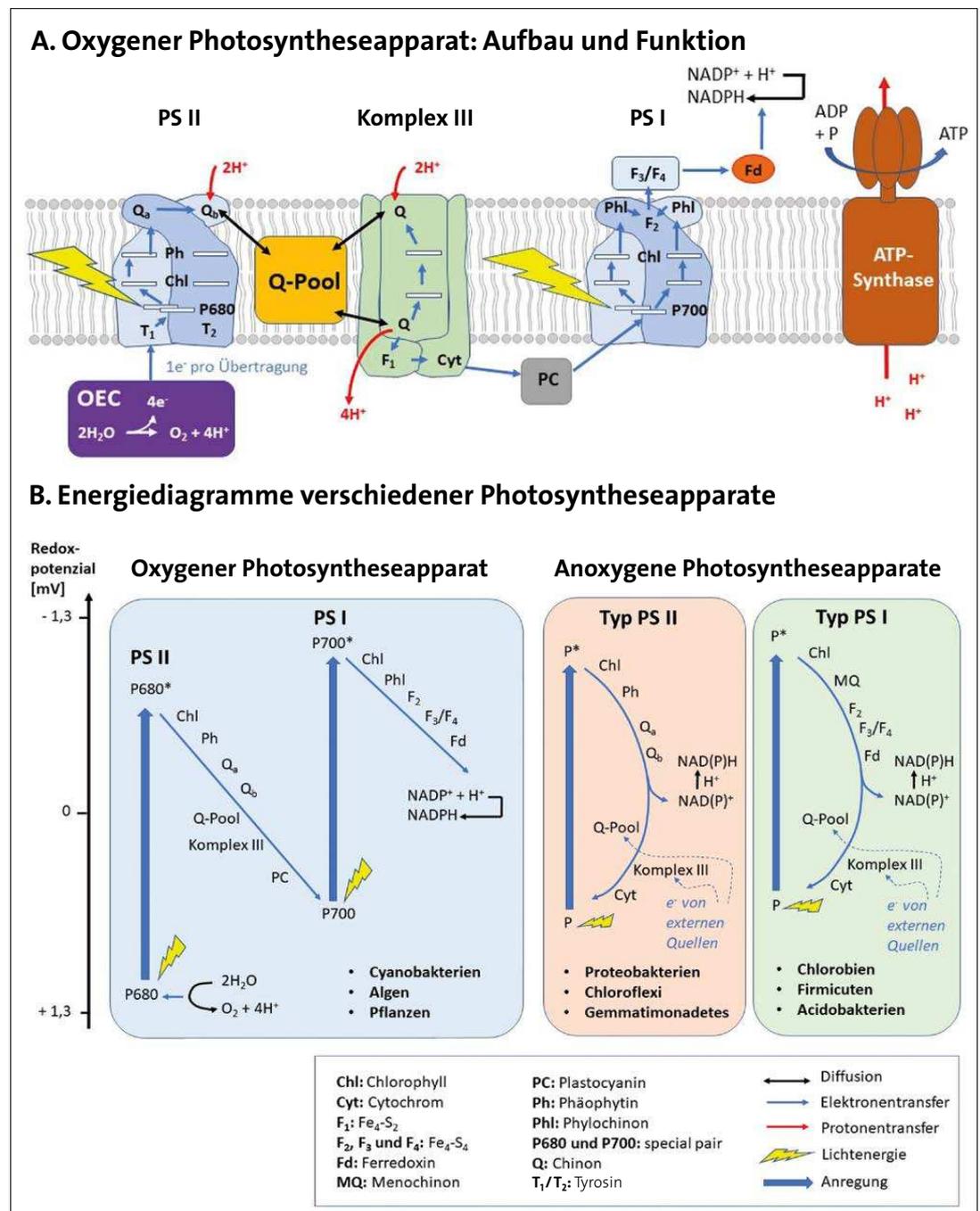
chemisch gespeicherter Energie zur Verfügung gestellt werden können – fast das Hundertfache dessen, was die Menschheit verbraucht. Von den molekularen Einrichtungen, die diese Energie einfangen, ist bis heute eine Reihe von verschiedenen Typen beschrieben worden, die sowohl Unterschiede als auch auffallende Gemeinsamkeiten haben (FISCHER et al. 2016; NELSON & JUNGE 2015; HOHMANN-MARIOTT & BLANKENSHIP 2011). Die oxygene Photosynthese wird von Algen, Pflanzen und Cyanobakterien genutzt und stellt hinsichtlich des molekularen Aufbaus und ihrer Funktionsweise die anspruchsvollste Variante der Verwertung von Lichtenergie dar (Abb. 2A).

Bei der oxygenen Photosynthese wird Lichtenergie genutzt, um aus Kohlendioxid Biomasse (Kohlenhydrate) aufzubauen, wobei molekular

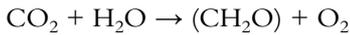
Abb. 2

**A.** Der oxygene Photosyntheseapparat ist aus fünf Protein-Komponenten aufgebaut: Den zwei Photosystemen (PS I und PS II), dem OEC (Oxygen Evolving Complex), dem Komplex III und der ATP-Synthase (weitere Erläuterungen siehe Kasten 2).

**B.** Vergleich der Energieflüsse in den verschiedenen Photosyntheseapparaten. Einzig der oxygene Photosyntheseapparat verfügt über ein PS mit niedrigem elektrochemischen Potenzial. Die PS anoxygener Photosyntheseapparate hingegen sind ausnahmslos Hochpotenzial-Systeme. Die PS einiger Organismen (Proteobakterien, Chloroflexi und Gemmatimonadetes) ähneln dem PS II der oxygenen Photosynthese, andere hingegen dem PS I (Chlorobi, Firmicuten, Acidobakterien). Der gesamte Elektronenfluss der anoxygenen Photosynthese ist im Unterschied zur oxygenen Variante zyklisch. (Nach FISCHER et al. 2016)



larer Sauerstoff als Nebenprodukt anfällt. Die Bruttoreaktion dieses Vorgangs ist:



Wie aus der Gleichung hervorgeht, wird hierbei Wasser zu Sauerstoff oxidiert und Kohlendioxid zu Kohlenhydraten reduziert – zwei ausgesprochen endergone\* Vorgänge. Die für diese anspruchsvollen chemischen Transformationen zuständigen biomolekularen Vorrichtungen sind in der Natur einzigartig und in ihrer Funktionsweise außerordentlich effizient. Sie sind aus vier membranintegrierten, großen Proteinkomplexen und einer Vielzahl an verschiedenen Cofaktoren aufgebaut. Durch ihr exaktes Zusammenspiel werden Elektronen vom Wassermolekül zum Reduktionsäquivalent  $\text{NADP}^+$  übertragen, bei gleichzeitiger Ausbildung eines Protonengradienten, der zur Synthese von ATP durch die ATP-Synthase genutzt wird. Die gebildeten energiereichen Moleküle NADPH und ATP werden später zur Umwandlung von  $\text{CO}_2$  in Kohlenhydrate in der Dunkelreaktion verwendet, auf die hier nicht weiter eingegangen werden soll. Die zentralen Funktionseinheiten der oxygenen Photosyntheseapparate sind die als Photosysteme (PS) bezeichneten Proteinkomplexe PS I und PS II. In den Reaktionszentren dieser spiralförmig geformten Komplexe befinden sich zwei Chlorophyllmoleküle, an denen sich die energetische Anregung von Elektronen durch Photonen ereignet (Abb. 3). Für diese zwei Chlorophyllmoleküle hat sich die Bezeichnung „special pair“ etabliert.

Die hohe Effizienz der Photosynthese wird vor allem durch die Art und Anordnung der molekularen Bausteine der PS sichergestellt. Eines der am häufigsten vorkommenden Moleküle in den PS I und II ist das Chlorophyll, welches mit einem Wert von über  $10^5 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$  einen der höchsten Extinktionskoeffizienten\* unter kleinen Molekülen besitzt (STRYER et al. 2007). In beiden Photosystemen liegen weit mehr als 80 Chlorophylle vor, die allesamt am „light harvesting“ (LH), dem „Ernten“ von Lichtenergie beteiligt sind. Die dichte, ringförmige Anordnung der LH-Komplexe um das Reaktionszentrum herum ermöglicht eine überaus effektive, kohärente Energieübertragung zum „special pair“ über verschiedene Arten des Energietransfers (Vibration, elektrodynamische Kopplung). Diese Vorrichtung kann als eine Art molekularer Energietrichter beschrieben werden, der die Energie am Reaktionszentrum stark verdichtet (Abb. 4). Hinzu kommen mehrere Vorrichtungen, die für eine sehr hohe Effizienz des Energietransfers bei der PS sorgen (nähere Details s. Kasten „Weiterführendes zur Photosynthese“).

Für diese überaus anspruchsvolle Funktion kommen nur sehr komplex aufgebaute Bioma-

kromoleküle in Frage. NELSON & JUNGE beschreiben die Biosynthese des PS I mit folgenden Worten: „Der Aufbau der PS I umfasst einen sehr komplizierten Biogenese- und Montageprozess, bei dem alle PS I-Komponenten zusammengebracht werden, um die effizienteste photochemische Maschine der Natur zu erzeugen.“

Darüber hinaus ist die Effizienz der Photosynthese empfindlich von der Struktur der beteiligten Photosysteme abhängig. Bei der Beschreibung von Aufbau und Funktion von Photosyntheseapparaten wird sehr oft eine Sprache verwendet, die eine Zielorientierung beschreibt (Teleologie): „Offenbar dienen die Proteine als Gerüst, das die Pigmente in der richtigen Geometrie hält um einen schnellen Energietransfer zu ermöglichen und die Löschung des angeregten Zustands zu verhindern“ (NELSON & JUNGE 2015).

Es wird deutlich, dass für die Funktionstüchtigkeit der oxygenen Photosynthese ein erstaunlich hohes Maß an struktureller Präzision und Feinabstimmung der Proteine, kombiniert mit dem Vorliegen der richtigen funktionellen Komponenten ( $\text{Mg}^{2+}$ , Chlorophylle, Mn-Ionen im OEC), gegeben sein muss. Darüber hinaus muss eine sehr breite Spanne des Redoxpotenzials abgedeckt werden – vom Wasser/Sauerstoff (+0,8 V) zum Ferredoxin  $\text{Fe}^{3+}/\text{Fe}^{2+}$  (-0,43 V). Und schließlich müssen die Transmembranproteine derart angeordnet sein, dass das Erzeugen des Protonengradienten möglich ist. Dabei ist zu berücksichtigen, dass eine weniger komplexe Version des oxygenen Photosynthese-Gesamtsystems als sie bei den Cyanobakterien vorliegt, bisher in der Natur nicht vorgefunden worden ist.

### Die oxygenen Photosynthese funktioniert dank einem hohen Maß an struktureller Präzision, Feinabstimmung der Proteine und dem Vorliegen der richtigen funktionellen Komponenten.

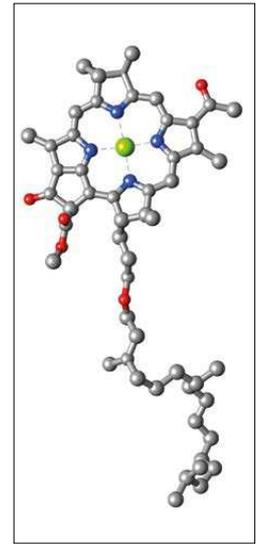
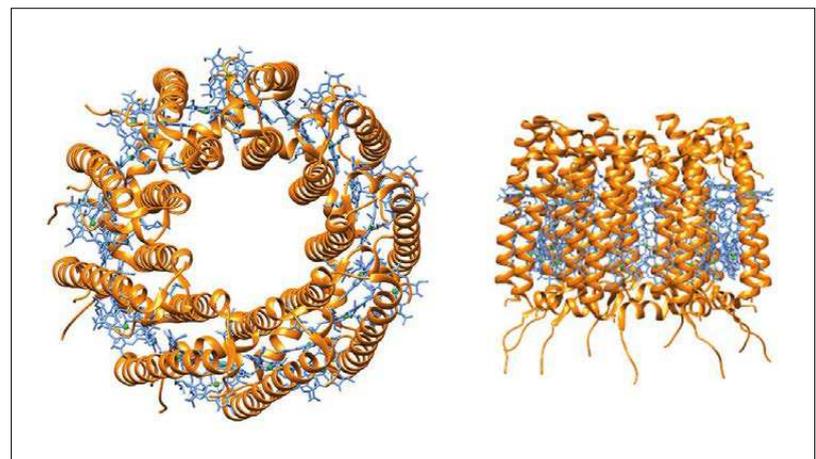


Abb. 3 Kugel-Stab-Modell eines Bakteriochlorophyll-Moleküls (mit Verankerung). Kohlenstoff-Atome sind grau dargestellt, Sauerstoff-Atome rot, Stickstoff-Atome blau und das Magnesium-Ion grün. Wasserstoff-Atome sind der Übersichtlichkeit halber nicht abgebildet.

Abb. 4 Durch Röntgenstrukturanalyse erstelltes Modell des LH-2 Komplexes aus phototrophen Bakterien (Frontalansicht und seitliche Ansicht). Chlorophyll-Moleküle sind in Blau dargestellt,  $\text{Mg}^{2+}$  in Grün.

## 2 | Weiterführendes zur Photosynthese

### Aufbau und Funktion

In der Photosynthese erfolgt insgesamt die Übertragung von Elektronen von Wassermolekülen zu organischen Molekülen, die als Cofaktoren bezeichnet werden. Auf diese Weise werden die Elektronen von einem niedrigeren Energieniveau auf ein höheres gehoben, so dass Lichtenergie in Form von chemischem Potenzial gespeichert wird. Der hierbei resultierende Elektronenfluss wird zudem genutzt, um einen Protonengradienten aufzubauen, der die ATP-Synthase antreibt – die zweite Form der Zwischenspeicherung von Energie.

Der Elektronenfluss beginnt im Photosystem II (PS II), wo zwei  $Mg^{2+}$ -Cytochrom-Einheiten (P680), für die sich der Begriff „special pair“ etabliert hat, durch Absorption eines Photons in einen energetisch angeregten Zustand versetzt werden. Anschließend wird ein Elektron vom „special pair“ über einige Zwischenstationen auf ein Chinon übertragen, sodass eine Ladungstrennung resultiert und das special pair nun positiv geladen ist ( $P680^+$ ). Diese positive Ladung wird neutralisiert, indem ein Elektron aus dem Mangan-Komplex entzogen wird, der das Elektron durch Oxidation von Wasser bezieht (oxygen evolving complex, OEC). Läuft dieser Vorgang ein zweites Mal ab, resultiert ein vollständig reduziertes Chinolmolekül. Im PS II läuft also insgesamt eine Elektronenübertragung von Wassermolekülen auf Chinone ab – ein endergoner Vorgang. Das resultierte Chinol diffundiert entlang der Membran und gelangt in den Komplex III (in Cyanobakterien: Cytochrom  $b_6/f$ -Komplex, in Pflanzen Cytochrom-bc<sub>1</sub>). Hier findet eine stufenweise Oxidation des Chinols zum Chinon statt, wobei die Elektronen wiederum über einige Zwischenstationen auf ein Plastochinon übertragen werden, das später als Elektronenquelle für das Photosystem I (PS I) fungiert. Somit ist der Komplex III eine Art Brücke für den Elektronenfluss von PS II auf PS I.

Im PS I läuft ein ähnlicher Vorgang ab wie im PS II, wobei das elektrochemische Potenzial des gesamten Prozesses deutlich höher liegt. Zunächst wird auch hier ein „special pair“ (P700) durch ein Photon auf einen angeregten Zustand gebracht und es folgt ein Elektronentransfer über eine Reihe an Zwischenstationen zu einem Ferredoxin (Eisen-Schwefel-Protein). Das nach der Ladungstrennung resultierte  $P700^+$

wird durch das Plastocyanin reduziert, sodass es erneut für eine Anregung durch Photonen zur Verfügung steht. Insgesamt wird also ein Elektron von einem Plastocyanin auf ein Ferredoxin übertragen – ebenfalls ein endergoner Vorgang. Vom Ferredoxin gelangen die Elektronen dann zum  $NADP^+$ , wobei für eine vollständige Reduktion des  $NADP^+$  zu NADPH zwei Elektronentransfers über den PS I erfolgen müssen.

### Zur Effizienz der Photosynthese

Die Quantenausbeute\* der photochemischen Prozesse am „special pair“ liegt bei ca. 100% für PS I und 90% für PS II und ist damit für einen photochemischen Vorgang außerordentlich hoch (CROCE & VAN AMERONGEN 2020). Das liegt daran, dass die Anregung des „special pair“ nur 20 bis 300 Picosekunden ( $1\text{ ps} = 10^{-12}\text{ s}$ ) dauert, während die Lebensdauer des angeregten Zustandes im Bereich von Nanosekunden ( $1\text{ ns} = 10^{-9}\text{ s}$ ) liegt (CROCE & VAN AMERONGEN 2020). Aufgrund dieses Verhältnisses ist die Wahrscheinlichkeit einer Übertragung des angeregten Elektrons auf benachbarte Elektronenakzeptoren sehr viel höher als der Rückfall in den Grundzustand. Wichtig hierfür ist, dass das Magnesium-Ion ( $Mg^{2+}$ ) als komplexiertes Metallion in den Chlorophyllen der Photosysteme vorliegt (KAIM & SCHWEDERSKI 2005). Dadurch wird ein Übergang in weniger energiereiche Zustände kinetisch gehemmt. Zudem gibt es Vorrichtungen, die einen Rücktransfer des Elektrons zum positiv geladenen „special pair“ nach erfolgter Ladungstrennung verhindern. Schon vor einiger Zeit gelang es Rudolph A. MARCUS herauszufinden, dass der Rücktransfer des Elektrons thermodynamisch so überaus günstig ist, dass er im so genannten „invertierten Bereich“ liegt und damit sehr langsam, weil kinetisch gehemmt ist. Für diesen intuitiv schwer nachvollziehbaren Sachverhalt erhielt MARCUS 1992 den Nobelpreis für Chemie. Hinzu kommt, dass der dem „special pair“ benachbarte Elektronenakzeptor nur etwa 1 nm entfernt ist, sodass der Elektronentransfer via quantenmechanischem Tunnelvorgang in nur ca. 11 Picosekunden ( $10^{-12}\text{ s}$ ) erfolgt (STRYER et al. 2007). Wäre der Abstand des Elektronenakzeptors zum „special pair“ nur wenige Angström größer, würde die Elektronenübertragung sehr unwahrscheinlich. Insgesamt führen etwa 99% der Photonenabsorptionen im PS I zu einer Ladungstrennung (NELSON & JUNGE 2015).

Die genannten Sachverhalte müssen alle beim Aufstellen von Hypothesen zur Evolution der oxygenen Photosynthese berücksichtigt werden. Zudem gibt es in der Natur Photosyntheseapparate, die ohne Freisetzung von Sauerstoff funktionieren (anoxygene Photosynthese) und sowohl Ähnlichkeiten als auch Unterschiede zur oxygenen Photosynthese aufweisen. Daher liegt es nahe, beide Typen von Systemen zu vergleichen und die Plausibilität verschiedener Hypothesen im Hinblick auf den Ursprung der Photosynthese zu prüfen.

## Anoxygene Photosynthese

Während die oxygene Photosynthese bei Pflanzen, Algen und Cyanobakterien vorkommt, gibt es auf Chlorophyll basierende anoxygene Photosynthese nur bei Bakterien. Photosysteme (PS), die bei Archaeobakterien vorkommen, basieren auf Rhodopsin und sind für den GOE irrelevant, da Rhodopsin-basierte oxygene PS nicht bekannt sind (DASARMA & SCHWIETERMANN 2021). Bisher sind bei insgesamt sieben von 30 beschriebenen Bakterienstämmen auf Chlorophyll basierende PS nachgewiesen worden (ZENG et al. 2014): Acidobakterien, Chlorobien, Chloroflexi, Cyanobakterien, Firmicutes, Gemmatimonadetes und Proteobakterien, wobei nur die Cyanobakterien oxygene Photosynthese betreiben. Organismen, die anoxygene Photosynthese betreiben, verwenden andere Elektronenquellen als Wasser – dazu zählen anorganische Verbindungen wie  $Fe^{2+}$ ,  $H_2$ , S,  $HS^-$ ,  $S_2O_3^{2-}$ ,  $NO_2^-$ ,  $AsO_3^{3-}$  oder auch organische Moleküle (FISCHER et al. 2016). Die Elektronentransportsysteme dieser Organismen weisen in allen Fällen nur ein einziges PS auf, das entweder dem PS I oder dem PS II der oxygenen Photosyntheseapparate ähnelt (Abb. 2B). Ein weiterer wesentlicher Unterschied ist das Fehlen des OEC (oxygen evolving complex) bei Organismen mit anoxygener Photosynthese, da sie keine Wasseroxidation durchführen. In vielen Varianten solcher Systeme verläuft der Elektronentransfer zyklisch: Nach der Anregung des „special pair“ durchläuft ein Elektron mehrere Stationen und gelangt am Ende wiederum zum „special pair“, wobei ein Protonengradient generiert wird, der die ATP-Synthase antreibt. Prinzipiell könnte ein Elektron unendlich oft durch diesen Kreislauf geschickt werden. Da jedoch auch für andere Vorgänge wie z. B. die  $CO_2$ -Assimilation Elektronen abgeführt werden, müssen weitere Elektronen aus den oben genannten äußeren Quellen aufgenommen werden (Abb. 2B).

## Hypothesen zur Evolution der oxygenen Photosynthese

Seit über 80 Jahren wird von vielen Forschern angenommen, dass die oxygenen Photosynthese als komplexere Variante moderner ist als die anoxygenen. Bereits in den 1930er-Jahren wurde allein aufgrund der Tatsache, dass in der oxygenen Photosynthese vier Photonen für eine vollständige Reaktion verwendet werden – während es in der anoxygenen nur zwei sind – der Schluss gezogen, dass die letztere primitiver sei (BLUM 1937). Später wurde diese Auffassung von anderen bestätigt und um zusätzliche Argumente erweitert (OLSON 1970). Dazu gehören vor allem die insgesamt größere Komplexität des Aufbaus der oxygenen Photosyntheseapparate und die anspruchsvollen Vorgänge im Zusammenhang mit der Oxidation des Wassers. CARDONA (2019) kommentiert die frühen Annahmen aus einer aktuellen Sicht dagegen eher kritisch: „Es sollte beachtet werden, dass diese Idee populär wurde, bevor wir ein vertieftes Verständnis der Photosynthese hatten und lange bevor wir Zugang zu Strukturen von Reaktionszentren hatten, um sie [die Hypothese] zu prüfen.“

Im Hinblick auf eine „Umrüstung“ von einer anoxygenen Photosynthese zur oxygenen durch rein natürliche Vorgänge stellen sich unmittelbar die folgenden Fragen: Wie wurden beide Reaktionszentren in eine Elektronentransportkette integriert und *zugleich* der Elektronentransfer gekoppelt? Wie kam es zur Bildung des OEC? Wie wurde *zugleich* mit der Einführung des OEC das elektrochemische Potenzial *aller* Komponenten des PS II herabgesetzt, damit die Elektronenübertragung vom OEC auf das „special pair“ möglich wird?

Mit der immensen Zunahme an Kenntnissen im Bereich der Molekularbiologie und Genetik ist das Bild jedoch in keiner Weise klarer geworden, sondern deutlich komplizierter: Die Zahl an Hypothesen zur Evolution der oxygenen Photosynthese ist mit der Zeit rapide gewachsen. Dabei treten hauptsächlich zwei konkurrierende Erklärungsmuster auf: 1. Das Modell des selektiven Verlusts; 2. Das Fusions-Modell.

Das erste Modell besagt, dass zunächst Bakterien eine urtümliche Form von PS erworben haben, die hinsichtlich ihrer molekularen Ausstattung eine Art Mischform zwischen PS I und PS II darstellte (HOHMANN-MARRIOT & BLANKENSHIP 2011). Anschließend kam es zu einer Genduplikation und es entstanden in einem Organismus zwei unterschiedliche PS. Durch nachträglichen, selektiven Verlust entstanden anoxygenen PS, die entweder dem PS I ähnelten oder dem PS II. Im Unterschied zu allen ande-

ren Bakterien behielten die Cyanobakterien beide Photosysteme bei und entwickelten die oxygenen Photosynthese. Es wird also davon ausgegangen, dass sich am Anfang ein Organismus mit einem komplexen Photosyntheseapparat entwickelte und zum gemeinsamen Vorfahr aller phototrophen Organismen wurde. Die Vererbung der PS erfolgt in diesem Modell nur über den vertikalen Gentransfer\*.

Gemäß dem Fusions-Modell soll es zunächst zur Entstehung eines einzelnen primitiven Photosystems gekommen sein, von dem ausgehend sich die zwei verschiedenen PS I und PS II entwickelten. Anschließend soll es durch lateralen Gentransfer\* in umfangreichem Ausmaß zur Integration des PS II in einen Organismus mit bereits vorhandenem PS I gekommen sein. Als Nachweis für eine durch lateralen Gentransfer erfolgte Übertragung eines Photosystems zwischen zwei sehr verschiedenen Bakterienstämmen werden auffällige Ähnlichkeiten der für die Photosysteme codierenden Gencluster zwischen *Rubriviax gelatinosus* IL 144 (Proteobakterium) und dem zu dem Gemmatimonadeten gehörenden Bakterium *AP 64* angeführt (ZENG et al. 2014).

### Kritik

Um die erste Hypothese (selektiver Verlust) zu plausibilisieren, müsste zunächst schlüssig aufgezeigt werden, wie sich der komplexe Vorfahr entwickelt haben soll. Besonders schwierig ist es dabei zu erklären, warum und wie sich ein Photosyntheseapparat mit zwei Photosystemen gebildet haben soll, wenn nicht *gleichzeitig* auch ein OEC mit funktionierender Wasseroxidation und die Kopplung des Elektronenflusses von PS II zu PS I gegeben war. Der Sprung von einer anoxygenen Photosynthese zu einer oxygenen ist viel zu groß, als dass er in wenigen Schritten durch Mutation und Selektion möglich wäre. Es muss also zwingend einen anoxygenen Photosyntheseapparat mit zwei PS als Vorläufer der oxygenen Photosynthese gegeben haben. Die Annahme einer solchen Zwischenstufe ist aber in keiner Weise schlüssig, da solche Systeme nicht bekannt sind und auch nicht plausibel aufgezeigt werden kann, weshalb ein anoxygener Photosyntheseapparat mit zwei Photosystemen entstehen sollte (CARDONA 2019). Der bloße Verweis auf eine Genduplikation hilft nicht weiter, da damit nicht gezeigt ist, welchen Selektionsvorteil das Vorliegen zweier Photosysteme für eine anoxygene Photosynthese bietet. Abgesehen davon sind Entstehungen zweier PS durch Genduplikation in einem Organismus nie dokumentiert worden.

## Glossar

**anoxisch:** frei von Sauerstoff

**Archaikum:** Äon (Zeitalter) auf der geologischen Zeitskala von vor 4000 Millionen radiometrischen Jahren bis vor 2500 Millionen Jahren.

**ATP:** Adenosin-Triphosphat

**endergon:** Vorgang (z. B. chemische Reaktion), bei dem das chemische Potenzial (Maß für Energieinhalt) des Systems erhöht wird. Energetisch handelt es sich also um einen Bergauf-Vorgang. Solche Vorgänge laufen nicht spontan ab.

**exergon:** Vorgang (z. B. chemische Reaktion), bei dem das chemische Potenzial (Maß für Energieinhalt) des Systems herabgesetzt wird. Energetisch handelt es sich also um einen Bergab-Vorgang. Solche Vorgänge laufen spontan ab.

**Extinktionskoeffizient:** Maß für die Fähigkeit eines Moleküls, Licht zu absorbieren

**FADH<sub>2</sub>:** Flavin-Adenin-Dinukleotid-Dihydrid

**Gesteinskonvektion:** Wärmebewegung von Gestein/Magma, mit der die Plattentektonik zusammenhängt

**lateraler Gentransfer:** Übertragung genetischer Information über ringförmige DNA, die relativ schnell zwischen Bakterien über rüsselförmige Ausstülpungen (Pili) ausgetauscht werden kann.

**NADH:** Nicotinamidadeninucleotid-Hydrid

**kinetisch gehemmt:** chemische Vorgänge laufen bei freier werdender Energie ab. Allerdings können bestimmte Faktoren die Reaktion erheblich verlangsamen, auch wenn sie nichts mit der Energiebilanz zu tun haben. In solchen spricht man von „kinetischer Hemmung“.

**Oxidation:** Entzug von Elektronen

**oxygen** (Adj.): Sauerstoff generierend

**Photolyse:** Spaltung chemischer Bindungen von Molekülen durch Lichtenergie

**phototroph:** Licht als Energiequelle nutzend

**Proterozoikum:** Zeitalter auf der geologischen Zeitskala von vor 2500 Millionen radiometrischen Jahren bis vor ca. 540 Millionen radiometrischen Jahren.

**Quantenausbeute:** auch als „Quanteneffizienz“ bezeichnet. Verhältnis zwischen absorbierten Photonen und Elektronen, die vom „special pair“ auf ein benachbartes Chlorophyll übertragen werden.

**Redoxpotenzial:** Maß für die Tendenz eines Moleküls, Elektronen aufzunehmen bzw. abzugeben.

**vertikaler Gentransfer:** Weitergabe genetischer Information durch Fortpflanzung (bei Bakterien: Zellteilung)

Ein weiteres immenses Problem ist der große Unterschied der Proteinsequenzen von PS I und PS II (nur etwa 10% Übereinstimmung gemäß FISCHER et al. 2016). Auch wenn die beiden Proteinkomplexe hinsichtlich ihrer räumlichen Anordnung ähnlich sind, ist die Annahme einer Entstehung von PS I und PS II durch Genduplikation angesichts ihres enormen Sequenzunterschieds nicht überzeugend. Es ist vor diesem Hintergrund erstaunlich, dass diese Proteinkomplexe von vielen Wissenschaftlern dennoch für homolog gehalten werden. Zitate wie das folgende sind in der Literatur keine Seltenheit und bezeugen ein Festhalten an evolutionstheoretischen Dogmen, das mit den Befunden in einem offenkundigen Konflikt steht (SOUSA et al. 2013): „Obwohl auf Sequenzebene fast keine Ähnlichkeit zwischen RCI [PS I] und RCII [PS II] feststellbar ist, sind die Anordnungen ihrer Struktur und Kofaktoren *zweifellos* homolog und weisen eindeutig auf eine gemeinsame Abstammung hin“ (Hervorhebung hinzugefügt).

**Die verbreitete Auffassung, dass die Photosysteme I und II homolog seien, stellt ein Beispiel für ein unbegründetes Festhalten an evolutionstheoretischen Dogmen dar.**

Im Fusionsmodell wird eine stetig wachsende Komplexität der Photosynthese ausgehend von einem einfacheren Vorläufer angenommen, wie in Evolutionstheorien üblich. Doch auch hier ist es notwendig, genau zu erklären, wie eine plausible „primitive“ Ausgangsversion der Photosynthese ausgesehen haben könnte. Da es jedoch in der Natur keine „primitiven“ Photosyntheseapparate gibt, könnten höchstens hypothetische Modelle einfacher Vorläufer entworfen werden – im Hinblick auf die Komplexität und die ausgefeilten internen Abstimmungen von Photosyntheseapparaten erscheint dieses Unterfangen aussichtslos.

Ein weiteres Kernproblem der Fusionshypothese ist die Unzulänglichkeit des lateralen Gentransfers für die Übertragung derart großer genetischer Module wie derjenigen der Photosynthese. Wie bereits zuvor erwähnt, sind Photosysteme außerordentlich anspruchsvoll gebaute Proteinmaschinen, die durch eine Vielzahl von Genen codiert sind. Daher ist es nicht überraschend, dass eine Beobachtung einer solchen Übertragung eines ganzen genetischen Moduls bisher nie gemacht worden ist. Der angeblich gesicherte Transfer eines kompletten Photosynthese-Genmoduls wurde nicht tatsächlich beobachtet, sondern aus dem Vergleich der entsprechenden Gencluster des Proteobakteriums *Rubrivivax gelatinosus* IL 144 und dem Gemmatimonatenden *AP 64* gefolgert (ZENG et al. 2014). Aber auch wenn es sich tatsächlich um einen früher erfolgten Transfer handeln sollte, wäre das ein Beispiel für die Übertragung des genetischen Moduls eines PS zu einem Organismus, der vorher *gar kein* PS besaß. Hinweise für denkbare Übertragungen genetischer Elemente von PS zu bereits phototrophen Organismen sind dagegen unbekannt. Genau das wäre aber für die Entwicklung eines oxygenen Photosyntheseapparats mit zwei PS nötig. Außerdem gibt es bisher keine Veröffentlichungen, die plausibel aufzeigen, durch welche konkreten Schritte es zu einer Integration eines nachträglich eingeführten PS II inklusive eines OEC hätte kommen können. Auch sieht es bisher nicht danach aus, dass die notwendige Kopplung des Elektronenflusses von PS II über den Komplex III zum PS I durch schrittweise Mutation und Selektion erklärt werden könnte.

Eine generell kritische Sicht auf beide Modelle vertritt Tanai CARDONA (2019): „Ehrlich gesagt stimmen Beobachtungen aus der Natur nicht mit den Erwartungen aus den gegenwärtigen Modellen für die Evolution der Photosynthese überein.“ Er schlägt als „einzigen Weg aus dem Paradox“ vor, dass die „Erfindung“ der Oxidation von Wasser der Auslöser der Evolution der zwei verschiedenen Photosysteme (PS I und PS II) gewesen sein könnte, ohne jedoch auch nur ansatzweise einen plausiblen Mechanismus anzuführen.

## Die Beschaffenheit der Photosyntheseapparate und ihre Verteilung in den Domänen des Lebens sind ein weiteres eindrückliches Zeugnis für das Werk des Schöpfers.

Darüber hinaus ist die Entstehung von Photosystemen in einer sauerstofffreien Atmosphäre grundsätzlich unplausibel, da es ein bleibendes Rätsel ist, wie sich hochempfindliche Lichtsammelkomplexe in Abwesenheit einer Ozonschicht hätten entwickeln können. Durch hartes UV-Licht werden Chlorophylle sofort zerstört, während sie in von Licht abgeschirmten Gebieten unbrauchbar sind.

## Photosynthese als Schöpfungsindiz

Die hochgradige Effizienz der Photosynthese beruht auf einem überaus präzisen und komplexen Aufbau der Photosyntheseapparate. Jedes Teil ist für die jeweilige Art der Photosynthese notwendig. Geringe Abweichungen um wenige Angström von der räumlichen Anordnung der Komponenten des Lichtsammelkomplexes würden das ganze System funktionsuntüchtig machen, da die unverzichtbaren Quantentunnel-Prozesse nur auf sehr kurzen Distanzen funktionieren. Es ist zudem auffällig, dass die Verteilung der Phototrophie in den Stämmen der Lebewesen in keiner Weise monophyletisch ist (FISCHER et al. 2016; MARTIN et al. 2018). Das heißt: Eine Rückführung auf einen gemeinsamen Vorfahren aller phototrophen Organismen ist nicht möglich. Vielmehr sieht es so aus, als ob diese Eigenschaft in der Organismenwelt gezielt verteilt worden wäre. Sowohl die Beschaffenheit der Photosyntheseapparate als auch ihre Verteilung unter den Lebewesen sprechen klar für Schöpfung als Ursache ihrer Entstehung.

## Fazit

Insgesamt sieht es nicht danach aus, dass die Herkunft des molekularen Sauerstoffs in der Erdatmosphäre im Sinne eines GOE durch rein natürliche Ursachen schlüssig erklärt werden könnte. Viel eher sind aus der Beschaffenheit phototropher Organismen und ihrer Verteilung in den Domänen des Lebens und der besonderen Zusammensetzung der Erdatmosphäre deutliche Anzeichen von Schöpfung zu erkennen.

Abgesehen von dem Fehlen plausibler Ursachen für eine „Sauerstoffkatastrophe“ müsste auch erklärt werden, wie eine sauerstofffreie Lebenswelt auf die vermutete Anreicherung mit O<sub>2</sub> reagiert haben könnte – es ist allgemein bekannt, dass Sauerstoff nicht nur chemisch sehr

reaktiv ist, sondern auch zur Bildung schädlicher Nebenprodukte neigt. Diese Fragestellung soll in der nächsten Folge zum Thema „Sauerstoffkatastrophe“ erörtert werden.

## Literatur

- ANBAR et al. (2007) A whiff of oxygen before the great oxidation event? *Science* 317, 1903–1906.
- ANDRAULT D et al. (2018) Large oxygen excess in the primitive mantle could be the source of the Great Oxygenation Event. *Geochem. Persp. Lett.* 6, doi:10.7185/geochemlet.1801.
- BLUM HF (1937) On the evolution of photosynthesis. *Am. Nat.* 71, 350–362.
- CARDONA T (2019) Thinking twice about the evolution of photosynthesis. *Open Biol.* 9: 180246.
- CHANG Y et al. (2021) Three body photodissociation of the water molecule and its implications for prebiotic oxygen production. *Nat. Commun.* 12, <https://doi.org/10.1038/s41467-021-22824-7>.
- CROCE R & VAN AMERONGEN H (2020) Light harvesting in oxygenic photosynthesis: structural biology meets spectroscopy. *Science* 369, doi:10.1126/science.aay2058.
- DASARMA S & SCHWIETERMANN EW (2021) Early evolution of purple retinal pigments on earth and implications for exoplanet biosignatures. *Int. J. Astrobiol.* 20, 241–250.
- FISCHER WW, HEMP J & JOHNSON JE (2016) Evolution of oxygenic photosynthesis. *Annu. Rev. Earth Planet. Sci.* 44, 647–683.
- FROST DJ et al. (2004) Experimental evidence for the existence of iron-rich metal in the earth's lower mantle. *Nature* 428, 409–412.
- HOHMANN-MARRIOT MF & BLANKENSHIP RE (2011) Evolution of Photosynthesis. *Annu. Rev. Plant Biol.* 62, 515–548.
- KAIM W & SCHWEDERSKI B (2005) Bioanorganische Chemie – zur Funktion chemischer Elemente in Lebensprozessen. Teubner Verlag, Wiesbaden, 4. Auflage.
- KNOLL AH & NOWAK MA (2017) The timetable of evolution. *Sci. Adv.* 3, e1603076.
- LU Z et al. (2014) Evidence for direct molecular oxygen production in CO<sub>2</sub> photodissociation. *Science*, 346, 61–64.
- MARTIN WF, BRYANT DA & BEATTY JT (2018) A physiological perspective on the origin and evolution of photosynthesis. *FEMS Microbiol. Rev.* 42, 205–231.
- LYONS TW, REINHARD CT & PLANAVSKY NJ (2014) The rise of oxygen in Earth's early ocean and atmosphere. *Nature* 506, 307–315.
- NELSON N & JUNGE W (2015) Structure and energy transfer in photosystems of oxygenic synthesis. *Annu. Rev. Biochem.* 84, 659–683.
- SCHMIDTGALL B (2021) Die „Sauerstoffkatastrophe“. *Stud. Integr. J.* 28, 13–19.
- SOUSA FL et al. (2013) Chlorophyll biosynthesis gene evolution indicates photosystem gene duplication, not photosystem merger, at the origin of oxygenic photosynthesis. *Genome Biol. Evol.* 5, 200–216.
- BERG JM, TYMOCZKO JL & STRYER L (2007) Stryer Biochemie. Spektrum Akademischer Verlag, München, 6. Auflage.
- YAO YX & GIAPIS KP (2017) Dynamic molecular oxygen production in cometary comae. *Nat. Commun.* 8, 15298.
- ZENG Y et al. (2014) Functional type 2 photosynthetic reaction centers found in the rare bacterial phylum Gemmatimonadetes. *PNAS* 111, 7795–7800.

*Anschrift des Verfassers:*

*Dr. Boris Schmidtgall, SG Wort und Wissen,*

*Blumenhofstr. 9, 72290 Lossburg;*

*E-Mail: boris.schmidtgall@wort-und-wissen.de*



## Inspiziert vom Zufall?

Schon lange holen sich Menschen Ideen aus der Natur, um Inspiration für die Suche nach Problemlösungen zu finden, so auch, um ihren Traum vom Fliegen zu verwirklichen. Es fing an mit Pionieren wie Leonardo da Vinci und Otto Lilienthal, die Vogelflug und Vogelflügel studiert hatten, um theoretisch oder experimentell unter Einsatz des eigenen Lebens mit nachgebauten Konstruktionen den Luftraum zu erobern. Heute gibt es schon ganze Wissenschaftszweige, die von der Natur lernen wollen, um Strukturen und Materialien mit neuen und ganz speziellen Eigenschaften zu erschaffen.

Hans- Bertram Braun

### Quellen der Inspiration

In China gibt es ein dem Bildungsministerium unterstelltes „Key Laboratory of Bionic Engineering“, also eine Art Zentrallabor für einen der Biologie „abgeschauten“ Maschinenbau (SUN & BRUSHAN 2012). Weltweit findet man Labore für „Biomimetics“, Labore also, in denen Aspekte von Lebewesen untersucht werden, um die Technik voranzubringen, indem die Biologie nachgeahmt wird. In diesem Artikel geht es um Untersuchungen, die an der Christian-Albrechts-Universität in Kiel durchgeführt wurden und zwar in der Arbeitsgruppe *Funktionelle Morphologie und Biomechanik* am Zoologischen Institut. Es gibt sogar eine wissenschaftliche Zeitschrift mit dem Namen „Bioinspiration & Biomimetics“, speziell zur Veröffentlichung wissenschaftlich-technischer Artikel, die Inspiration aus der Biologie ziehen.

Es lohnt sich also ganz offensichtlich, nicht nur der eigenen Phantasie, Kreativität und Intelligenz zu vertrauen, wenn man neue Werkstoffe erschaffen will, oder intelligente Lösungen für technische Fragestellungen sucht, sondern als Quelle für Inspiration den Aufbau von Lebewesen detailliert zu studieren. Am oben erwähnten Institut in Kiel haben Wissenschaftler

sich speziell vom Aufbau des Libellenflügels inspirieren lassen, um Strukturen zu erschaffen, die drei verschiedene „eingebaute“ Festigkeitsstufen annehmen können, je nachdem welche Belastung gerade einwirkt.

Libellen sind faszinierende Lebewesen. Wahrscheinlich hat jeder sie schon einmal über die Wasseroberfläche von Teichen und Tümpeln huschen sehen. Sie können mit ihren vier Flügeln sehr schnell fliegen und dabei blitzschnell die Richtung ändern, um ihre Beute zu fangen. Dabei kann die Belastung der Flügel durch die gefangene Beute schlagartig enorm erhöht werden, ohne dass das Manövrieren eingeschränkt oder die Tragfähigkeit des Flugsystems beeinträchtigt werden würde. Libellen können gleitfliegen oder auf einer Stelle im Schwirrflyg schweben. Auch weil sie relativ groß sind, sind Libellen und ihr Flugverhalten recht gut untersucht. Zuletzt auch im Zusammenhang damit, dass neuerdings großes Interesse daran besteht, miniaturisierte Flugroboter, sogenannte „MAV“s zu bauen (Micro Air Vehicles) bzw. für bestimmte Anwendungen zu optimieren. MAVs sollen z. B. zur Informationssammlung an unzugänglichen Orten aus zivilem oder militärischem Interesse eingesetzt werden können.

## Faszinierendes Design

Die vier Libellenflügel werden an der körpernahen Basis muskulär unabhängig voneinander bewegt. Im Gegensatz zu Wirbeltier-Flügeln enthalten die Flügel selbst aber keine Muskulatur, so dass sie im körperfernen Bereich nicht aktiv verändert werden können, um Auftrieb und Flugverhalten zu beeinflussen. Fast alles, was an Drehung, Biegung, Krümmung der Flügel während des Auf- und Ab-Flügelschlags benötigt wird, wird deshalb durch Materialeigenschaften und Aufbau des Flügels erreicht. Libellenflügel sind sehr stabil und können verhältnismäßig hohen Belastungen standhalten. Sie bestehen aus Chitin-Membranen, die durch ein komplex verzweigtes Netzwerk von hohlen Chitin-Adern stabilisiert werden. Die Membran ist sehr dünn, besteht aber aus drei Lagen und wird durch eine Wachsschicht verstärkt, die nebenbei Wasser extrem gut abweist, so dass sie praktisch nicht benetzt werden kann. Ein kleiner Wassertropfen auf der Libellenmembran bleibt fast kugelförmig (SUN & BRUSHAN 2012).

Durch die extreme Leichtbauweise tragen die Flügel nur 2% zum Gesamtgewicht der Libelle bei. Im Vorderbereich der Flügel sind die umspannten Felder oft rechtwinklig, während sie im Hinterbereich sechs- oder vieleckig sind, was die gewünschte Verformbarkeit wie an dieser Stelle benötigt ermöglicht. Libellenflügel sind nicht völlig flach, sondern die spezifische Aderstruktur führt zu leichten Knicks und Faltungen im Flügel, die die Struktur verstärken und erstaunlicherweise bei den Flugbedingungen der Libellen für besseren Auftrieb sorgen, als es eine ganz flache oder eine wie ein Flugzeugflügel gewölbte Fläche tun würde. An der Umrandung der Flügel finden sich zusätzlich mikroskopisch kleine sägezahnartige Ausstülpungen, die die Aerodynamik beim Flügelschlag optimieren.

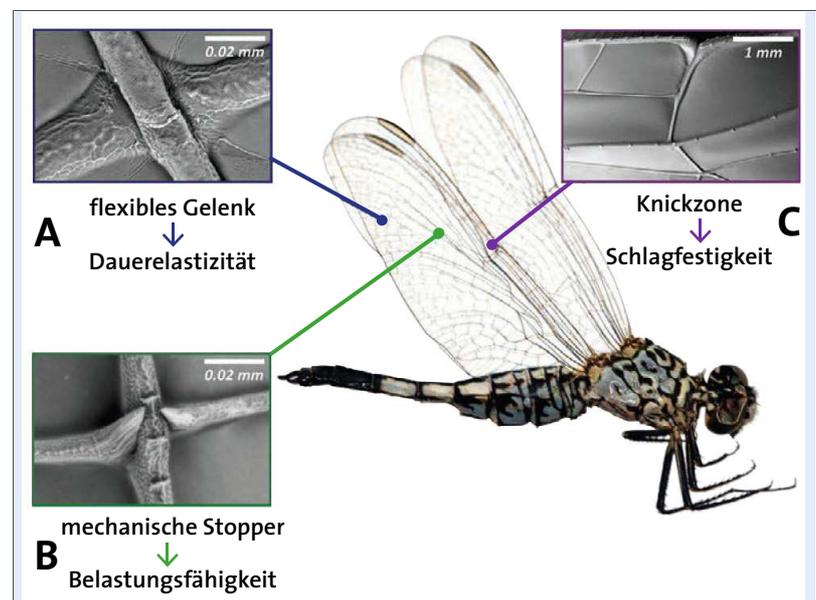
Die spezifische Anordnung der Faltungen führt auch dazu, dass der Flügel in verschiedene Richtungen elastisch reagiert. Die Chitin-Adern wirken dabei als Gelenke, die ein gewisses Maß an Auslenkung entlang ihrer Achse erlauben (Abb. 1A). An manchen Kreuzungen der Gelenk-Adern mit Queradern sitzen zusätzlich Fortsätze, die wie mechanische Stopper wirken (Abb. 1B). Wird der Flügel an dieser Stelle weiter ausgelenkt, stoßen die Fortsätze aneinander und nehmen als Stützen die zusätzliche Energie auf und erlauben eine weitere Auslenkung, aber unter stärkerem Widerstand des Flügels. Als Sollbruchstelle schließlich gibt es etwa in der Mitte der Flügelvorderkante eine Diskontinuität, den Nodus (Abb. 1C). Es ist eine Stelle, an der die Chitin-Adern ein verdicktes Gelenk bilden, das nicht fest verbunden ist. Diese Stelle wirkt als Stoß-Absorber, der verhindert, dass der

Flügel bei Kontakt mit einem Hindernis dauerhaft Schaden nimmt.

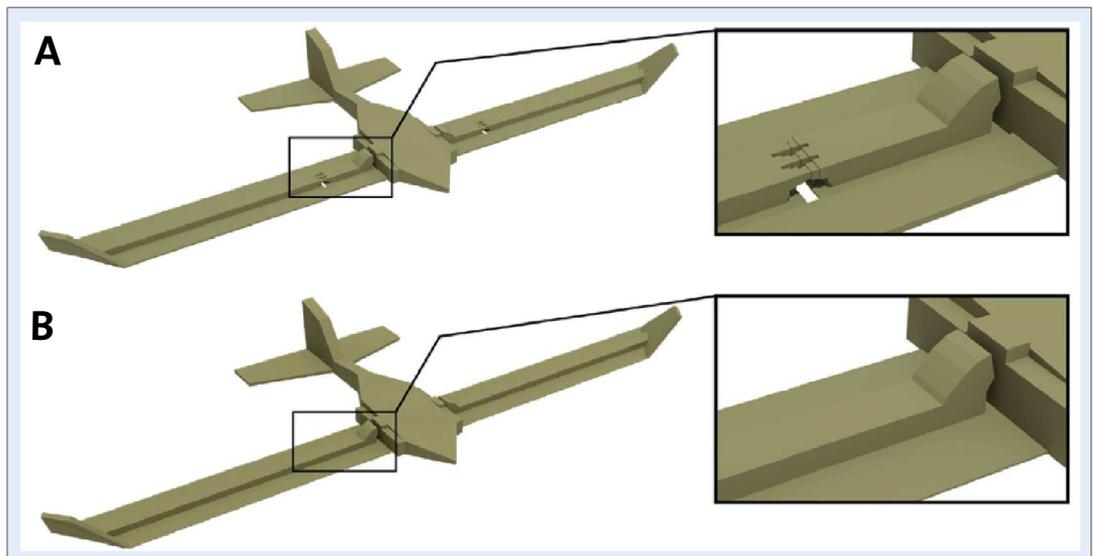
## Übertragung in die Technik

Es gibt noch viele weitere offensichtlich oder erst nach eingehender Erforschung als höchst sinnvoll erkennbare Details in der Struktur der Libellenflügel, wie etwa das Stigma, eine Art Gegengewicht nahe der Flügelspitze, doch nur die letzten drei oben beschriebenen Strukturen wurden von der Kieler Gruppe in ein kleines Flugzeugmodell eingebaut: Mit Hilfe eines 3D-Druckers fertigten sie kleine Flugzeuge, deren Tragflächen drei verschiedene Festigkeiten zeigen, abhängig von der auf sie einwirkenden Kraft (Abb. 2): Die Verbindung zwischen Rumpf und Tragfläche wurde mit einer flexiblen Verbindung gestaltet, einer Lücke in der Tragflächenverstärkung. Das Kunststoff-Material des Flugzeugs hat eine gewisse Elastizität, so dass die Tragflächen sich zu einem gewissen Grad verbiegen können als Festigkeitsstufe 1. Mechanische Stopper an der Übergangsstelle von der Tragfläche zum Rumpf sorgen für die zweite Festigkeitsstufe, wenn die einwirkende Kraft dazu führt, dass die Tragfläche sich so biegt, dass der Stopper Kontakt mit dem Rumpf aufnimmt und die Tragfläche dadurch stärker stützt, so dass sie größere Belastungen tragen kann. Als „Nodus“-Struktur schließlich wurde eine Unterbrechung in der Tragfläche belassen, die mit einer verdünnten, stabil strukturierten Stützstruktur überbrückt wurde. Wenn das Flugzeug gegen ein Hindernis fliegt, so dass kurzfristig extreme Kräfte einwirken, gibt die Sollbruchstelle nach, die Tragfläche knickt kurz ein (Festigkeitsstufe 3), nimmt danach aber elastisch wieder die Ausgangslage ein; das Flugzeug ist

Abb. 1 Biologische Vorbildstrukturen (Merkmale von Libellenflügeln), um dreifache Festigkeit zu designen. (CC BY 4.0)



**Abb. 2** Flugzeugmodelle (Oben Dreifach- und unten Doppel-Festigkeitsversion der Tragflächen) (CC BY 4.0)



noch intakt. Bei Vergleichsmodellen, die die „Nodus“-Struktur nicht besaßen, brachen bei Aufschlag auf ein Hindernis die Tragflächen ab. Vergleichsmodelle ohne flexible Verbindung leierten unter wiederholter Belastung aus, verloren also ihre Festigkeit. Modelle ohne mechanische Stopper konnten höheren Belastungen nicht widerstehen (KHAHESHI et al. 2021).

Diese flexiblen Festigkeitsstufen wurden erfolgreich nach dem Vorbild des Libellenflügels ins Material der Tragflächen designt. Es war dazu kein Regelkreis mit variablen Einstellungen nötig, um auf verschiedene Belastungen zu reagieren, was in Lebewesen ja durchaus auch vorkommt. Das Material selbst reagiert angepasst und unmittelbar, d. h. ohne Verzögerung.

Libellenflügel weisen ein optimales Design auf, das nur in seiner Gesamtheit (plus noch viele weitere „Zutaten“ wie Muskulatur, Elastizität des Exoskeletts, die großen Komplexaugen u. v. a. m.) die Flugakrobatik erlaubt, die eine Libelle für ihre typische Lebensweise braucht. Schwer vorstellbar, wie eine hypothetische „Proto“-Libelle sich mit Futter versorgt haben sollte, der einzelne Aspekte des komplexen Designs fehlten. Fossilfunde von Libellenflügeln, die auf mehr als 100 Millionen radiometrische Jahre datiert werden (BECHLY 2000), sehen aus wie Kopien von Flügeln heute lebender Libellen, weisen dieselbe Verteilung von Musterung, Nodus und Stigma auf und besaßen schon damals ein perfektes Design.

## Was ist die Quelle der Inspiration?

Die hier zitierten technischen Artikel kommen, im Gegensatz zu vielen biologischen Artikeln, ganz ohne Verweise auf Evolution aus. Der vielzitierte Satz von DOBZHANSKY: „Nichts in der Biologie macht Sinn, außer im Licht der Evolution.“ erweist sich hier wie in vielen anderen

**Nicht nur vom Wortsinn her ist es unsinnig, Bioinspiration aus den Ergebnissen geistloser Prozesse ziehen zu wollen.**

Fällen als völlig falsch. Für einen Ingenieur, der die Biologie als Quelle der Inspiration für technische Anwendungen nutzt, ist es entweder unerheblich oder irreführend, Evolution als Ursache für perfekte und sinnvolle Prozesse und Strukturen in der Biologie anzunehmen. Nicht nur vom Wortsinn her (Spirit – Geist) ist es unsinnig, Bioinspiration aus Ergebnissen geistloser Prozesse (zufällige ziellose Änderungen und deren passive Selektion) ziehen zu wollen, die nach dem Evolutionsparadigma die „Ursache“ für alles sind, was an Leben existiert. Laut Richard DAWKINS, einem vehementen Verfechter der Evolutionstheorie, ist „Biologie ... das Studium komplizierter Dinge, die [nur] den Anschein haben, zu einem bestimmten Zweck entworfen worden zu sein.“ („Nur“ wurde hier eingefügt, um das korrekte Verständnis zu erleichtern.) Man kann vermuten, dass Ingenieure und Techniker, deren Job es ist, zweckvolle Strukturen oder Prozesse zu entwerfen, klarer als die evolutionsweltanschaulich eingeengten Biologen erkennen, dass solche nie ohne Einsatz von Intelligenz und Planung zustande kommen.

## Literatur

- SUN J & BHUSHAN B (2012) The structure and mechanical properties of dragonfly wings and their role on flyability. *Comptes Rendus Mecanique* 340, 3–17. doi:10.1016/j.crme.2011.11.003
- KHAHESHI A, GORB S & RAJABI H (2021) Triple Stiffness: A Bioinspired Strategy to Combine Load-Bearing, Durability, and Impact-Resistance. *Adv. Sci.* 8:2004338. doi: 10.1002/advs. 202004338
- BECHLY G (2000) Two new fossil dragonfly species (Insecta: Odonata: Anisoptera: Araripegomphidae and Lindeniidae) from the Crato Limestone (Lower Cretaceous, Brazil). *Stuttgarter Beitr. Naturk. Ser. B* Nr. 296.

# Vogelflug mehrfach entstanden?

Nach einer aktualisierten Stammbaumrekonstruktion der Paraves (Vögel und deren nächsten Verwandten) muss eine mindestens dreimalige Entstehung des aktiven Flugs mittels Federkleid angenommen werden. Das widerspricht bisherigen evolutionstheoretischen Vorstellungen und spricht für eine freie Kombinierbarkeit von Merkmalen.

Reinhard Junker

Eine mehrfach unabhängige (konvergente\*) evolutive Entstehung der Flugfähigkeit mithilfe von Federn gehört zu den Dingen, die die meisten Biologen noch vor 20 oder 30 Jahren für ausgeschlossen erklärt hätten. Vogelfedern und Vogelflug sind dafür einfach zu speziell und zu komplex. Solche komplexen Merkmale und die mit ihnen verknüpften Fähigkeiten gelten als Schlüsselmerkmale, die als typisch für einen größeren Formenkreis angesehen werden. Die Herausforderung ist für Evolutionstheorien schon groß genug, die *einmalige* Entstehung von komplexen Merkmalen zu erklären. Die *mehrfach unabhängige* Entstehung – die evolutionstheoretisch immer ohne jede Zielorientierung beschrieben werden müsste – verschärft dieses Problem erheblich.

Dazu kommt die Schwierigkeit, Abstammungsverhältnisse zu rekonstruieren, wenn man sich nicht einmal auf Schlüsselmerkmale als Marker für gemeinsame Vorfahren verlassen kann. Schon 1998 beklagte Neil SHUBIN angesichts der mosaikartigen Merkmalsverteilung bei den geologisch ältesten Vierbeinern: „Wenn eine unabhängige Evolution von Schlüsselmerkmalen verbreitet ist, wie kann dann die Phylogenie rekonstruiert werden?“ (SHUBIN 1998, 13)<sup>1</sup> Später stellte sich heraus, dass auch das für Säugetiere charakteristische Merkmal des Besitzes von drei Gehörknöchelchen – Hammer, Amboss und Steigbügel – unter fossilen Säugetieren mosaikartig verteilt ist, so dass mittlerweile auch bei diesem Schlüsselmerkmal evolutionstheoretisch eine mehrfach unabhängige Entstehung angenommen werden muss (RICH et al. 2005).

Nun muss auch der aktive Flug mithilfe von Federn in die Reihe der konvergenten Schlüsselmerkmale aufgenommen werden. Auch diese Fähigkeit soll nach einer neuen detaillierten Analyse mehrfach unabhängig evolutiv entstanden sein – genauer gesagt: mindestens dreimal. Es wird derzeit allerdings nicht angenommen, dass flächige, für den aktiven Flug taugliche *Federn* konvergent entstanden sind, sondern ausgehend von verschiedenen Formen mit flächigen Federn der aktive Schlagflug. Aber auch der Übergang von Formen mit Federn, die allenfalls

„Wenn eine unabhängige Evolution von Schlüsselmerkmalen verbreitet ist, wie kann dann die Phylogenie rekonstruiert werden?“ (Neil SHUBIN)

Mit einem Stern\* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

zu einem Gleitflug befähigt waren, zu solchen, die aktiv fliegen konnten, erfordert erhebliche Umbauten und viele neue Fähigkeiten.

## Welche Befunde führen zu den neuen Vorstellungen?

Eine Forschergruppe um Michael PITTMAN (PEI et al. 2020) wertete die fossilen Daten von 43 Arten von frühen Vögeln und nächstverwandten Formen aus, die zu den Paraves\* zusammengefasst werden, um ein aktualisiertes Cladogramm\* zu erstellen. Außerdem untersuchten sie anhand einer biomechanischen Analyse das Potenzial dieser Arten zum aktiven Flug. Dazu wurden Körpermerkmale wie Flügelgröße, Körpergröße oder mutmaßliches Lauftempo ausgewertet, um Flächenbelastung der Flügel und den Auftriebskoeffizienten\* abzuschätzen.<sup>2</sup> Es stellte sich heraus, dass aktive Flieger so unsystematisch im Cladogramm verteilt sind, dass eine mindestens dreimalige Entstehung des aktiven Fluges angenommen werden muss – bei den Vögeln (einschließlich dem berühmten „Urvogel“ *Archaeopteryx* und der noch etwas äl-

Abb. 1 Rekonstruktion des vierflügeligen *Microaptor*. (durbed.deviantart.com, CC BY-SA 3.0)



Abb. 2 Rekonstruktion von *Rahonavis ostromi*. (Nobu Tamura, CC BY 2.5)

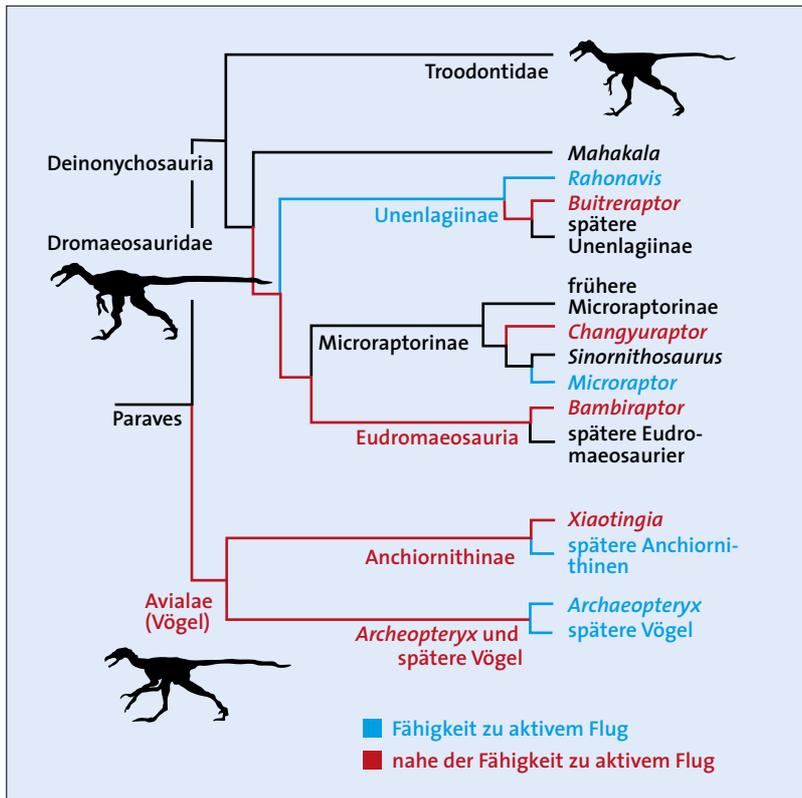
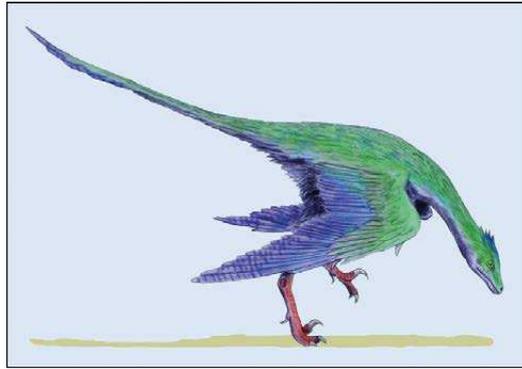


Abb. 3 Teil des Cladogramms von PEI et al. (2020). Die als aktive Flieger rekonstruierten Gattungen stehen auf verschiedenen Ästen des Cladogramms.

teren Gattung *Anchiornis*), beim Dromaeosauriden *Microraptor* (Abb. 1), der relativ klein war und vier Flügel besaß, und bei *Rahonavis ostromi* (Abb. 2), der lange Vorderextremitäten besaß und einer anderen Linie der Dromaeosauriden angehört (Abb. 3; zu *Rahonavis* siehe auch FORSTER et al. [2020]).

Die anderen, nicht zum aktiven Flug befähigten, untersuchten Arten besaßen Merkmale, die ihnen vermutlich das Flattern beim Springen und Laufen, das Gleiten und andere mutmaßliche Vorstufen des aktiven Fliegens ermöglichten.

### Evolutionstheoretische Deutungen

PEI et al. (2020) interpretieren die Befunde wie folgt: Viele Vorfahren der nächsten Vogelverwandten hätten sich den Schwellenwerten des Potenzials des aktiven Fluges genähert.<sup>3</sup> Das deutet auf ein breites „Experimentieren“ mit flügelunterstützter Fortbewegung hin, bevor sich

der Flug unter den Dromaeosauriden und Vögeln entwickelt habe. Dazu gehörten schnelles Laufen und Starten, Springen, schnelles Bremsen und Wenden und Steuerung des Gleichgewichts (PEI et al. 2020, 11). Die nicht flugfähigen Formen unter den Paraves sollen gleichermaßen in den Startlöchern gewesen sein.

Dieser Befund unterstütze des Weiteren die Hypothese, dass Schwungfedern und Flügel zuerst für andere Zwecke als für den Flug entwickelt wurden, z. B. andere Arten flügelunterstützter Fortbewegung, Signalgebung („display“) oder das Brüten (PEI et al. 2020, 7).

### Kritische Anmerkungen und alternative Deutungen

Es hat sich eingebürgert, bei Szenarien über größere evolutionäre Übergänge von „Experimentieren“ zu sprechen. Dieser Begriff wird auch von PEI et al. (2020) unkritisch verwendet. Experimentieren ist aber eine bewusste Tätigkeit, durch die man Sachverhalte prüft oder Prozesse optimiert. Ein System dagegen experimentiert nicht; die Befunde scheinen aber ein dem „Experimentieren“ entsprechendes „Prinzip“ nahezulegen. Daher ist dieser Begriff evolutionstheoretisch höchst problematisch, weil er eine Zielorientierung und einen Experimentator impliziert, was für evolutionstheoretische Erklärungen tabu ist. Man muss sich vor Augen halten: Selektion kann erst dann greifen, wenn eine neue Funktion – hier aktiver Flug – wenigstens in schwacher Ausprägung bereits vorhanden ist. Solange das nicht der Fall ist, wird auf andere, (hypothetisch) bereits vorhandene Eigenschaften selektiert, seien es andere Arten von Fortbewegung, Signalgebung oder Brüten, jedoch nicht auf die Fähigkeit zum aktiven Flug.

### Eine Zielorientierung und ein Experimentator sind für evolutionstheoretische Erklärungen tabu.

Außerdem ist völlig unklar, warum bei einer Selektion auf Signalgebung oder auf Unterstützung beim Brüten überhaupt flächige Federn mit Detailstrukturen entstehen sollten, die zufällig auch für den aktiven Flug nützlich sind. Aber auch die Entstehung flächiger Federn zur Unterstützung von schnellem Laufen, von Springen oder flügelunterstütztem Klettern würde einen enormen evolutiven Schritt erfordern, der ausgesprochen unplausibel ist, und für die speziellen Eigenschaften der Federn und ihrer Verankerung, die für aktiven Flug erforderlich sind, gäbe es keinerlei Selektionsdruck (detaillierte Diskussion dazu bei JUNKER [2017]).

Welche anderen Deutungsmöglichkeiten der Befunde sind möglich? Einige Wissenschaftler diskutieren im Rahmen der Evolutionstheorie die Möglichkeit, dass die flugunfähigen, aber befiederten Dromaeosauriden *sekundär flugunfähig* sein könnten; so neuerdings erneut FEDUCCIA (2020). Dafür gibt es einige anatomische Hinweise, aber diese Deutung widerspricht dem Prinzip der Sparsamkeit beim Erstellen von Cladogrammen, d. h. Cladogramme mit der geringsten Anzahl von Konvergenzen werden bevorzugt. Zwar gäbe es in Bezug auf die Flugfähigkeit weniger Konvergenzen; dies würde aber durch eine größere Anzahl an Konvergenzen bei anderen Merkmalen erkaufte. Daher wird die Deutung eines sekundären Flugverlusts von der großen Mehrheit der Wissenschaftler abgelehnt. Allerdings sind Cladogramme nicht mit den tatsächlichen Abstammungsverhältnissen gleichzusetzen, sondern es handelt sich um eine *Deutung*, dass sie bestimmte Abstammungsverhältnisse widerspiegeln. Cladogramme geben nur Ähnlichkeitsverhältnisse wieder, die nach bestimmten Regeln ermittelt wurden und die unabhängig von Ursprungsmodellen ermittelt werden können. FEDUCCIA weist darauf hin, dass die Cladogramme der Paraves ohnehin mit Konvergenzen übersät sind und dass Evolution nicht den sparsamsten Wegen folgen müsse.

Folgt man FEDUCCIA, werden die evolutionstheoretischen Probleme der Entstehung des Vogelfluges aber nicht kleiner, denn der Schritt von nichtfliegenden Vorfahren zu den Vögeln ist noch größer, wenn man nicht annimmt, dass Federn zunächst einen anderen Zweck erfüllt haben. Im Rahmen der Evolutionstheorie geraten alle Ansätze in ausweglose Widersprüche; zum einen wegen der stark mosaikartigen Verteilung der Merkmale und daraus folgend der enormen Anzahl von anzunehmenden Konvergenzen (vgl. JUNKER 2019), zum anderen wegen des Fehlens plausibler Selektionsdrücke und großer Sprünge, die bewältigt werden müssen, um zu einer neuen Funktion (insbesondere das aktive Fliegen) zu gelangen.

*Aus der Sicht der Schöpfungslehre.* Diese Widersprüche kann man im Rahmen eines Schöpfungsansatzes vermeiden. Die Existenz ausgeprägter Mosaikformen und zahlreicher unsystematisch verteilter gemeinsamer Merkmale (was sich in Cladogrammen in Konvergenzen zeigt) ist für Schöpfungsansätze unproblematisch. Denn ein Schöpfer ist frei, sehr unterschiedliche Merkmalskombinationen bei verschiedenen

**Ein Schöpfer ist frei, sehr unterschiedliche Merkmalskombinationen bei verschiedenen Grundtypen zu verwirklichen.**

## Glossar

**Auftriebskoeffizient:** dimensionsloser Koeffizient für den dynamischen Auftrieb eines von einem Fluid umströmten Körpers.

**Cladogramm:** Baumdiagramm, Ähnlichkeitsbaum mit gabeliger Verzweigung; auch als Dendrogramm bezeichnet.

**Konvergenz:** gleichartiges Auftreten ähnlicher Strukturen und Funktionen einzelner Organe nicht abstammungs-

mäßig verwandter Organismen; evolutionstheoretisch als unabhängige Entwicklung hin zu gleichartigen Merkmalen interpretiert.

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

Grundtypen zu verwirklichen, solange die jeweiligen Konstellationen lebensfähige Formen ermöglichen; Evolution ist hingegen an einen natürlichen Mechanismus gebunden. Außerdem entfällt die Suche nach Selektionsdrücken, die ohnehin meistens ad-hoc-Annahmen entspringen und spekulativ sind.

Der Befund der unsystematischen Verteilung von zu aktivem Flug befähigten Formen ist daher im Rahmen eines Schöpfungsansatzes problemlos deutbar. Offenbar gab es zu der Zeit, als die geologischen Schichten von Oberjura und Unterkreide gebildet wurden, in denen die hier in Rede stehenden Organismen eingebettet und fossilisiert wurden, eine große Vielfalt verschiedener Mosaikformen, deren Ähnlichkeitsbeziehungen sich eher netzförmig als baumförmig darstellen.

## Anmerkungen

- 1 „[i]f independent evolution of key characters is common, how is phylogeny to be reconstructed?“
- 2 Bei Fossilien muss dabei auf Modellierungen zurückgegriffen werden; direkt bestimmbar sind diese Größen natürlich nicht.
- 3 „Zum ersten Mal stellen wir fest, dass ein breites Spektrum dieser Vorfahren sich den Schwellenwerten für die Flächenbelastung der Flügel und den Auftriebsbeiwert nähert, die auf ein aktives Flugpotenzial hinweisen“ (PEI et al. 2020, 1).

## Literatur

- FEDUCCIA A (2020) Romancing the birds and dinosaurs. Irvine, Boca Raton.
- FORSTER CA, O'CONNOR PM, CHIAPPE LM & TURNER AH (2020) The osteology of the Late Cretaceous paravian *Rahonavis ostromi* from Madagascar. *Palaeontologia Electronica*, 23(2):a31. <https://doi.org/10.26879/793>
- JUNKER R (2017) Dino-Federvieh – Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug. [https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-17-1\\_feder-und-flug.pdf](https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-17-1_feder-und-flug.pdf)
- JUNKER R (2019) Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde. [https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4\\_dinos-voegel.pdf](https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4_dinos-voegel.pdf)
- PEI R, PITTMAN M et al. (2020) Potential for powered flight neared by most close avialan relatives, but few crossed its thresholds. *Curr. Biol.* 30, 1–14.
- RICH TH, HOPSON JA, MUSSER AM, FLANNERY TF & VICKERS-RICH P (2005) Independent Origins of Middle Ear Bones in Monotremes and Therians. *Science* 307, 910–914.
- SHUBIN N (1998) Evolutionary cut and paste. *Nature* 394, 12–13.

# Fossilien widersprechen dem Biogenetischen Grundgesetz

In wiederentdeckten Fischfossilien der Gattung *Aetheretmon* und anderen Gattungen, die als stammesgeschichtliche Vorfahren moderner Fische gelten, fanden sich auch gut erhaltene larvale Stadien. Überraschenderweise unterscheiden sich die ontogenetischen\* Entwicklungsschritte der auf 350 Millionen radiometrische Jahre datierten Formen im Bereich der Schwanzentwicklung nicht von denen bei modernen Knochenfischen. Der ontogenetische Entwicklungsweg der Schwanzentwicklung moderner Fische gilt damit nicht mehr als ein Beleg für die Richtigkeit der Rekapitulationsidee von Ernst HAECKEL, wonach die Individualentwicklung die Stammesgeschichte (Evolution) wiederholt.

Henrik Ullrich

## Ernst HAECKELS Biogenetisches Grundgesetz

1866 formulierte ERNST HAECKEL (1834–1919) sein Biogenetisches Grundgesetz, das er als naturgesetzliche Grundlage für die Richtigkeit der Abstammungslehre DARWINS proklamierte (HAECKEL 1866). Dieses Gesetz besagt: 1. Die frühen Stadien von Wirbeltierembryonen weisen eine große Ähnlichkeit mit ihren mutmaßlichen stammesgeschichtlichen Vorfahren auf. 2. Die Kette der aufeinander folgenden embryonalen und fetalen (= ontogenetischen) Bildungsstadien entsprechen im Wesentlichen dem eigenen Formenwandel des Organismus während der Stammesgeschichte, also ihrer Evolution (HAECKEL 1866). Das heißt, der Ablauf der Ontogenese eines Individuums ist im Wesentlichen eine kurze und schnelle Wiederholung seiner eigenen evolutionären Geschichte.

Sehr schnell erfuhr dieses „Gesetz“ massive wissenschaftliche Kritik. Bereits Anfang des 20. Jahrhunderts galt die Lehre, die auch unter dem Begriff der Rekapitulation bekannt wurde, im Wesentlichen als widerlegt (siehe u. a. HIS 1875, GOULD 1977; GURSCH 1980; ULLRICH 1997; 1998; RICHARDSON 1997). In abgewandelter Form, so z. B. unter der Bezeichnung „Biogenetische Grundregel“, wurden die Grundgedanken HAECKELS jedoch in verschiedenen Sparten der evolutionsbiologischen Forschung bei der Klärung evolutionärer Entwicklungsschritte von Organen immer wieder genutzt – insbesondere dann, wenn Fossilien fehlten, um die Entstehungsweise eines Organs oder evolutionäre Zwischenstufen hypothetisch zu rekonstruieren (zum Beispiel bei der Evolution des Auges, KUTSCHERA 2006).

Ein in der Fachwelt häufig zitiertes Beispiel für die Gültigkeit von HAECKELS Grundideen

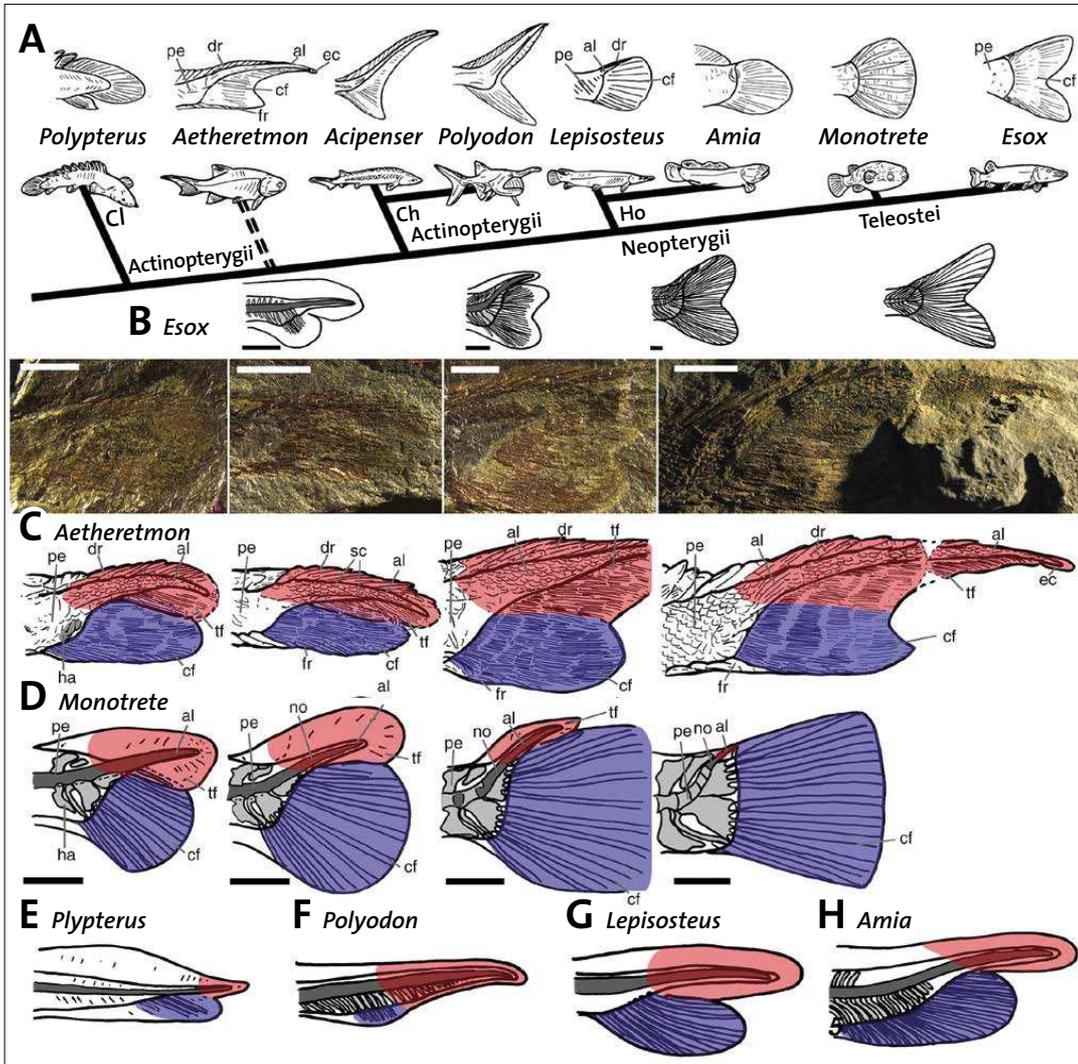
betrifft die evolutionäre Ausbildung des Schwanzes der echten Knochenfische (Teleostei, z. B. METSCHER & AHLBERG 2001). Bisher bekannte adulte\* fossile Zwischenformen, welche Hinweise auf die evolutionäre Entstehung der Schwanzstrukturen bei Fischen und bei den Landwirbeltieren gaben, passten gut zu embryonalen Befunden ganz im Sinne von HAECKELS Rekapitulationsidee (vgl. Abb. 1A und B). Nun sind es aber gerade wiederentdeckte Fossilien von ausgewachsenen Fischen und ihren Fischlarven aus verschiedenen Entwicklungsstadien aus dem frühen Karbon in Schottland, deren radiometrisches Alter mit 350 Millionen Jahren angegeben wird, welche die bisherigen Thesen widerlegen (SALLAN 2016). Die Fossilien werden u. a. der Gattung *Aetheretmon* zugeordnet (Abb. 1C), einer Gruppe sogenannter ursprünglicher Strahlenflosser, die als evolutionäre Stammform der modernen echten Knochenfische angesehen wird.

## Knochenfische: Systematik und evolutionäre Hypothesen

Echte Knochenfische (Teleostei) sind eine Teilklasse der Strahlenflosser (Actinopterygii), die ihrerseits eine Klasse der Knochenfische (Osteichthyes) repräsentieren. Bekannte Vertreter der echten Knochenfische sind Süßwasserfische wie Karpfen oder Barsch oder Meeresfische wie Dorsch oder Hering. Die echten Knochenfische weisen eine riesige Formenfülle auf und sind weltweit in allen Lebensräumen, die Meere, Flüsse und Seen anbieten, zu Hause.

Die vermutete evolutionäre Entwicklung der echten Knochenfische beginnt bei paläozoischen Strahlenflossern vor 350 Millionen Jahren. Diese Fische, wie *Polypterus* und *Aetheret-*

Mit einem Stern\* ver-  
sehene Begriffe werden  
im Glossar erklärt.



**Abb. 1** **A** Schematische Darstellung der hypothetischen Abfolge evolutionärer Entwicklungsschritte der Schwanzentwicklung der Knochenfische. **B** Korrelierend zu A schematische Darstellung der Entwicklung von Schwanzanlagen moderner Fischlarven (*Esox*, Hecht). **C** Fossile Reihe und schematische Darstellung der Schwanzanlagen der fossilen Fischlarven von *Aetheretmon*. **D** Schematische Darstellung der Schwanzanlagen der Fischlarven des heutigen Kugelfisches (*Monotrete*). **E** Schematische Darstellung der Schwanzanlagen von Fischlarven ausgestorbener Formen, die als Vorfahren moderner Fische gelten. Weitere Erläuterungen siehe Text. (Mit freundlicher Genehmigung aus SALLAN 2016)

*mon*, wiesen im ausgewachsenen Stadium einen zweiteiligen schuppenbedeckten Schwanz auf, bestehend aus einem oberen Anteil, der über der eigentlichen unteren Schwanzflosse angeordnet war (vgl. Abb. 1A). Der obere Anteil, welcher aus der Verlängerung der Wirbelsäule hervorgeht, gilt als evolutionäre Anlage des Schwanzes bei Wirbeltieren. Im Verlauf der Stammesgeschichte zu den echten Knochenfischen (Teleostei) habe der untere Anteil den oberen Anteil vollkommen zurückgedrängt bzw. überwachsen und deren typische Schwanzflosse hervorgebracht (z. B. beim Kugelfisch – *Monotrete*, Hecht – *Esox*, vgl. Abb. 1A). Die einzelnen Schritte scheinen durch Fossilien belegt zu werden, die in der Reihe über *Polyodon*, *Lepisosteus*, *Amia* zu *Monotrete* angeordnet das Überwachsen der unteren Anlage dokumentieren.

Dagegen sei bei den Landwirbeltieren, die evolutionär aus der Gruppe der Fleischflosser, den *Coelacanthiformes* (Quastenflossern) abgeleitet werden, genau das Gegenteil geschehen. Im Verlauf der Stammesgeschichte habe der obere Schwanzanteil den unteren Anteil zurückgedrängt und durch eine zunehmende Verlängerung den typischen Wirbeltierschwanz hervorgebracht.

## Der aktuelle ontogenetische Befund

Larvale Stadien moderner Knochenfische zeigen anatomisch eine Zweiteilung der Schwanzanlage in einen oberen Anteil in der Verlängerung der Wirbelsäule und einen unteren Anteil (vgl. Abb. 1B). Der untere Anteil zeigt während der Ontogenese eine gegenüber der oberen Anlage überproportionale Größenzunahme und bildet schließlich die Schwanzflosse der ausgewachsenen Fische vollständig aus (vgl. auch Abb. 1D beim Kugelfisch – *Monotrete*). Die Ontogenese der Schwanzstrukturen der modernen Knochenfische ließ sich bisher gut mit den bis dahin vorhandenen fossilen Belegen korrelieren. Die Ontogenese diente ganz im Sinne HAECKELS als plausibler Beleg für die vorgeschlagene evolutionäre Transformationsreihe der Schwanzentwicklung.

## Fossile Fischlarven widerlegen HAECKELS Biogenetisches Grundgesetz

Lauren SALLAN entdeckte nun aber in Sammlungen des Naturhistorischen Museums in London Fossilien ausgewachsener Individuen von

## Glossar

**adult:** erwachsen, ausgereift, voll entwickelt.

**Heterochronie:** beim Vergleich von Entwicklungssequenzen verschiedener Tierarten nachweisbare Unterschiede hinsichtlich der Reihenfolge des Erscheinens bzw. der Dauer des Nachweises von embryonalen oder ontogenetischen Merkmalen (z. B. der Herzanlage bei Säugetieren und Reptilien)

**Ontogenese:** Individualentwicklung von Organismen vom Zeitpunkt der Befruchtung bis zur Geburt bzw. dem

Schlüpfen aus dem Ei; unterteilt in Blastogenese, Embryogenese, Fetogenese.

**paläozoisch:** Das sogenannte „Erdaltertum“ betreffend, dieses umfasst die geologischen Formationen von Kambrium bis Perm.

**Phylogenese:** Theorie der stammesgeschichtlichen Herkunft aller heutigen Lebensformen durch kontinuierliche Abwandlung von Vorgängerarten auf der Grundlage natürlicher evolutiver Prozesse.

Strahlenflossern und bis dahin nicht berücksichtigter Larven dieser Fische. Insbesondere die Funde von *Aetheretmon* ließen eine nahezu lückenlose Rekonstruktion der larvalen Entwicklung dieses Fisches zu (vgl. Abb. 1B und C). Bei der Analyse kommt die Forscherin zu einem unerwarteten und überraschenden Ergebnis: „Bei unserem Fossil sehen die Entwicklungsschritte aber genauso aus wie bei modernen Fischen. Es kann aber keine Wiederholung geben, wenn es noch nichts zu wiederholen gibt. Man sieht dieselben Entwicklungsschritte bei Fischen vor 350 Millionen Jahren und bei Fischen, die heute heranwachsen“ (zitiert nach STANG 2016).

Auch andere fossile Funde von Fischlarven (z. B. von *Polypterus*, *Polyodon*, *Lepisosteus* oder *Amia*, vgl. Abbildung E) zeigen bereits die moderne doppelte ontogenetische Anlage des Schwanzes.

Für die Autorin legen diese Befunde nahe, dass Veränderungen ontogenetischer Wachstumsprogramme (wie Heterochronie\*) die Diversität und Vielfalt des morphologischen Wandels während der Phylogenese bestimmen: „Zusammenfassend lässt sich sagen, dass fossile und ontogenetische Befunde darauf hindeuten, dass die Vielfalt der Wirbeltierschwänze aus einer Heterochronie im Wachstum von zwei verschiedenen Strukturen resultiert, die bei Tetrapoden und Teleostiern aus ähnlichen funktionellen Gründen in entgegengesetzte Richtungen gehen“ (SALLAN 2016).

### „Bei unserem Fossil sehen die Entwicklungsschritte genauso aus wie bei modernen Fischen.“

Wieder einmal bestätigt sich, dass die Ontogenese – auch bei Betrachtung von einzelnen Organen – keine Wiederholung der Stammesgeschichte sein kann. „Die Ontogenese rekapituliert nicht die Phylogenese\*; stattdessen bestimmen deren differenzierte Entwicklungsschritte die endgültige Morphologie“ (SALLAN 2016).

## Diskussion

Die Arbeit von SALLAN liefert ein weiteres Beispiel zur Widerlegung der Grundideen des Biogenetischen Grundgesetzes von HAECKEL. Auch Embryonen fossiler Organismen zeigen unerwartet einen den modernen Organismen ähnlichen Entwicklungsablauf und sind auch deshalb mitnichten als primitiv zu bezeichnen. Dieser Aspekt bestätigt die Ansicht der Schöpfungsfor-schung, welche von der Vollkommenheit der Organismen seit dem Beginn ihrer Existenz ausgeht.

Auch wenn dieser Aspekt nicht im Zentrum der Darlegungen der Forscherin stand: Die Frage nach den molekularbiologischen bzw. ontogenetischen Mechanismen und den selektiven Rahmenbedingungen der morphologischen Transformation der Schwanzanlagen bei Fischen und Landwirbeltieren bleibt unbeantwortet. Inwieweit die Zuflucht in alternative Evolutionstheorien weiterhilft, wonach insbesondere ontogenetische Mechanismen als maßgebliche Triebfeder des evolutionären Wandels angesehen werden, ist nach wie vor offen.

### Embryonen fossiler Organismen zeigen einen den modernen Organismen ähnlichen Entwicklungsablauf und sind mitnichten als primitiv zu bezeichnen.

In manchen Lehrbüchern finden sich immer noch Schemata von Embryonenbildern, die an die alten Abbildungen von HAECKEL erinnern. Dabei ist auffällig, dass die Schwanzanlage der Fische in identischer Form auch bei den Landwirbeltier-Embryonen erscheint, egal ob es sich um ein Huhn, einen Affen, ein Schwein oder einen Menschen handelt. Diese Darstellung HAECKELS geht davon aus, dass der bei Knochenfischen angelegte embryonale Schwanz als Ganzes der Vorläufer der Schwänze heutiger landlebender Wirbeltiere sei. Unter Berücksichtigung fossiler und ontogenetischer Befunde ist auch dieses Detail seiner Abbildungen aus evolutionärer Perspektive völlig falsch.

## Literatur

- GOULD SJ (1977) Ontogeny and phylogeny. Cambridge.  
 GURSCH R (1981) Die Auseinandersetzungen um Ernst Haeckels Abbildungen. Diss. med. Marburg 1980. Marburger Schriften zur Medizingeschichte. Bern, Frankfurt a.M.  
 HAECKEL E (1866) Generelle Morphologie. I: Allgemeine Anatomie der Organismen. II: Allgemeine Entwicklungsgeschichte der Organismen. Berlin.  
 HIS W (1875) Unsere Körperform und das physiologische Problem ihrer Entstehung.  
 KUTSCHERA U (2006) Evolutionsbiologie. Stuttgart.

METSCHER BD & AHLBERG PE (2001) Origin of the teleost tail: phylogenetic frameworks for developmental studies. In: AHLBERG PE (ed) Major Events in Early Vertebrate Evolution. CRC Press, Boca Raton, pp 333–349.

RICHARDSON MK, HANKEN J, GOONERATNE ML, PIEAU C, RAYNAUD A, SELWOOD L & WRIGHT GM (1997) There is no highly conserved embryonic stage in the vertebrates: implications for current theories of evolution and development. *Anat. Embryol.* 196, 91–106.

SALLAN L (2016) Fish 'tails' result from outgrowth and reduction of two separate ancestral tails. *Curr. Biol.*

26, R1205–R1225.

STANG M (2016) Fossilen stellen „Biogenetische Grundregel“ in Frage. [https://www.deutschlandfunk.de/wo-haeckel-sich-irrte-fossilen-stellen-biogenetische.676.de.html?dram:article\\_id=373475](https://www.deutschlandfunk.de/wo-haeckel-sich-irrte-fossilen-stellen-biogenetische.676.de.html?dram:article_id=373475); abgerufen am 22. 8. 2021.

ULLRICH H (1997) Zur Geschichte der Entdeckung der sogenannten Kiemenbogen und Kiemenspalten in der menschlichen Embryonalentwicklung. Diss. med. Dresden.

ULLRICH H (1998) Die Wiederentdeckung eines Irrtums. *Stud. Integr. J.* 5, 3–6.

# Ganz oder gar nicht: Die sich teilende Zelle benötigt mindestens 492 Gene

Im Jahr 2010 berichteten die Medien, dass Forscher die erste lebende Zelle im Labor synthetisiert hätten. Tatsächlich hatten sie aber keine Zelle konstruiert, sondern das Erbgut eines *Mycoplasma*-Bakteriums synthetisch nachgebaut und in eine andere mikrobielle Zelle transplantiert. 2016 wurde das ursprüngliche Genom (= gesamtes Erbgut) mit einem Umfang von 1,08 Millionen Basenpaaren (bp) auf 531.000 bp reduziert. Eine weitere Verkleinerung des Genoms war nicht möglich, da die Zelle sich dann nicht mehr teilen konnte und somit nicht mehr lebendig war. Im Jahr 2021 berichten dieselben Forscher, dass für eine korrekte Teilung mindestens 492 Gene erforderlich sind.

Peter Borger

## Craig Venter

Manche Biowissenschaftler glauben, dass eine lebende Zelle hergestellt werden kann, wenn man nur die richtigen Biomoleküle zusammenbringt. Dieses sogenannte *Bottom-up-Prinzip* ist genau das, was J. Craig Venter sich vorgenommen hatte, um eine minimale Zelle herzustellen. Auch bekannt als *genome warrior* (Genom-Krieger) legte er als visionärer Biologe die Basis für eine sehr schnelle DNA-Sequenzierung. Er machte sich einen Namen, weil ihm die Entschlüsselung des menschlichen Genoms zu langsam voranging. Um hier schneller zum Ziel zu kommen, entwickelte er neue revolutionäre Strategien, mit der man neue Gene sehr schnell sequenzieren konnte und nahm sein eigenes Genomprojekt mit seiner eigenen DNA in Angriff. Damit wollte er der *Human Genome Organisation* (HUGO), dem offiziellen internationalen Konsortium, das sich mit der Sequenzierung des menschlichen Genoms beschäftigte, um einiges voraus sein. Seine Anstrengungen wirkten tatsächlich wie ein Katalysator für das HUGO-Projekt. Drei Jahre vor dem erwarteten Abschluss des offiziellen Programms, im Jahr 2000, präsentierte Venter zusammen mit Francis Collins dem damaligen Direktor des HUGO-Projektes, die Kartierung des kompletten menschlichen Genoms.

## Erbgut-Austausch in einer Mikrobe

Später, im Jahr 2010, synthetisierte (bzw. kopierte) Venter die aus 901 Genen bestehende DNA der Mikrobe *Mycoplasma mycoides* im Labor und brachte sie in die Hülle einer anderen nahe verwandten Mikrobe, *Mycoplasma capricolum*, ein (GIBSON et al. 2010). Das synthetische Genom ersetzte dessen originale DNA, und die so mit fremder DNA ausgestattete Mikrobe war erstaunlicherweise lebensfähig. Die DNA von *M. mycoides* wurde damit das neue Erbgut des Bakteriums (*M. capricolum*). Damit gelang Venter ein erstaunlicher Durchbruch innerhalb der synthetischen Biologie, denn er hatte das DNA-Molekül Buchstabe um Buchstabe, Segment um Segment, im Labor synthetisiert und unter Anwendung von biotechnischen Methoden zusammengesetzt. Unbestritten lieferte sein Team mit der Synthese des bakteriellen DNA-Moleküls eine enorme Leistung, dennoch ist bei diesem Experiment nicht Leben erschaffen worden.

Wiewohl diese Angelegenheit in den Medien viel Aufsehen erregte – „Wissenschaftler schaffen künstliches Leben“ schrieben Journalisten – machte Venter grundsätzlich etwas Vergleichbares wie ein Autobastler, der in ein funktionsfähiges E-Mobil einen neuen Elektromotor einbaut, dessen Spule er selbst von Hand

Abbildung online nicht verfügbar

**Abb. 1** Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme von *Mycoplasma mycoides* JCVI Syn 3.0, das gentechnisch mit dem kleinsten Genom aller selbstreplizierenden Organismen 2016 am J. Craig Venter Institute hergestellt wurde. Vergrößerung: ca. 50.000-fach. (Science Photo Library / Deerinck, Thomas / NCMIR)

gewickelt hat und sich darüber freut, dass das modifizierte Automobil funktioniert. Genau genommen fertigte Venter überhaupt kein künstliches Leben an, sondern er transplantierte das synthetisch nachgebaute Erbgut einer Mikrobe in eine andere, sehr ähnliche Mikrobe. Eine verfahrenstechnisch imponierende Leistung, so aufsehenerregend wie die erste Herztransplantation.

## Der nächste Schritt

Von seinem Erfolg beflügelt wollte Venter noch einen Schritt weitergehen. Er teilte sein Team in zwei Gruppen ein und beauftragte beide, unter Verwendung des gesamten verfügbaren biologischen Wissens und modernster Labortechnologie ein minimales DNA-Molekül zu entwerfen, das ein lebensfähiges Bakterium ermöglicht. Bald darauf wurden die beiden Entwürfe, die die Teams entwickelt hatten, im Labor synthetisiert, um dann die jeweils konstruierten Minimalgenome in Bakterien zu übertragen, denen zuvor die DNA entnommen worden war. Zu Venters Überraschung konnte keines der am Computer aufgrund molekularbiologischer Erkenntnisse entworfenen Genome das gesteckte Ziel erfüllen. Keine der beiden synthetischen Genomvarianten konnte die Zellen nach einer entsprechenden Transplantation funktionsfähig und lebendig erhalten. Venter selbst hielt unsere heutige Kenntnis bezüglich der Biologie für nicht ausreichend, um einen lebenden Organismus zu erschaffen. Ironischerweise war die Ar-

## Venter hatte das DNA-Molekül Buchstabe um Buchstabe, Segment um Segment, im Labor synthetisiert und unter Anwendung von biotechnischen Methoden zusammengefügt.

beit der Wissenschaftler, die das Genom von *M. mycoides* 2010 kopiert hatten, sehr prägend und die Forscher zitierten eine leicht gekürzte Version von Richard Feynmans Ausspruch: *Was ich nicht erschaffen kann, verstehe ich nicht*. 2016 zeigte sich, wie angemessen dieses Zitat war: Venters Teams hatte es nicht geschafft, ein lebensfähiges DNA-Molekül zu entwerfen. Sie verstanden tatsächlich selbst vergleichsweise einfache Lebewesen zu wenig, um den Entwurf des Lebens nachvollziehen zu können.

Nach der ernüchternden Erfahrung von Venter und seinem Team versuchten die Forscher – in der Hoffnung auf ein spektakuläres Resultat –, das synthetische Genom zu reduzieren, verfahren also nach einer *top-down*-Strategie. Dazu verwendeten sie die dieselbe *Mycoplasma*-Art mit ihren 901 Genen, mit der sie bereits experimentiert hatten (s. o.). Aus fragmentierten Genomen erzeugten sie kleinere Genome, die weniger Gene enthielten, und testeten diese nach entsprechender Transplantation auf die Fähigkeit, unter Laborbedingungen fortpflanzungsfähige Zellen zu erhalten, d. h. die genetisch verarmten Bakterien wurden auf Vitalität getestet. Dabei entdeckten die Forscher, dass die minimale lebende Zelle – „lebend“ definiert als die Fähigkeit zur selbständigen Reproduktion – mindestens 473 Gene benötigt (HUTCHINSON 2016). Würde man noch irgendein beliebiges anderes Gen entfernen, verlöre der Organismus das Vermögen der Zellteilung und wäre leblos. Erstaunlicherweise ist bisher von 149 der benötigten Gene, also etwa einem Drittel, überhaupt nicht bekannt, welche Funktionen sie erfüllen – man weiß nur, dass sie unverzichtbar sind. Darunter gibt es sogar 79 Gene, die noch nie jemandem aufgefallen sind. Die Schlagzeilen im National Geographic berichteten: „Wir haben die einfachste Zelle der Welt gebaut – aber wir wissen nicht, wie sie funktioniert“ (KRULWICH 2016).

## Die Bedeutung von Venters Experimenten

Venters Experimente sind sehr bedeutsam für die Biologie und das Verständnis der Lebewesen, da sie darauf hinweisen, dass Bakterien mit weiter reduziertem Genom sich nicht mehr reproduzieren können. Lebende Systeme, wie wir sie kennen, sogar die einfachsten Mikroben,

können nur dank mehrerer Hundert Gene existieren – das sind mehr als eine halbe Million DNA-Buchstaben, die sehr genau aufeinander abgestimmt sein müssen. Hätte Venter die *Mycoplasma*-Gene nicht sehr exakt nachgebaut und diese dann genau nach dem natürlichen Vorbild miteinander verknüpft, hätten sich die transplantierten Zellen nicht vermehrt – und die Schlagzeilen in den Zeitungen wären ausgeblieben. Die transplantierte Mikrobe konnte sich teilen („sie lebte“) dank der in den Genen vorhandenen Information, die schon immer im Genom von *Mycoplasma* existierte.

Doch bei weiteren Untersuchungen der sich teilenden Minimalzelle stellten Venter und seine Kollegen fest, dass sie keine identischen Tochterzellen produzierten, wie es alle natürlichen Bakterien tun. Stattdessen produzierten sie Tochterzellen mit bizarren Formen und Größen. Nach weiteren fünf Jahren des Experimentierens stellen PELLETIER et al. (2021) nun fest, dass die Minimalzelle 19 zusätzliche Gene benötigt, um sich korrekt teilen und ausgewogen wachsen zu können.

Mit somit insgesamt 492 Genen hat diese Minimalzelle 33 Gene weniger als der „Minus-Rekordhalter“ der Natur mit dem kleinsten Genom, *Mycoplasma genitalium*, das 525 Gene enthält. Die *Mycoplasmen* selbst sind aber parasitär lebende Endomikroben, die für ihre Existenz eine Wirtszelle benötigen. Sie verfügen nicht über genügend genetische Information, um selbständig und autark zu leben. Die einfachsten autonomen, frei lebenden Mikroben benötigen noch viel mehr Gene als die parasitären Mycoplasmen. Zurzeit hält *Actinomarina minuta*, eine Mikrobe der marinen Actinobakterien, den Minusrekord mit etwa 800 Genen (GHAI 2013). Die 492 Gene in Venters Minimalzelle – eine enorme Menge Information – sind essentiell: Fehlt nur ein einziges Gen, ist die Mikrobe lebensunfähig.

Venters Versuche zeigen, dass lebende, sich reproduzierende Organismen nicht auf einzelne Gene zurückzuführen sind und dass lebende Organismen genetisch nicht beliebig reduzierbare holistische Informationssysteme beinhalten. Wie eine schrittweise Entwicklung verlaufen sollte, bei der ein Gen nach dem anderen entsteht, ist nach bisherigen Erkenntnissen vollkommen unklar. Ein einziges Gen hat für sich alleine keine Funktion. Zwei oder drei Gene bringen ebenso nichts. Sogar 300 Gene sind noch immer wirkungslos. Erst 492 Gene, etwa eine halbe Million DNA-Buchstaben in der richtigen Reihenfolge, ermöglichen einen sich

selbst reproduzierenden Organismus (unter Labor-, d. h. optimierten Lebensbedingungen). Nur ein Gen weniger und es gibt keine DNA-Verdopplungen; und wenn es nicht zu DNA-Verdopplungen kommt, kommt es ebenfalls nicht zu Mutationen. Ohne Venters 492 Gene gebe es für die natürliche Auslese keine Arbeit, keine Weiterentwicklung, keine neuen Organismen.

### **Lebende Organismen lassen sich nicht auf einzelne Gene zurückführen und beinhalten genetisch nicht beliebig reduzierbare holistische Informationssysteme.**

Reproduzierende Organismen sind die wichtigste Voraussetzung für einen evolutiven Vorgang gemäß Darwins Theorie. Die Weiterentwicklung des Lebens kann erst mit einem Minimum von 492 Genen anfangen. Eine lebendige Zelle ist ein holistisches System!

Venter selbst kommentierte: „Vielleicht ist das Leben nicht aus unabhängigen Teilen aufgebaut, so wie man eine Maschine in einer Werkstatt aufbaut. Vielleicht kann man nicht einen Haufen bekannter Gene nehmen, sie zusammenklemmen, wobei jedes sein eigenes Ding macht, und dann, wenn man die letzte Schraube anzieht, entsteht plötzlich – Tadaa – ein neues Lebewesen. Anstatt sich auf die Gene zu konzentrieren, sollten wir vielleicht das ganze Betriebssystem betrachten – nicht die Gene, sondern das ‚Genom‘, ein funktionierendes Ganzes“ (KRULWICH 2016). Dabei lebt ja auch ein komplettes Genom nicht, wenn es nicht in einer genau darauf abgestimmten komplexen Zelle steckt, denn nach wie vor ist eine Zelle die kleinste uns bekannte Einheit, die das Phänomen „Leben“ zeigt.

### **Literatur**

- KRULWICH B (2016) We built the world's simplest cell – but dunno how it works. <https://www.nationalgeographic.com/science/article/we-built-the-worlds-simplest-cell-but-dunno-how-it-works>
- GHAI R et al. (2013) Metagenomics uncovers a new group of low GC and ultra-small marine Actinobacteria. *Sci Rep* 3:2471, doi: 10.1038/srep02471.
- GIBSON DG et al. (2010) Creation of a bacterial cell controlled by a chemically synthesized genome. *Science* 329, 52–56.
- HUTCHINSON III CA et al. (2016) Design and synthesis of a minimal bacterial genome. *Science* 351, aad6253; doi: 10.1126/science.aad6253
- PELLETIER JF et al. (2021) Genetic requirements for cell division in a genomically minimal cell. *Cell* 184, 2430–2440.



# Ursprung der Bakterien – aktuelle Versuche „evolutionäre Bäume“ zu retten

Das Aufstellen von Stammbäumen der Lebewesen ist ein wichtiges Element der evolutionstheoretisch motivierten Forschung. Kürzlich haben zwei wissenschaftliche Gruppen von Fortschritten auf der Suche nach dem letzten gemeinsamen Vorfahren aller Bakterien berichtet. Beide Gruppen führten hierzu phylogenetische Analysen an einer Vielzahl bakterieller Genome durch. Es wird deutlich, dass die Ergebnisse viel mehr von den gewählten Prämissen abhängen als von den vorhandenen Rohdaten.

*Boris Schmidtgall*

## Generelle Probleme phylogenetischer Rekonstruktionen

Ein widerspruchsfreier Stammbaum aller Lebewesen – seit der Zeit DARWINS ist das der Traum aller Befürworter der Evolutionslehre. Im Idealfall sollten Analysen verschiedener Merkmale der untersuchten Organismen – von der Anatomie bis zur Genetik – zu denselben Ähnlichkeitsbeziehungen führen und so eine stimmige Stammbaumrekonstruktion ermöglichen. Angesichts vieler Schwierigkeiten mit unerwarteten Konvergenzen\* im anatomischen Bereich und „schockierenden Homologien“ auf der genetischen Ebene rückt dieses Ziel schon bei höheren Lebewesen in weite Ferne (BRAUN 2012). Doch das eigentlich noch größere Problem befindet sich an der Wurzel des erhofften Stammbaums. Die Wurzel des Stammbaums repräsentiert die „frühe Evolution“, wo sich die Aufspaltung in die drei Domänen des Lebens Archaea, Bakterien und Eukaryoten\* abgespielt haben soll (WOESE 1998, Abb. 1). Allerdings gibt es bezüglich der Abstammungsverhältnisse der drei Domänen der Lebewesen noch weit mehr Uneinigkeit als hinsichtlich der angenommenen weiteren Evolution der Eukaryoten (HUG et al. 2016). Übereinstimmung besteht aus evoluti-

onstheoretischer Sicht im Wesentlichen darin, dass Prokaryoten\* wegen ihrer vergleichsweise geringeren Komplexität und ihrem Vorkommen im unteren Bereich der Fossilabfolge die ältesten Lebensformen sein sollen. Inzwischen mehrten sich aber Stimmen, die die Eukaryoten näher zu den Archaeen rücken, da sie angeblich von diesen abstammen (DOOLITTLE 2020).

## Die größten Unsicherheiten des evolutionären Stammbaums des Lebens befinden sich an dessen Wurzel.

Für die Schwierigkeiten bei Rekonstruktionsversuchen der „frühen Evolution“ wird oft der Mangel an überlieferten Fossilien von frühen Mikroorganismen verantwortlich gemacht. Daher ist die phylogenetische\* Analyse durch Vergleiche homologer\* Gensequenzen die inzwischen fest etablierte Methode, um sich dieser Fragestellung anzunehmen. Wie auch bei anderen Argumenten auf der Basis von Vergleichen verschiedener Arten oder Organismengruppen beruht die phylogenetische Analyse aber auf der Voraussetzung, dass sich eine Makroevolution abgespielt hat. Folglich werden Unterschiede in Gensequenzen, die als homolog

Mit einem Stern\* ver-  
sehene Begriffe werden  
im Glossar erklärt.

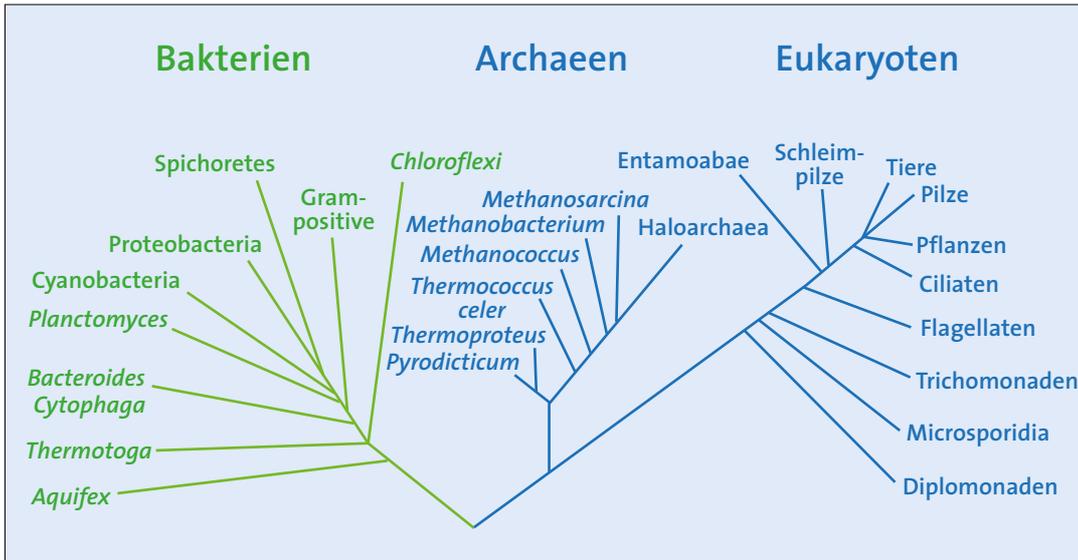


Abb. 1 Wurzel des hypothetischen Stammbaums aller Lebewesen nach Carl Woese (1998). Phylogenetische Analyse von XAVIER et al.

gelten, auf angehäuften Mutationen zurückgeführt. Gemäß dieser Denkweise gilt: je größer der Unterschied in einer homologen Gensequenz zweier Organismen, desto größer ihre stammesgeschichtliche Distanz.

Diese Vorgehensweise zur Rekonstruktion der hypothetischen Abstammungsverhältnisse ist jedoch im Fall von Mikroorganismen aufgrund des horizontalen Gentransfers (HGT)\* erschwert. Das liegt daran, dass der HGT ein vom klassischen vertikalen Gentransfer (VGT)\* unabhängiges Übertragen und Integrieren genetischer Information innerhalb derselben Generation und zwischen verschiedenen Bakterienarten ermöglicht. Dies ist aber ein großer Störfaktor für das Aufstellen von Hypothesen zu Abstammungsverhältnissen. Unter anderem aus diesem Grund bezeichnete der Biochemiker Frank HAROLD die angenommene frühe Evolution als „dunklen Bereich“. Zudem stellen Phänomene wie Rückmutationen\* oder Mutations-Hotspots\* weitere grundsätzliche Probleme für die Ableitung von Abstammungsverhältnissen aus dem Vergleich von Gensequenzen dar.

Kürzlich wurde in einigen Veröffentlichungen über den Versuch berichtet, den mutmaßlichen gemeinsamen Vorfahren aller Bakterien (last bacterial common ancestor, LBCA) zu charakterisieren, um zumindest in diesen Teil des dunklen Bereichs Licht zu bringen. Die Gruppe um Joana XAVIER von der Universität Düsseldorf wählte für ihre Analyse zunächst aus in einer Datenbank (GenBank, NCBI) vorliegenden 5443 bakteriellen Genomen 1089 Exemplare aus, die anaeroben\* Bakterien zugeordnet werden (XAVIER et al. 2021). Auf diese Weise beschränkten sie *a priori* die Suche nach dem Mikroorganismus, der dem hypothetischen Vorfahren aller Bakterien am nächsten kommt, ausschließlich auf sauerstofffrei lebende Bakterien. Sie begründeten ihre Herangehensweise

mit der verbreiteten Annahme einer frühen sauerstofffreien Atmosphäre: „[...] das Auftreten des Sauerstoffs veränderte weder die Beschaffenheit der grundlegenden [molekularen] Bausteine noch hat es ihre Biosynthesewege neu erschaffen. [...] die Grundlagen der Biochemie, des Stoffwechsels und der Physiologie wurden zu einer Zeit *erfunden*, als die Erdatmosphäre anoxisch\* war.“ (Hervorhebung hinzugefügt)

Die Autoren verwiesen in diesem Zusammenhang darauf, dass nur solche Genome ausgewählt wurden, in denen nachweislich die Information für die Synthese von Sauerstoff-Reduktasen\* fehlte. Aus diesen 1089 Genomen identifizierten sie 146 Genfamilien, die für stoffwechselrelevante Proteine codieren. Auf diese Weise hofften sie, den Kern der bakteriellen Stoffwechsel-Netzwerke zu identifizieren und so auf den gemeinsamen Vorfahren schließen zu können. Bisher galt es als wenig aussichtsreich, auf der Grundlage von Genen für stoffwechselrelevante Proteine Abstammungen zu rekonstruieren, da diese Gene unter Bakterien häufiger durch HGT ausgetauscht werden als solche, die für die Informationsverarbeitung zuständig sind. XAVIER et al. sind sich dieser Schwierigkeit durchaus bewusst. Ihre Gewissheit, dass eine Rekonstruktion des LBCA dennoch gelingen muss, beruht auf einer nicht weiter belegten Annahme: „Metabolische Netzwerke und metabolische Enzyme bezeugen unzweifelhaft den evolutionären Prozess, doch fehlt es bisher an Methoden, die evolutionäre Information zu nutzen.“

Um ihren Ansatz zu plausibilisieren, greifen XAVIER et al. zu einigen Hypothesen. Sie gehen davon aus, dass der HGT erst nach der Anreicherung der zuvor anoxischen Atmosphäre mit Sauerstoff (great oxygenation event, GOE) einsetzte, sodass davor nur der VGT, also Weitergabe von Genen durch die Abstammungsabfolge, stattgefunden haben soll. Damit

wäre das Verwischen vermutlicher Nachweise der gemeinsamen Abstammung durch den HGT zumindest in der Zeit vor dem GOE nicht mehr gegeben. Zur Stützung dieser These verweisen XAVIER et al. auf eine andere Veröffentlichung, in der ebenfalls aus vergleichenden Erbgut-Analysen an Bakterien Schlussfolgerungen gezogen werden (Soo et al. 2017). Dort wird aber tatsächlich an keiner Stelle behauptet, dass der HGT erst mit dem GOE eingesetzt hätte. Darüber hinaus beruht der GOE auf einer unsicheren Datenbasis und ist deshalb keineswegs unumstritten (SCHMIDTGALL 2021).

Eine weitere Annahme, die XAVIER et al. wiederholt anführen, ist das frühe Vorhandensein multifunktionaler Enzyme, also von Enzymen, die mehrere verschiedene Aufgaben erfüllen können. Sie beabsichtigen damit, die anfänglich kleine Zahl an metabolisch wirksamen Proteinen und dafür erforderlichen Genen im LBCA zu erklären: „Die Rekonstruktion des Stoffwechsels von LBCA weist auf das Vorhandensein mehrerer multifunktionaler Enzyme hin, sodass die Anzahl der für die Lebensfähigkeit erforderlichen Gene reduziert wird. Es handelt sich dabei [...] möglicherweise um eine generelle Strategie bei frühesten Prokaryoten.“ Angesichts des sehr anspruchsvollen Aufbaus multifunktionaler Enzyme wird also ohne weitere Begründung eine sehr hohe Komplexität bereits zu einem sehr frühen Zeitpunkt der Evolution angenommen. Dies ist in Anbetracht der außerordentlich geringen Wahrscheinlichkeit der Entstehung selbst kleiner funktionaler Enzyme eine völlig unhaltbare Grundvoraussetzung (THORVALDSEN & HÖSSJER 2020). Auch die Bezugnahme auf den Nachweis einer funktio-

## Die Annahmen der Abwesenheit des HGT bei frühen Organismen und des Vorhandenseins multifunktionaler Enzyme sind unbegründet und unplausibel.

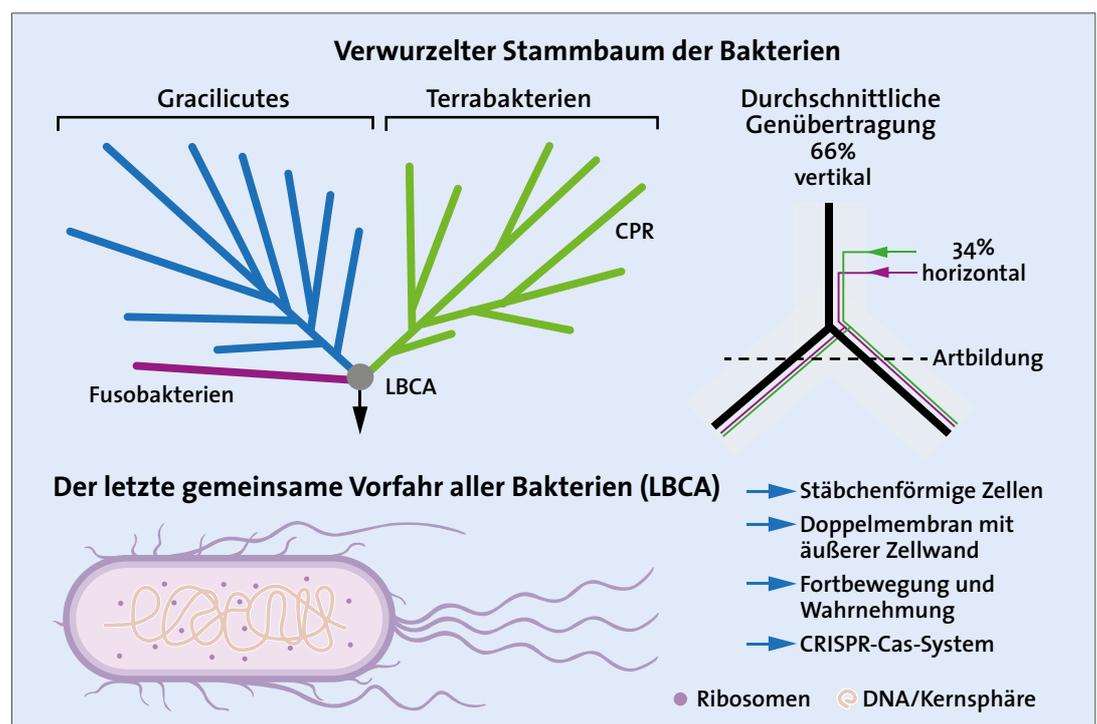
nen Vielseitigkeit (allerdings mit geringer Effizienz) bestimmter Enzyme (KHERSONSKY et al. 2006) ist nicht hilfreich, da in vielen Bereichen des Stoffwechsels eine sehr hohe Effizienz und Spezifität der Enzyme für das Überleben des jeweiligen Organismus unverzichtbar sind – besonders im Bereich des Energiehaushalts (ORGEL 2007).

Als Resultat der phylogenetischen Analyse von XAVIER et al. ergab sich, dass die den Firmicuten\* zugehörigen Clostridien von ihrer Beschaffenheit her dem LBCA am nächsten stehen. Dementsprechend heißt es in der Arbeit, dass der gemeinsame Vorfahr aller Bakterien bereits folgende biomolekulare Einrichtungen aufwies: eine Zellwand, einen Zellteilungsapparat, die Erzeugung von Acetyl-CoA und Pyruvat, die Synthese von Zuckern (Gluconeogenese), nahezu alle Komponenten der Proteinbiosynthese (inklusive ihrer eigenen Biosynthese) sowie einige weitere Stoffwechselvorgänge. Auf die nahe liegende Frage, wie ein solch komplexer Organismus entstanden sein könnte, wird jedoch in keiner Weise eingegangen.

## Phylogenetische Analyse von WILLIAMS et al.

Eine weitere Arbeit zur gleichen Fragestellung wurde von der Gruppe um Tom A. WILLIAMS

**Abb. 2** Graphische Zusammenfassung der Arbeit von WILLIAMS et al (2021). Es werden darin die wichtigsten Ergebnisse der Arbeit zusammenfasst: Der gemeinsame Vorfahr aller Bakterien wird zwischen den zwei großen Stämmen Gracilicutes und Terrabacteria angesiedelt, während die Einordnung der Fusobacteria in den Stammbaum nicht gelang (links oben). Der Anteil der vom horizontalen Gentransfer betroffenen Gene wurde auf 34% geschätzt (rechts oben). Bezüglich der Ausstattung besaß der hier skizzierte LBCA folgende Eigenschaften: Es handelte sich um ein stabförmiges Bakterium mit einer Doppelmembran, äußerer Zellwand, Fortbewegungsfähigkeit (Flagellae) und Chemotaxis (unten).



von der Universität Bristol veröffentlicht (COLEMAN et al. 2021, Abb. 2). Sie erstellten einen Stammbaum durch Abstimmung verschiedener Stammbäume auf der Grundlage von 11.272 als homolog geltenden Genfamilien aus 265 bakteriellen Genomen (Genome taxonomy database, GTDB). Es wurde also für jedes zu einem Protein gehörige Gen ein Stammbaum der Bakterien erstellt. Anschließend wurden die 11.272 resultierten Stammbäume zu einem einzigen harmonisiert. Dabei wurden statistische Unsicherheiten der genetischen Stammbäume und eine Abschätzung der Raten von Gen-Duplikationen, -Verlusten und -Übertragungen einbezogen. Im Unterschied zu XAVIER et al. setzten sie allerdings nicht *a priori* voraus, dass der LBCA unter den Anaerobiern anzusiedeln ist. Sie sahen es aber als erforderliche Prämisse an, dass der gemeinsame Vorfahr aller Lebewesen (last universal common ancestor, LUCA) zwischen Bakterien und Archaea liegen muss. Dabei betonen auch sie, dass „die verfügbaren Indizien beschränkt und schwierig zu interpretieren sind.“

WILLIAMS et al. sehen im HGT ebenfalls ein ernsthaftes Hindernis für die Rekonstruktion von Abstammungsverhältnissen: „Ein weitreichender HGT stellt eine existentielle Herausforderung für die [stammesgeschichtliche] Verkettung dar, weil er die Anzahl der Gene, die sich auf einem einzelnen zugrunde liegenden Stammbaum entwickeln, in hohem Maße verschleiert.“ Sie schätzen, dass bakterielle Genome im Mittel zu etwa einem Drittel vom HGT betroffen sind – ein sehr hoher Anteil und damit ein großer Unsicherheitsfaktor hinsichtlich der Rekonstruktion von theoretischen Abstammungsverhältnissen.

Dennoch sind sie sicher, den vertikalen Anteil der Vererbung identifizieren zu können. Auf dieser Information aufbauend skizzieren die Autoren um WILLIAMS in ihrer Veröffentlichung ein sehr detailliertes Porträt des LBCA: „Wir nehmen an, dass der letzte gemeinsame bakterielle Vorfahr eine freilebende, begeißelte, stäbchenförmige Zelle war, die eine Doppelmembran mit einer Lipopolysaccharid-Außenschicht, ein Typ-III-CRISPR-Cas-System [Immunsystem], Typ-IV-Pili und die Fähigkeit zur Wahrnehmung und Reaktion durch Chemotaxis aufweist.“ Weitere Komponenten wie der Zellteilungsapparat, Flagellae, die Proteinbiosynthese, der Zitratzyklus und der Pentosephosphatweg wurden neben einigen weiteren auch dazu gezählt. Die Beschreibung ist damit auffällig nah an der typischen Ausstattung vieler heutiger Mikroorganismen. Unwillkürlich stellt sich die Frage, ob in der angenommenen Zeit nach dem LBCA von immerhin ca. 3 Milliarden (radiometrischen) Jahren überhaupt noch signifikante

## Glossar

**anaerob:** unter Ausschluss von Sauerstoff lebend

**anoxisch:** frei von Sauerstoff (in Bezug auf die Atmosphäre)

**Eukaryoten:** Lebewesen, deren Zellen über einen Zellkern verfügen

**Firmicuten:** eine Klassifikationsebene von Bakterien, die den Rang eines Phylums (Stamm) hat. Die meisten Grampositiven Bakterien gehören zu diesem Phylum.

**homolog:** als „homolog“ werden in der Biologie gestaltlich ähnliche Merkmale verschiedener Arten bezeichnet, wobei angenommen wird, dass die Ähnlichkeit durch gemeinsame Abstammung zustande gekommen ist.

**horizontaler Gentransfer:** Bakterien können Erbgut-Moleküle untereinander über ihre Pili (aus Proteinen bestehende feine Röhren) übertragen. Anschließend können diese ins Erbgut integriert werden. Dieser Gentransfer kann auch unter verschiedenen Arten von Bakterien stattfinden und ist in keiner Weise an die Abstammung gebunden.

**Konvergenz:** Zwei- bis mehrfache Entstehung weitgehend baugleicher Merkmale oder identischer DNA-Sequenzen

bei nicht abstammungsverwandten Formen.

**Mutations-Hotspot:** Das Mutationsgeschehen im Erbgut von Lebewesen ist nicht gleichmäßig verteilt. Stellen, an denen deutlich öfter Mutationen eintreten, werden als „Mutations-Hotspots“ bezeichnet.

**phylogenetisch:** „Phylogenese“ ist ein zusammengesetztes Wort aus „Phylum“ (Stamm) und „Genese“ (Entstehung). „Phylogenetisch“ bedeutet also: Mit Bezug zur Entstehung der Tierstämme.

**Prokaryoten:** Einzeller, die keinen Zellkern aufweisen.

**Rückmutation:** Mutationen sind in vielen Fällen umkehrbar. Durch Rückmutationen werden also erfolgte Mutationen wieder rückgängig gemacht.

**Sauerstoff-Reduktasen:** Enzyme, die Elektronen von organischen Molekülen auf Sauerstoff übertragen und dadurch das Sauerstoff-Molekül in andere chemische Verbindungen einbauen (z. B. Wasserstoff-Peroxid, Wasser)

**vertikaler Gentransfer:** Übertragung der genetischen Information von der Elterngeneration auf die Nachkommen, also durch Abstammung.

Veränderungen der Mikroorganismen durch Evolution stattgefunden haben können. Die Konsequenz wäre demnach, dass die eigentlich interessantesten „evolutiven Vorgänge“ in der dunklen Zeit vor dem LBCA liegen müssten.

Verhaltene Kritik an der Arbeit von WILLIAMS äußert KATZ in einem kurzen Kommentar der Zeitschrift *Science*: „Obwohl COLEMAN et al. den vertikalen Teil des bakteriellen Lebensbaums akkurat erfasst haben mögen, fehlt dem Baum, den sie verwurzeln, die *Geschichte der biologischen Innovationen* und ökologischen Anpassungen, die von LGTs abgeleitet sind“ (Hervorhebung hinzugefügt; LGT, lateraler Gentransfer, ist dasselbe wie HGT). Dabei ließ KATZ unerwähnt, dass auch die Darstellung des „vertikalen Teils“ eines hypothetischen Stammbaums (d. h. nach Abzug der vermutlich horizontal übertragenen Gene) keinerlei Information darüber enthält, durch welche Vorgänge es zu den entscheidenden Innovationen im Stoffwechsel und der molekularen Ausstattung der Mikroorganismen gekommen sein könnte.

Abschließend fügte KATZ dann noch hinzu: „Es wurde vorgeschlagen, dass man ‚zur *Rettung der Bäume* Organismen als mehr als die Summe ihrer Gene definieren und *sich vorstellen* könnte, dass die Abstammungslinien von Organismen eine Art *emergente Realität* haben‘.“ (Hervorhebung hinzugefügt)

## Eine wesentliche Triebfeder der modernen Evolutionsforschung besteht darin, evolutionäre Stammbäume zu „retten“.

Offenbar besteht eine wesentliche Triebfeder der modernen Evolutionsforschung darin, die evolutionären Stammbäume zu retten und den Fokus auf der als unbezweifelbar hingestellten evolutionären Geschichte zu behalten auch angesichts immenser Schwierigkeiten, sie mit den Daten in Einklang zu bringen. Zur Not kann man sich auch mit der Vorstellung einer „emergenten Realität“ behelfen – was auch immer damit gemeint sein soll.

### Fazit

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass die Versuche, Stammbäume der bakteriellen Evolution aufzustellen und einen gemeinsamen Vorfahren aller Bakterien zu charakterisieren, sowohl hinsichtlich ihrer Grundannahmen als auch der daraus abgeleiteten Methoden alles andere als solide begründet sind. Wie die Arbeiten von XAVIER und WILLIAMS zeigen, ist die *a priori* Einordnung des LBCA (bzw. des LUCA) im evolutionären Stammbaum entscheidend für das Ergebnis. Die Voraussetzung, dass es sich um anaerobe Organismen gehandelt haben muss, beruht auf unsicheren Dateninterpretationen im Zusammenhang mit der vermuteten Anreicherung einer zuvor anoxischen Atmosphäre mit Sauerstoff (GOE). Auch die Annahme von XAVIER, dass es vor dem GOE keinen HGT gab, ist offenbar eine bloße Behauptung, die nicht einmal in der zitierten Quelle zu finden ist. Eine entscheidende methodische Schwäche der beiden Arbeiten ist die Unsicherheit bezüglich der Frage, welche Gene vom HGT betroffen sind und welche nicht. Interessanterweise stellen sowohl XAVIER als auch WILLIAMS den LBCA als vollständiges Bakterium dar, sodass die wesentlichen biologischen Innovationen sich davor hätten ereignen müssen. Über das Zustandekommen dieser Innovationen geben die Veröffentlichungen jedoch keinerlei Auskunft.

Die hier beschriebenen Annahmen und Methoden scheinen notwendig zu sein, um die immense Vielfalt und die Flickenteppich-artig verteilten Merkmalsmuster der Mikroorganismen in ein evolutionstheoretisches Konzept fügen zu können. Alternativ können die Bakterien und Archaea mit ihren vielseitigen metabolischen Eigenschaften als intelligent geschaffene Organismen verstanden werden, deren Vielfalt notwendig ist für die Vitalität und Stabilität vieler verschiedener Ökosysteme. Eine intelligente Schöpfung ist überdies die einzige plausible Erklärung für die offenbar sehr hohe minimale Komplexität von Mikroorganismen.

### Anmerkungen

- <sup>1</sup> In der Fachliteratur – auch in dem zitierten *Nature*-Artikel – wird er *Phloeodes diabolicus* genannt; dieser Artname ist aufgrund von Revisionen inzwischen jedoch überholt.
- <sup>2</sup> Die Proteine sind für die Analyse schwieriger zu extrahieren.
- <sup>3</sup> Finite-Elemente-Methoden

### Literatur

- BRAUN HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. *Stud. Integr. J.* 19, 12–19.
- COLEMAN GA et al. (2021) A rooted phylogeny resolves early bacterial evolution. *Science* 372, eabe0511.
- DOOLITTLE FW (2020) Evolution: Two domains of life or three? *Curr. Biol.* 30, R159–R179.
- HAROLD FM (2014) In search of cell history: the evolution of life's building blocks. The University of Chicago press.
- HUG LA et al. (2016) A new view of the tree of life. *Nat. Microbiol.* 1, 16048.
- KATZ LA (2021) Illuminating first bacteria. *Science* 372, 574–575.
- KHERSONSKY O et al. (2006) Enzyme promiscuity: evolutionary and mechanistic aspects. *Curr. Opin. Chem. Biol.* 10, 498–508.
- ORTEL LE (2008) The implausibility of metabolic cycles on the prebiotic earth. *PLoS Biology* 6, e18.
- SCHMIDTGALL B (2021) Die „Sauerstoffkatastrophe“. *Stud. Integr. J.* 28, 13–21.
- SOO RM (2017) On the origins of oxygenic photosynthesis and aerobic respiration in Cyanobacteria. *Science* 355, 1436–1444.
- THORVALDSEN S & HÖSSJER O (2020) Using statistical methods to model the fine-tuning of molecular machines and systems. *J. Theor. Biol.* 501, 110352.
- WOESE CR (1998) Default taxonomy: Ernst Mayr's view of the microbial world. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, doi:10.1073/pnas.95.19.11043.
- XAVIER JC et al. (2021) The metabolic network of the last bacterial common ancestor. *Nat. Comm.* 4, doi: 10.1038/s42003-021-01918-4.

# Homo naledi einzigartig – aber ein Mensch?

*Homo naledi* wurde anhand umfangreichen fossilen Materials erstmals 2015 beschrieben. Der frühe Hominine\* besitzt ein einzigartiges Merkmalsmosaik bestehend aus einmaligen, einigen menschenähnlichen und zahlreichen großaffenähnlichen Merkmalen. Neue Untersuchungsergebnisse bestätigen dieses Bild. Trotz des menschenuntypischen Merkmalsmosaiks wird die Zuordnung von *naledi* zur Gattung *Homo* unter den Paläanthropologen nicht kritisch diskutiert. *Homo naledi* sollte aber aufgrund seiner Merkmale aus der Gattung *Homo* ausgegliedert und zu den nichtmenschlichen Homininen in eine eigene Gattung gestellt werden.

Michael Brandt

## Einleitung

*Homo naledi* ist ein Hominine, der erstmals 2015 anhand von Überresten aus der Dinaledi-Kammer im Rising Star-Höhlsystem in Südafrika und später aus einer zweiten Kammer dieses Höhlensystems, der Lesedi-Kammer, beschrieben wurde. Dieser Hominine weist eine Kombination von Merkmalen auf, die bei keinem anderen Taxon zu finden ist. Versuche, die (vermutete) phylogenetische\* Position von *Homo naledi* zu bestimmen, haben sich als sehr schwierig erwiesen.

*Homo naledi* besitzt menschenähnliche Merkmale an der Hand und insbesondere am Fuß, zahlreiche großaffenähnliche Merkmale, z. B. an Schulter, Brustkorb, Becken, Hand- und Fußgliedern sowie einzigartige Merkmale, wobei hier die Morphologie\* des Daumenmittelhanknochens hervorzuheben ist. Seit der Übersichtspublikation von BRANDT (2017) wurden weitere Arbeiten zu *Homo naledi* publiziert, die die Einzigartigkeit dieses Homininen bekräftigen.

Auch in den jüngsten Studien wird nicht diskutiert, ob die Datenlage die Zuordnung von *Homo naledi* zum Menschen rechtfertigt. Zu dieser Frage wird am Ende des Beitrages Stellung bezogen. Im Folgenden wird daher der Gattungsname in Anführungszeichen gesetzt.

## Neuere Studienergebnisse zu „*Homo*“ *naledi*

### Zähne

In Abb. 1 sind vier Unterkiefer mit Zähnen von „*Homo*“ *naledi* dargestellt.

BROPHY et al. (2021) untersuchten die Kronenform und die Höckerfläche des ersten und

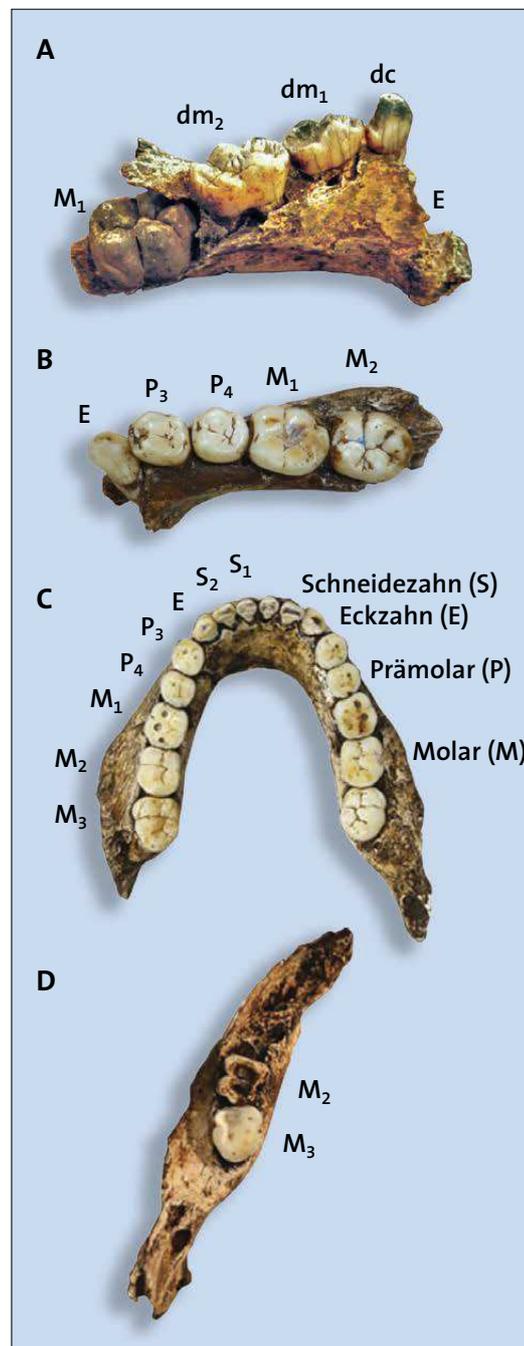


Abb. 1

**A** Linker Teilunterkiefer eines Kindes mit Milchzähnen und noch nicht durchgebrochener M1-Krone (U.W.101-1400). **B** Rechter Teilunterkiefer eines älteren Jugendlichen mit durchgebrochenen bleibenden Zähnen (U.W.101-377). **C** Vollständiger Unterkiefer eines erwachsenen Individuums mit allen bleibenden Zähnen (U.W.101-1261). **D** Linker Teilunterkiefer eines alten Individuums mit sehr abgenutzten bleibenden Zähnen (U.W.101-361). Die Abbildungen sind nicht maßstabsgetreu. (Aus BOLTER et al. 2018, CC BY 4.0)

Mit einem Stern\* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

zweiten Milchmolaren\* von „*Homo*“ *naledi*. Dabei waren die Zähne des Unterkiefers diagnostisch deutlich relevanter als die des Oberkiefers.

Die Milchmolaren des Unterkiefers von „*Homo*“ *naledi* zeigten in dieser Studie keine nähere Beziehung zu den zum Vergleich herangezogenen zahlreichen menschlichen und nichtmenschlichen Homininen-Taxa (*Australopithecus africanus*, *A. afarensis*, *Paranthropus robustus*, *P. boisei*, früher *Homo* sp.<sup>1</sup>, *H. erectus*, frühe *H. sapiens*, jungpaläolithischer *H. sapiens*, rezenter *H. sapiens* aus dem südlichen Afrika und Neandertaler). Nach BROPHY et al. (2021) stützt das Fehlen einer klaren morphologischen Verwandtschaft und das einmalige Muster der Kronenform und der Höckerfläche der Molaren die Zuordnung von „*Homo*“ *naledi* zu einer einzigartigen Art. Frühere Zahnanalysen von „*Homo*“ *naledi* haben zu einem ähnlichen Ergebnis geführt (siehe BRANDT 2017).

BAILY et al. (2019) untersuchten ebenfalls Milchzähne (Schneidezähne, Eckzähne und Molaren) von „*Homo*“ *naledi* und verglichen diese auch mit den entsprechenden Zähnen zahlreicher menschlicher und nichtmenschlicher Homininen. Die Milchzähne weisen auch nach dieser Studie eine einmalige Kombination von Merkmalen mit einem Variationsmuster ähnlich dem der bleibenden Zähne auf.

Eine Analyse von IRISH et al. (2018) hat wie schon frühere Studien aufgezeigt, dass eine Anzahl von Merkmalen der Kronen und Wurzeln der bleibenden Zähne von „*Homo*“ *naledi* auch beim afrikanischen *Homo*<sup>1</sup> zu finden ist. In der Gesamtschau ergibt sich aber ebenfalls ein einmaliges Merkmalsmuster.

### Die Zähne von „*Homo*“ *naledi* weisen ein Merkmalsmosaik auf, das sich von dem aller anderen Homininen unterscheidet.

KUPCZIK et al. (2019) untersuchten die Wurzeln der Unterkiefermolaren von sechs Individuen von „*Homo*“ *naledi* anhand von fünf metrischen Variablen. In Größe und Gesamtaussehen ähneln die Molarenwurzeln von „*Homo*“ *naledi* drei Funden von *Homo* sp. aus Südafrika. Das Verhältnis des Halses zu den Zweigen der Zahnwurzeln von „*Homo*“ *naledi* ist ähnlich dem von *Australopithecus africanus* und *Paranthropus*-Arten. „*Homo*“ *naledi* teilt auch die Größenfolge des Wurzelvolumens mit *Australopithecus* und *Paranthropus* ( $M2 > M3 > M1$ ), nicht aber mit irgendeiner anderen *Homo*-Art ( $M2 > M1 > M3$ ).

Zusammenfassend ist festzustellen, dass alle jüngeren Studienergebnisse der Zähne von „*Homo*“ *naledi* Merkmale festgestellt haben, die diese Homininen-Art von allen anderen Homininen deutlich unterscheidet.

DAVIS et al. (2020) untersuchten die Kronenmorphologie der Prämolaren des Unterkiefers von „*Homo*“ *naledi* im Bereich der Schmelz-Dentin-Grenze. Bisherige Studien haben gezeigt, dass sie spezifisch für Homininen-Taxa ist. Die Schmelz-Dentin-Grenze der Prämolaren von „*Homo*“ *naledi* unterscheidet sich von der aller anderen Homininen-Taxa. Aus diesem Ergebnis schließen DAVIS et al. (2020) auf eine Nahrungsnische von „*Homo*“ *naledi* in Südafrika, die sich von der aller anderen Homininen unterscheidet.

Auch BERTHAUME et al. (2018) schließen auf die Bewohnung einer speziellen ökologischen Nische durch „*Homo*“ *naledi*. Die Zähne von „*Homo*“ *naledi* zeigen, dass dieser frühe Hominine Nahrung mit zwar ähnlichen mechanischen Bruchereigenschaften, aber mit mehr abrasiven Partikeln (d. h. abschleifend, z. B. Körner) als *Australopithecus*, *Paranthropus* und *Homo* sp. konsumierte.

Als Retzius-Streifen oder Perikymatien werden die in starker Vergrößerung sichtbaren, über den gesamten Schmelzmantel verteilten Wachstumslinien des Zahnschmelzes bezeichnet. Die Perikymatien unterscheiden sich in der Verteilung bei den frühen Homininen-Arten, wobei es aber auch Musterüberlappungen gibt.

GUATELLI-STEINBERG et al. (2018) untersuchten bleibende Vorderzähne (Schneidezähne, Eckzähne) von „*Homo*“ *naledi* und anderen menschlichen und nichtmenschlichen Homininen. Die Studie zeigt, dass das Merkmalsmuster der Retzius-Streifen von „*Homo*“ *naledi* von dem der anderen Homininen unterscheidet. Insgesamt weist dieser Befund auf Unterschiede im Zahnwachstum von „*Homo*“ *naledi* im Vergleich zu den anderen Homininen hin.

### Mittelohr

ELLIOT et al. (2018) untersuchten den Amboss (Incus) von „*Homo*“ *naledi*, der in der Gehörknöchelkette des Mittelohres die mittlere Position zwischen Hammer und Steigbügel einnimmt. Dabei standen den Autoren drei Exemplare zur Verfügung, die wahrscheinlich von drei „*Homo*“ *naledi*-Individuen stammen. Die drei Gehörknöchelchen ähneln denen von Schimpansen und *Paranthropus robustus* mehr als denen vom Menschen (pleistozäner und rezenter *Homo sapiens*, Neandertaler, *Homo* aus dem Mittelpleistozän Europas). In der Hauptkomponentenanalyse für großstandardisierte Variablen liegt „*Homo*“ *naledi* innerhalb der Vertrauensellipse für Gorillas. Der Amboss ist somit ein weiterer Knochen unter vielen schon bekannten Skelettelementen von „*Homo*“ *naledi* mit einer menschenuntypischen Morphologie.

## Hand

Der Daumenmittelhandknochen von „*Homo*“ *naledi* (Abb. 2) weist eine sehr eigentümliche Morphologie auf. Dazu gehören ein scharfer medianer Längskamm und ausgeprägte Muskelansätze am Knochen.

BOWLAND et al. (2018, 2021) unterzogen diesen Knochen einer erneuten Analyse. Die Autoren kommen zu dem Ergebnis, dass sich „*Homo*“ *naledi* von anderen Homininen durch die Kombination aus einer kleinen proximalen\* Basis, einem grazilen Schaft und distal\* breiten Muskelansätzen (Enthesis) unterscheidet. In diesen Merkmalen ist ein *Australopithecus*-Fund (StW 418) „*Homo*“ *naledi* jedoch ähnlich (BOWLAND et al. (2021)). Der mediane Längskamm des Daumenmittelhandknochens von „*Homo*“ *naledi* wurde von den Autoren nicht vergleichend untersucht. Die Grazilität des proximalen Schaftes und der Basis von „*Homo*“ *naledi* ist ähnlich wie bei Hundsaffen, Orang-Utans, Schimpansen, *Australopithecus afarensis* und *Australopithecus sediba* (BOWLAND et al. 2018, 2021).

### Der Daumenmittelhandknochen von „*Homo*“ *naledi* unterscheidet sich von dem der lebenden und fossilen Primaten.

Im Gegensatz dazu zeichnet sich der Daumenmittelhandknochen des Neandertalers und SK 84 (*Paranthropus* oder *Homo erectus*) durch eine robuste Basis, einen zusammengedrückten Mittelschaft und einen breiten Kamm (Enthesis) für den Ansatz des *Musculus opponens pollicis* („Gegensteller-Muskel des Daumens“) aus. Dagegen besitzt der moderne menschliche Daumenmittelhandknochen eine robuste Basis in Kombination mit einem geraden Schaft und einer mäßigen Enthesisausprägung.

Eine Struktur des Daumenmittelhandknochens von „*Homo*“ *naledi* ist jedoch menschenähnlich: die distale Gelenkfläche (GALETTA et al. 2019).

## Schulter

Obere Extremitätenknochen von „*Homo*“ *naledi* aus der Dinaledi-Kammer wurden bereits publiziert. FEUERRIEGEL et al. (2018) stellten von dieser Spezies neue obere Extremitätenfossilien aus der Lesedi-Kammer vor. Sie stammen von einem Teilskelett (LES 1). Nach FEUERRIEGEL et al. (2018) zeigt das neue Knochenmaterial aus der Lesedi-Kammer funktionell bedeutsame morphologische Aspekte, die beim Fossilmaterial aus der Lesedi-Kammer fehlen. Zu dem neuen Material gehören ein vollständiges



Abb. 2 Daumenmittelhandknochen von „*Homo*“ *naledi* in der Ansicht von palmar\*. Der Knochen ist einmalig strukturiert. Er weist (oben) eine robuste körperferne Hälfte mit einem mediolateral\* weiten Schaft und Kopf und (unten) eine mediolateral und dorsopalmar\* schmale proximale Hälfte und Gelenkfläche auf. Auf der Handflächen-seite verläuft ein prominenter Kamm. (Aus BERGER et al. 2015, CC BY 4.0).

Schlüsselbein, ein gut erhaltener oberer Teil eines Oberarmknochens und der obere Teil einer Elle (Abb. 3-5).

Insgesamt zeigen diese Fossilien wie schon das Material aus der Dinaledi-Kammer Ähnlichkeiten mit *Australopithecus*. „*Homo*“ *naledi* hielt zu Lebzeiten seine Schulter vergleichbar mit *Australopithecus* höher als der moderne Mensch und war somit an das Baumleben angepasst.

### Obere Extremitätenknochen von „*Homo*“ *naledi* aus der Lesedi-Kammer zeigen wie schon das Material aus der Dinaledi-Kammer eine nichtmenschliche *Australopithecus*-ähnliche Morphologie.

## Oberschenkel

FRIEDL et al. (2018) untersuchten die Struktur des Halses und des Schaftes des Oberschenkelknochens von „*Homo*“ *naledi*. Insgesamt zeigt der proximale Femur ein einzigartiges Merkmalsmosaik. Es weist auf ein einmaliges Belastungsmuster hin, das wahrscheinlich in Beziehung zu der einmaligen Anatomie des postcranialen\* Skeletts dieser Spezies steht. Nach FRIEDL et al. (2018) weist das einmalige Merk-



Abb. 3 Rechtes Schlüsselbein U.W. 102a-021 aus der Lesedi-Kammer. Links Ansicht von (v. o. n. u.) oben, vorn, hinten und unten. Rechts Ansicht von (oben) innen und (unten) außen. (Aus HAWKS et al. 2018, CC BY 4.0)



**Abb. 4** Rechtes körpernahes Ulna-Fragment U.W. 102a-015 aus der Lesedi-Kammer. Links Ansicht von (v. l. n. r.) vorn, innen, hinten und außen. Rechts Ansicht von (oben) körperfern und (unten) körpernah. (Aus HAWKS et al. 2018, CC BY 4.0)



**Abb. 5** Linkes körpernahes Oberarmknochen-Fragment U.W. 102a-257 aus der Lesedi-Kammer. Links Ansicht von (v. l. n. r.) hinten, innen, vorn und außen. Rechts Ansicht von (oben) körperfern und (unten) körperfern. (Aus HAWKS et al. 2018, CC BY 4.0)

malsmosaik des Femurs unzweifelhaft auf eine gewohnheitsmäßig zweibeinige Fortbewegung von „*Homo naledi*“ auf dem Erdboden hin. Dies ist eine kühne, nicht naheliegende Schlussfolgerung, denn nur der Mensch bewegt sich unter den Primaten gewohnheitsmäßig zweibeinig fort und besitzt in diesem Zusammenhang zahlreiche Merkmale, die „*Homo naledi*“ nicht aufweist (siehe BRANDT 2017).

### Fuß

- **Sprungbein.** KASL et al. (2019) untersuchten die Trabekelstruktur\* von vier Sprungbeinen von „*Homo naledi*“. Die Struktur der Trabekel dieses Knochens, welche mit dem Belastungsmuster bei der Fortbewegung im Zusammenhang steht, ist bei modernen Großaffen, modernen Menschen und fossilen Homininen unterschiedlich. Der Grad der Anisotropie (Vorzugsrichtung)

der Trabekel des Sprungbeines von „*Homo naledi*“ folgt einem Muster ähnlich dem des modernen Menschen. Hierbei ist aber anzumerken, dass die Methode zur Bestimmung der Anisotropie generell ein großes Problem ist.<sup>2</sup>

Die Trabekeldicke und das Verhältnis von Knochenvolumen zu Trabekelvolumen ist dagegen ähnlich wie bei den lebenden Großaffen und einigen fossilen Homininen. KASL et al. (2019) schließen aus ihren Befunden auf eine vorherrschend menschenähnliche Belastung des oberen Sprunggelenkes.

- **Längenverhältnis Mittelfußknochen/Zehen.** TRAYNOR et al. (2018) bestimmten bei „*Homo naledi*“ das Längenverhältnis der proximalen Phalangen zu den Mittelfußknochen. Die Längenproportion des ersten und zweiten Fußstrahls ist menschenähnlich, die des dritten und vierten Fußstrahls jedoch menschenunähnlich. Die Autoren schließen von diesem Ergebnis auf die Möglichkeit einer einzigartigen Funktion der inneren gegenüber der äußeren Fußsäule.

Der Fuß von „*Homo naledi*“ besitzt neben menschenähnlichen Merkmalen auch eine ganze Anzahl nichtmenschlicher Anpassungen, die auf eine einmalige Fußfunktion hinweisen.

- **Fünfter Mittelfußknochen.** Der fünfte Mittelfußknochen von „*Homo naledi*“ ist in seiner äußeren Form menschenähnlich (DESILVA et al. 2018) und besitzt eine menschenähnlich geringe Dicke der Rinde (DOWDESWELL et al. 2017). Allerdings ist die Steifheit dieses Knochens großaffenähnlich und es fehlt eine menschenähnliche Verjüngung nach distal. Mit dieser Merkmalskombination unterscheidet sich „*Homo naledi*“ von allen anderen Homininen. DOWDESWELL et al. (2017) ziehen von diesen anatomischen Verhältnissen den weitreichenden funktionellen Schluss auf eine fehlende menschenähnliche Belastung des Fußes von „*Homo naledi*“ im Außenbereich (laterale Säule), fügen aber einschränkend hinzu, dass die funktionelle Interpretation der einmaligen Morphologie des fünften Mittelfußknochens von „*Homo naledi*“ weitere vergleichende Untersuchungen des Körperstamm- und Extremitätenskeletts erfordert.

### Wer war „*Homo naledi*“?

Die neueren Studien haben das bisherige morphologisch-funktionelle Bild von „*Homo naledi*“ verfestigt. Dieser fossile Hominine besitzt ein ausgeprägt einzigartiges Merkmalsmosaik aus einmaligen Merkmalen, vielen großaffenähnlichen Merkmalen und einigen menschenähnlichen Merkmalen. Wegen dieses einmaligen Merkmalsmosaiks ist die (angenommene) evolutionäre Stellung von „*Homo naledi*“ unter Paläanthropologen unklar. So bezeichnen BROPHY

et al. (2021) die Stellung von „*Homo*“ *naledi* als „rätselhaft“ und BAILY et al. (2019) als „zweideutig gegenüber anderen *Homo*-Arten“. Neben dem ausgeprägten einmaligen Merkmalsmosaik trägt auch das unerwartet geringe geologische Alter zu der unklaren Situation in einem evolutionären Rahmen bei. Wegen seiner Merkmale hatte man für „*Homo*“ *naledi* ein hohes geologisches Alter vermutet. Stattdessen ist dieser Hominine mit 236.000–335.000 Isotopenjahren nur wenig älter als *Homo sapiens* mit 200.000 Isotopenjahren. In Anbetracht des einmaligen Merkmalsmosaiks mit zahlreichen großaffenähnlichen Merkmalen ist es unverständlich, warum *naledi*, der sich von allen unzweifelhaft echten lebenden und fossilen Menschen deutlich unterscheidet, in die Gattung *Homo* gestellt wurde. Die zahlreichen nichtmenschlichen Merkmale rücken *naledi* in die Nähe der nichtmenschlichen Homininen. Das von allen Homininen deutlich verschiedene Merkmalsmosaik ist sogar mit einer Einordnung dieser Spezies in eine neue Gattung gut vereinbar. Es ist deshalb verwunderlich, dass die bisherige taxonomische Zuordnung von *naledi* zu *Homo* von Paläanthropologen nicht kritisch diskutiert wird.

Im Grundtypkonzept der Schöpfungslehre ist hingegen die Deutung plausibel, dass *naledi* eine Spezies einer neuen Gattung innerhalb eines Großaffengrundtyps repräsentiert.

## Anmerkungen

- <sup>1</sup> In der Paläanthropologie werden zur Gattung *Homo* auch Funde gestellt, die keine echten Menschen waren. Deshalb ist bei Fossilien des Taxons *Homo* sp. unklar, ob es sich um echte Menschen handelt.
- <sup>2</sup> SHABESTARI OM (2002) Zur Struktur des knöchernen Implantatlagern nach Morphometrie bioptischer und autoptischer Fälle. FU Berlin: Digitale Dissertation: <http://webdoc.sub.gwdg.de/ebook/diss/2003/fu-berlin/2002/271/Kap01.pdf>

## Literatur

- BAILEY SE, BROPHY JK, MOGGI-CECCHI J & DELEZENE LK (2019) The deciduous dentition of *Homo naledi*: A comparative study. *J. Hum. Evol.* 136, 102655.
- BERGER LR, HAWKS J et al. (2015) *Homo naledi*, a new species of the genus *Homo* from the Dinaledi Chamber, South Africa. *eLife* 4:e09560.
- BERTHAUME MA, DELEZENE LK & KUPCZIK K (2018) Dental topography and the diet of *Homo naledi*. *J. Hum. Evol.* 118, 14–26.
- BERTHAUME MA, DELEZENE LK & KUPCZIK K (2019) Corrigendum. *J. Hum. Evol.* 131, 240.
- BOLTER DR, HAWKS J, BOGIN B & CAMERON N (2018) Palaeodemographics of individuals in Dinaledi Chamber using dental remains. *S. Afr. J. Sci.* 114, 1–6.
- BOWLAND LA, SCOTT JE et al. (2018) Pollical metacarpal shaft morphology in *Homo naledi*: A 3D geometric morphometric analysis. *Am. J. Phys. Anthropol.* 165, S66, 34.
- BOWLAND LA, SCOTT JE et al. (2021) *Homo naledi* pollical metacarpal shaft morphology is distinctive and intermediate between that of australopithecids and other mem-

## Glossar

- distal:** körperfern
- dorsopalmar:** von der Rückseite zur Handfläche
- Hominine:** Menschenähnliche; damit werden alle fossilen und lebenden Menschenformen einschließlich ihrer im Evolutionsmodell vermuteten Vorläufer bezeichnet.
- mediolateral:** von der Mitte zur Seite hin
- Milchmolar:** Mahlzahn des Milchgebisses
- Morphologie:** Wissenschaft vom Bau und der Gestalt des Körpers der Lebewesen und seiner Organe.
- palmar:** handflächenseitig
- phylogenetisch:** im Evolutionsmodell die stammesgeschichtliche Entwicklung aller Lebewesen betreffend
- postcranial:** dem Skelett mit Ausnahme des Schädels zugehörig
- proximal:** körpernah
- Trabekelstruktur:** feine Strukturen aus Knochengewebe (Bälkchen), mit denen der Innenraum vieler Knochen aufgebaut ist

- bers of the genus *Homo*. *J. Hum. Evol.* 158, 103048.
- BRANDT M (2017) *Homo naledi* – neuer Hominine mit vielen Fragezeichen. In: BRANDT M: Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. *Studium Integrale Special 1*, 51–79.
- BROPHY JK, MOGGI-CECCHI H, MATTHEWS GJ & BAILEY SE (2021) Comparative morphometric analysis of the deciduous molars of *Homo naledi* from Dinaledi Chamber, South Africa. *Am. J. Phys. Anthropol.* 174, 299–314.
- DAVIS TW, DELEZENE LK et al. (2020) Distinct mandibular premolar crown morphology in *Homo naledi* and its implications for the evolution of *Homo* species in southern Africa. *Scientific Reports* 10:13196.
- DESILVA J, MCNUTT E, BENOIT J & ZIPPEL B (2018) One small step: A review of Plio-Pleistocene hominin foot evolution. *Yrb. Phys. Anthropol.*, 1–78.
- DOWDESWELL MR, JASHASHVILI T et al. (2016) Adaptation to bipedal gait and fifth metatarsal structural properties in *Australopithecus*, *Paranthropus*, and *Homo*. *C. R. Palevol* 16, 585–599.
- ELLIOTT MC, QUAM R et al. (2018) Description and analysis of three *Homo naledi* incisors from the Dinaledi Chamber, Rising Star cave (South Africa). *J. Hum. Evol.* 122, 146–155.
- FEUERRIEGEL EM, VOISIN J-L et al. (2018) The upper limb of *Homo naledi*. New material from the Lesedi Chamber, Rising Star System, South Africa. *Am. J. Phys. Anthropol.* 165, S66, 84.
- FRIEDL L, CLAXTON AG et al. (2019) Femoral neck and shaft structure in *Homo naledi* from the Dinaledi Chamber (Rising Star System, South Africa). *J. Hum. Evol.* 133, 61–77.
- GALETTA L, STEPHENS NB et al. (2019) Three-dimensional geometric morphometric analysis of the first metacarpal distal articular surface in humans, great apes and fossil hominins. *J. Hum. Evol.* 132, 119–136.
- GUATELLI-STEINBERG D, O'HARA MC et al. (2018) Patterns of lateral enamel growth in *Homo naledi* as assessed through perikymata distribution and number. *J. Hum. Evol.* 121, 40–54.
- HAWKS J, ELLIOTT M et al. (2017) New fossil remains of *Homo naledi* from the Lesedi Chamber, South Africa. *eLife* 6:e24232.
- IRISH JD, BAILEY SE et al. (2018) Ancient teeth, phenetic affinities, and African hominins: Another look at where *Homo naledi* fits in. *J. Hum. Evol.* 122, 108–123.
- KASL CP, RAGNI AJ & HARCOURT-SMITH WEH (2019) An analysis of the trabecular morphology of the *Homo naledi* talus, and its inferred functional implications. *Am. J. Phys. Anthropol.* 168, S68, 120.
- KUPCZIK K, DELEZENE LK & SKINNER MM (2019) Mandibular molar root and pulp cavity morphology in *Homo naledi* and other Plio-Pleistocene hominins. *J. Hum. Evol.* 130, 83–95.
- TRAYNOR S, SAMS AJ & THROCKMORTON Z (2018) Metatarsophalangeal proportions of *Homo naledi*. *Am. J. Phys. Anthropol.* 165, S66, 276.

# Streiflichter

## ■ Gelbe Pilzblüte – täuschend echt

Mit Pilzen verbinden wir Speisepilze oder auch Giftpilze, aber auch vielerlei Krankheiten beim Menschen oder bei Nutzpflanzen. Eine sehr ausgefallene Art, sich eines pflanzlichen Wirts zu bemächtigen, wurde kürzlich bei der Pilzart *Fusarium xyrophilum* entdeckt, die zu den Schlauchpilzen gehört. Diese Art ahmt bei befallenen Arten Blüten nach, ein sehr selten vorkommendes Phänomen. Anders als in anderen Fällen wird durch den Befall mit *Fusarium* nicht pflanzliches Gewebe umgewandelt, sondern der Pilz selbst bildet Blütenimitate (Pseudoblüten) ausschließlich aus Pilzgewebe – eine bisher einmalige Beobachtung.

*Fusarium* befallt einige wenige Arten der sehr artenreichen und meist gelb blühenden Gattung *Xyris* (Gelbgras), die zur Ordnung der Süßgräserartigen (Poales) gehört.

Entdeckt wurden die Pseudoblüten in den Savannen des südamerikanischen Guyana von Kenneth WURDACK. Einige etwas ungewohnt gestaltete *Xyris*-Blüten waren ihm aufgefallen. Diese entpuppten sich nicht als Blütenvarianten, sondern

als Pilzgewebe. Zusammen mit einem Team untersuchte WURDACK zwei der betroffenen Arten – *Xyris setigera* und *X. surinamensis* – genauer (LARABA et al. 2020). Die Forscher stellten fest, dass der Pilz nicht nur die Blüten nachahmt, sondern einen Duft erzeugt, der dem Blütenduft entspricht und UV-Licht reflektiert, das für die Bestäuber anziehend wirkt. Bevor der Pilz selber Pseudoblüten bildet, sterilisiert er die Wirtspflanzen, so dass diese keine echten Konkurrenten um den (Pseudo-) Blütenbesuch durch Insekten bilden. Vermutlich fördert der Pilz durch die Bildung der Pseudoblumen seine eigene Verbreitung, denn auch die Pseudoblumen werden von Bienen besucht, wodurch Pilzsporen verbreitet werden können.

Wie sich diese komplexe Form der Pseudoblumen-Bildung entwickelt haben könnte, ist unbekannt. Das System scheint nur im Wesentlichen ganz oder gar nicht zu funktionieren. Unklar ist auch, weshalb die Beziehung von Parasit und Wirt so wirtsspezifisch ist – sie wurde nur bei vier der über 250 *Xyris*-Arten entdeckt. „Und wie kann ein Pilz, der die Pflanzenfruchtbarkeit derart beeinträchtigt, mit seinem Wirt koexistieren?“ fragt das *Deutsche Bie-*

*nen-Journal* (4/2021, S. 4). Darüber hinaus stellt sich die Frage, wie ein Pilz überhaupt eine neue Verbreitungsstrategie „erfindet“, zumal nach evolutionstheoretischen Vorstellungen ein Vorteil der neuen Strategie gegenüber der bisherigen vorliegen sollte. Doch ein solcher Vorteil ist fraglich, denn die übliche Verbreitung von Pilzsporen durch den Wind ist so wirksam, dass Pilzsporen als „allgegenwärtig“ gelten; wozu sollten also Insekten für die Verbreitung engagiert werden? Man könnte allenfalls mutmaßen, dass der gezielte Transport der Sporen vom energetischen Aufwand her ein Vorteil sein könnte, weil weniger Sporen produziert werden müssen. Anspruchsvoll ist auch die Fähigkeit, die Wirtspflanze an der Blütenbildung zu hindern, ohne sie abzutöten. Die Schöpfung zeigt sich hier einmal mehr von ihrer sehr ausgefallenen Seite.

[LARABA I, McCORMIC SP et al. (2020) Pseudoflowers produced by *Fusarium xyrophilum* on yellow-eyed grass (*Xyris* spp.) in Guyana: A novel floral mimicry system? *Fungal Genetics and Biology* 144, 103466. 8.] *R. Junker*

## ■ Gelenkschmiere in Beingelenken von Käfern

Insekten erweisen sich bei genauer Betrachtung als Fundgrube für erstaunliche Entdeckungen und damit auch als Ideenlieferanten zur Lösung technischer Probleme. Wissenschaftler der Universitäten Kiel und Aarhus (Dänemark) haben beim Großen Schwarzkäfer (*Zophobas morio*) an einem Beingelenk eine Art Schmiermittel entdeckt, mit dem Reibung und Verschleiß reduziert werden. Es handelt sich um das Gelenk, das Schenkel (Femur) und Schiene (Tibia) verbindet; die Position und Funktion dieses Gelenks entspricht dem menschlichen Kniegelenk.

Bei Wirbeltieren sind die Gelenke typischerweise von einer Gelenkkapsel umgeben, die Flüssigkeit enthält, wodurch hydrodynamisch die Reibung der Knorpelflächen reduziert und das Gelenk vor Schädigung geschützt wird. Insekten sind



Abb. 1 Echte Blüte des Gelbgrases *Xyris* links und zwei Pseudoblüten in zwei Stadien. (Bild: Kenneth J. WURDACK, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington, DC)

durch ein Exoskelett (Außenskelett) charakterisiert, der Kutikula, einer mehrschichtigen Hülle aus Chitin-basiertem Kompositmaterial, die den Organismus umgibt, stabilisiert und schützt. Für den Stoffaustausch weist die Insektenhülle kleine Poren oder Kanäle auf. Die Beingelenke sind nicht eingekapselt, sondern nach außen offen; der Innenraum des Körperglieds ist hinter dem Gelenk durch eine Membran abgedichtet.

Durch mikroskopische Untersuchungen konnten NADEIN et al. (2021) zeigen, dass die Kontaktflächen der Kutikula von Femur und Tibia – mit Ausnahme der Drehpunkte des Gelenks – viele kleine Poren mit einem Durchmesser von ca. 1  $\mu\text{m}$  aufweisen. Durch diese Poren wird eine Substanz gepresst, die an Spaghetti erinnert und in unterschiedlicher Form und Länge (bis zu 100  $\mu\text{m}$ , bei größeren Mengen klumpige Aggregate bis 200  $\mu\text{m}$ ) auf der jeweiligen Oberfläche der Kutikula mikroskopisch dokumentiert ist. Aufgrund von infrarotspektroskopischen Untersuchungen gehen die Autoren davon aus, dass die Substanz vor allem aus Proteinen besteht. Die einzelnen Pressstränge können den Befunden zufolge bei Scherkräften leicht in kürzere Stücke zerteilt und damit auf große Areale verteilt werden.

Nach den Vorstellungen der Autoren wirkt das proteinhaltige Material mit zähflüssigen und elastischen Eigenschaften als Gleit- und Schmiermittel. Wenn der Abstand

der Oberflächen der beiden Beinglieder im Gelenk kleiner als 1  $\mu\text{m}$  wird, deformieren sich die Pressstrangstücke mit zunehmender Belastung und verhindern damit einen direkten Kontakt der beiden Kutikula-Oberflächen und damit deren mechanische Abnutzung. Um die Wirkung der Schmiermittelsubstanz als Gleitmittel zu demonstrieren, wurde der Reibungskoeffizient ( $\mu$ ) zwischen zwei Glasoberflächen bestimmt, die dabei gegeneinander verschoben werden. Wenn die Glasoberflächen in direktem Kontakt miteinander sind (ohne Gleitmittel), so ergibt sich ein durchschnittlicher Wert für  $\mu$  von 0,35; bei Verwendung der Insektengelenkschmiere zwischen den Glasoberflächen verringert sich dieser Wert auf 0,13. Dieser Wert ist vergleichbar mit dem Wert von 0,14, der erreicht wird, wenn sich zwischen den Glasoberflächen Polytetrafluorethylen befindet (das als „Teflon“ bekannt ist, ein synthetisches Polymer, zur Antihaft-Beschichtung mit niedrigem Reibungskoeffizienten).

In vergleichenden Untersuchungen konnten NADEIN et al. (2021) sowohl Poren als auch durch sie ausgetretene Substanzen auch in den Beingelenken anderer Käfer finden. Da sie dies auch bei der aus evolutionärer Perspektive mit Käfern nur entfernt verwandten Argentinischen Waldschabe (*Blattella germanica dubia*) nachgewiesen haben, vermuten sie, dass es sich um einen generellen Mechanismus bei Insekten handeln könnte.



**Abb. 2** Elektronenmikroskopische Aufnahmen der glatten und teilweise strukturierten Oberflächen der Kutikula mit Poren und den ausgeschiedenen Presssträngen, die als Gelenkschmiere wirken. (Mit freundlicher Genehmigung von Konstantin NADEIN, Universität Kiel)



**Abb. 1** Großer Schwarzkäfer (*Zophobas morio*); in der Aufnahme sind von den Beinen jeweils Schenkel (Femur), Schiene (Tibia) und Fuß (Tarsus) zu erkennen. (EVANHERK, CC BY-SA 3.0)

Der unterschiedlichen Gelenk-konstruktion bei Wirbeltieren und Insekten scheint also ein jeweils entsprechendes Prinzip zur Reduktion der Reibung und Schutz vor Abnutzung zugrunde zu liegen. Während bei Wirbeltieren ein flüssigkeits-basierter Mechanismus wirksam ist (gemeinsam mit weiteren Einrichtungen), sorgt in Insekten eine halb-feste und viskose Substanz dafür, dass ein direkter Kontakt der beteiligten Oberflächen und damit Abrieb oder Beschädigung vermieden wird.

Abschließend heben die Autoren die Bedeutung von Insekten hervor, die diese in der biomimetischen Forschung gerade bei Miniatursystemen haben. Die erstaunliche Lösung, die Insekten für die Reduzierung von Reibung in offenen Gelenksystemen nach NADEIN et al. „entwickelt“ haben, ist tatsächlich bewundernswert. Zu dieser postulierten Entwicklung ist bisher nichts bekannt; aber das erstaunliche Prinzip kann auch als Hinweis auf ein Konzept und damit auf einen Schöpfer verstanden werden.

[NADEIN K, KOVALEV A, THOGENSEN, WEIDNER T & GORB S (2021) Insects use lubricants to minimize friction and wear in leg joints. Proc. R. Soc. B 288: 20211065] H. Binder

## ■ Dem Magnetsinn beim Rotkehlchen auf der Spur

Die Fähigkeit, das Erdmagnetfeld zur Orientierung bei Fortbewegung auf dem Land, im Wasser oder in der Luft zu nutzen, ist bei vielen Tieren beobachtet und beschrieben worden. Das Zugverhalten von Vögeln ist dafür ein bekanntes Beispiel. Versuche, die zugrundeliegenden Mechanismen aufzuzeigen und zu verstehen, führten zu verschiedenen Modellen (BINDER 2017). Deren grundsätzliche Wirksamkeit kann im Laborexperiment (bei vergleichsweise hohen Magnetfeldstärken) demonstriert werden. Ob sie aber auch unter den natürlichen Bedingungen bei den geringen Feldstärken des Erdmagnetfeldes funktionieren, wird nach wie vor kontrovers diskutiert.

Aus der physikalischen Chemie ist bekannt, dass chemische Reaktionen, bei denen Systeme mit Radikalpaaren auftreten (Moleküle mit zwei einzelnen ungepaarten Elektronen), durch Magnetfelder beeinflussbar sind. Ein auf solchen Radikalpaaren beruhender Mechanismus

ist für den Kompass in der Retina (Netzhaut) von Zugvögeln vorgeschlagen worden. In Proteinen, die man als Cryptochrome bezeichnet, können solche Radikalpaare durch Licht induziert werden; dabei werden Elektronen nacheinander über mehrere Tryptophane aus dem Polypeptid auf ein nicht kovalent gebundenes Flavin-Adenin-Dinukleotid (FAD) – ein wichtiges Koenzym zur Elektronenübertragung – schrittweise übertragen.

Das Europäische Rotkehlchen (*Erithacus rubecula*) ist als Nachtzieher bei der Erforschung des Magnetsinns ein etabliertes Untersuchungsobjekt. Ein internationales Forschungsteam hat das Cryptochrom 4 aus der Retina von *E. rubecula* biotechnologisch produziert. Durch verschiedene spezielle spektroskopische Methoden haben die Autoren gezeigt, dass im Cryptochrom 4 Elektronen schrittweise über 4 Tryptophane zum FAD übertragen werden können. Zu Vergleichszwecken wurde in vier modifizierten Proteinen jeweils eines dieser Tryptophane durch die Aminosäure Phenylalanin ersetzt (durch

entsprechende ortsspezifische Mutationen). Die Lebensdauer der Radikale im Wildtyp-Protein ist im Vergleich zu den mutierten Formen am längsten und damit auch die Möglichkeit am größten, als magnetischer Sensor zu wirken. Im Labor zeigt ein Vergleich mit dem entsprechenden Cryptochrom 4 von Felsentaube (*Columba livia*) und Bankivahuhn (*Gallus gallus*; Wildform des Haushuhns), die beide nicht ziehende Vögel sind, dass das Protein aus *E. rubecula* deutlich höhere magnetische Empfindlichkeit aufweist.

In weiteren Experimenten konnte auch gezeigt werden, dass das potenzielle Sensorprotein in Gegenwart von Luft und Sonnenlicht (durch Oxidation des FAD) wieder in den Ausgangszustand versetzt wird, damit regeneriert und wieder als Sensor verfügbar ist. Damit das Cryptochrom als Magnetsensor im lebenden Organismus (in vivo) bei den vorherrschenden geringen Stärken des Erdmagnetfeldes (ca. 50  $\mu\text{T}$  = Mikrottesla) wirken kann, d. h. sowohl die Funktion des Sensors als auch des entsprechenden Signalgebers erfüllen kann, muss die Lebensdauer des Radikalpaares um eine Größenordnung größer sein, als in den Experimenten mit gelöstem Protein gezeigt werden konnte (größer als 1  $\mu\text{s}$  im Vergleich zu 100 ns). Xu et al. (2021) spekulieren darüber, dass dies durch entsprechende Fixierungen des Proteins in der natürlichen Umgebung und Kooperation mit anderen Proteinen möglich sein könnte. Es bleibt also noch eine ganze Reihe von Fragen offen.

Xu et al. (2021) haben mit ihrer Arbeit erstmals experimentell gezeigt, dass das Cryptochrom 4 aus der Retina von *E. rubecula* der Grundbaustein des Magnetsinns beim Rotkehlchen sein könnte. In diesem Protein können durch Licht angeregte Radikalpaare gebildet werden, die sich als magnetisch sensitiv erweisen. Schon jetzt aber wird erkennbar, dass in den Organismen, in denen dieser Mechanismus für den Magnetsinn möglicherweise realisiert ist, die molekularen Anordnungen hoch spezifisch und in einer noch unbekanntenen Weise optimiert sein müssen.



Abb. 1 Rotkehlchen (*Erithacus rubecula*). (Nicky RHODES, Adobe Stock)

[BINDER H (2017) Magnetfeld-basiertes GPS im Tierreich. Stud. Integr. J. 24, 104-107 • XU J et al. (2021) Magnetic sensitivity of cryptochrome 4 from a migratory songbird. Nature 594, 535–540.] H. Binder

## ■ Primitivität kein Wegweiser für Evolution

Wenn es eine allgemeine Evolution der Lebewesen gegeben hat, müssen alle Formen des Lebens letztlich auf morphologisch und genetisch einfachere Vorgängerstadien zurückgeführt werden können. Rückbildungen sind damit nicht ausgeschlossen, aber auch das, was rückgebildet wurde, musste zuvor aufgebaut worden sein. Es ist also klar, das im Rahmen des Evolutionsparadigmas nach einfacheren Vorläufern gesucht werden muss. Auch Wirbeltiere müssten über einfachere Vorstufen entstanden sein. Der Fossilbericht gibt hierzu allerdings kaum Auskunft. Wie in vielen anderen Fällen müssen sich Befürworter der Evolutionstheorie mit Modellen begnügen, wie solche Vorläufer ausgesehen haben könnten. Hier schienen die wurmförmigen Larven (Ammocoetes) der Neunaugen geeignet zu sein, denn sie sind besonders einfach gebaut und wurden häufig als Relikte aus den Anfängen der Wirbeltier-Evolution interpretiert. Die Ammocoetes-Larven sind augenlos, vergraben sich nach dem Schlüpfen im Flussbett und filtern mit borstenartigen Strukturen Nahrungspartikel aus dem Wasser. Sie ähneln oberflächlich dem heute lebenden 4-7 cm langen Lanzettfischchen (*Branchiostoma*). Ausgewachsene Neunaugen verdanken ihren Namen sieben Kiemenspalten und einer Nasenöffnung, die beiderseits den Augen an der Körperseite folgen und bei flüchtigem Anblick wie Augen aussehen. Neunaugen besitzen einen aalartigen Körper; ihr kieferloses rundliches Maul ist mit kleinen Zähnen besetzt. Damit heften sie sich an Fische und saugen ihr Blut.

**Fossilfunde von Neunaugenlarven.** Nun hat eine Forschergruppe die bisher ältesten Larven- und Jugendformen von vier Neun-

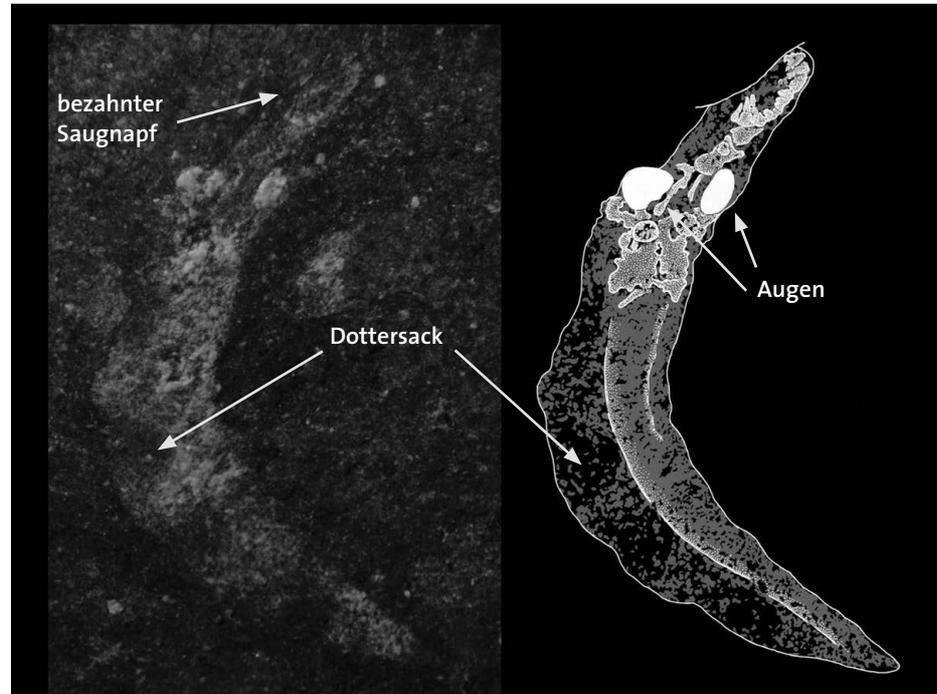


Abb. 1 Fossil einer frisch geschlüpften Neunaugenlarve aus dem Oberdevon. Das Tier ist nur wenige Millimeter groß. (Bild: Tetsuto MIYASHITA)

augen in den USA und in Südafrika entdeckt (MIYASHITA et al. 2021). Die Fundschichten werden dem Karbon und oberen Oberdevon (Famennium) zugeordnet, deren Alter mit 310 bzw. 360 Millionen radiometrischen Jahren (MrJ) angegeben wird. Sie sind damit ca. 200 MrJ älter als die bisher bekannten ältesten Neunaugenfossilien. Bei der Gattung *Priscomyzon* wurden sogar Exemplare vom Stadium des Schlüpfens (Abb. 1) bis zum Erwachsenenstadium nachgewiesen. Überraschenderweise fehlen den Larven aller vier Gattungen die definierenden Merkmale der Ammocoeten. Stattdessen weisen sie Merkmale auf, die sonst nur bei den erwachsenen heute lebenden Neunaugen zu finden sind, wie z. B. hervorstehende Augen, den typischen gezähnten Saugnapf und vereinigte Kiemenkörbe. Die Analyse der Merkmalsverteilungen ergab, dass die fossilen Larven mindestens drei unabhängigen Stammlinien der Neunaugen zugeordnet werden müssen. Damit liegt es nahe, dass diese komplexer gebauten Larven evolutionär als ursprünglich zu werten sind und somit die heutigen einfacher gebauten Ammocoeten-Larven Rückbildungen sind. Die Forscher deuten diese Rückbildungen als Anpassungen an das Leben in Flüssen. Die

einfach gebauten Ammocoeten-Larven eignen sich somit nicht als Wirbeltier-Vorläufer bzw. sie erlauben keine Einblicke in deren frühe evolutionäre Geschichte. Ihre Einfachheit wurde als Urtümlichkeit fehlinterpretiert – so die Autoren. Diese Deutung war schon zuvor nicht unangefochten. Fossilien der Gattungen *Metaspriggina* und *Myllokunmingia* werden alternativ als mögliche Wirbeltiervorläufer diskutiert.

Das Beispiel zeigt einmal mehr, dass die Orientierung an Einfachheit oder Komplexität keine sichere Beurteilung evolutiver Vorgänge ermöglicht. Einfachheit kann in evolutionärer Deutung auch als Folge einer Rückbildung interpretiert werden. Die Entstehung von Wirbeltieren bleibt aus evolutions-theoretischer Sicht mehr denn je im Dunkeln. Bemerkenswert ist, dass während die Larven verschiedener Neunaugen große Unterschiede aufweisen, die ausgewachsenen Tiere ausgesprochen konstant in ihrer Ausprägung sind. Die neuen Fossilfunde reißen zudem eine große Überlieferungslücke von ca. 200 MrJ auf.

[MIYASHITA T, GESS RW, TIETJEN K & COATES MJ (2021) Non-ammocoete larvae of Palaeozoic stem lampreys. Nature 591, 408–412.] R. Junker

■ **Sequentielle Mauser – „modernes“ Vogelmerkmal bei einem Dinosaurier?**

Wenn ein Wirbeltier flugtaugliche, asymmetrische Federn besitzt, bezeichnet man es üblicherweise als „Vogel“. Nicht so bei *Microraptor*, der zur Dinosaurier-Gruppe der Dromaeosauridae gerechnet und einer eigenen evolutionären Linie zugeordnet wird. Ungewöhnlich an dieser Gattung ist ihre Vierflügeligkeit. CHATTERJEE & TEMPLIN (2007) vermuten, dass *Microraptor* eine Art Doppeldecker-Gleitflug ausübte. Aber es spricht einiges dafür, dass er auch aktiv fliegen konnte (PEI et al. 2020).

Dass *Microraptor* ein gewohnheitsmäßiger Flieger war, darauf weisen neue Befunde über seine Mauser hin. KIAT et al. (2021, 3635) konnten bei einem Exemplar eine deutliche Lücke im rechten Flügel nachweisen – ein Hinweis auf eine schrittweise Ersetzung der Federn. Diese Entdeckung liefere „den ersten klaren Beweis für eine sequentielle Flügelfedermauser im Fossilbericht und die erste Identifizierung der Mauser bei Dinosauriern, die nicht zu den Vögeln gerechnet werden“ (KIAT et al. 2021, 3636). Die fossile Dokumentation dieser fortgeschrittenen Strategie der Federmauser reicht mit diesem Fund um bis zu 50 Mil-

lionen radiometrische Jahre weiter zurück als bisher bekannt, und trat „schon früh in der Evolution der Paraves“ auf; die Fundschichten von *Microraptor* werden auf etwa 120 Millionen radiometrische Jahre datiert. Die sequentielle Mauser ist für die Forscher ein starkes Indiz dafür, dass *Microraptor* dauerhaft und ununterbrochen flugfähig war.

Wie gelangen die Autoren zu dieser Schlussfolgerung? Sie erhoben Daten von 51 flugunfähigen heutigen Vogelarten, von weiteren 61 Arten, die während der Mauser flugunfähig sind, und von 190 Arten, die auch während der Mauser flugfähig sind. Eine aktuelle Phylogenie-Rekonstruktion ergab, dass sequentielle Mauser unter den „modernen“ Vögeln ursprünglich gewesen sein muss, während simultane Mauser, bei der alle Federn gleichzeitig abgeworfen werden, als abgeleitet eingestuft wird (KIAT et al. 2021, 3633). Weiter zeigt sich eine strenge Korrelation zwischen Mauser-Strategien und Flugfähigkeiten. Keine flugunfähige Art mausert sequentiell. Bei erst vor kurzem flugunfähig gewordenen Arten wie beim Insekormoran ist die Mauser irregulär (KIAT et al. 2021, 3634). Aus der Mauser-Strategie kann daher bei heutigen Arten klar auf die Flugfähigkeit geschlossen werden; sequentielle Mauser ist ein klarer

Hinweis darauf, dass die Flugfähigkeit während der Mauser erhalten bleibt. Außerdem konnten die Forscher eine Korrelation zwischen Mauser-Strategie und dem besiedelten Lebensraum feststellen (KIAT et al. 2021, 3634).

Aufgrund der Befunde bei *Microraptor* schließen die Forscher, dass *Microraptor* seine Flugfähigkeit wahrscheinlich das ganze Jahr über beibehielt, auch während der Zeit der Mauser. Somit sei der Flug entweder für die tägliche Nahrungssuche oder die Flucht vor Raubtieren unerlässlich gewesen. Die Belege für eine sequentielle Mauserstrategie unterstützen ihrer Einschätzung nach die Existenz ausgeprägter aerodynamischer Fähigkeiten, die entweder aus Schlag- oder Gleitflug bestehen könnten, oder zumindest die Notwendigkeit des Fluges während des gesamten Jahreszyklus, einschließlich der Mauserzeit, für das tägliche Überleben. Die „ausgefeilten Flugfähigkeiten“ von *Microraptor* würden auch durch den starken Grad der Asymmetrie seiner Flügel Federn und das Vorhandensein eines Daumenfittichs unterstützt (KIAT et al. 2021, 3636). Der Daumenfittich (Alula, Federn am Daumen des Vogelflügels) ist wichtig für die Bremswirkung beim Flug.

Aus evolutionstheoretischer Sicht ergibt sich, dass einmal mehr moder-



Abb. 1 Holotyp-Fossil von *Microraptor gui*. Weiße Pfeile zeigen auf die erhaltenen Federn. Maßstab: 5 cm. (PLoS ONE 5(2): e9223, CC BY 2.5)

ne Merkmale früh in der Geschichte einer Formengruppe etabliert sind. Und da *Microaptor* in einen anderen evolutionären Ast als die Vögel gestellt wird, muss diese Art der Mauser mindestens zweimal unabhängig entstanden sein (Konvergenz). Das bedeutet aber auch, dass der Flug mithilfe von Federn bei *Microaptor* unabhängig von den Vögeln entstanden sein müsste (PEI et al. 2020) – aus evolutionstheoretischer Sicht unerwartet und unwahrscheinlich. Damit verlöre der Flug mithilfe von Federn seinen Status als evolutionäres Schlüsselmerkmal.

[CHATTERJEE S & TEMPLIN RJ (2007) Biplane wing planform and flight performance of the feathered dinosaur *Microaptor gui*. PNAS 104, 1576-1580 • KIAT Y, BALABAN A et al. (2021) Sequential molt in a feathered dinosaur and implications for early Paravian ecology and locomotion. Curr. Biol. 30, 3633-3638 • PEI R, PITTMAN M et al. (2020) Potential for powered flight neared by most close avialan relatives, but few crossed its thresholds. Curr. Biol. 30, 1-14.] R. Junker

## ■ „Total unsichere“ Phylogenie an der Basis der Vögel

Vögel gelten heute in der Fachwelt als „lebende Dinosaurier“. In den letzten Jahren wurden zunehmend vogeltypische Merkmale bei Dinosauriern aus der Gruppe der Theropoden\* nachgewiesen. Daher gilt ein schrittweiser Übergang von Dinosauriern zu Vögeln als fossil gut belegt. Nur wenige Merkmale eignen sich demnach, um zwischen Vögeln und Dinosauriern zu unterscheiden. Man könne daher heute keine Grenze mehr zwischen Dinosauriern und Vögeln ziehen. Eine Analyse zahlreicher vogeltypischer Merkmale zeigt jedoch, dass diese in der Regel so unsystematisch auf verschiedene Theropodengruppen verteilt sind, dass evolutionstheoretisch eine mehrfach unabhängige Entstehung angenommen werden muss (Konvergenz\*). Darüber hinaus sind nach aktuellen Phylogenien\* viele dieser Merkmale nicht an der Basis der jeweiligen Gruppen, sondern bei jüngeren Formen ausgeprägt gewesen, womit sie nicht als Merkmale bei mutmaßlichen Vogelvor-

läufern gerechnet werden können (JUNKER 2019).

Die Vögel und die mit ihnen evolutionstheoretisch nächstverwandten Gruppen – die Deinonychosaurier (Troodontidae und Dromaeosauridae) – werden als Paraves\* zusammengefasst. In einer aktuellen Überichtsarbeit über diese Gruppe gelangen AGNOLIN et al. (2019) zu Schlussfolgerungen, die die o. g. Ergebnisse von JUNKER (2019) bestätigen. Sie stellen fest, dass ein Konsens über die phylogenetischen Beziehungen der Paraves längst nicht erreicht ist. Der evolutionäre Übergang zu den Vögeln sei wesentlich komplexer gewesen als bisher angenommen und weitgehend verdeckt durch die mosaikartige Verteilung anatomischer Merkmale im Theropoden-Stammbaum (AGNOLIN et al. 2019, 2). Daher sei das Wissen über die Schritte zum Erwerb anatomischer und verhaltensbiologischer Merkmale, die zum Ursprung des Vogelfluges beitragen, noch immer ungewiss und im Wandel begriffen. Die Autoren stellen weiter fest, dass sie keine klare Abfolge von evolutionären Neuerungen finden konnten. Auch sei der Fossilbericht im Bereich des Übergangs von Dinosauriern zu Vögeln spärlich, und neue Fossilien würden benötigt, um die Lücken zwischen den verschiedenen Kladen (Zweige des Stammbaums) der Paraves zu schließen. Die Natur der frühen Radiation\*, die unter den Paraves zu den Vögeln geführt habe, sei „völlig ungewiss“ („totally uncertain“), ebenso wie ihr Ursprungszentrum und ihre Ausbreitungswege (AGNOLIN et al. 2019, 22).

Es sei außerdem seit langem bekannt, dass viel „Experimentierung“ stattfinde, wenn eine neue adaptive Zone erreicht wird. Daher werde der Übergang von Dinosauriern zu Vögeln von zahlreichen Konvergenzen in eng verwandten Linien bei vogelartigen Merkmalen begleitet. Das Ausmaß der evolutionären Experimentierung und der Konvergenzen in Bezug auf „Vogelartigkeit“, die durch jüngste Entdeckungen, insbesondere aus China, deutlich geworden seien, hätten zur

Folge, dass ein Konsens über phylogenetische Beziehungen schwer zu erreichen sei (AGNOLIN et al. 2019, 22). Dies äußere sich auch darin, dass in den letzten Jahren verschiedene Hypothesen zur Phylogenie der Paraves vorgeschlagen wurden (AGNOLIN et al. 2019, 2).

**Kommentar:** Wenn wirklich eine Evolution abgelaufen wäre, würde man ein solches Ergebnis („totally uncertain“) nicht erwarten. Das Auftreten von Konvergenzen gilt als unwahrscheinlich, erst recht, wenn es vielfach vorkommt. Nicht umsonst konstruiert man Stammbäume so, dass möglichst wenige Konvergenzen angenommen werden müssen. Begriffe wie „Experimentierung“ oder „komplexe Evolution“ verschleiern diesen Umstand nur, ohne etwas zu erklären. Sie stehen für den Befund, dass die Merkmale der einzelnen Gruppen netzartig und nicht baumartig verbunden sind. Evolutionstheoretisch erwartet man aber baumförmige, nicht netzförmige Ähnlichkeitsbeziehungen unter den Gruppen der Lebewesen. Weitere Funde können diese Situation auch nicht mehr grundsätzlich auflösen, könnten aber das „Merkmalsnetz“ noch „dichter“ machen. Bestenfalls kommen durch neue Funde keine neuen netzförmigen Verbindungen mehr hinzu. Die Geschichte der Paläontologie gibt zu dieser Erwartung allerdings wenig Anlass. Diese Situation wiegt umso schwerer, als der mutmaßliche evolutive Übergang von

## Glossar

**Konvergenz:** Zwei- bis mehrfache Entstehung weitgehend baugleicher Merkmale bei nicht abstammungsverwandten Formen.

**Paraves:** Vögel und ihre evolutionstheoretisch nächstverwandten Gruppen. Üblicherweise werden die Deinonychosaurier (Troodontidae und Dromaeosauridae) dazu gerechnet. Als gemeinsames (namengebendes) Merkmal der Deinonychosaurier („schreckliche Klaue“) gilt eine vergrößerte sichelförmige zweite Krallen.

**Phylogenie:** Stammbaumrekonstruktion

**Radiation:** Vielfache evolutionäre Aufspaltung einer Organismengruppe.

**Theropoden:** „Handräuber“, Gruppe zweibeiniger, meist räuberisch lebender Dinosaurier; aus dieser umfangreichen Gruppe sollen die Vögel hervorgegangen sein.

Dinosauriern zu Vögeln als eine der bestbegründeten Evolutionsabfolgen gilt.

[AGNOLIN FL, MOTTA MJ, BRISSON EGLI F, LO COCO G & NOVAS FE (2019) Paravian Phylogeny and the Dinosaur-Bird Transition: An Overview. *Front. Earth Sci.* 6:252. doi: 10.3389/feart.2018.00252 • JUNKER R (2019) Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde. Internet-Publikation. [https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4\\_dinos-voegel.pdf](https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4_dinos-voegel.pdf)] R. Junker

## ■ Das Urknallmodell unter Zeitdruck

Quasare gehören zu den hellsten Objekten im Universum und sind deshalb auch über größte Distanzen auffindbar. Ein Quasar ist das aktive Zentrum einer Galaxie, bestehend aus einem Schwarzen Loch, welches von einer Gasscheibe umgeben ist. Durch die Gravitations-Anziehung kommt das Gas dem Schwarzen Loch immer näher und heizt sich dabei auf. Dadurch sendet es Licht unterschiedlicher Wellenlänge aus, das so hell sein kann, dass es das Licht aller Sterne in der Galaxie um ein Vielfaches übertrifft. Einige Quasare sind zusätzlich von zwei entgegengesetzten Jets begleitet, durch welche Strahlung und Materie in die Umgebung hinausgeschleudert werden.

Im Januar 2021 kündigte ein internationales Team von Astronomen an, dass es mit dem Quasar J0313–1806 den bislang am weitesten entfernten Quasar entdeckt habe (WANG et al. 2021). Dabei

wurde die Entfernung aus der Rotverschiebung des Lichtspektrums abgeleitet, welche für kosmologische Objekte mit zunehmender Distanz anwächst. Im Standardmodell der Kosmologie muss das Licht bereits kurz nach dem Urknall ausgesandt worden sein, damit es genügend Zeit zur Verfügung hatte, um die riesige Distanz zu unserer Milchstraße zurückzulegen. Die Autoren geben an, dass das beobachtete Licht den Quasar nur 630 Millionen Jahre nach dem Urknall und damit um 20 Millionen Jahre früher als den bislang entferntesten Quasar verlassen haben muss.

Mit Hilfe des Lichtspektrums konnten die Forscher grob abschätzen, wie schwer das Schwarze Loch des Quasars J0313–1806 damals gewesen sein muss. Überraschenderweise stellte es sich als sehr massereich heraus, und zwar  $1,6 \pm 0,4$  Milliarden Mal schwerer als die Sonne. Dies wirft die Frage auf, wie ein solch massereiches Schwarzes Loch in vergleichsweise kurzen 630 Millionen Jahren entstehen konnte. Aus der kosmischen Hintergrundstrahlung schließt man nämlich, dass die Materie kurz nach dem Urknall extrem gleichförmig verteilt gewesen sein muss. Außerdem ist bekannt, dass Sterne und Schwarze Löcher nicht beliebig schnell wachsen können (sogenannte Eddington-Grenze). Je mehr Materie diese Objekte an sich ziehen, desto heller strahlen sie und desto mehr verdrängt die Strahlung das zum Wachstum benötigte Gas aus der Umgebung. Selbst wenn das Schwarze Loch mit maxi-

maler Geschwindigkeit gewachsen wäre, hätte der Quasar zur Zeit der ersten Sterne bereits eine Masse von über 10.000 Sonnenmassen haben müssen. Dieser Wert liegt aber jenseits der maximalen Masse der damaligen Schwarzen Löcher, bei denen man davon ausgeht, dass sie durch den Kollaps der ersten Sterne entstanden sind.

Welche Erklärungen gibt es dafür, dass bereits 630 Millionen Jahre nach dem Urknall ein so massereicher Quasar existieren haben könnte? Gegenüber *ScienceNews* schlug Xiaohui FAN, ein Mitautor der Studie, zwei Möglichkeiten vor (TEMING 2021). Entweder können Schwarze Löcher viel schneller wachsen als bisher gedacht oder es gibt einen anderen Mechanismus, durch den Schwarze Löcher im frühen Universum entstanden sein könnten. Dies könnte so abgelaufen sein, dass Schwarze Löcher nicht nur aus dem Kollaps von Sternen, sondern direkt aus dem Kollaps von Gas und Dunkler Materie entsprungen sein könnten (BEGELMAN et al. 2006). Gemäß FAN sind beide Möglichkeiten denkbar, aber keine konnte bisher nachgewiesen werden. Eine dritte Möglichkeit besteht darin, dass der Quasar nicht durch natürliche Prozesse, sondern auf übernatürliche Weise erschaffen worden ist.

Wie könnte sich die Frage nach der Entstehung der ersten Quasare weiter entwickeln? Es ist davon auszugehen, dass in Zukunft dank neuer Technik noch weiter entfernte Quasare entdeckt werden. Nach dem Urknallmodell sollten diese umso masseärmer sein, je weiter sie entfernt sind. Es wird spannend sein zu beobachten, ob sich diese Erwartung erfüllen wird. Bei der Frage nach den Entstehungsmechanismen ist nicht zu erwarten, bald mehr Gewissheit zu haben. Da die vorgeschlagenen Mechanismen lediglich theoretisch oder mit Simulationen, jedoch nicht mit Laborexperimenten untersucht werden können, wird immer eine Unsicherheit bestehen bleiben. Im besten Fall könnten Beobachtungen den einen oder anderen Mechanismus mehr oder weniger plausibel machen.



Abb. 1 Künstlerische Darstellung des Quasars J0313-1806 (NOIRLab/NSF/AURA/J. DA SILVA, CC BY 4.0)

[BEGELMAN MC, VOLONTERI M, & REES MJ (2006) Formation of Supermassive Black Holes by Direct Collapse in Pregalactic Halos. *Monthly Notices of the Royal Astronomical Society* 370, 289–298. doi:10.1111/j.1365-2966.2006.10467.x • TEMMING M (2021) The most ancient supermassive black hole is bafflingly big. <https://www.sciencenews.org/article/most-ancient-supermassive-black-hole-quasar-bafflingly-big> • WANG F, YANG J et al. (2021) A Luminous Quasar at Redshift 7.642. *The Astrophysical Journal Letters* 907, L1. doi:10.3847/2041-8213/abd8c6] P. Trüb

Abbildung online nicht verfügbar

## ■ Planeten ohne Stern

Gegenwärtig werden immer mehr Exoplaneten entdeckt. Das sind Planeten, die sich außerhalb unseres eigenen Sonnensystems befinden. In der letzten Ausgabe des *Studium Integrale Journal* wurde darüber ausführlich berichtet (EHRMANN 2021). Das Kepler-Weltraumteleskop, das eigens zum Zweck des Aufspürens von Exoplaneten in eine Umlaufbahn um die Erde gebracht wurde, hat schon mehrere Tausende Exoplaneten entdeckt. Die allermeisten Exoplaneten drehen sich, wie die Planeten in unserem Sonnensystem, um einen Stern. Einige jedoch sind sternlos und damit im wahrsten Sinne des Wortes Planeten, d. h. rastlose Wanderer. Offiziell werden sie als FFP bezeichnet (englisch für Free-Floating Planet, d. h. freitreibender Planet). FFPs sind kleiner als braune Zwerge, die kleinsten und lichtschwächsten Sterne, aber in der Regel größer als Jupiter. Weil sie selbst kein Licht ausstrahlen, sind die „obdachlosen“ FFPs nur schwer zu entdecken. Als erfolgversprechendste Methode gilt gravitatives Microlensing. Bei dieser Methode (HAN 2004) werden geringfügige Verzerrungen im Licht von Hintergrundsternen gemessen und analysiert. Die Schwerkraft der herrenlosen Planeten ändert vorübergehend die Richtung und Intensität dieses Lichts. Die Dauer sowie die Stärke der Lichtverzerrungen geben dabei Aufschluss über die Größe und Masse der sonst unsichtbaren FFPs.

In einem kürzlich erschienenen Beitrag (MCDONALD 2021) berichtet eine internationale Astronomen-gruppe über neueste Microlensing-

Messungen von FFP-Kandidaten mit Hilfe des Kepler-Teleskops. Es werden dabei nur solche Ereignisse ausgewertet, die gleichzeitig auch in irdischen Microlensing-Surveys als potenzielle FFPs identifiziert wurden, um so andere Ursachen für die Messergebnisse auszuschließen. Die Kepler-Daten sind aber wesentlich genauer und ermöglichen somit präzisere Aussagen über die Beschaffenheit der entdeckten FFP-Kandidaten.

Obwohl bislang nur wenige FFP-Kandidaten gefunden wurden, wird dennoch vermutet, dass sehr viele verwaiste Planeten existieren. Diese Vermutung wird dadurch begründet, dass die Wahrscheinlichkeit, einen FFP zu entdecken, extrem gering ist: Das Kepler-Teleskop kann, nachdem es im Jahr 2016 einen Defekt in der Ausrichtung des Teleskops gab, nur noch in der galaktischen Ebene beobachten, außerdem muss der FFP während der Beobachtung genau vor einem Hintergrundstern vorbei treiben. Anhand bisheriger Beobachtungsreihen wird geschätzt, dass FFPs maximal viermal weniger (MRÓZ 2017) bis doppelt so häufig sind (SUMI 2011) wie gewöhnliche sichtbare Sterne.

Im Rahmen der gängigen Entstehungstheorie von Sternen und Planeten durch das gravitative Zusammenziehen von rotierenden Gasscheiben gibt es drei Szenarien für die Entstehung sternloser Planeten:

1. Verhinderte Sterne, d. h. die zusammenziehende Gasscheibe ist so klein, dass am Ende kein Stern, sondern ein dunkles, gasförmiges Objekt entsteht.

2. Bei der Entstehung von Planeten in der Gasscheibe stören die neuen Planeten sich gegenseitig und einige Planeten werden dadurch aus dem System geschleudert. Dies ist das unwahrscheinlichste Szenario (VERAS 2012).

3. Wenn ein Stern, um den Planeten kreisen, als Nova explodiert und dabei einen großen Teil seiner Masse verliert, sind die Planeten nicht länger durch die Schwerkraft an ihn gebunden und gehen ihren eigenen Weg.

Obwohl es noch zu früh ist, finale Schlüsse zu ziehen, passen die identifizierten FFPs bezüglich Anzahl und Größe grob zu den bisherigen Messungen (MCDONALD 2021). In einem anderen Beitrag (SAMSON 2020) stellt eine Gruppe von Astronomen die Messergebnisse

den theoretischen Erwartungen für Entstehungsszenario 2 gegenüber. Daraus ergibt sich, dass für dieses Szenario die theoretischen Erwartungen deutlich niedriger liegen als die Schätzung von SUMI (2011) und nur mit der Schätzung von MRÓZ (2017) kompatibel sind. Wie hoch die erwarteten Anzahl FFPs aufgrund der Entstehungsszenarien 1 und 3 sind, wird in diesen Beiträgen leider nicht erwähnt.

Wenn weitere FFP-Beobachtungen die Schätzungen von SUMI bestätigen sollten, könnte dies die gängigen Entstehungstheorien in Frage stellen, wenn theoretische Erwartungen für die Entstehungsszenarien 1 und 3 sich ebenfalls als gering erweisen. Aber auch im Rahmen eines Schöpfungsmodells, bei dem solche Objekte nicht auf natürlichem Weg entstanden, sondern Ergebnis eines direkten Schöpfungsaktes wären, fiel es schwer zu erklären, warum es so viele solche Objekte gibt, die doch anders als die Sterne nie mit dem bloßen Auge wahrgenommen werden können. Wenn sich hingegen herausstellen sollte, dass die hier präsentierten Schätzungen an FFPs erheblich nach unten korrigiert werden müssten, könnte dies die Entstehungstheorien bestätigen. Sollten sich im Extremfall alle FFP-Kandidaten als Fehlinterpretation erweisen, würde dies erneut die Entstehungstheorien in Frage stellen, jedoch kompatibel mit einem Schöpfungsmodell sein.

[EHRMANN A (2021) Planeten um ferne Sterne. Stud. Integr. J. 28, 22–29 • HAN C et al. (2004) Gravitational microlensing: A tool for detecting and characterizing free-floating planets. *Astrophys. J.* 604, 372–278 • McDONALD I et al. (2021) Kepler K2 Campaign 9 – I. Candidate short-duration events from the first space-based survey for planetary microlensing. *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 505, 5584–5602; arXiv: 2107.02746 • MRÓZ P et al. (2017) No large population of unbound or wide-orbit Jupitermass planets. *Nature* 548, 183; arXiv: 1707.07634 • SAMSON A J et al. (2020) Predictions of the Nancy Grace Roman Space Telescope galactic exoplanet survey II: Free-floating planet detection rates. *Astron. J.* 160, 123; arXiv: 2006.10760 • SUMI T et al. (2011) Unbound or Distant Planetary Mass Population Detected by Gravitational Microlensing. *Nature* 473, 349; arXiv: 1105.3544 • VERAS D et al. (2012) Planet–planet scattering alone cannot explain the free-floating planet population. *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 421, L117–L121]. *P. Korevaar*

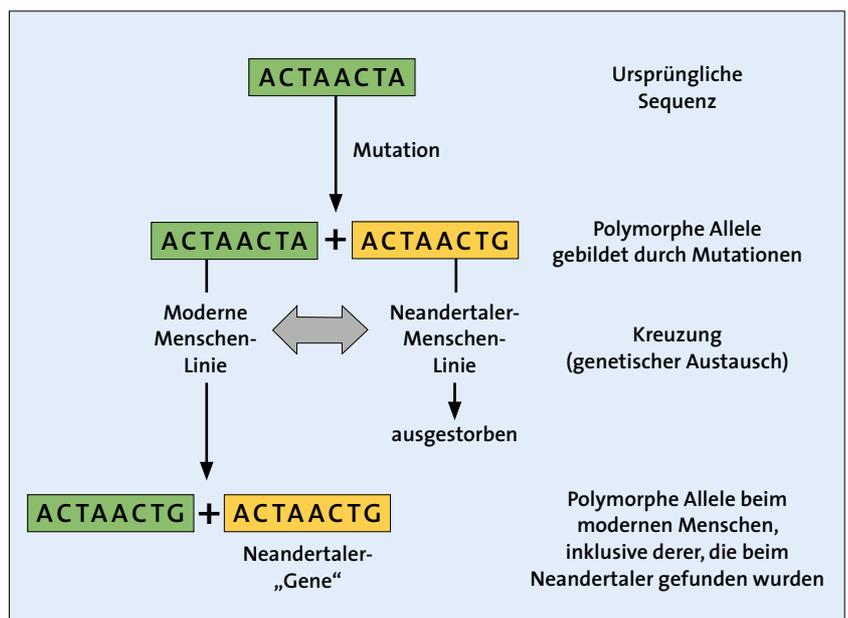
## ■ Kaum einzigartige DNA-Sequenzen im Erbgut des Menschen

Jeder von uns teilt etwa 1–4 % seiner DNA mit den ausgestorbenen Neandertalern (SÁNCHEZ-QUINTO 2012). Diese Aussage ist allerdings missverständlich und dadurch irreführend. Denn es ist nicht gemeint, dass moderne Menschen 1–4 % Neandertaler-DNA haben oder dass 1–4 % unserer Gene von Neandertaler-Vorfahren stammen. In Wirklichkeit geht es um Allele derselben Gene. Damit ist gemeint, dass jedes Gen in verschiedenen Ausprägungen vorkommen kann. So trägt jeder einzelne Mensch in seinem Genom (= gesamtes Erbgut) viele einzigartige Allele, die bei anderen Menschen nicht vorkommen, die aber im Genom der Neandertaler und/oder der Denisovaner zu finden sind.

Das Phänomen, dass jeder von uns unterschiedliche Allele besitzt, die denjenigen der ausgestorbenen Neandertaler gleichen, ist als sogenannte „unvollständige Abstammungssortierung“ (engl: incomplete lineage sorting; ILS) bekannt (Abb. 1). Dieses Phänomen resultiert aus Allelen, die in der Ausgangspopulation (hier: des Menschen) vorhanden waren und sich auf Teilpopulationen verteilt haben wie z. B. die

Linie, die zum modernen Menschen führt, oder die Linie, die zu den Neandertalern führt. Aus diesem Grund muss jeder Versuch, die Abstammung von archaischen Menschen im menschlichen Genom zu kartieren, die Vermischung der Gene dieser frühen Menschen durch die Fortpflanzung von ILS trennen. Darüber hinaus könnte eine Technik, die es ermöglicht, sowohl Vermischung als auch ILS zu identifizieren, die Erstellung eines Katalogs spezifisch menschlicher Genomregionen ermöglichen, der frei von beiden Prozessen ist. Dadurch stünde ein weiteres Mittel zur Prüfung von Hypothesen zur Evolution des Menschen zur Verfügung.

Ein Team von Bioinformatikern hat kürzlich einen neuen Algorithmus namens SARGE (Speedy Ancestral Recombination Graph Estimator) entwickelt, mit dem sie die genomweiten Rekombinationsmuster von 279 modernen menschlichen Genomen, zwei Neandertaler-Genomen und einem Denisovaner-Genom bestimmten (SCHAEFER 2012). Mithilfe ihres neuartigen Algorithmus (Computersoftware) kartierten sie die Abstammung von Neandertalern und Denisovanern sowie die ILS bzw. das Fehlen von beidem in modernen menschlichen Genomen. Sie bestätigten frühere



**Abb. 1** Die gemeinsame genetische Variation in unserer gemeinsamen menschlichen Vorfahrenpopulation ist auch noch weitgehend unter den heutigen Menschen vorhanden, ebenso bei den Neandertalern bis zu ihrem Aussterben. Es können aber auch Konvergenzen oder wiederkehrende Mutationen vorliegen, die unabhängig erworben wurden.

Befunde, wonach es mindestens eine schubartige Vermischungsphase zwischen modernen, nicht-afrikanischen Menschen und Neandertalern gab. Außerdem identifizierten sie mehrere lange und stark divergierende DNA-Sequenzen, die zwar für Neandertaler spezifisch schienen, jedoch auch in einigen modernen menschlichen Populationen gefunden wurden. Demnach ist ein Großteil der heutigen genetischen Variation innerhalb des Menschen auf ILS zurückzuführen. Darüber hinaus nehmen die Autoren der Studie an, dass moderne Menschen mit Denisovaner-Allelen das Ergebnis mehrerer Introgressionsereignisse aus verschiedenen Ursprungspopulationen sein müssen. In der Genetik bezeichnet man mit Introgression den Transfer von genetischem Material von einer Art in den Genpool einer anderen durch die wiederholte Rückkreuzung eines Hybriden (hier: zwischen zwei Unterarten des Menschen) mit einer seiner Elternarten. Die Introgression ist ein zeitaufwendiger Prozess; selbst wenn sie künstlich herbeigeführt wird, kann es viele Hybridgenerationen dauern, bis eine signifikante Rückkreuzung stattfindet.

Dass sich die drei Menschenpopulationen miteinander vermischt haben, ist heutzutage allgemein anerkannt. Aber die Bedeutung dieser Vermischungen wurde möglicherweise unterschätzt. Die Forscher fanden heraus, dass nur 1,5 % des menschlichen Genoms (also seiner Allele; s. o.) sowohl einzigartig sind als auch von allen heute lebenden Menschen geteilt werden. Weitere 7 % des gesamten menschlichen Genoms (von allen Menschenformen) sind enger mit Genomen moderner menschlicher Populationen verwandt als mit denen der alten Neandertaler oder Denisovaner. Diese 1,5 % bis 7 % ausschließlich menschlicher DNA beziehen sich auf menschenpezifische Veränderungen der Sequenzen, die bei keiner anderen menschlichen Form vorkommen und nur bei *Homo sapiens* zu finden sind. Diese Daten müssen jedoch sorgfältig interpretiert werden. Bedeuten sie, dass

moderne Menschen alle bis zu 98,5 % Neandertaler sind? Nein, sie bedeuten eher, dass 98,5 % der Allele, der man im Neandertaler-Erbgut vorfindet, irgendwo in der gesamten Population der modernen Menschen ebenfalls vorkommen. Außerdem wurden dabei diejenigen Stellen nicht berücksichtigt, an denen Denisovaner und Neandertaler durch Mutationen DNA-Sequenzen hinzugewonnen oder verloren haben (sog. Indel-Mutationen). Es ist bekannt, dass beim Vergleich moderner menschlicher Populationen ein genetischer Unterschied von bis zu 12 % aufgrund solcher Zugewinne und Verluste festgestellt werden kann.

Diese neuen Studien zeigen, dass sich Neandertaler und Denisovaner gar nicht so sehr von uns unterscheiden und dass die gegenseitige Vermischung eine viel größere Rolle spielte als bisher angenommen. All dies steht in vollem Einklang mit der Auffassung, dass alle Menschenformen von einem einzigen Paar erschaffener Menschen abstammen, wie es die Bibel berichtet. Die Autoren selbst hängen immer noch der Idee an, dass der Neandertaler ein niedriger entwickelter Hominide sei: Sie diskutieren einige der einzigartigen genetischen Unterschiede in Bezug auf die Gehirnentwicklung (was anscheinend den modernen Menschen dem Neandertaler überlegen macht, obwohl es nicht den geringsten Beleg für diese Deutung gibt). Die Alternative ist, dass die einzigartigen Allele lediglich auf nicht zufällige Mutationen zurückzuführen sind, die in mehreren modernen menschlichen Populationen aufgetreten sind, aber keine Bedeutung für die Biologie oder Selektion haben (BORGER 2020).

[SÁNCHEZ-QUINTO F et al. (2012) North African Populations Carry the Signature of Admixture with Neanderthals. PLoS ONE 7(10): e47765, doi:10.1371/journal.pone.0047765 • SCHAEFFER NK et al. (2021) An ancestral recombination graph of human, Neanderthal, and Denisovan genomes Science Advances 7(29): eabc0776, doi:10.1126/sciadv.abc0776 • BORGER P (2019) Artübergreifende wiederkehrende Mutationen. Oder: Die Illusion der Verwandtschaft. Stud. Integr. J. 26, 77–85.] P. Borger

## ■ 14 „computergesteuerte“ Glieder beim Wimpertierchen

Wimpertierchen sind einzellige Eukaryoten; das sind – anders als Bakterien – Lebewesen mit einem Zellkern und mit Zellorganellen wie Mitochondrien, Golgi-Apparat und Ribosomen. Diese Zellorganellen sind komplexe biologische Gebilde, die hochspezialisierte biochemische Aufgaben übernehmen. Wimpertierchen gedeihen in Meeres- und Süßwasserumgebungen und sind in Boden- und Moosproben unter dem Lichtmikroskop relativ leicht zu beobachten. Die meisten Mitglieder der Gattung sind frei lebend, aber einige Arten leben als Kommensalen im Verdauungstrakt von Seeigeln, das heißt sie leben von den Ressourcen des Wirtes, ohne ihn dabei zu schädigen.

Es ist faszinierend, diese Tierchen unter dem Mikroskop zu beobachten (Video dazu unter <https://www.youtube.com/watch?v=CzA-oJzlkzZ4>). Sie haben 14 beinartige Strukturen, die so genannten Cirren, mit denen sie sich geschickt in der Umgebung bewegen. So können die Einzeller bemerkenswert ausgeklügelte, tierähnliche Verhaltensweisen an den Tag legen, um biologische Funktionen auszuführen. Sie suchen nach Nahrung oder nach Partnern und „rennen davon“, um Fressfeinden zu entkommen. Wie machen sie das? Sie müssen über eine Art Computersystem verfügen, um gerichtete und sinnvolle Bewegungen zu machen.

In einer neuen Studie wurde diese Steuerung beim Wimpertierchen *Euplotes eurystomus* untersucht (LARSON 2021). Diese Studie von Ben LARSON und Mitarbeitern von der Universität von Kalifornien in San Francisco, USA, hat in der Tat ergeben, dass die Mikrobe eine Art eingebauten mechanischen Computer besitzt, der die Beine in einer Weise bewegt, die typisch für so genannte „endliche Zustandsmaschinen“ ist. Darunter versteht man einen Automaten, der nur eine begrenzte Menge an Zuständen annehmen kann. Ein Beispiel für einen solchen Automaten ist eine elektrische Tür, die

Abbildung online nicht verfügbar

**Abb. 1** Lichtmikroskopische Aufnahme des Wimpertierchens *Euplotes* sp., die die Nahrungsvakuole mit rot gefärbten Hefezellen zeigt, mit denen sie gefüttert wurden, um den Prozess der Nahrungsaufnahme zu veranschaulichen. Vergrößerung: 500-fach. (Science Photo Library / GUENTHER, Gerd)

nur zwei Zustände annehmen kann: offen oder geschlossen. Alle anderen Zustände sind Übergangszustände zwischen offen und geschlossen. Damit die automatische elektrische Tür funktioniert, müssen zwei Zustände vorgegeben werden (offen und geschlossen). Die Autoren der Arbeit entdeckten, dass das bei der Mikrobe beobachtete Laufmuster einer Reihe vorhersehbarer oder festgelegter Ordnungen folgt. Dies ist mit dem Verhalten einer automatischen Tür vergleichbar, jedoch mit weitaus mehr Zustandsmöglichkeiten. Elektrische Türen benötigen elektrische Schaltkreise und Rechenleistung (Computer), damit sie richtig funktionieren. Heutzutage sind sie mit Mikroprozessoren ausgestattet, um dies zu tun. Wie schaffen das winzig kleine Mikroben?

Die Autoren zeigten mit Hilfe von Zeitraffermikroskopie und quantitativen Analysen, dass die Fortbewegung des Wimpertierchens hochgradig regulierte Übergänge zwischen einer bestimmten Reihe an Gangzuständen beinhaltet. Die Menge der beobachteten Übergänge zerfällt in eine kleine Gruppe von zeitlich unumkehrbaren Übergängen mit hoher Wahrscheinlichkeit, die einen Zyklus bilden, und eine große Gruppe von synchronisierten Übergängen mit geringer Wahrscheinlichkeit, wodurch Stereotypen in

den sequenziellen Mustern der Zustandsübergänge sichtbar werden. Weitere Analysen ergaben, dass *Euplotes* während der Fortbewegung ein gewisses „Gedächtnis“ für die vorherige Abfolge der Bewegungen beibehält (LARSON 2021).

Zusammengenommen deuten diese Befunde auf einen endlichen zustandsmaschinenähnlichen Prozess hin – vergleichbar einem mechanischen Computer. Die Cirren sind verbunden durch Mikrotubuli-Bündel, und die Dynamik der Cirren, die an verschiedenen Zustandsübergängen beteiligt sind, hängt mit der Struktur und Stärke (dick oder dünn) des Mikrotubuli-Bündelsystems zusammen. Das Fasersystem der Mikrotubuli bildet ein zusammenhängendes Netz zwischen allen Cirren, wobei Fasern, welche mit der Basis jeder Cirre verbunden sind, das Fasersystem von mindestens einer anderen Cirre kreuzen. Der Informationsfluss wurde deutlich, wenn die Faserverbindungen jeweils nach ihrer Art gruppiert wurden (d. h. dicke zu dicke Faser, dicke zu dünne Faser oder dünne zu dünne Faser). Bei dieser Gruppierung haben Cirren, die nur mit dicken oder nur mit dünnen Fasern verbunden sind, einen höheren gegenseitigen Informationsaustausch als solche ohne Verbindungen. Interessanterweise haben Cirren, die nahe beieinander

liegen und durch Fasern mit ähnlichen Regionen des Zellkortex verbunden sind, den höchsten gegenseitigen Informationsaustausch (Verbindungen). (Der Zellkortex ist eine Zytoplasmenschicht, die an der Innenseite der Zellmembran liegt und sehr reich ist an stabilisierenden Zytoskelettelementen.) Diese Struktur deutet darauf hin, dass die Fasern wie ein Computer für den Gang funktionieren könnten. Störexperimente zeigten tatsächlich, dass die Fasern die Gangkoordination vermitteln, was eine mechanische Grundlage der Gangsteuerung nahelegt. Anders gesagt: Die Wimpertierchen sind Mikromaschinen vergleichbar, deren Bewegungen von Nanocomputern gesteuert werden. In unserem Computerzeitalter sind wir gezwungen, den einzelligen Eukaryoten ein weiteres Zellorgan hinzuzufügen: den Nanocomputer.

Die Autoren schließen, dass der Fund von mechanischen Computern aus Mikrotubuli auch erklären kann, warum viele andere einzellige Eukaryoten trotz des Fehlens eines Gehirns und eines Nervensystems außerordentlich raffinierte und koordinierte Verhaltensweisen zeigen. Wie das Rechnen selbst funktioniert, ist noch nicht geklärt, aber einige Neurowissenschaftler haben die Idee geäußert, dass Mikrotubuli wie Quantencomputer funktionieren könnten. Woher die Computer stammen? Die populärwissenschaftliche Zeitschrift *The New Scientist* berichtete, dass „ein einzelliger Organismus einen natürlichen mechanischen Computer evolviert hat“. Interessanterweise findet sich in dem Artikel kein einziger Hinweis darauf, wie die Evolution dies bewirkt haben könnte. Der Begriff „evolviert“ dient hier lediglich dazu, das Offensichtliche zu verschleiern, nämlich dass der bloße Zufall keine hochentwickelten Nanocomputer hervorbringen kann.

[LARSON BT et al. (2021) A unicellular walker controlled by a microtubule-based finite state machine (preprint), <https://www.newscientist.com/article/2285141-single-celled-organism-has-evolved-a-natural-mechanical-computer/#ixzz72Uj13klF>] P. Borger

## ■ Fischflosse als Inspiration für die Roboterhand

Als der Physiker und Nobelpreisträger Richard FEYNMAN gestorben war, stand auf der Tafel in seinem Büro u.a. geschrieben: What I cannot create, I do not understand. „Was ich nicht erschaffen kann, das kann ich nicht verstehen.“ An dieses Zitat wurde ich beim Lesen einer Arbeit über Biomimese erinnert, in der ein internationales Team von Ingenieuren darüber berichtete, wie sie die Flossen von Strahlenflossern (*Actinopterygii*) als Inspiration für die Robotik nutzen und mittels Modellierung fruchtbar machen wollen.

Strahlenflosser sind eine Klasse der Knochenfische, der ein Großteil der heute lebenden Fische angehört. Als namensgebendes Merkmal weisen sie paarige (Brust- und Bauch-) Flossen auf, die aus knöchernen Strahlen, den Radii aufgebaut und mit einer dünnen Haut überzogen sind. Muskeln befinden sich nur an der körpernahen Flossenbasis. Das bedeutet, dass die Verformung und die Steifheit der Flossen, die zum optimalen hydrodynamischen Antrieb erforderlich sind, durch diese Gegebenheiten gewährleistet werden. Bereits 1983 ist der mikroskopische Aufbau der Radii beschrieben worden (BECERRA et al. (1983), s. Abb. 1). Der segmentierte Aufbau der Strahlen mit den gewölbten knöchernen Blättchen, die mit Kollagenfasern miteinander verbunden sind, war nach den Worten von HANNARD et al. (2021) bezüglich seiner exakten Funktion bisher nicht bekannt. Die Bedeutung der Segmentierung wurde in der Reduzierung der Biegesteifheit gesehen. Dies wird bei anderen Fischen auf andere Weise erreicht, z. B. durch knorpelartiges Gewebe in den Hai-flossen. Als weitere mögliche Funktionen finden sich in der Literatur günstige Bedingungen für Wachs-

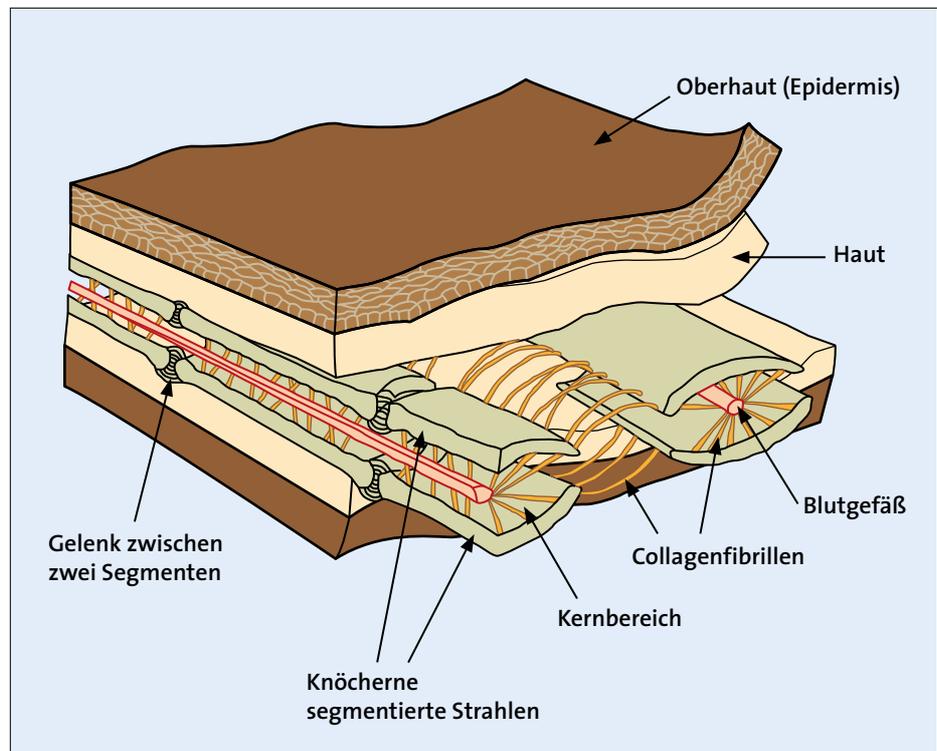


Abb. 1 Skizzierter Querschnitt einer Strahlenflosse. Man erkennt die aus einzelnen, flexibel miteinander verbundenen knöchernen Segmente der Strahlen und die sie überspannenden Hautschichten. Diese Kombination ermöglicht die außerordentlichen hydrodynamischen Eigenschaften der Flosse. (Nach HANNARD et al. 2021)

tum und Regeneration, Verletzungstoleranz und Hydrodynamik.

HANNARD et al. (2021) untersuchen in ihrer Studie die Hypothese, dass die Segmentierung der Schlüssel sein könnte, um die beiden Eigenschaften flexibler Verformbarkeit und Steifheit gleichzeitig zu realisieren. Für technische Problemlösungen sind diese beiden Eigenschaften typischerweise gegensätzlicher Natur und es müssen Kompromisse gefunden werden. In den Modelluntersuchungen zeigen die Autoren, dass sie in Modellen (3D-Druck) den Effekt von Fischflossen nachahmen konnten, nämlich dass mit einer kleinen Kraft an der Basis eine große Verformbarkeit erzielt werden konnte bei gleichzeitiger Steifigkeit gegen die Einwirkung äußerer Kräfte. Sie haben dazu Modelle mit einer durchgängig kontinuierlichen Struktur der Stacheln mit solchen verglichen, die einen segmentierten Auf-

bau hatten. Neben anderen konstruktiven Details erwies sich die Segmentierung tatsächlich als ein Schlüsselaspekt, um hohe Flexibilität in der Form mit großer Steifigkeit zu kombinieren. Diese Erkenntnis könnte bei der Verbesserung des Greifens von Roboterhänden wertvolle Impulse leisten.

Es ist ein schönes Beispiel dafür, dass in der Natur – wenn man sie als Schöpfung betrachtet – geniale Konstruktionen vorliegen, die der Schöpfer realisiert hat! Wir können sie durch aufmerksames Beobachten und Untersuchen verstehen, anwenden und nutzen lernen.

[BECERRA J, MONTES GS, BEXIGA SRR & JUNQUEIRA LCU (1983) Structure of the tail fin in teleosts. Cell Tissue Res. 230, 127-137 • HANNARD F, MIRKHALAF M, AMERI B & BARTHELAT F (2021) Segmentations in fins enable large morphing amplitudes combined with high flexural stiffness for fish-inspired robotic materials. Sci. Robot. 6, eabf9710] H. Binder