

STUDIUM

INTEGRALE

Springende Früchte



Wiederkehrende
Mutationen



Von Fischen zu
Vierbeinern?



Versteinerter
Fischschwarm

Frühe Homininen

Sammelband über neueste Ergebnisse aus der Urmenschenforschung

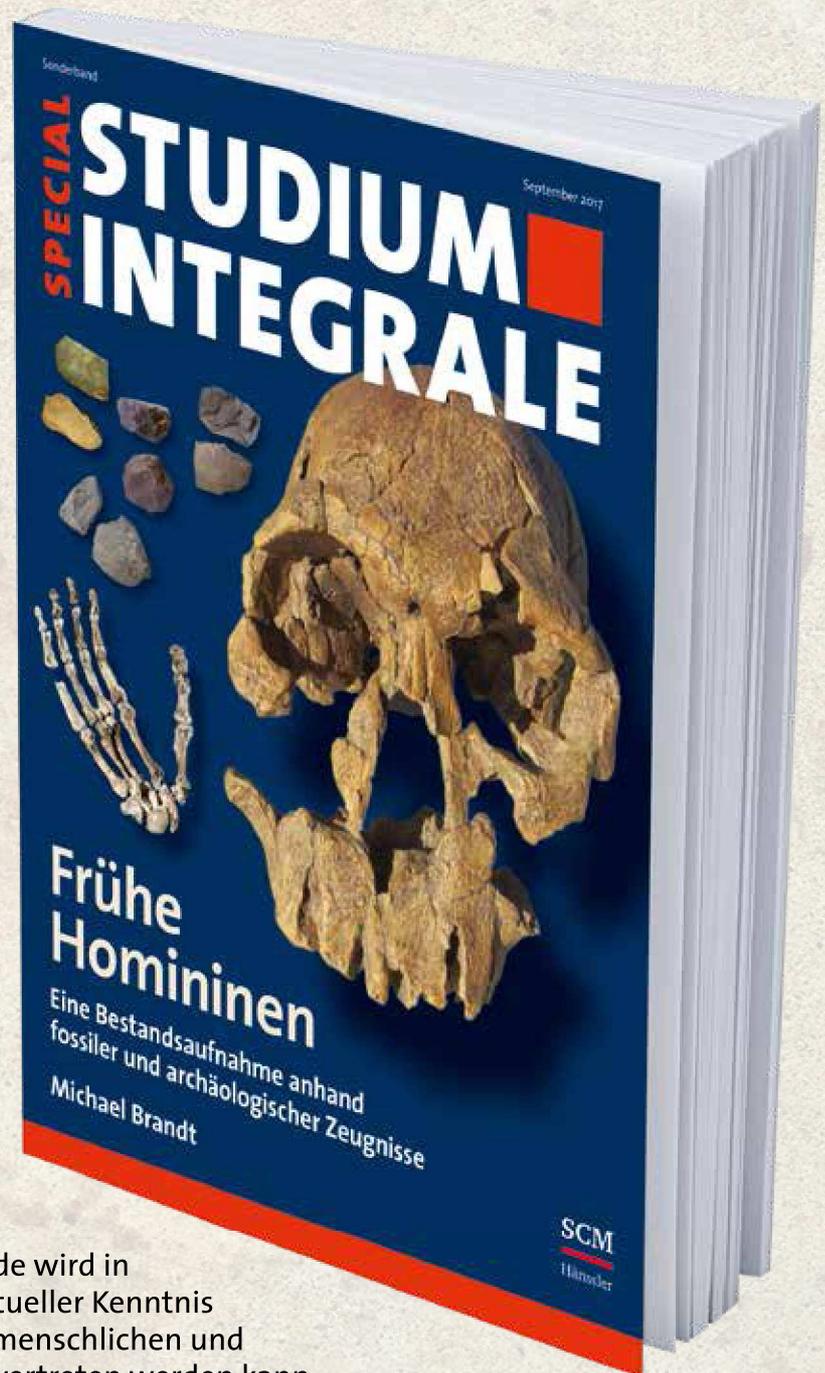
Michael Brandt
Frühe Homininen.
Eine Bestandsaufnahme anhand
fossiler und archäologischer Zeugnisse.
Studium Integrale Special.
DIN A 4, Paperback, farbig, 204 Seiten,
117 Abbildungen, 10 Tabellen,
ISBN 3-978-7751-5848-0
24,95 EUR [D]/25,70 EUR [A]/37,50 CHF.

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

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

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

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



Erhältlich auch bei:

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



Kann ein 160 Jahre altes Werk eines Naturforschers heute noch Aktualität besitzen? Vielen wird zu dieser Frage bestimmt Charles Darwin einfallen. Dessen Hauptwerk „Über die Entstehung der Arten“ wird bis heute als großer Durchbruch in der Biologie gewertet. „Darwin hat recht gesehen“ lautet ein Buchtitel des bekannten Verhaltensforschers Konrad Lorenz, und die meisten zeitgenössischen Biologen werden nach wie vor zustimmen, soweit es um eine allgemeine Abstammung der Lebewesen und um „natürliche Selektion“ als wichtige Triebfeder für die Veränderungen der Lebewesen geht. Es gibt aber ein Werk eines Zeitgenossen von Darwin, dessen Relevanz für das Verständnis des Artenwandels heute kaum jemandem bewusst ist. Die Rede ist von Gregor Mendel, der auch als Vater der Genetik bezeichnet wird. Seine Ver-

erbungsgesetze lernt man zwar bis heute in der Schule, aber wer weiß schon, dass Mendel sich auch eingehend darüber Gedanken gemacht hat, wie innerhalb einer „genetischen Familie“ im Laufe von nur wenigen Generationen eine bereits im Erbgut angelegte Vielfalt von Merkmalsausprägungen abgerufen werden kann?

Darwins Erklärung für die Entstehung von Unterschieden zwischen den Arten unterscheidet sich grundlegend von Mendels Ansatz. Im Gefolge Darwins werden Zufallsmutationen und Auslese als Hauptfaktoren angesehen. Mutationen (spontane Änderungen des Erbguts) können sich erst im Laufe vieler Generationen in der Population durchsetzen, und für nennenswerte Veränderungen werden viele aufeinanderfolgende Mutationen benötigt. Daher müssen große Zeiträume für die Bildung neuer Arten veranschlagt werden. Mendels Konzept dagegen beruht auf präexistenten (bereits vorliegenden) genetischen Programmen, die Änderungen innerhalb weniger Generationen ermöglichen, da Unterschiede zwischen den Arten nicht in langwierigen Prozessen aufgebaut werden müssen, sondern von Beginn an bereits angelegt sind. Diese Veränderungen bewegen sich dabei aber nur innerhalb enger Formenkreise, die man als genetische Familien bezeichnen kann.

Rasche und wiederholte Radiationen, die in den letzten Jahren vermehrt beobachtet oder indirekt nachgewiesen wurden, erweisen Mendels Ansatz als fruchtbar. Beispielsweise besteht heute weitgehend Konsens darin, dass für die enorme Vielfalt der Buntbarsche in den großen ostafrikanischen Seen oder für die wiederholt auftretende Vielfalt von *Anolis*-Eidechsen alte genetische Varianten und somit bereits bestehende genetische Programme verantwortlich sind, während Darwin'sche Evolution diese Befunde nicht befriedigend erklärt.

Nigel CROMPTON erläutert den Erklärungsansatz von Mendel in einer Artikelserie. Im ersten Teil in dieser Ausgabe von *Studium Integrale Journal* geht es um Mendels Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen und darum, wie durch Heterozygotie (Mischerbigkeit) und ein großes Ausmaß an Variation in genetischen Familien angelegt sein kann, auf das im Verlaufe von nur wenigen Generationen zurückgegriffen werden kann. Sind die oben erwähnten Mutationen im Erbgut von Organismen immer wahllos verteilt, treten sie im Genom zufällig auf? Peter BORGER schildert eine Reihe von Befunden, die darauf hindeuten, dass dies nicht durchgängig der Fall ist. Da die Zufälligkeit aller Mutationen eine wichtige Basis ist, um anhand von DNA-Abfolgen (Sequenzen) bei verschiedenen Arten Abstammungsverhältnisse abzuleiten, haben diese Beobachtungen weitreichende Konsequenzen für die Deutung von Abstammungshypothesen bzw. ob überhaupt gemeinsame Abstammung die richtige Erklärung für Sequenzähnlichkeiten ist.

Die interdisziplinäre Ausrichtung von *Studium Integrale Journal* zeigt sich in besonderer Weise in einem geologisch-theologischen Beitrag über die Zerstörung von Sodom und Gomorra, von der das Buch Genesis im Alten Testament berichtet. Kann dafür ein geologisches Ereignis und mithin ein natürliches Phänomen verantwortlich gemacht werden? Michael KOTULLA stellt die Ergebnisse der geologischen Interpretation und die ihr zugrundeliegenden Annahmen vor und diskutiert und bewertet sie im Kontext der biblischen Überlieferung.

Fossilfunde sorgen immer wieder für Überraschungen. So wurde kürzlich die erstaunliche Art *Lisowicia bojani* aus der Trias in Polen entdeckt, die in die Nähe der Säugetiere gestellt wird. Alleine ihr Merkmalsmosaik ist ungewöhnlich: Das Tier konnte größtmäßig mit Dinosauriern mithalten, war mit diesen jedoch nicht näher verwandt; es besaß einen Schnabel aus Horn, der an heutige Schildkröten erinnert, besaß aber auch seitlich davon zwei massive Zähne, die Stoßzähnen glichen. Henrik ULLRICH diskutiert, welche Folgen dieser Fund für evolutionstheoretische Modellierungen hat.

Bemerkenswert ist auch die neuere Entwicklung in der Deutung der geologisch ältesten Vierbeiner und ihrer mutmaßlichen Vorfahren. Die Fossilien lassen sich nicht ohne weiteres in eine evolutionäre Abfolge bringen; stattdessen wird von den Fachleuten eine ökologische Deutung der Fossilabfolgen der relevanten devonischen Formen diskutiert. Reinhard JUNKER fasst die Argumente dazu zusammen. Der Übergang von Fischen zu Vierbeinern erweist sich als nicht so glatt wie nach der Entdeckung des stark beachteten Fossils *Tiktaalik* im Jahre 2006 noch behauptet wurde.

Lassen Sie sich auch durch die weiteren Beiträge dieser Ausgabe überraschen!

Ihre Redaktion **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL**

■ IMPRESSUM

Herausgeber

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

Redaktion

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

Korrespondenzadresse

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

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

Produktion

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

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen

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

Alle Rechte vorbehalten.

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

■ TITELBILD

Das Springkraut (hier das Indische Spring-
kraut, *Impatiens glandulifera*) macht seinem
Namen alle Ehre. Die Früchte öffnen sich bei
Samenreife explosionsartig durch einen
ausgefeilten Mechanismus (S. 93).
(Foto: ©bennytrapp - stock.adobe.com)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

M. Kotulla	Schwefel und Feuer aus dem Himmel: Die Zerstörung von Sodom und Gomorra	68
P. Borger	Artübergreifende wiederkehrende Mutationen. Oder: Die Illusion der Verwandtschaft	77
N. Crompton	Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 1. Woher kommt die Artenvielfalt?	86

■ REZENSIONEN

R. Junker	Glücksfall Mensch. Ist Evolution vorhersehbar? (Jonathan B. Losos)	127
-----------	---	-----



■ KURZBEITRÄGE

R. Junker	Kontrollierte Explosion – Früchte des Springkrauts	93
B. Scholl	Können Raben und Affen planen wie Menschen?	95
M. Brandt	Das populationsdynamische Wildbeuter-Paradoxon und seine Lösung	99
H. Binder	Spinnen – Spezialistinnen und Vorbilder in Sachen Kleben	101
R. Junker	Entstehung der Vierbeiner – doch kein glatter Übergang	106
H. Ullrich	„Schildkröten-Nashorn“: Riesiger Konkurrent der Dinosaurier	109
B. Schmidtgall	DNA als Retter der RNA-Welt-Hypothese?	113

■ STREIFLICHTER

Neue Gespenstschrecken auf Madagaskar: überraschend bunt	116
Die Trichterfallen des Ameisenlöwen	117
Wird der „Urvogel“ <i>Archaeopteryx</i> als „ältester Vogel“ abgelöst?	118
Zwergwespen – extreme Miniaturisierung im Insektenreich	119
Parallele Anpassung bei Stichlingen	120
Bisher unbekannter Luftwirbel trägt die Schirmchen der Pustelblume	121
Wiege der Samenpflanzen geologisch nicht überliefert?	123
Weiterer Zuwachs für die „kambrische Explosion“	123
Überraschende Konservierung der Babynahrung bei Bienenwölfen	124
Ein Fischschwarm im Eozän?	126

Schwefel und Feuer aus dem Himmel: Die Zerstörung von Sodom und Gomorra

Zahlreiche Versuche sind unternommen worden, die Zerstörung von Sodom und Gomorra mit einem natürlichen Phänomen zu erklären: einer vulkanischen Eruption, einem Erdbeben, einer Überschwemmung und kürzlich auch einer Explosion eines Meteors. Aber welches dieser vorgeschlagenen geologischen Ereignisse ist plausibel und wahrscheinlich? Und was kann und will die geologische Interpretation bewirken? Unterstützt sie eine Historizität des biblischen Berichtes? Sodom und Gomorra sind bis heute nicht sicher identifiziert. Die geologische Interpretation ist jedenfalls eng mit ihrer mutmaßlichen Lage in der Region des Toten Meeres verknüpft.

Michael Kotulla

Abb. 1 Die Zerstörung von Sodom und Gomorra (1852). Gemälde von John MARTIN (1789–1854), Laing Art Gallery (Newcastle upon Tyne, England). (Foto: gemeinfrei, Wikimedia Commons)

Einführung

Die Bibel enthält die früheste historische Beschreibung der Region des Toten Meeres sowie der „Städte des Umkreises“, des „Jordan-Umkreises“, zu denen Sodom und Gomorra gehörten (Hebr.: *kikkar*¹, Umkreis, Kreis; häufig mit „Ebene“ wiedergegeben). In drei mittelbar aufeinanderfolgenden Berichten werden die Ereignisse erzählt, die mit Sodom in Verbindung stehen: 1. Trennung von Abraham und Lot (Gen 13,1–13), 2. Feldzug der vier Könige und Abrahams Einsatz zur Befreiung Lots (Gen 14,1–24) sowie 3. Gottes Besuch bei Abraham, das Gericht

über Sodom und Gomorra und Lots Rettung (Gen 18,1–19,29).

Die neuzeitliche Suche nach Überresten von Sodom und Gomorra setzte im 19. Jahrhundert ein²; in dieser Zeit entstand auch das Gemälde von John MARTIN (Abb. 1). Bald meldeten sich auch Geologen zu Wort, die sich insbesondere mit der Beschreibung der Zerstörung beschäftigten. Es ist die Kenntnis der geologischen Situation vor Ort – so NEEV & EMERY (1995) –, die eine „Übersetzung der biblischen Beschreibungen in wissenschaftliche Begriffe“ erlaube.³ HARRIS (2015) dagegen fragt ganz einfach: „Was geschah mit Sodom, Gomorra und den anderen

„Städten der Ebene““⁷⁴ So ist der Versuch unternommen worden, das geologische Ereignis zu rekonstruieren, das insbesondere mit „Schwefel und Feuer aus dem Himmel“ (Gen 19,24; EL85⁵) ausgedrückt ist. Das hat eine Vielfalt geologischer Erklärungen hervorgebracht.

Es ist das Ziel dieses Artikels, die Ergebnisse der geologischen Interpretation und die ihr zugrunde liegenden Vorstellungen und Annahmen vorzustellen und im Kontext der biblischen Überlieferung zu diskutieren und zu bewerten.

Geologische Situation

Die geologische Rahmensituation stellt sich wie folgt dar⁶: Der Hauptlauf des Jordan und das Tote Meer befinden sich in einer Senke, die sich vom Golf von Aqaba bis in die südöstliche Türkei erstreckt. Diese Senke ist im Wesentlichen das Produkt einer großen Transformstörung⁷ mit sogenannten Aufreißbecken wie dem Toten Meer und dem See Genezareth. Ihre Sockel sind viele Tausend Meter in die Tiefe abgesackt. Das Störungssystem wird Jordan-Rift oder Totes-Meer-Rift genannt; „Rift“ wird auch mit „Graben“ oder „Grabenbruchsystem“ wiedergegeben. Entlang dieser Störungszone und insbesondere am Toten Meer ist eine stark erhöhte seismische Aktivität sowohl heute als auch in der historischen Vergangenheit bezeugt.

Das „Sodom-und-Gomorra-Ereignis“: geologische Interpretation

Die hier vorgestellte Auswahl umfasst das gesamte Spektrum geologischer Erklärungsversuche. Die kurzen Zusammenfassungen enthalten relevante Punkte, u. a. auch zur Lokalisierung der Städte und zum Zeitpunkt des zerstörerischen Ereignisses. Mitunter werden Sodom, Gomorra, Adma und Zebojim als „vier Städte“, und Zoar zurechnend, als „fünf Städte“ zusammengefasst.

Erdbeben und Erdbeben-verursachte Ereignisse

Absenkung. BLANCKENHORN (1896) erklärt den „Untergang“ mit einer Senkung des Südbeckens „um allerhöchstens 100 m“ infolge eines Erdbebens. Er platziert die fünf Städte („Pentapolis“) in das Südbecken (Abb. 2); das beweise „schließlich noch die höchstwahrscheinliche Lage von Zoar“ im Südosten (mit Verweis auf das *Onomastikon* von Eusebius⁷; vgl. Abb. 3).⁸ Für den „kritischen Geologen“ stelle sich die Sache – der Untergang – höchst einfach dar: eine mit einer Katastrophe oder einem Erdbeben verbundene Senkung des Untergrundes; „wodurch

Kompakt

Der biblische Bericht über die Zerstörung von Sodom und Gomorra ist Teil der Geschichtsschreibung über die Stammväter des israelitischen Volkes. Die Beschreibung „da ließ der HERR über Sodom und Gomorra Schwefel und Feuer regnen vom Himmel herab“ ist einzigartig und unauflöslich: 1. Die hier präsentierten geologischen Erklärungen sind zwar theoretisch denkbar und teilweise auch möglich (z. B. Erdbeben), aber sie passen nicht zur biblischen Beschreibung bzw. in den Gesamtkontext. Des Weiteren ist auch ein Erdbeben zum fraglichen Zeitpunkt nicht nachgewiesen. 2. Noch mehr wird in den biblischen Bericht eingegriffen, wenn mit einem vermeintlichen geologischen Ereignis das Gott-gewirkte Handeln ersetzt wird. Durch diese Substitution wird schließlich Gottes Handeln eliminiert.

Der Bericht bedarf keiner geologischen Interpretation. Er will das Wirken Gottes dokumentieren als reale Geschichte in einem real-historischen Kontext. „Schwefel und Feuer“ sind aus dem Nichts, ex nihilo.



Abb. 2 Totes Meer und Umgebung. Eingetragen sind vorgeschlagene Lokalitäten von Sodom und weiteren Städten des „Jordan-Umkreises“ sowie Zoar (siehe Textteil). Einer Nordlagen-Sichtweise (COLLINS & SCOTT 2013) steht eine Südlagen-Sichtweise gegenüber (WOOD 1999). Gestrichelte Linie: rot, „Jordan-Umkreis“ nach COLLINS & SCOTT (2013); weiß, Umrandung des Kernbereichs des Südbeckens. Meterangabe: Höhe oder Tiefe der Oberfläche jeweils bezogen auf Meeresspiegelniveau (Stand 2016).⁶⁰ Foto/Credit: Landsat-8-Aufnahme vom 4. Juli 2013, USGS/ESA. Eintragungen durch den Verfasser in Anlehnung an GRAVES (2018), seine Karten 1 bis 3, insbesondere mutmaßliche Zuweisungen von Sodom und den anderen Städten (gelbe Sterne bzw. Kreise).

Abb. 3 Totes Meer und Umgebung. Ausschnitt aus der Mosaikkarte der St.-Georgs-Kirche in Madaba (Jordanien). Die Karte entstand Mitte des 6. Jahrhunderts n. Chr. und wurde 1894 wiederentdeckt. Links (Norden) die Einmündung des Jordan, rechts (im Südosten) der Ort Balak/Zoorā (Pfeil) mit Dattelpalmen und Militärlager, darüber (östlich) in der Bergen das „Lot-Heiligtum“, eine im 5.–6. Jahrhundert über der mutmaßlichen Höhle Lots errichtete Pilgerstätte mit Basilika. Die Verortung von Balak/Zoorā geht auf das *Onosmatikon* von Eusebius zurück. Abdruck mit freundlicher Genehmigung von Prof. Eugenio ALLIATA, OFM; Studium Biblicum Franciscanum (Jerusalem, Israel).



die Städte zerstört und ‚umgekehrt‘ wurden, sodass nun das Salzmeer davon Besitz ergreifen konnte“.⁹ Mit an Spalten emporsteigenden Gasen mochten zugleich Asphalt und Petroleum gefördert worden sein, die in Brand gerieten und dabei Rauch entwickelten. Des Weiteren seien Schwefeldioxidgase oder schwefelige Säure entstanden. Da „die sonstigen atmosphärischen Erscheinungen wie Regen, Hagel und Schnee von oben herabzukommen pflegen, so sagt die Erzählung in Gen 19,24, dass es Schwefel und Feuer ‚vom Himmel herab‘ auf Sodom und Gomorra ‚geregnet‘ habe.“¹⁰

Überschwemmung. Für BENTOR (1992) ist die einzig zutreffende Naturkatastrophe eine Überschwemmung¹¹, denn der beste Weg zur Rettung wäre die Besteigung eines Berges gewesen.¹² Dabei verortet er Sodom und Gomorra in das Südbecken südlich der Lisan-Halbinsel, weil Zoar – Lots Fluchtort – mit Tel es-Safi identifiziert worden sei (Abb. 2). Als mögliche Mechanismen einer Überflutung des mutmaßlich trockenen und besiedelten Südbeckens werden „zusätzlicher Niederschlag oder Flusseintrag“, „Absinken der Trennschwelle durch Subrosion (unterirdische Auflösung)“ und Absenkung des Südbeckens durch Erdbeben genannt.¹³ Sodom und Gomorra seien tief vergraben, unter mehr als 100 Meter Sediment.¹⁴ Das hebräische Wort *kitor* in Gen 19,28, das üblicherweise im Kontext mit „Rauch“ übersetzt wird, soll „in Wirklichkeit die Bedeutung von Wasserdampf“ haben. Denn starke Verdunstung sei zu erwarten, „nachdem die Schwelle gebrochen war und das Wasser des nördlichen Beckens den heißen Boden der südlichen Ebene überflutet hatte“.¹⁵

Erdbeben. NEEV & EMERY (1995) gehen primär von einem Erdbeben-Ereignis aus, der „Freisetzung heftiger seismischer Energie“.¹⁶ Sie leiten dies hauptsächlich von der Beschreibung in Gen 19,25 ab, insbesondere von dem hebräischen Wort *haphak*, das mit „umkehren“

übersetzt werden könne – dies entspräche mehr einer Erdbeben-Aktivität.¹⁷ Ein Ausbruch von Rauch und Regen von schwefelhaltigem Feuer hätten dem Bericht zufolge die Zerstörung von Sodom und Gomorra begleitet. Diese Stoffe werden als Produkte der leichten Fraktion von Kohlenwasserstoffen interpretiert, die von Untergrund-Reservoirs ausgebrochen seien und sich beim Erreichen der Oberfläche entzündet hätten. Die Autoren verorten die Städte an den Rand des Südbeckens: Zoar (s. Madaba-Mosaikkarte, Abb. 3) wird mit Bab ed-Dra identifiziert (wegen der dort in der Nähe vorgefundenen Hafenanlage), und Sodom wird in den Südwesten südlich des Berg Sedom platziert (Abb. 2). In Anlehnung an die Ergebnisse von RAST (1987) soll sich das „Sodom-und-Gomorra-Erdbeben“ am Ende der Frühbronzezeit III etwa 4350 BP*, d. h. etwa 2400 v. Chr., ereignet haben.¹⁸

Bodenverflüssigung. HARRIS & BEARDOW (1995) liefern nach eigener Aussage eine „allumfassende These“, wonach die Zerstörung der Städte – infolge eines seismischen Ereignisses – durch Bodenverflüssigung geschehen soll.¹⁹ Dabei sei der gesamte Sedimentkörper der besiedelten Schwemmlandebene in das Nordbecken des Toten Meeres unter Wasser abgerutscht. Schließlich habe die Rutschung einen Tsunami ausgelöst, von welchem nur die höher gelegenen Siedlungen verschont blieben (HARRIS 2015).²⁰ In dem Szenarium von HARRIS & BEARDOW (1995) befinden sich die vier Städte im Tal Siddim, das ehemals zwischen Lisan-Halbinsel und östlicher Grabenschulter auf den Delta-Ablagerungen der nördlichen Zuflüsse des Wadi Kerak in der Bucht von Maszra’a gelegen haben soll (Abb. 2).²¹ Bab ed-Dra wird mit Zoar identifiziert. Dem „Sodom-Erdbeben“ wird eine Magnitude von > 6 zugeschrieben; es soll sich etwa 1900 ± 200 v. Chr. ereignet haben.²²

Gasexplosionen. GILAT & VOL (2015) versuchen aufzuzeigen, dass die „Feuer aus dem Himmel“

Hinweis zu den Anmerkungen: Die Anmerkungen enthalten umfangreiche Zitate und weitere Informationen; sie sind deshalb als Zusatzmaterial zum Artikel ausgelagert und unter www.si-journal.de/jg26/heft2/sodom-und-gomorra.pdf abruf- bzw. herunterladbar.

von Erdbeben ausgelöst wurden. Dabei hätten sich eruptierende, entflammbare Gase natürlich entzündet.²³ Die unmittelbar nach dem Erdbeben auftretenden hohen Flammen über der Erdoberfläche hätten sich später, wenn der Gasfluss nachgelassen habe, auf dem Gestein niedergelassen – dies drücke „aus dem Himmel“ aus.²⁴

Vulkanische Eruption

Explosiver Ausbruch. BLOCK (1975) verortet Sodom in der Umgebung der Mündung des Zarqa Ma'in, im Nordbecken des Toten Meeres, ungefähr 40 m unterhalb des Seespiegels (Stand 1970: -396 m)²⁵ (Abb. 2).²⁶ Die Beschreibung der Katastrophe würde eine vulkanische Eruption anzeigen, und nur im Wadi Zarqa Ma'in und weiter südlich im Wadi El Heidan gäbe es in der unmittelbaren Umgebung des Toten Meeres vulkanische Schlote. Demnach hätten tektonische Bewegungen Erdbeben und eine vulkanische Aktivität ausgelöst. Möglicherweise sei das an mehreren Orten aufgestiegene Magma mit ölreichen Ablagerungen in Kontakt gekommen. Dies habe zu explosiven Eruptionen geführt, wobei das vulkanische Auswurfmaterial (Pyroklastika) zusätzlich mit einer Form brennenden Petroleums angereichert war. Dabei seien die Städte überschüttet und die Ebene zerstört worden. Die Ereignisfolge habe schließlich mit einer Absenkung und Überschwemmung geendet.

Lavaergüsse. TRIFONOV (2007) zufolge kann die biblische Beschreibung nur als vulkanische Eruption interpretiert werden.²⁷ Er lenkt die Aufmerksamkeit auf die durch Lavaergüsse zerstörten Siedlungen Khirbet El-Umbashi und Hebariye im Südwesten Syriens (ca. 200 km nordöstlich des Nordrandes des Toten Meeres).²⁸ Dieses Ereignis im letzten Drittel des dritten vorchristlichen Jahrtausends (archäologisch datiert) sei möglicherweise im biblischen Bericht verarbeitet worden.²⁹

Klimaveränderung

NISSENBAUM (1994) stellt als „hauptsächlichen Punkt, den diese Geschichte macht“³⁰, die Wandlung eines sehr fruchtbaren Gebietes in ein Ödland dar. Er präsentiert ein Szenarium einer relativ raschen Klimaveränderung³¹, die möglicherweise durch eine signifikante Reduzierung der Niederschläge verursacht war und sich zwischen der frühen und mittleren Bronzezeit (hier 23.–21. Jahrhundert v. Chr.) zugetragen haben soll.³² Als eine mögliche Lage der „Städte der Ebene“ nennt er die Umgebung des Pezael-Tals nördlich Jericho. Ein großes Erdbeben könnte

Glossar

BP: Before present, vor heute; Bezugsjahr 1950.

Transformstörung: Verwerfung mit überwiegend horizontaler Relativbe-

wegung (auch Blattverschiebung); hier: großräumiger Versatz entlang der Grenze von Sinai-Subplatte (westlicher Teil) und Arabischer Platte (östlicher Teil).

der kollabierenden Gesellschaft den finalen Gnadenstoß erteilt haben.³³

Kosmischer Airburst

COLLINS & SCOTT (2013) schreiben dem atmosphärischen Ereignis Attribute eines „gewaltigen Feuersturms“, möglicherweise mit einer „mächtigen Druckwelle“, und „immense elektromagnetische Entladung“ zu.³⁴ Als mögliches Szenarium für solch einen „Feuerball“ schlagen die Autoren den Airburst³⁵ eines kosmischen Objektes vor³⁶, ähnlich dem Tunguska-Ereignis (siehe Kasten 1, SILVIA et al. 2018).

Verifizierung der geologischen Interpretation

Eine Verifizierung der geologischen Interpretation wäre gegebenenfalls möglich, wenn von Sodom und den anderen Städten des Jordan-Umkreises Überreste gefunden und sicher identifiziert werden könnten. Das ist aber bis heute nicht der Fall. Eine Verifizierung kann aber auf indirektem Wege erfolgen: durch vergleichende Analyse der jeweiligen geographischen, geologischen und archäologischen Gegebenheiten, der Analyse biblischer und außerbiblischer Texte sowie anhand theoretischer Überlegungen.

Ein Erdbeben – mutmaßliches Zerstörungereignis Nr. 1 – ist bisher nicht nachgewiesen worden.

Eine mutmaßliche Unauffindbarkeit (z. B. BLANKENHORN 1896), indem die Überreste der Städte im Südbecken oder Nordbecken des Toten Meeres unter Sediment- oder Wasserbedeckung (HARRIS & BEARDOW 1995) verortet werden, ließe sich durch Bohrungen entsprechend überprüfen. Im Südbecken sind – mit anderer Zielsetzung – zahlreiche Bohrungen abgeteuft worden (NEEV & EMERY 1995, ihre Abbildung 2.10.), ohne auf entsprechende zivilisatorische Überreste gestoßen zu sein.

Auch ließen sich vulkanische Ablagerungen leicht identifizieren. Die von BLOCK (1975) genannten vulkanischen Schlote waren allerdings zum Zeitpunkt der Zerstörung von Sodom und

1 | „Sodom-und-Gomorra-Ereignis“: Meteorischer Airburst vor 3700 Jahren?



Abb. 4 Explosives Auseinanderbrechen des Tscheljabinsk-Meteors am 15. Februar 2013, 9:20 Uhr Ortszeit (Screenshot). Das Ereignis ist von einer laufenden Autokamera in Kamensk-Uraliski aufgezeichnet worden, etwa 150 km nördlich Tscheljabinsk. Der Airburst ereignete sich beim Eintritt in die Erdatmosphäre in einer Höhe von etwa 30 km. Film: gemeinfrei (Wikimedia Commons).

Am Ostrand des Jordantals, gegenüber Jericho, sind zahlreiche bronzezeitliche Siedlungen und Städte – u. a. Tall el-Hammam – entdeckt worden. Sie befinden sich in der sogenannten Region Mittel-Ghor, in einer „kreisrunden“ Fläche mit einem Durchmesser von etwa 25 Kilometern unmittelbar nördlich des Toten Meeres (Abb. 2). SILVA et al. (2018)⁵¹ zufolge endete die Besiedlung abrupt in der Mittelbronzezeit ca. 1700 v. Chr. (hier: MB2; siehe MBZ II, Kasten 2); eine Wiederbesiedlung erfolgte erst nach 600–700 Jahren (Eisenzeit I/II). Als Ursache schlagen SILVA et al. (2018) ein katastrophisches Ereignis vor: einen kosmischen Airburst (meteorische Luftdetonation), ähnlich des Tunguska-Ereignisses von 1908⁵²

(vgl. Abb. 4). Die oberflächennahe (?) Meteor-Explosion soll in einem Gebiet von 500 km² nördlich des Toten Meeres die damalige Zivilisation augenblicklich ausgelöscht und den Ackerboden vernichtet haben. Dabei sei das östliche Mittel-Ghor mit einer überhitzten Sole aus Anhydrit-Salzen des Toten Meeres bedeckt worden, die sich mit der frontalen Stoßwelle über die Landoberfläche schob. Befunde vom Tall el-Hammam werden von den Autoren folgendermaßen interpretiert (hier zusammengefasst): A) Das weitgehende Fehlen stehender Lehmziegel-Architektur als durch Druckwelle vom Fundament gerissen. B) Die durchweg in nordöstlicher Richtung gestreuten einzelnen Schuttfelder aus



Abb. 5 Graue Aschenlage entlang der Markierungen 1 bis 5, Tall el-Hammam. Die Dicke der Lage nimmt von rechts nach links zu, die Neigung ist eine Folge von Setzung und Kompaktion. Die Zusammensetzung aus Asche, zerbrochenen und zersetzten Lehmziegeln und zahlreichen Keramikbruchstücken kann stark variieren („mixed matrix“). Foto/Credit: Tall el-Hammam Excavation Project, Trinity Southwest University (Abdruck mit freundlicher Genehmigung).

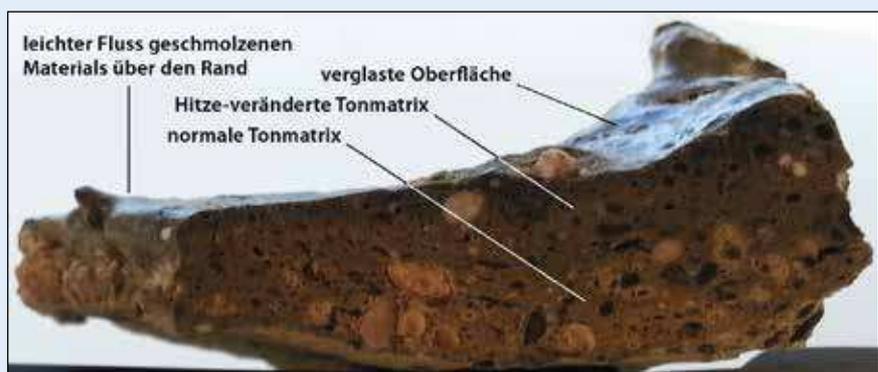


Abb. 6 Dunkle Aschenlage (Zollstock-Position: 7–8 cm), hier hauptsächlich aus Holz, über einem hellen, kompaktierten Horizont (Zollstock-Position: 4–7 cm); Tall el-Hammam. SILVA et al. (2018) bezeichnen die Lage als „MB2-Zerstörungs-Lage“. Zur Periode MB2 oder MBZ II s. Tab. 1. Foto/Credit: Tall el-Hammam Excavation Project, Trinity Southwest University (Abdruck mit freundlicher Genehmigung).

Keramikbruchstücken, Getreide, fragmentierten Lehmziegeln und Brocken von Holzkohle als gerichtete Druckwelle aus Südwesten. C) Die erhöhten Salzkonzentrationen (max. 5,5 % vs. 3,5–4,5 % darüber und darunter) bzw. Salz- und Sulfatkonzentrationen (max. 6 % vs. 5 % darüber und darunter) in der Aschenlage (Abb. 5 und 6) als Niederschlag von Anhydrit-Salzen. D) Einzelne, partiell geschmolzene Keramikscherben (Abb. 7), die geschmolzene Zirkone mit Bläschen enthalten, die auf eine einwirkende Temperatur von bis zu 4000 °C hinweisen, als extreme, nicht durch einen üblichen Brand entstandene Hitze einwirkung („Hochtemperatur-Ereignis“). Die aufgeführten Befunde allerdings sind Einzelbeobachtungen am Tall el-Hammam. Es liegen für Hammam keine Reihenuntersuchungen vor, des Weiteren auch nicht für die ausgewiesene Fläche von 500 km². Es wird nicht diskutiert, ob die Einzelbefunde in anderer Weise erklärt werden können und ob sie gegebenenfalls überhaupt als „Anomalie“ qualifiziert werden können. Dass die „mehreren Beweislinien“⁵³ ein kosmisches Airburst-Ereignis nahelegen, ist – Stand 2018 – aus Sicht des Verfassers nicht überzeugend. Die Autoren gestehen sich auch ein: Die „Forschung wird mit dem Ziel fortgesetzt, Beweise zu finden, um die Geschichte eines [Airburst-, MK] Impakts überzeugender zu bestätigen.“⁵⁴ SILVA et al. (2018) stellen keinen Bezug zur Zerstörung von Sodom und Gomorra her. Dies lässt sich aber von anderen Publikationen ableiten.⁵⁵ Denn Phillip SILVA und Steven COLLINS

glauben, dass Tall el-Hammam das biblische Sodom ist.⁵⁶ In diesem Sinne kann das sogenannte „Mittel-Ghor-Ereignis“⁵⁷ in die bestehende Serie von Erklärungsversuchen eingereiht werden.⁵⁸

Abb. 7 Tonscherbe von Tall el-Hammam, Oberfläche mit thermischer Einwirkung. Die Scherbe (MB2-datiert) ist im Mittel 5 mm dick; Beschriftung in Übersetzung gemäß SILVIA et al. (2018), ihre Abbildung 4. Foto/Credit: Phillip J. SILVIA, PhD, Director of Scientific Analysis, Tall el-Hammam Excavation Project, Trinity Southwest University (Abdruck mit freundlicher Genehmigung).



Gomorra nicht aktiv; sie sind älter (STEINITZ & BARTOV 1992).³⁷ Auch TRIFONOV (2007) mutmaßt nur: Er zeigt keinen Zusammenhang zwischen den südsyrischen Lavaergüssen und dem biblischen Bericht auf; da ist lediglich die Idee einer Interpretation als vulkanische Eruption.

Der Ort Zoar/Bela ist bislang nicht identifiziert. Die Mosaikkarte von Madaba (Abb. 3, Balak/Zoora) „gibt die bei Eusebius erwähnten Dattelpalmen und das Militärlager wieder“ (JERICKE 2010, mit Bezug auf das *Onomastikon*, Übersetzung s. UMHAU WOLF 1971³⁸): Die Beschriftung nehme die Überlieferung von Gen 14 auf; allerdings sei hier ebenfalls eine südliche Lage von Zoar/Bela vorausgesetzt. Demnach handelt es sich nicht um eine sichere Identifikation, sondern um eine vorbestimmte Zuweisung. Die mit Balak/Zoora vorgenommenen Ortsbestimmungen im Südosten des Toten Meeres (s. o.) sind ohne Grundlage.

Das hebräische Wort *kitor* (*qiytor*) in Gen 19,28 ist im Kontext – so stellen auch NEEV & EMERY (1995, 141) fest – mit „Rauch eines Feuers“ zu übersetzen: „(...) da ging ein Rauch auf vom Lande wie der Rauch von einem Ofen“ (LU17³⁹). So hat BENTOR (1992) mit seinem bedeutenden Eingriff und seinem Überschwemmungs-Szenarium im Grunde genommen eine eigene Sodom-und-Gomorra-Geschichte geschrieben.

NISSENBAUM (1994) hat nach eigenen Angaben das „Faktische“ in der Geschichte identifiziert: Er interpretiert die „Katastrophe“ als verhältnismäßig rasche Klimaveränderung. Mit diesem Umwelt-Szenarium aber schreibt NISSENBAUM (1994) – wie BENTOR (1992) auch – eine eigene Sodom-und-Gomorra-Geschichte.

NEEV & EMERY (1995) leiten ihr „Sodom-und-Gomorra-Erdbeben“ von Forschungsarbeiten über die Ruinen von Bab ed-Dra sowie Numeira ab (Abb. 2). Die Ergebnisse würden anzeigen, dass beide Städte innerhalb einer Periode von weniger als 50 Jahren zweimal heftige zerstörerische Erdbeben erfuhren. Allerdings liegen bis heute keine Nachweise darüber vor,

dass die (baulichen) Zerstörungen in den zwei Städten tatsächlich von Erdbeben herrührten. Vielmehr sind die Zerstörungen – ohne Erdbebenspuren – einfach Erdbeben zugewiesen worden (u. a. DONAHUE 1985). Später schreibt DONAHUE (2003): „(...) in Bab ed-Dra gibt es jedoch keine guten Beweise für die Annahme, dass ein schweres Erdbeben den Standort der Stadt in Mitleidenschaft gezogen hätte.“⁴⁰

Des Weiteren haben NEEV & EMERY (1995) das hebräische Wort *haphak* wohl geologisch überinterpretiert. Neben „umkehren“ oder „umwandeln“ wird es mit „vernichten“ übersetzt (Gen 19,25; LU17): „(...) und vernichtete die Städte und die ganze Gegend und alle Einwohner der Städte und was auf dem Lande gewachsen war.“

Es gilt festzuhalten, dass ein zerstörerisches Erdbeben zum mutmaßlichen Zeitpunkt der Katastrophe in der Region des Toten Meeres bisher nicht nachgewiesen worden ist; dies betrifft die Arbeiten von BLANKENHORN (1896), BENTOR (1992), NISSENBAUM (1994), NEEV & EMERY (1995), HARRIS & BEARDOW (1995) sowie GILAT & VOL (2015). Auch sind in der Region des Toten Meeres – wie mehrfach im Zusammenhang mit Erdbeben genannt – bisher keine massiven Ausbrüche von Gasen, ihre natürliche Entzündung und großflächige Ausbreitung beobachtet bzw. beschrieben worden.

Die geologischen Interpretationen sind im Grunde genommen allesamt spekulativ (zur Airburst-Hypothese siehe Kasten 1). Der Verfasser glaubt nicht, dass auch nur eines der hier vorgestellten Szenarien zutreffend ist. Darüber hinaus führt der biblische Bericht kein Phänomen auf, das zu den geologischen Erklärungen passen würde: Keine bebende Erde, kein in den Himmel aufschießendes Feuer oder Material, das teilweise brennt, keinen Erdbeben und keine Überflutung, keinen Feuerball, keinen Knall (Detonation) und keinen Wind (Druckwelle). Einige dieser Phänomene werden in der Bibel an anderer Stelle konkret als solche benannt, beispielsweise Erdbeben.

2 | Chronologie: Ein Datum für die Zerstörung von Sodom und Gomorra?

Nach dem biblischen Bericht ereignete sich die Zerstörung von Sodom und Gomorra ein Jahr vor der Geburt Isaaks (Gen 18,10), also als Abraham 99 Jahre alt war (Gen 21,5). Die relativen Daten von Abraham (bzw. der Stamm-

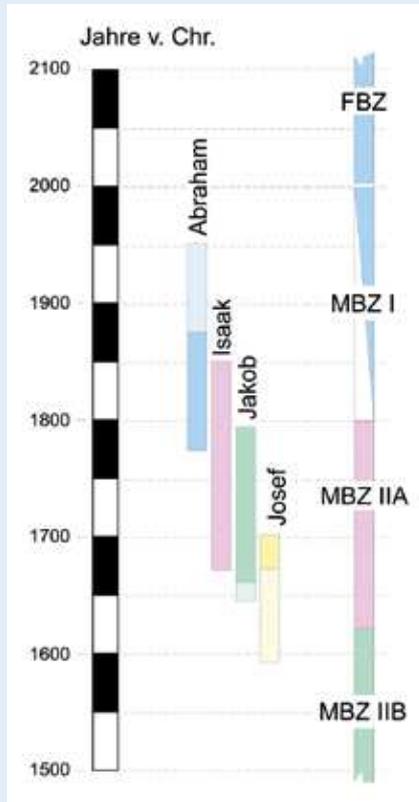


Abb. 8 Die Lebensdaten der Stammväter Israels und von Josef nach dem Chronologie-Modell von VAN DER VEEN & ZERBST (2013). Ausschnitt aus ihrer Abbildung 14 (Abdruck mit freundlicher Genehmigung).

väter) sind mittelbar mit Angaben zum Auszug aus Ägypten und zur Regierungszeit Salomos verknüpft. Ausgehend von einer absoluten chronologischen Fixierung von Salomos Regentschaft kann über eine Rückrechnung das Datum des Zerstörungsereignisses ermittelt werden. Allerdings liegen abweichende oder unklare Angaben zur Dauer des Aufenthaltes in Ägypten vor. VAN DER VEEN & ZERBST (2013) nehmen an, „dass die frühen Israeliten je 215 Jahre in Kanaan und in Ägypten lebten“. Nach diesem Ansatz errechnen sie das Datum der Geburt Isaaks zu 1851 v. Chr. Demzufolge wäre Sodom und Gomorra 1852 v. Chr. zerstört worden.

Für die Levante, das Gebiet der Ostküste des Mittelmeeres und seines Hinterlandes, liegt keine einheitliche Chronologie für die archäologische Periode der Bronzezeit vor. Die unterschiedlichen Chronologie-Modelle beruhen auf unterschiedlichen Vorstellungen und Ansätzen: Interpretation der Keramik, Akzeptanz oder Ablehnung alttestamentlicher Daten,

Akzeptanz oder Ablehnung von Radiokarbonaltern, Korrelationen zu bzw. Verankerungen mit ägyptischen Chronologien u. v. m.

Die mutmaßlichen natürlichen Ereignisse, die vom biblischen Bericht der Zerstörung von Sodom und Gomorra „abgeleitet“ werden – z. B. ein Erdbeben –, werden immer wieder mit dem Ende der Frühbronzezeit III assoziiert (z. B. NEEV & EMERY 1995, anders COLLINS et al. 2015: MBZ II). Tab. 1 zeigt, wie weit die Modell-Alter für die Früh- und Mittelbronzezeit aktuell differieren. VAN DER VEEN & ZERBST (2013) zufolge überlappen Frühbronzezeit IV und Mittlere Bronzezeit I regional (Abb. 8); demnach fand die Katastrophe von Sodom und Gomorra während dieser Perioden-Koexistenz statt. Nach KAGAN et al. (2015) hatte der Seespiegel des Toten Meeres während FBZ IV und MBZ I ein niedriges Niveau, danach stieg er um ca. 45 m an (MBZ II-III) (Tab. 1). Dieser Anstieg würde zur Aussage in Gen 14,3 mit Bezug auf das Tal Siddim passen: „das jetzt das Salzmeer ist“ (LU17); s. KOTULLA (2019).

Archäologische Periode	Altersmodell (Jahre v. Chr.)				Totes Meer (Seespiegel, Tiefe unterhalb NN) ^e
	Van der Veen & ZERBST (2013) ^a	COLLINS et al. (2015) ^b	NIGRO et al. (2019) ^c	KAGAN et al. (2015) ^d	
Mittlere Bronzezeit (MBZ)					
MBZ II-III	1800- k. A.	1950-1550	1950- k. A.	1950-1550	sehr hoch: bis 370 m
MBZ I	-1800	2200-1950 (IB2)	2200-2000/1950*	-1950 (IB)	niedrig: bis ca. 415-416 m
Frühbronzezeit (FBZ)					
FBZ IV bzw. FBZ-MBZ	2000-	2500-2200 (IB1)	2300-2200 (IVA)	2500- (IB)	niedrig: bis ca. 415-416 m
FBZ I-III	k. A. -2000	3600-2500	3500-2300	3500-2500	hoch: bis ca. 380 m
Zerstörung von Sodom	Ableitung	Ableitung			
Abraham, 99 Jahre alt	1852	ca. 1700			

Tab. 1 Archäologische Perioden und zugewiesene Alter sowie angenommene Seespiegelstände des Toten Meeres. a) Abb. 14, S. 106; b) S. 26-27; c) Tab. 9, S. 28; * = FBZ IVB, hier mit MBZ I gleichgesetzt; d) Tab. 2, S. 247; e) KAGAN et al. (2015), u. a. Abb. 4, Zirka-Angaben. K. A., keine Angabe; NN, Normalnull; IB, Intermediate Bronze Age (1 = frühe, 2 = späte), „Zwischenbronzezeit“. Die Altersmodelle von c) und d) basieren auf Radiokarbonaltern, die Proben von c) stammen vom Tell es-Sultan (Jericho). COLLINS et al. (2015) orientieren sich an den Altersmodellen, die auf Radiokarbonatierungen basieren.

Die Geschichte von Sodom und Gomorra: zwischen Mythos und Historie?

In den vorgestellten Arbeiten äußern sich die Autoren unterschiedlich ausführlich zu ihrer Zielsetzung und zu den Vorstellungen und Annahmen, die ihrer jeweiligen geologischen Interpretation zugrunde liegen.

Sehr deutlich stellt BENTOR (1992) seine Auffassung dar: Geologische Ereignisse und Erscheinungen wurden „in den biblischen Text vor allem aus künstlerischen Gründen eingeführt, d. h., sie werden als Hintergrund zur Dramatisierung biblischer Erzählungen verwendet und zur Erzeugung einer übernatürlichen Atmosphäre. Daher sind auch Zeit und Ort dieser geologischen Ereignisse in den Augen der Erzähler gänzlich unwichtig und können frei umher geschoben werden.“⁴¹ Im Falle von Sodom und Gomorra benutze der Erzähler „den alten Mythos von der

Zerstörung der Städte, um die moralische Natur der Geschichte der Menschheit aufzuzeigen, aber er ersetzt die Überflutung mit einem viel eindrucksvolleren Mechanismus, nämlich mit einem Regen von Feuer und Schwefel vom Himmel, der Wohnstätte Gottes.“⁴²

Das sind schwerwiegende Behauptungen. Es würde u. a. bedeuten, dass der biblische Erzähler seine „Erzählung“ in manipulativer Weise teilweise aus tatsächlich Geschehenem – unabhängig von Zeit und Ort – und teilweise aus Mythen fiktiv zusammengestellt und vorgetragen hätte. BENTOR (1992) belegt seine Behauptung nicht.⁴³ Vielmehr aber folgt daraus: Gott wird als konkret Handelnder eliminiert. Denn BENTOR (1992) ersetzt den Gott-gewirkten Regen aus Schwefel und Feuer durch eine natürliche Überschwemmung. Und eine Substitution dieser Art liegt auch bei NEEV & EMERY (1995), HARRIS & BEARDOW (1995), BLOCK (1975) und BLANCKENHORN (1896) vor.

Für NISSENBAUM (1994, 436) repräsentieren die Ereignisse von Sodom und Gomorra – und daran könne kaum gezweifelt werden – eine Mischung aus Tatsache, Aberglaube und Überzeugung. Sie seien in eine Begebenheit zusammengedrängt worden und würden Informationen aus mehreren Jahrhunderten enthalten.⁴⁴ Die rasche Umweltveränderung und der Kollaps einer zivilisierten Gesellschaft mussten tiefe Eindrücke in der Bevölkerung hinterlassen haben. So sei ein Mythos geboren worden, dem ethische und theologische Untertöne hinzugefügt worden waren. NISSENBAUM (1994) belegt aber nicht, dass die biblische Erzählung tatsächlich so entstanden ist. Auch wird in den anderen Arbeiten ein Mythos⁴⁵ – häufig a priori – zugrunde gelegt; dieser wird häufig nicht weiter beschrieben oder gar hinterfragt.

Für die Mehrzahl der Autoren gilt als ursprünglicher und wahrer Kern der Geschichte nur das geologische Ereignis selbst: eine Naturkatastrophe, die in der Region des Toten Meeres stattgefunden und Städte (oder Zivilisationen) zerstört habe. Einige Autoren glauben auch, dass es Sodom und die anderen genannten Städte tatsächlich gegeben hat. Was darüber hinaus für wahr gehalten wird, ist häufig sehr unklar. Fast einvernehmlich gilt dann, dass die Überlieferung dieser Katastrophe zu einem späteren Zeitpunkt aufgegriffen und (entsprechend) verarbeitet worden sei.⁴⁶

Im Lichte der Feststellungen von oben (Abschnitt *Verifizierung*) schreiben aber die Autoren eigene, fiktive Geschichten über die Zerstörung von Sodom und Gomorra. Denn die mutmaßlichen geologischen Ereignisse stehen nicht mit dem biblischen Text in Beziehung.

Mythenbildung und Manipulation sind Textzuweisungen, sie sind das Produkt von Exegeten wie z. B. KRAETZSCHMAR (1897).⁴⁷ Dass Mythenbildung und Manipulation durch den Erzähler bzw. Redaktor tatsächlich geschahen, diese Behauptungen werden nicht belegt.

Unterm Strich weichen die Auffassungen massiv von der offensichtlichen Erzählabsicht ab, reales Geschehen in einem real-historischen Kontext aufzuzeichnen.

Schwefel und Feuer aus dem Himmel: ex nihilo

Die drei biblischen Berichte (s. o.) sind Teil der Geschichtsschreibung, die mit den Vorfahren Abrahams beginnt (ab Gen 11,10). Sie geben zusammengenommen u. a. „berichtsmäßig“ Auskunft über alle Grundfragen, die sich im Zusammenhang mit den Städten Sodom und Gomorra und ihrer Zerstörung stellen, und sie stehen in einem logischen Zusammenhang

(Details in KOTULLA 2019; hier kurz zusammengefasst):

- Geographische Lage: in der Jordan-Ebene nördlich des Toten Meeres, einsehbar von Ai/Bethel (Gen 13,1-13) – das Wo.
- Zeitpunkt: als Abraham 99 Jahre alt war (Gen 18,14); fixiert im Rahmen der chronologischen Angaben zu den Ervätern und den Nachfolgegenerationen – das Wann (siehe Kasten 2).
- Grund und Ziel: Vernichtung der Menschen in Sodom und Gomorra; wegen ihrer „sehr schweren Sünde“ (Gen 18,20; LU17) – das Weshalb.
- Person (Handelnder): Gott selbst; „Da ließ der HERR (...)“ (Gen 19,24; LU17) – das Wer.
- Beschreibung (Phänomen): „(...) Schwefel und Feuer regnen vom Himmel herab“ (Gen 19,24; LU17) – das Was bzw. Wie.

Die offensichtliche Erzählabsicht ist es, reales Geschehen in einem real-historischen Kontext aufzuzeichnen.

Dem Bericht zufolge kommen „Schwefel und Feuer“ aus dem Himmel herab; die Bewegungsrichtung von „Schwefel und Feuer“ ist – wie von Regen auch – von oben nach unten. Das Regnenlassen und das Machen (Entstehen) von „Schwefel und Feuer“ sind unmittelbar miteinander verknüpft. Denn weil der HERR „Schwefel und Feuer“ regnen lässt, kann unmittelbar gefolgert werden, dass der HERR dafür „Schwefel und Feuer“ machte. Aus der Perspektive des Menschen war der Regen aus „Schwefel und Feuer“ einfach (plötzlich) da, aus dem Nichts, ex nihilo (vgl. 1 Kön 18,38).

Dieser Gott-gewirkten physischen Erscheinung gingen eine Reihe weiterer Gott-gewirkter Erscheinungen bzw. Geschehnisse voraus, die sich allesamt in einem Zeitraum von weniger als 24 Stunden zutragen (ab Gen 18,1): Das Erscheinen der drei Männer überhaupt; die Ankündigung, dass Sara in einem Jahr einen Sohn gebären wird; die Überbrückung der Distanz Hebron-Sodom (etwa 60 km)⁴⁸ am späten Nachmittag des gleichen Tages (zwei Engel), das Mit-Blindheit-Schlagen der Männer vor Lots Haus zu Beginn der Nacht (durch die Engel) etc.

Solch ein Handeln Gottes – insbesondere wie bei Sodom und Gomorra – wird mitunter als göttliche Intervention bezeichnet. Der Begriff ist allerdings unglücklich, da er in vielfacher Weise verwendet wird, z. B. auch als letzte Möglichkeit oder letzte Instanz oder irgendeine göttliche Intervention, die mit dem Gott der Bibel gar nichts zu tun hat. In diesem Zusammenhang ist jedoch zu betonen, dass kein Erklärungsnotstand vorliegt bzw. nicht mangels einer natürlichen Ursache (Lücke) eine göttliche Intervention

anzunehmen ist. Hier wird das mittel- oder unmittelbar aktive Wirken Gottes, das vom ihm selbst ausgeht (Offenbarung), konkret beschrieben und dokumentiert.

Diesen biblischen Berichten allerdings – Stand heute – kann nur geglaubt werden. Es gibt bislang keine außerbiblischen Beweise für die Historizität von Abraham oder Lot⁴⁹, auch konnten Sodom und Gomorra bisher nicht identifiziert werden. Der Verfasser glaubt diesen Berichten – nicht als Metapher oder dergleichen, sondern in der Lesart einer offensichtlichen Erzählabsicht, reales Geschehen in einem real-historischen Kontext aufzuzeichnen.

Schlussfolgerung

Der biblische Bericht über die Zerstörung von Sodom und Gomorra bedarf keiner „wissenschaftlichen Übersetzung“, keiner geologischen Interpretation. Der Bericht ist in sich selbsterklärend.

Die geologischen Erklärungen sind insgesamt irrelevant.

1. Sie führen weg von dem aktiven, offenbaren Wirken Gottes, weg von Gott selbst: Gott-gewirktes Handeln wird substituiert durch ein mutmaßliches natürliches (geologisches) Ereignis.⁵⁰

2. Sie führen weg von einer Quelle geschichtlicher Überlieferung: Die offensichtliche Erzählabsicht, Geschichte historisch und verlässlich aufzuzeichnen, wird substituiert durch mutmaßliche Mythenbildung und Manipulation.

Beide Fälle der Substitution greifen willkürlich und massiv in den biblischen Text ein; solche Eingriffe sollten nach Ansicht des Verfassers nicht akzeptiert werden.

Dank

Mein Dank gilt Dr. Reinhard JUNKER und Dr. Martin ERNST für die Durchsicht des Manuskripts und wertvolle Hinweise, Frank MEYER für die graphischen Arbeiten und Dr. Phillip J. SILVIA sowie Prof. Eugenio ALLIATA für die Zurverfügungstellung und Abdruckerlaubnis der Fotografien (Tall el-Hammam bzw. Madaba-Karte).

Literatur

BENTOR YK (1992) Geologische Ereignisse in der Bibel. Vierteljahrsschrift der Naturforschenden Gesellschaft in Zürich 137, 1-21.
 BLANCKENHORN M (1896) Entstehung und Geschichte des Toten Meeres. Ein Beitrag zur Geologie Palästinas. Zeitschrift des Deutschen Palästina-Vereins 19, 1-59.

BLANCKENHORN M (1898) Noch einmal Sodom und Gomorra. Zeitschrift des Deutschen Palästina-Vereins 21, 65-83.
 BLOCK JW (1975) Sodom and Gomorra: A volcanic disaster. Journal of Geological Education 23, 74-77.
 COLLINS S, BYERS GA & KOBBS CM mit GRAVES D, SILVIA P, TARAWNEH K & AL HAWARAH K (2015) Tall el-Hammam Season Ten, 2015: Excavation, Survey, Interpretations and Insights. Albuquerque, 1-37.
 COLLINS S & SCOTT LC (2013) Discovering the city of Sodom. New York.
 Deutsche Bibelgesellschaft (Hg.) Die Bibel. Nach Martin Luthers Übersetzung. Lutherbibel, revidiert 2017.
 GILAT AL & VOL A (2015) Sodom and Gomorra: Fires Created by Ignition of Combustible Gases by Earthquake-Impelled Thermobaric-Hydrothermal Explosions. J. Geol. Geophys, doi:10.4172/2329-6755.1000202.
 GRAVES DE (2018) The Location of Sodom. Toronto, 2nd edition.
 HARRIS GM (2015) The Destruction of Sodom. A Scientific Commentary. Cambridge.
 HARRIS GM & BEARDOW AP (1995) The destruction of Sodom and Gomorra: a geotechnical perspective. Quarterly Journal of Engineering Geology 28, 349-362.
 JERICKE D (2010) Zoar. Das wissenschaftliche Bibellexikon im Internet (WiBiLex), <https://www.bibelwissenschaft.de/stichwort/35454/>.
 KAGAN EJ, LANGGUT D, BOARETTO E, NEUMANN FH & STEIN M (2015) Dead Sea levels during the Bronze and Iron Ages. Radiocarbon 57, 237-252.
 KOTULLA M (2019) Die Zerstörung von Sodom und Gomorra: Fragen und Antworten. <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/a27/a27.pdf>
 NEEV D & EMERY KO (1995) The Destruction of Sodom, Gomorra, and Jericho. Oxford.
 NIGRO L, CALCAGNILE L, YASIN J, GALLO E & QUARTA G (2019) Jericho and the chronology of Palestine in the Early Bronze Age: a radiometric re-assessment. Radiocarbon 61, 211-241.
 NISSENBAUM A (1994) Sodom, Gomorra and the other lost cities of the plain – a climatic perspective. Climatic Change 26, 435-446.
 RAST WE (1987) Bab edh-Dhr'a and the origin of the Sodom saga. In: PARDEE DL, TOOMBS L & JOHNSON G (eds) Archaeology and Biblical Interpretation. Atlanta, 182-201.
 R. Brockhaus Verlag (Hg.) (1985/1991) Die Bibel. Elberfelder Übersetzung, revidierte Fassung. 1. Auflage der Sonderausgabe 2005, Textstand Nr. 20.
 SILVIA PJ, BUNCH TE, COLLINS S, LeCOMPTE MA, & WEST A (2018) The 3.7kaBP Middle Ghor Event: Catastrophic Termination of a Bronze Age Civilization. ASOR Annual Meeting 2018, Conference Paper.
 STEINITZ G & BARTOV Y (1992) The Miocene-Pleistocene History of the Dead Sea Segment of the Rift in Light of K-Ar Ages of Basalts. Israel J. Earth Sci. 40, 199-208.
 TRIFONOV VG (2007) The Bible and geology: destruction of Sodom and Gomorra. In: PICCARDI L & MASSE WB (eds) Myth and Geology. Geological Society, London, Special Publications 273, 133-142.
 UMHAU WOLF C (1971) The Onomasticon of Eusebius Pamphili Compared with the Version of Jerome and Annotated.
 VAN DER VEEN P & ZERBST U (2013) Volk ohne Ahnen? Auf den Spuren der Erzväter und des frühen Israel. Holzgerlingen.
 WOOD BG (1999) The discovery of the Sin Cities of Sodom and Gomorra. Bible and Spade 12, 67-80.

Anschrift des Verfassers:

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

Artübergreifende wiederkehrende Mutationen

Oder: Die Illusion der Verwandtschaft

Gemeinsame Sequenzunterschiede in der DNA verschiedener Arten und höherer Taxa gelten als klare Belege für die Existenz gemeinsamer Vorfahren, bei denen eine bestimmte Mutation aufgetreten ist, die an die Nachfahren vererbt wurde. Voraussetzung für diese Schlussfolgerung ist die Zufälligkeit aller Mutationen. Allerdings mehren sich Befunde, dass ein Teil der Mutationen an bevorzugten Stellen im Genom – sogenannten Hotspots – auftritt. Das hat weitreichende Konsequenzen für die Deutung von Abstammungshypothesen.

Peter Borger

Einleitung

Mutationen, die in DNA-Sequenzen der Keimbahn auftreten, können von einer Generation zur nächsten weitergegeben werden. Da solche Mutationen somit an die Nachkommen vererbt werden, stellen sie ein ideales Werkzeug dar, um die genetische Verwandtschaft zwischen den Arten zu untersuchen. Der aktuelle Konsens ist, dass alle Mutationen nach dem Zufallsprinzip auftreten und daher nur einmal vorkommen – mit Ausnahme einiger „Hotspots“^{*1}. Die gängige Meinung ist: Mutationen sind weder vorhersehbar noch hängen sie zusammen mit Verhalten, Lebensstil oder Umweltumständen. Diese Sichtweise wird von FUTUYMA in seinem weltweit verwendeten evolutionären Lehrbuch wie folgt zusammengefasst:

„Mutationen sind in zweierlei Hinsicht zufällig. Erstens: Obwohl wir die Wahrscheinlichkeit vorhersagen können, dass eine bestimmte Mutation auftreten wird, können wir nicht vorhersagen, welche von einer großen Anzahl an Genkopien die Mutation durchlaufen wird. Zweitens ... ist Mutation zufällig in dem Sinne, dass die Wahrscheinlichkeit, dass eine bestimmte Mutation auftritt, nicht davon beeinflusst wird, ob sich der Organismus in einer Umgebung befindet, in der diese Mutation vorteilhaft wäre, oder ob das nicht der Fall ist“ (FUTUYMA 2005).²

Obwohl FUTUYMAS zweite Art der Zufälligkeit nicht mehr wissenschaftlich haltbar ist, da gezeigt wurde, dass der Organismus in der Lage ist, gezielte Mutationen als Reaktion auf Umweltveränderungen zu induzieren (SPETNER 1997;

Kompakt

Vor dem Aufkommen der Molekularbiologie basierten evolutionäre Abstammungslinien überwiegend auf morphologischen und ontogenetischen Merkmalen, also auf dem Bau und der individuellen Entwicklung der Arten. Heutzutage dagegen beruhen die meisten Modellierungen auf molekulargenetischen Sequenzanalysen (Abfolgen des Erbmoleküls DNA). Überraschenderweise stellt sich heraus, dass gleichartige Mutationen oft in verschiedenen Arten, die nicht näher miteinander verwandt sind, auftreten. Dieses als Konvergenz bezeichnete Phänomen deutet auf ein unerwartetes Phänomen bei Mutationen hin.

Die neuesten Forschungsergebnisse zeigen, dass ein hoher Prozentsatz der Mutationen an sogenannten DNA-Hotspots aufzutreten scheint, d. h. an Stellen in der DNA, die eher Mutationen zulassen. Diese Tatsache hat schwerwiegende Auswirkungen auf die Evolutionsbiologie, insbesondere auf Schlussfolgerungen, die sich auf die Zufälligkeit von Mutationen stützen. Bestimmte molekulargenetische Daten wie z. B. mutmaßlich vererbte Fehler in Pseudogenen schienen bisher ein starkes Argument gegen eine getrennte Erschaffung von Grundtypen zu sein. Dieses Argument wird durch die Erkenntnis entkräftet, dass Mutationen sich nicht nur zufällig in einer DNA-Sequenz ansammeln. Die Mutationen an Hotspots sind nämlich phylogenetisch nicht informativ, d. h. sie sind keine Hinweise auf gemeinsame Vorfahren, sondern sind unabhängig entstanden und dann nur noch als Konvergenzen zu verstehen.

CAPOREALE 2003; BAUER 2008; BORGER 2008), werde ich mich hier auf die erste Art der Zufälligkeit konzentrieren. Denn sie ist eine der Säulen des Darwin'schen Paradigmas und eine der wichtigsten Voraussetzungen phylogenetischer Rekonstruktionen. Werden alle Mutationen als zufällige Kopierfehler in DNA-Sequenzen eingebracht, wäre jedes Alignment* von Mutationen in DNA-Sequenzen ein sehr starkes Argument für eine gemeinsame Abstammung, insbesondere dann, wenn gleiche Mutationen in inaktivierten Genen verschiedener Arten vorkommen. Genau diese Situation treffen wir beim GULO-Pseudogen* bei Primaten an, so beim Orang-Utan, Gorilla, Schimpansen und

Menschen. Es ist deswegen verständlich, dass das GULO-Pseudogen immer wieder als endgültiger Beweis für eine Makro-Evolution vom Affen zum Menschen angeführt wird. Wenn alle Mutationen nur ein zufälliges Phänomen wären, würde das GULO-Pseudogen tatsächlich die Makroevolution beweisen. Aber wie willkürlich bzw. zufällig sind genetische Mutationen wirklich?

Beispiele für wiederkehrende Mutationen

Dass Mutationen nicht zufällig in DNA-Sequenzen auftreten, zeigt sich z. B. bei Mutationen im 1G5-Gen der Taufliegen *Drosophila melanogaster* und *Drosophila simulans*, zwei verschiedenen Arten von Taufliegen (SCHMID & TAUTZ 1997; Abb. 1). In diesem Gen wurden 75 Mutationen vorgefunden, meistens *Punkt-Mutationen**. Es wurde festgestellt, dass sie gleichmäßig über die kodierenden und nicht-kodierenden Bereiche des Gens verteilt waren. Die Autoren kamen daher zu dem Schluss, dass sich die 1G5-Gene in beiden Organismen neutral entwickeln. Das bedeutet, dass die Gene einfach Mutationen anhäufen, ohne dass die natürliche Selektion eine Rolle spielt. Es war den Autoren aber entgangen, dass die Mutationen im 1G5-Gen nicht zufällig in der Nukleotidsequenz des Gens angetroffen werden. Abb. 1 zeigt, dass es im betreffenden Gen von *D. melanogaster* nur eine beschränkte Anzahl an Positionen gibt, in denen Mutationen stattfinden. Liest man die Sequenzen von oben nach unten, sieht man deutlich ein Muster. Das Besondere ist, dass das Muster der Mutationen,

	1111111111111122233333444444445555555555556666666666777777777788888888999
	455555556666714723448134688999122355677789011333444890122344557811366889002
	134567890124814154364842069568667725302950546578238878202149174349515490472
	AGAAATTGATTGATTAGTGGGAAGAAAGGCTCACAGGCACACAGAGCGGGGTAACAATTCTGCGAGAAGGTT
<i>D. Mel-1 (Australien)</i>C.....
<i>D. mel-2 (Australien)</i>A.....T.....
<i>D. mel-3 (Australien)</i>
<i>D. mel-4 (Kanada)</i>
<i>D. mel-5 (Zypern)</i>
<i>D. mel-6 (Irak)</i>
<i>D. mel-7 (Italien)</i>A..GG..A.A.....
<i>D. mel-8 (Japan)</i>T.....A.....T.....
<i>D. mel-9 (Peru)</i>A..GG..A.A.....C.....
<i>D. mel-10 (USA I)</i>T.....
<i>D. mel-11 (USA II)</i>
<i>D. mel-12 (USA III)</i>A..GG..A.A.....C.....
<i>D. mel-13 (Russland)</i>
<i>D. sim-1 (Kolumbien)</i>	GCCTGGCAATGGAGGCAATGACCGCGAAAATCGTTACATTG-AAAGGGCCAAACACTCACCCAG-AGTACGGC
<i>D. sim-2 (Mexiko I)</i>T.....GC.....A..-GG..G..T..T.....A..-A.....
<i>D. sim-3 (Mexiko II)</i>T.....GC.....A..-GG..G..T..T.....A..-A.....
<i>D. sim-4 (Simbabwe)</i>G.A.....A.GGC.AT.....A..GGG.TT.G.....A.G.....
	{--intron--}{-----exon2-----}

Abb. 1 Nicht-zufällige Mutationen in der Fruchtfliege *Drosophila melanogaster*. Vor 1875 gab es keine Populationen von *D. melanogaster* in Kanada und in den anderen Regionen Nordamerikas und vor 1900 keine in Australien. Die heutigen Populationen von *D. melanogaster* auf dem amerikanischen und australischen Kontinent gehen auf Invasionen der jüngsten Zeit zurück. Die Fliegen stammen hauptsächlich aus eurasischen Populationen (die relativ homogen sind) und ein kleiner Teil aus afrikanischen Populationen. Eine australische Population hätte z. B. keine Nische in Russland übernehmen können, weil es damals gar keine australische Population gab (oder japanische oder mexikanische Population; es gab *Drosophila* auch nicht in Japan vor den 1960er-Jahren und auch nicht in Mexiko vor etwa den 1900er-Jahren). *Drosophila* entwickelte sich in Afrika, bevor sie in Eurasien einwanderte. Von dort aus brachten die Menschen *Drosophila* unabsichtlich mit ihren Schiffen und Flugzeugen nach Amerika und Australien. Die fett gedruckten Mutationen (Positionen 498, 835 und 861) können nur als nicht-zufällige „Hotspot“-Mutationen verstanden werden.

d. h. die Verteilung, wie sie in den Sequenzen der verschiedenen Tauffliegen vorkommen, die Illusion einer gemeinsamen Abstammung hervorruft. Das soll im Folgenden genauer erläutert werden.

Vor 1875 gab es *D. melanogaster* noch nicht auf dem nordamerikanischen Kontinent. Vor 1900 kam sie auch nicht in Australien vor, während sie Japan erst etwa 1960 erreichte. Heutzutage wird sie weltweit angetroffen. Die heutigen Populationen von *D. melanogaster* in Nord- und Südamerika, in Australien und Japan sind daher Einwanderer in jüngerer Zeit, die von europäischen und asiatischen Populationen abstammen. Wenn wir die Sequenzen in Abb. 1 studieren, fällt auf, dass eine italienische Population sich in Amerika angesiedelt hat. Zuerst in den Vereinigten Staaten (*Dmel12*) und später in Peru (*Dmel9*). Dies können wir anhand von fünf identischen Mutationen feststellen. Diese Mutationen trifft man nur in diesen drei Populationen an. Die peruanische Population trägt außerdem eine ähnliche Mutation, wie man sie in der japanischen Population antrifft (*Dmel8*), nämlich das A auf Position 835. Darüber hinaus kann man schließen, dass zypriotische Tauffliegen die Populationen in der ehemaligen UdSSR (*Dmel3*) und im Irak (*Dmel6*) gegründet haben, ebenso die von Kanada (*Dmel4*) und den USA (*Dmel11*). Weiter fällt auf, dass eine australische Population (*Dmel2*) genau dasselbe T auf Position 498 besitzt wie die Populationen von Peru (*Dmel9*) und den USA (*Dmel12*). Schließlich sehen wir noch dieselbe Mutation auf Position 861 in australischen (*Dmel3*) und amerikanischen Tauffliegen (*Dmel10*).

Diese Tatsachen legen nahe, dass Mutationen nicht nur zufällig in einem DNA-Abschnitt auftreten können. Ein Teil der Mutationen, die normalerweise als Argument für gemeinsame Abstammung aufgefasst werden, könnte deswegen wiederkehrend sein, also wiederholt in gleicher Art auftreten. Wenn wir keine geographischen Daten gehabt hätten, so wären wir geneigt, einen rezenten, gemeinsamen Vorfahren für *Dmel1*, -4, -5, -6, -11 und -13 vorauszusetzen, weil sie alle die genau gleiche DNA-Sequenz aufweisen. Wir würden ebenfalls schließen, dass *Dmel7*, -9 und -12 einen rezenten Vorfahren haben. Und dasselbe trifft für *Dmel3* und -4 zu. Wenn die Erzeugung von Mutationen im Erbgut von Lebewesen durchweg ein zufälliger Prozess wäre, so wäre diese Folgerung berechtigt. Die variablen Positionen im 1G5-Gen legen jedoch nahe, dass wir es hier mit *gleichartigen, wiederkehrenden Mutationen* zu tun haben. Zugleich stellt sich heraus, dass sich an diesen Positionen die DNA-Basen (Nukleotide) nicht beliebig verändern, sondern durch einen ähnlichen Buchstaben ersetzt werden. Eine wichtige Frage ist jetzt: Sind solche *non-random mutations* ein allgemein vor-

kommendes Phänomen oder nur eine Ausnahme? Sollten sie allgemein vorkommen, so ist es schwierig, einen Unterschied zwischen gemeinsamer Abstammung und einem gemeinsamen Mutations-Erzeugungs-Mechanismus abzuleiten.

Bei Menschen wurden bisher wiederkehrende Mutationen sowohl in der Kern-DNA (HERNANDEZ-PACHECO 2017) als auch in mitochondrialer DNA (mtDNA) festgestellt (RUIZ-PESINI et al. 2004).³ Sogar eine gleichartige Verlustmutation (Deletion), welche die mtDNA um neun DNA-Basen verkürzt, entstand mehrmals unabhängig in Afrika und Asien. Da die Mutation in Afrika nur bei den Khoi-San, den Pygmäen und den Bantus gefunden wurde, war sie nicht auf einen gemeinsamen Vorfahren oder auf Auswanderung zurückzuführen. Darüber hinaus wurde die gleiche Mutation ebenso in Südostasien, Polynesien und in Nord- und Südamerika beobachtet (SOODYALL et al. 1996). Die Genombiologie des 21. Jahrhunderts führt somit in eine neue „undarwinsche“ Welt, in der manche Mutationen vorhersehbar und sogar berechenbar sein könnten. Wenn Populationen von Stichtlingen in neue Lebensräume gelangen, finden Anpassungen oft auf sehr ähnliche, ja sogar vorhersehbare Weise statt, indem sie die hinteren Beckenflossen verlieren. Auf molekularer Ebene ist dieser Verlust (auch bekannt als „pelvic reduction“) meist mit einer Enhancer-Sequenz* im Genom der Fische verbunden. Diese Sequenz liegt in einem Bereich des Genoms, der aufgrund seines hohen Thymin-Guanin-Gehalts stark zum doppelsträngigen DNA-Bruch neigt. Der Bruch, der immer an dieser Stelle auftritt, legt nahe, dass das Genom gleichsam auf Umweltveränderungen vorbereitet ist, damit durch wiederkehrende Mutationen schnelle Anpassungen ermöglicht werden (XIE et al. 2019).

Umweltinduzierte wiederkehrende Mutationen

Im Jahr 2002 erschien eine interessante Studie der Universität Münster, die aufzeigte, dass wiederkehrende Mutationen auch ein generelles Phänomen beim Menschen sein könnten. Die Studie hatte das Ziel, die Auswirkungen einer erhöhten natürlichen Radioaktivität auf die Mutationsfrequenz des DNA-Moleküls festzustellen. Natürliche Radioaktivität ist energie-reiche ionisierende Strahlung und entsteht überall in der Natur, wo instabile Atome sich unter Energieabgabe (radioaktive Strahlung) in stabile Atome umwandeln. Die dabei freiwerdende Energie in Form von Beta- und Gammastrahlen nennt man Radioaktivität. Diese Strahlung kann vererbare Mutationen in DNA-Sequenzen auslösen. Nach allgemein akzeptierter Auffas-

sung kommen solche strahlungsbedingten Mutationen zufällig verteilt in einer DNA-Sequenz vor. Man kann daher nicht vorhersagen, an welcher Stelle der DNA-Sequenz die Mutationen auftreten werden, wenn ein Organismus der radioaktiven Strahlung ausgesetzt ist. Die Studie lieferte jedoch den ersten empirischen Beweis für den nicht-zufälligen Charakter der strahlungsinduzierten Mutationen, als die Mutationen einer menschlichen Population von Kerala, einer Region im äußersten Südwesten des indischen Kontinents, genauer analysiert wurden. Generationen von Menschen verdienten hier ihr Brot als Fischer. Sie trockneten ihre Netze an den exotischen Stränden des Indischen Ozeans, an denen feiner schwarzer Kristallsand, der sogenannte Monasit, vorkommt. Da Monasit Thorium enthält, ist Kerala die Region mit der höchsten natürlichen Radioaktivität der Welt. In Kerala gibt es auch Regionen mit einer normalen radioaktiven Hintergrundstrahlung, weswegen dieses indische Gebiet ein einmaliges natürliches Labor darstellt. Das Münsteraner Team nahm für seine Untersuchungen nahezu tausend Blutproben von Probanden, die seit Generationen entweder das stärker radioaktive Gebiet oder das normale Hinterland bewohnten. Die Proben wurden im deutschen Labor auf das Vorhandensein von Mutationen in der mitochondrialen DNA analysiert. In den Proben des stärker radioaktiven Gebiets wurden 22 Punktmutationen gefunden; in der Kontrollgruppe nur eine. Dass eine hohe natürliche Radioaktivität zu einer größeren Mutationsfrequenz führen würde, hatten die Forscher zwar erwartet; was sie aber nicht vorhergesehen hatten, war, dass diese Mutationen nahezu alle auf *Hotspots* angetroffen wurden:

„Unglaublicherweise fördern diese radioaktiven Umstände Mutationen auf Positionen, die seit mindestens 60.000 Jahren evolutionäre *Hotspots* sind“ (FOSTER et al. 2002).

Mit den 60.000 Jahren spielt der Autor darauf an, dass die gleichen Mutationen bereits in der mtDNA der australischen Aborigines gefunden wurden, die nach gängiger evolutionärer Auffassung seit mindestens 60.000 Jahren von den in Kerala lebenden Menschen getrennt sind. In einem Gebiet mit erhöhter natürlicher Radioaktivität finden wir also erneut Hinweise auf wiederkehrende Mutationen, obwohl dies nicht der Zweck der Studie war. Das Ergebnis war eine Überraschung. Man kann daraus schließen: Da radioaktive Strahlung nicht beliebig verteilte Mutationen hervorruft, könnte dies auch auf Mutationen zutreffen, die durch UV-Strahlung oder oxidativen Stress hervorgerufen werden. Wenn es sich so verhielte, könnte vorhergesagt werden, dass sich Mutationen bevorzugt in bestimmten Bereichen ereignen, nämlich den

Hotspots. Das würde die bisherigen Vorstellungen zur molekularen Evolution gehörig infrage stellen, da solche Mutationen die Illusion einer gemeinsamen Abstammung bewirken.

Ein ähnliches Beispiel ist eine genetische Anpassung im Genom der Bewohner der Quebrada-Camarones-Region in der chilenischen Atacama-Wüste, die vor Arsenvergiftung schützt. Als vor mehreren Tausend Jahren die Wüste ihre Heimat wurde, begannen die Ur-Chilenen, Wasserquellen mit hoher Konzentration an Arsen zu nutzen. Die Arsenverunreinigung dieser Quellen übersteigt manchmal ein Milligramm pro Liter, was mehr als 100-mal höher ist als nach den Regeln der Gesundheitsorganisationen der Welt zulässig. Da es praktisch keine alternativen Wasserquellen gibt, waren die in der Wüste lebenden Ureinwohner gezwungen, das giftige Wasser zu trinken. Unerwartet gewöhnten sie sich schnell an das giftige Wasser, was sich als Folge einer Mutation im *AS3MT*-Gen herausstellte, wodurch der Körper Arsen abbauen kann. Das adaptierte Gen bewirkt, dass die Bewohner von Quebrada-Camarones Arsen viel schneller detoxifizieren (unschädlich machen) und so in der Wüste überleben können. Frühere Studien fanden ähnliche Mutationen im *AS3MT*-Gen, die zu einem verbesserten Arsen-Metabolismus in Vietnam und Argentinien beitragen (APATA et al. 2017).

Mechanismen für wiederkehrende Mutationen

2017 wurden weitere Indizien dafür präsentiert, dass Mutationen an vorhersehbaren Positionen im Genom auftreten können. Eine seltsame Beobachtung der modernen Genombiologie ist, dass manchen Organismen essenzielle (lebenswichtige) Gene zu fehlen scheinen. Eine Forschungsgruppe um Adam HARGREAVES in Oxford, England, beschreibt diese Gene als „*dunkle DNA*“ („Dark DNA“). Die von ihnen untersuchten Gene sollten eigentlich existieren, weil sie eine besonders wichtige Funktion erfüllen und lebensnotwendig sind. Als sie nach einem Gen namens *Pdx1* suchten, das die Sekretion von Insulin steuert, fanden sie heraus, dass es fehlte, ebenso wie 87 andere Gene in der Umgebung von *Pdx1*. Einige dieser fehlenden Gene, einschließlich *Pdx1*, sind essenziell und ohne sie kann ein Tier nicht überleben. Die Forscher entdeckten, dass die DNA-Sequenzen dieser Gene sehr reich an den Nukleotiden* Guanin (G) und Cytosin (C) sind, während sie weniger von den beiden anderen DNA-Buchstaben, Adenin (A) und Thymin (T), enthielten. Da GC-reiche Sequenzen für bestimmte DNA-Sequenzierungstechnologien Probleme verursachen, ist die richtige

Reihenfolge viel schwieriger nachzuweisen (daher „dunkle DNA“⁴). Als sie die Region genauer untersuchten, stellten die Forscher fest, dass ein Teil der Gene viel mehr Mutationen aufwies als erwartet. Interessanterweise waren die Gene mit *Hotspots* übersät, sodass sie stark mit GC-DNA angereichert und so häufig mutiert waren, dass sie mit Standardmethoden schwer nachzuweisen sind. Auf seiner Website formulierte HARGREAVES als Schlussfolgerung, dass es sich um einen Mechanismus handeln muss. Er schreibt:

„Hotspots mit hoher Mutationsrate innerhalb eines Genoms bedeuten, dass Gene an bestimmten Orten eine höhere Mutationswahrscheinlichkeit haben als andere. Dies bedeutet, dass solche Hotspots ein unterschätzter Mechanismus sein könnten, der auch die Richtung der Evolution beeinflussen könnte, was bedeutet, dass die natürliche Selektion möglicherweise nicht die einzige treibende Kraft ist“ (HARGREAVES 2017).

Wie könnten solche Mechanismen aussehen? Indem die Evolutionsbiologie *a priori* von der These ausgeht, dass adaptive genetische Änderungen nur das Ergebnis zufälliger von der Selektion begünstigter Mutationen sein können, wurden systematische Studien weitgehend vernachlässigt, die die These von wiederkehrenden Mutationen untermauern könnten. Die wenigen Daten, die uns zur Verfügung stehen, stammen von einer Studie mit *E. coli*-Bakterien. Zwei große DNA-Abschnitte wurden analysiert. Die Analyse des ersten Abschnitts ergab, dass 63% der 293 unabhängig aufgetretenen Mutationen auf nur 19 verschiedene *Hotspots** verteilt waren. Im zweiten Abschnitt machten die Forscher neun *Hotspots* aus, an denen der größte Teil der

Die wiederkehrenden Mutationen waren zuvor vermutlich nicht bemerkt worden, weil nicht genügend Datenmaterial zur Verfügung stand.

beobachteten 120 Mutationen lokalisiert war. In einem vergleichbaren Experiment fand man 70% der Punktmutationen auf nur zwei extremen *Hotspots*, die restlichen 475 Mutationen waren über 91 Positionen gleichmäßig verteilt (MAKI et al 2002). Die Häufung von Mutationen an bestimmten Genorten in Bakterien ist dementsprechend kein zufälliges Phänomen; vielmehr spielen bislang unbekannte Mechanismen eine Rolle, die man nur nachweisen kann, wenn man eine ausreichend große Anzahl von Individuen analysiert. Genau das macht das *Exom Aggregation Consortium* seit 2017. Diese internationale Gruppe von Wissenschaftlern versucht die Daten aus einer Vielzahl von umfangreichen Sequenzprojekten zusammenzutragen, damit sie

Glossar

Adaptive Immunität: Die adaptive Immunität ist gekennzeichnet durch die klonale Expansion der Lymphozyten und durch das immunologische Gedächtnis. Es ist adaptiv, weil es nicht angeboren (oder natürlich) ist und sich an die Eindringlinge anpasst.

Alignment: „Ausrichtung“, bezeichnet den methodischen Vergleich zweier oder mehrerer DNA-Sequenzen. Es wird in der molekularen Phylogenie verwendet, um evolutionäre Verwandtschaften zu bestimmen.

Catarrhini: Unterordnung der Primaten, zu der auch der Mensch gehört. Die andere Unterordnung sind die Platyrrhini.

DNA-deaminierende Aktivität: die chemische Abspaltung einer Aminogruppe von der DNA.

Enhancer-Sequenz: DNA-Abschnitt (DNA-Code), der die Transkription („Umschreibung“ in mRNA, genetischer Output) eines Gens verstärkt.

Exon: Abschnitt der DNA, welcher in eine Aminosäuresequenz übersetzt wird.

Gendrift: Zufällige, nicht durch Selektion bewirkte Veränderung des Bestandes an Allelen (Genvarianten) einer Population.

GULO: Ein Enzym (Oxidase; L-Gulonolactonoxidase), das eine chemische Vorstufe der Ascorbinsäure (Vitamin C) oxidiert. Da dieses Enzym beim Menschen fehlt,

muss er Vitamin C durch Nahrung zu sich nehmen, um nicht durch Vitaminmangel zu erkranken.

Homoplasi: Gleiche Sequenzanordnung in verschiedenen Organismen, die sich nicht durch gemeinsame Abstammung erklären lässt. Es handelt sich um → Konvergenz, Parallelismus oder Reversion (Rückentwicklung) auf genetischer Ebene.

Hotspot: bezeichnet in der Genetik Bereiche in der DNA, bei denen vermehrt Mutationen oder Rekombinationen stattfinden.

Konvergenz: gleichartige Entwicklung ähnlicher Strukturen und Funktionen einzelner Organe nicht abstammungsmäßig verwandter Organismen.

Mutation: spontane oder künstlich ausgelöste Erbänderung.

Nukleotid: Einzelbaustein der DNA, bestehend aus einer Stickstoff-Base, einem C5-Zucker und einem Phosphorsäurerest.

Pseudogen: DNA-Abschnitt, der nicht translatiert (in eine Aminosäuresequenz übersetzt) wird, aber große Ähnlichkeit zu einem Gen hat, das tatsächlich in ein Protein übersetzt wird.

Punktmutation: Eine → Mutation, bei der nur ein einziges → Nukleotid ausgetauscht, eingebaut oder herausgenommen wird.

für die breitere wissenschaftliche Gemeinschaft zur Verfügung stehen. Der öffentlich zugängliche Datensatz, den das Konsortium auf seiner Website bereitstellt, umfasst DNA-Sequenzen von mehr als 60.000 nicht verwandten Personen (<http://exac.broadinstitute.org>). Diese groß angelegte Datenbank wurde für medizinische und funktionell-biologische Zwecke erstellt und ist der bisher größte Katalog der menschlichen genetischen Variation bzw. Vielfalt. Der Katalog enthält durchschnittlich eine Variante pro acht Basen des transkribierten Genoms und liefert den bislang überzeugendsten direkten Nachweis für wiederkehrende Punktmutationen. Etwa die Hälfte aller menschlichen Tumore gehen auf Mutationen an mittlerweile vorhersehbaren Stellen zurück, da sie auf einem oder mehreren *Hotspots* auftreten (CHANG et al. 2016).

Während diese Mutationen bisher als zufällige Ereignisse angesehen wurden, die durch DNA-Replikationsfehler oder durch DNA-schädigende Mittel induziert wurden, führte die Genomsequenzierung zur Entdeckung einer erkennbaren Mutations-Signatur bei vielen menschlichen Krebsarten. Viele dieser Mutationen beschränken sich auf bestimmte

DNA-Motive, die der Aktivität einer Familie von DNA-Deaminasen, der AID/APOBEC-Enzyme, zugeschrieben werden. Diese Enzyme sind Schlüsselakteure in der natürlichen und adaptiven Immunität*, können aber zur Krebsentwicklung und zu einem klonalen Entwicklungsgang von Krebs beitragen, indem sie genomische Schäden aufgrund ihrer DNA-deaminierenden Aktivität* induzieren. Daher liefert diese Proteinfamilie, zumindest teilweise, eine Erklärung und einen biologischen Mechanismus für die Beobachtung von nicht-zufälligen, wiederkehrenden Mutationen (REBHANDEL et al. 2015). Es ist davon auszugehen, dass die wiederkehrenden Mutationen zuvor nicht bemerkt worden waren, weil für die bisher veröffentlichten Studien nicht genügend Datenmaterial zur Verfügung stand. Nur die Analyse großer Datenmengen zeigt, dass Mutationen oft an vorhersehbaren Stellen auftreten. Eine solche Erkenntnis hat enorme Konsequenzen für Evolutionstheorien, insbesondere wenn es um die Erklärung von artübergreifenden Mutationen geht.

Artübergreifende wiederkehrende Mutationen

Die heute vorliegenden biologischen Fakten legen nahe, dass Mutationen nicht nur beliebig im Genom von Organismen auftreten, sondern dass sie von molekularen Mechanismen angetrieben werden. Wäre dies ein generelles Phänomen, das bei unterschiedlichen Arten vorliegt, hätte es bedeutsame Konsequenzen für die Sichtweise von einer allgemeinen Abstammung aller Lebewesen, da Hotspots und wiederkehrende Indels (Einschübe oder Verluste) eine Illusion gemeinsamer Abstammung hervorrufen können. Die Muster von Mutationen in verschiedenen Arten von Tauffliegen sind bemerkenswert ähnlich. Die Variationen, die man bei der Flügeladerung beobachtete, wurden bei etwa 21.000 Fliegen aus 117 Arten beobachtet (HOULE et al. 2017). Die Forscher kamen zu dem Schluss, dass ihre Beobachtungen nicht ohne Weiteres von einem der verfügbaren Evolutionsmodelle erklärt werden können und eine wichtige Herausforderung für evolutionäre Modellierungen darstellen, da sie mit wiederkehrenden Mutationen zu tun haben.

Überall, wo man genauer hinschaut, begegnet einem dieses Phänomen. Auch eine detaillierte Studie der DNA-Sequenz, die für das Enzym Alkohol-Dehydrogenase (ADH4) kodiert, belegt die nicht-zufällige Häufung von Mutationen. Das ADH4-Gen ist das erste Gen, das angeschaltet wird, wenn Alkohol konsumiert wird, da es im Magen exprimiert wird. In den meisten Tieren, auch in den meisten Primaten, ist ADH4 ein langsam wirkendes Enzym und

Die Illusion ist komplett bei nicht-zufälligen Mutationen in Pseudogenen reproduktiv isolierter Arten.

das Abbauen von Alkohol erfordert viel Zeit. In Menschen und Menschenaffen gibt es aber eine Mutation, durch die ADH4 vierzig Mal schneller Alkohol abbauen kann. Diese Mutation erlaubt es, dass man ab und zu richtig feiern kann, ohne einen 40-tägigen Kater zu bekommen. Die meisten Lebewesen werden jedoch Alkohol meiden, weil sie nicht diese Mutation haben. Es gibt aber Ausnahmen, wie zum Beispiel das Fingertier, ein mysteriöses, großäugiges Nachttier, das man nur auf Madagaskar antreffen kann. Das Fingertier – oder Aye-Aye – ist ein kleiner Primat aus der Gruppe der Lemuren, der mit seinen langen, feinfühligem Fingern Insektenlarven aus morschem Holz angelte. Merkwürdigerweise hat das Fingertier genau die gleiche Mutation in ADH4 wie Menschen und Menschenaffen. Die Mutation muss aber unabhängig entstanden sein, da es zu einem völlig anderen Zweig des evolutionären Primaten-Stammbaums gehört (GOCHMAN et al. 2016). Falls Mutationen ausschließlich zufällig in DNA-Sequenzen auftreten würden, wären die gleichen Mutationen nicht in beiden Zweigen der Primaten zu erwarten. Diese Mutationen schaffen eine Illusion von gemeinsamer Abstammung.

Diese Illusion ist komplett, wenn wir die nicht-zufälligen Mutationen in Pseudogenen von reproduktiv isolierten Arten betrachten. Ein in der evolutionstheoretischen Literatur ausführlich diskutiertes Beispiel sind die Mutationen im zehnten Exon* des *GULO*-Gens (OHTA et al. 1999). Das *GULO*-Gen codiert für das Protein Gulono-Lactono-Oxidase. Es katalysiert den letzten Schritt in der Biosynthese von Vitamin C. Nahezu alle Pflanzen und Tiere besitzen diesen Syntheseweg, denn Vitamin C ist unentbehrlich für die Synthese des Bindegewebes und es schützt als Antioxidans vor Alterungsprozessen. Trotzdem gibt es eine Anzahl an Tieren, die kein Vitamin C synthetisieren können. Da diese Tiere das Vitamin jedoch in ausreichender Menge mit ihrer Nahrung aufnehmen, tritt eine Vitamin-Mangelerkrankung, in diesem Fall die Avitaminose Skorbut, nicht auf. Eine große Zahl Früchte fressender Fledermäuse der Familie Chiroptera muss ohne Vitamin C auskommen. Und auch Meerschweinchen können es selbst nicht herstellen (BIRNEY et al. 1976). Menschen und Schimpansen können Ascorbinsäure ebenfalls nicht synthetisieren. Mehr noch, alle getesteten Mitglieder der Familie der Catarrhini*, d.h. alle Menschenaffen (Schimpanse, Gorilla, Orang-Utan), können

ebensowenig Vitamin C synthetisieren. Dies steht im Gegensatz zur anderen Unterordnung der Primaten, den Platyrrhini, bei denen Vitamin C in der Leber synthetisiert wird. Der Verlust der Fähigkeit, Vitamin C zu synthetisieren, ist offensichtlich häufig im Tierreich vorgekommen und Teile des inaktiven *GULO*-Gens sind in mehreren Arten noch immer identifizierbar. Dass ein defektes *GULO*-Gen sich durch Gen-Drift* verbreitete, ist eine Möglichkeit, aber eher unwahrscheinlich, wenn die Populationen der oben erwähnten Organismen groß waren. Erst wenn alle diese Organismen einen genetischen Engpass durchlaufen hätten, könnte das defekte Gen in der gesamten Population fixiert werden. Interessanterweise gibt es Hinweise, dass alle Tierarten einen solchen Engpass durchlaufen haben (TERBORG 2019).

Der wichtigste Grund für die Faszination des *GULO*-Gens ist die Tatsache, dass eine ähnliche Deletion*, wie sie auf Position 97 des zehnten Exons* – ExonX – im Menschen angetroffen wird, auch in Schimpansen, Orang-Utans und Makaken vorkommt. Es ist selbstverständlich, dass diese Deletion von Evolutionstheoretikern als endgültiger Beweis für gemeinsame Abstammung von Menschen und Affen interpretiert wird. Und es wäre tatsächlich ein starkes Indiz, wenn Mutationen ausschließlich ein zufälliges und unvorhersehbares Phänomen wären. Die in allen Catharrhini vorhandenen Deletionen könnten aber auch die Folge eines *artübergreifenden Hotspots* sein, einer genetischen Stelle, an der sich Mutationen bevorzugt ansammeln. In Kombination mit dem oben erwähnten Engpass wäre es dann möglich, dass diese Organismen dieselbe Deletion unabhängig voneinander erhielten. Diese Hypothese muss natürlich untermauert werden. Denn sollte es sich herausstellen, dass sie zutrifft oder es zumindest gute Argumente für sie gibt, wäre die molekulare Beweisführung für gemeinsame Abstammung fragwürdig.

Die veröffentlichten Sequenzanalysen des *GULO*-Gens wurden alle mit einer kleinen Anzahl von Spezies durchgeführt (OHTA et al. 1999, NISHIKIMI et al. 1992; 1994, INAI et al. 2003). Studien mit wenigen Arten sind jedoch, wie oben schon angemerkt, nicht geeignet, artübergreifende Hotspots zu identifizieren. Deshalb haben wir 2009 eine eigene Studie durchgeführt, durch die wir einen nicht-zufälligen Hotspot an Position 97 ausschließen wollten (TRUMAN & TERBORG 2007). Abb. 2 zeigt die DNA-Sequenz des zehnten Exons des *GULO*-Gens (Exon X), wie sie in 11 verschiedenen Organismen vorkommt. Beim Vergleich der Sequenzen ist sofort ersichtlich, dass mehrere Positionen Hotspots für Mutationen sind, darunter die Positionen 76 und 131. Aber auch die Deletion auf Position 97 ist ein Hotspot für Mutationen. Es ist auffällig, dass

	1	2	10	12	13	15	16	19	22	28	29	31	34	35	36	37	38	39	40	46	47	48	49	50	55	56	58	59	61	62	63	64	65	
Orang Utan	A	A	C	C	G	A	G	C	G	G	C	G	G	G	C	C	A	T	G	G	G	G	C	C	C	C	C	G	G	G	G	T	G	T
Mensch	A	A	C	C	C	G	A	G	C	G	G	C	G	G	C	C	A	T	G	G	G	G	C	C	C	C	C	G	G	G	G	T	G	T
Schimpanse	A	A	C	C	C	G	A	G	C	G	G	C	G	G	C	C	A	T	G	G	G	G	C	C	C	C	C	G	G	G	G	T	G	T
Makake	A	A	C	C	C	G	A	G	C	G	G	C	G	G	C	C	A	T	G	G	G	G	C	C	C	C	C	G	G	G	G	T	G	T
Meerschweinchen	A	G	C	A	G	A	G	C	G	G	C	G	G	C	C	A	T	G	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	T	G	T
Maus	G	G	C	A	G	A	G	C	G	G	C	G	G	C	C	A	T	G	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	T	G	T
Kuh	A	G	C	A	G	A	G	C	G	G	C	G	G	C	C	A	T	G	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	T	G	T
Huhn	T	G	A	A	G	A	A	G	C	G	C	G	G	C	C	A	T	G	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	T	G	T
Schwein	A	G	C	A	G	A	G	C	G	G	C	G	G	C	C	A	T	G	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	T	G	T
Hund	A	G	C	A	G	A	G	C	G	G	C	G	G	C	C	A	T	G	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	T	G	T
Ratte	G	G	C	A	G	A	G	C	G	G	C	G	G	C	C	A	T	G	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	T	G	T
	72	73	75	76	79	81	83	85	91	92	94	95	96	97	98	99	100	101	101	103	109	111	112	114	115	118	121	127	128	130	131	133	134	135
Orang Utan	A	C	C	G	G	G	G	G	C	A	C	C	A	*	G	A	G	G	T	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Mensch	A	C	T	G	G	G	G	A	C	A	C	T	T	*	G	A	G	G	T	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Schimpanse	A	C	T	G	G	G	G	C	A	C	A	C	T	T	*	G	A	G	G	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Makake	A	A	C	T	G	G	G	G	C	A	C	C	T	T	*	G	A	G	G	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Meerschweinchen	A	C	C	T	G	G	G	G	C	A	C	C	T	T	*	G	A	G	G	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Maus	A	C	C	C	G	A	G	G	C	A	C	C	G	G	A	G	G	G	T	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Kuh	A	C	C	C	G	A	G	A	C	A	T	C	G	C	G	G	G	G	T	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Huhn	A	C	C	T	G	A	G	G	T	G	T	C	G	A	G	C	G	G	T	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Schwein	A	C	C	C	G	A	G	C	A	T	C	G	G	C	G	G	G	T	T	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Hund	T	C	C	T	G	A	G	C	A	C	C	G	C	G	G	G	T	T	T	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	
Ratte	A	C	C	C	A	G	C	A	C	C	G	A	G	G	C	G	T	T	T	T	T	T	A	T	G	T	C	C	C	C	G	G	A	

wir hier in allen untersuchten Organismen einen anderen DNA-Buchstaben auf dieser Position antreffen. Wenn wir in Abb. 2 Position 97 von unten nach oben betrachten, lesen wir A-C-G-A-C-A-G. Der Vergleich der angrenzenden Positionen 96 und 98 zeigt immer G-G-G-G-G-G-G; es sind also sehr stabile, unveränderliche Positionen. Position 97 dagegen ist eine sehr variable Position. Von allen DNA-Buchstaben verändert sich Position 97 am häufigsten. Position 97 ist eine sehr instabile Stelle in einer DNA-Sequenz, an der Mutationen vorzugsweise auftreten. Wir konnten die Null-Hypothese, dass es sich hier um einen artübergreifenden Hotspot handelt, somit nicht ausschließen. Die Deletion kann sehr gut als *artübergreifender Hotspot* betrachtet werden. In Primaten manifestiert sich diese Instabilität als eine Deletion und erzeugt die Illusion einer gemeinsamen Abstammung (Abb. 2). Dass *artübergreifende wiederkehrende Mutationen* existieren, belegt nicht nur das *GULO*-Gen, sondern auch das Uratoxidase-Gen, wo sie auch die Illusion einer gemeinsamen Abstammung erwecken (ODA et al. 2002).

Homoplasie

Artübergreifende Hotspots verdienen besondere Aufmerksamkeit, weil sie auf elegante Weise ein überraschendes Resultat der molekularen Phylogenetik erklären: Homoplasie*. Evolutionstheoretiker sprechen von Homoplasie, wenn DNA-Sequenzen in Organismen, die in einem evolutionären Stammbaum nicht eng verwandt sind, identisch sind (Abb. 3):

„Homoplasie wird in der theoretischen Phylogenetik seit langem anerkannt, und man hat sich viel Mühe gegeben, ihre Ursachen zu verstehen und entsprechende Korrekturen vorzunehmen. Die beobachteten Muster [...] geben jedoch Anlass zur Sorge, dass das Ausmaß der Homoplasie viel größer sei als bei allgemein

Abb. 2 Variable Nukleotide des Exons X, die in den *GULO* (Pseudo)-Genen einer Reihe von Spezies vorhanden sind (die Nukleotide, die in allen Organismen gleich sind, sind nicht dargestellt). Die Deletionsmutation an Position 97 (angezeigt durch *) wird normalerweise als ultimativer Beweis für die gemeinsame Abstammung zwischen Mensch und Menschenaffen interpretiert. Auf den ersten Blick mag dies ein sehr starkes Argument für eine gemeinsame Abstammung sein. Nach der Untersuchung einer großen Anzahl von Organismen, die den Ausschluss von nicht-zufälligen Mutationen ermöglichen, wird jedoch deutlich, dass die Position 97 tatsächlich ein Hotspot für nicht-zufällige Mutationen ist. (Aus dem Datensatz von TRUMAN & TERBORG 2007)

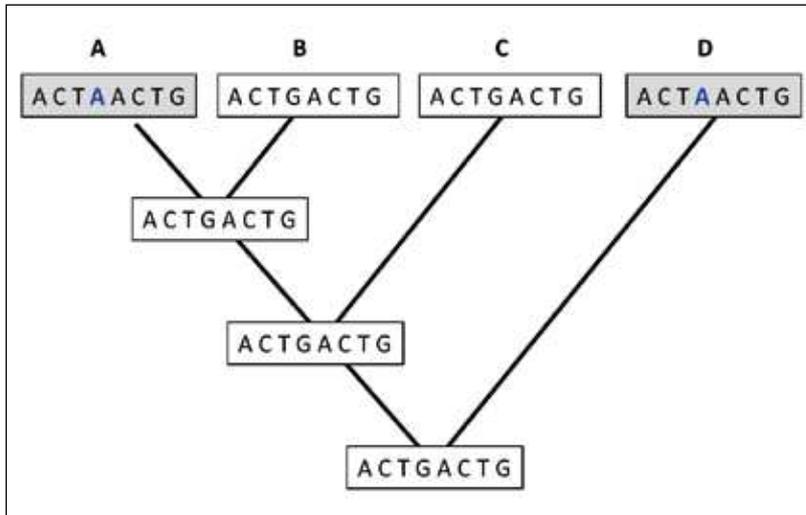


Abb. 3 In der Evolutionsbiologie bezieht sich der Begriff „Homoplasi“ auf ein gemeinsames Merkmal oder eine gemeinsame Merkmalsausprägung, die aufgrund dieser Gemeinsamkeit evolutionäre Verwandtschaft nahelegen scheint, in Wirklichkeit aber unabhängig erworben oder verloren wurde. Bei unabhängigem Erwerb spricht man auch von Konvergenz. In der Abbildung scheinen die DNA-Sequenzen der Organismen A und D am engsten miteinander verwandt zu sein, obwohl die Abstammungslinien die Organismen am weitesten voneinander entfernt bestimmen (z. B.: A = Mensch; B = Schimpanse; C = Gorilla; D = Makake). Solche Konvergenzen rufen eine Illusion der gemeinsamen Abstammung hervor.

akzeptierten Modellen der Sequenzevolution erwartet und dass die damit verbundenen Konsequenzen für die Grenzen der phylogenetischen Auflösung nicht ausreichend gewürdigt werden“ (ROKAS & CARROLL 2006).⁵

Eine neuere genetische Analyse brachte beispielsweise ans Licht, dass die meisten Mutationen, die im Menschen degenerative Krankheiten verursachen, auch bei Rhesusaffen angetroffen werden, im Gegensatz zu den Erwartungen jedoch nicht beim Schimpansen. Von den 229 Mutationen, die der Mensch und der Rhesusaffe gemeinsam hatten, wurden nur 97 beim Schimpansen aufgefunden (ROKAS 2006; Rhesus Macaque Genome Sequencing and Analysis Consortium 2007). Der Mensch gleicht in diesem Fall dem Rhesusaffen mehr als dem Schimpansen.⁶ Vergleichende Analysen zeigten, dass ein großer Teil der Gene des Menschen den Gorilla-Genen mehr ähnelt als denen des Schimpansen, was die Annahme von Homoplasien erfordert. Aufgrund des gegenwärtigen biologischen Wissens können Mutationen nicht mehr ausschließlich als zufällige genetische Veränderungen betrachtet werden, die nicht vorhergesagt werden können. Im Gegenteil: Wenn wir genügend Sequenzdaten von möglichst vielen Probanden haben, können wir mit hoher Wahrscheinlichkeit vorhersagen, wo in bestimmten Sequenzen Mutationen auftreten werden. Da sich Mutationen nicht nur zufällig in einer DNA-Sequenz ansammeln, besitzen wir nun auch eine plausible biologische Erklärung für Homoplasien: Homoplasi wird durch artübergreifende wiederkehrende Mutationen hervorgerufen. Evolutionstheoretiker dagegen sind der Auffassung, dass Homoplasien die bekannten Abstammungslinien stören. Es könnte aber durchaus sein, dass sie ausgehend vom Darwin’schen Paradigma auf das falsche Pferd gesetzt haben. Man geht von vornherein davon

aus, dass gemeinsame Abstammung wahr ist und dass Mutationen nur zufällig in den Sequenzen auftreten – mit Ausnahme einiger bekannter Hotspots. Beide Annahmen haben sich jedoch als falsch erwiesen.

Die Experten schätzen, dass 10-15% der Mutationen auf Homoplasi zurückzuführen sind (ROKAS & CARROLL 2006). Da Homoplasi den nicht-zufälligen Charakter von Mutationen widerspiegeln könnte, schafft sie ein offensichtliches Dilemma: Wie können wir zwischen Homologie und Homoplasi unterscheiden, also zwischen Mutationen, die zur Ermittlung einer gemeinsamen Abstammung genutzt werden können, und solchen, bei denen das nicht der Fall ist? Die Antwort ist: Wir können es nicht. Es kann durchaus sein, dass die in der Evolutionsliteratur vorgestellten makroevolutionären Stammbäume eine Illusion sind, die durch eine Kombination von gemeinsamem Sequenz-Design und artübergreifenden Hotspots erzeugt werden. Für

Wenn gleichartige Mutationen auch nicht-zufällig in einer DNA-Sequenz auftreten können, lassen sich die genetischen Daten in einem Schöpfungsrahmen interpretieren.

diese Erklärung spricht, dass eine gemeinsame Abstammung von Mensch und Schimpanse durch die neusten genetischen Befunde sehr disputabel ist. Der genetische Unterschied zwischen beiden Organismen wird heutzutage auf 16% bestimmt und umfasst mehrere hundert Gene und eine Fülle neuer genetischer Information, für deren Ursprung es in einer naturalistischen Weltsicht keine plausible Erklärung gibt. Diese neue, einzigartige biologische Information, die wir jeweils im Genom von Mensch und Tier vorfinden, ist ein klares Gegenargument zur These der universellen Abstammung.

Bestimmte molekulargenetische Daten wie mutmaßlich vererbte Fehler schienen bisher ein starkes Argument gegen eine getrennte Erschaffung von Grundtypen zu sein. Mit der Erkenntnis, dass sich gleichartige Mutationen auch nicht-zufällig und unabhängig in einer DNA-Sequenz anhäufen können, wird dieses Argument entkräftet und die genetischen Daten lassen sich somit nach wie vor in einem Schöpfungsrahmen interpretieren: Die artübergreifenden Mutationen, die eine Illusion gemeinsamer Abstammung erwecken, können als Konvergenzen verstanden werden.

Anmerkungen

- 1 Man hatte zwar festgestellt, dass „hot-spots“ in den DNA-Sequenzen vorkamen, aber man unterstellte, dass sie keinen nennenswerten Einfluss auf die Abstammungslinien ausüben würden.
- 2 Original: „Mutation is random in two senses. First, although we may be able to predict the probability that a certain mutation will occur, we cannot predict which of a large number of gene copies will undergo the mutation. Second, and more importantly, mutation is random in the sense that the chance that a particular mutation will occur is not influenced by whether or not the organism is in an environment in which that mutation would be advantageous.“
- 3 Dabei geht man davon aus, dass solche Mutationen zufälligerweise an den gleichen Stellen auftraten, aber durch Selektion fixiert wurden, weil sie den Organismen einen reproduktiven Vorteil verschafften.
- 4 Die verborgenen Sequenzen werden als „dunkle DNA“ bezeichnet in Anspielung auf die dunkle Materie im Kosmos, die wir nicht entdecken können, obwohl sie 25% des Universums ausmachen sollte. Im Gegensatz zu dieser kosmischen dunklen Materie wird die dunkle DNA nicht wirklich vermisst.
- 5 Original: „Homoplasy has long been appreciated in theoretical phylogenetics, with much effort invested into understanding its causes and providing corrections for them. However, the observed patterns ... give cause for concern that the extent of homoplasy is much greater than expected under widely accepted models of sequence evolution and that the attendant consequences for the limits to phylogenetic resolution are not sufficiently appreciated.“
- 6 Die Voreingenommenheit der Darwin'schen Theoretiker rührt von der Tatsache her, dass nicht berücksichtigt wird, dass genetische Übereinstimmungen zwischen Mensch und Schimpanse auch durch Konvergenz bzw. Homoplasie verursacht werden können. Daher werden sie als Beweise für gemeinsame Abstammung interpretiert.

Literatur

- APATA M, ARRIAZA B, LLOP E & MORAGA M (2017) Human adaptation to arsenic in Andean populations of the Atacama Desert. *Am. J. Phys. Anthropol.* 163, 192–199; doi: 10.1002/ajpa.23193.
- BAUER J (2008) *Das kooperative Gen*. Hamburg: Hoffmann und Campe.
- BIRNEY EC, JENNESS R & KAYAZ AM (2008) Inability of bats to synthesise L-ascorbic acid. *Nature* 260, 626–628.
- BORGER P (2008) *Darwin Revisited*, Scholars Press.
- CAPORALE LH (2003) *Darwin in the Genome*. The McGraw Hill Companies.
- CHANG MT et al. (2016) Identifying recurrent mutations in cancer reveals widespread lineage diversity and mutational specificity. *Nature Biotechnology* 34, 155–163.
- FOSTER L, FORSTER P, LUTZ-BONENGL L & BRINKMANN B (2002) Natural radioactivity and human mitochondrial DNA mutations. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 99, 13950–13954.
- FUTUYMA DJ (2005) *Evolutionary Biology*, 3rd ed., Sinauer Associates, Sunderland, MA, p. 178–179.
- GOCHMAN SR, BROWN MB & DOMINY NJ (2016) Alcohol discrimination and preferences in two species of nectar-feeding primate. *The Royal Society*.
- HARGREAVES A (2017) Introducing 'dark DNA' – the phenomenon that could change how we think about evolution. <http://theconversation.com/introducing-dark-dna-the-phenomenon-that-could-change-how-we-think-about-evolution-82867>
- HERNANDEZ-PACHECO N et al. (2017) Identification of a novel locus associated with skin colour in African-admixed populations. *Sci. Rep.* 7:44548.
- HOULE D, BOLSTAD GH, VAN DER LINDE K & HANSEN TF (2017) Mutation predicts 40 million years of fly wing evolution. *Nature*, doi:10.1038/nature23473.
- INAI Y, OHTA Y & NISHIKIMI M (2003) The whole structure of the human non-functional L-gulonogamma-lactone oxidase gene – the gene responsible for scurvy – and the evolution of repetitive sequences thereon. *J. Nutr. Sci. Vitaminol.* 49, 315–319.
- MAKI H (2002) The origin of spontaneous mutations: specificity and directionality of base substitution, frameshift, and sequence-substitutions mutageneses. *Annu. Rev. Genet.* 39, 297–303.
- NISHIKIMI M, KAWAI T & YAGI K, (1992) Guinea pigs possess a highly mutated gene for L-gulonogamma-lactone oxidase, the key enzyme for l-ascorbic acid biosynthesis missing in this species. *J. Biol. Chem.* 267, 21967–21972.
- NISHIKIMI M et al. (1994) Cloning and chromosomal mapping of the human non-functional gene for L-gulonogamma-lactone oxidase, the enzyme for l-ascorbic acid biosynthesis missing in man. *J. Biol. Chem.* 269, 13685–13688.
- ODA M, SATTA Y, TAKENAKA O & TAKAHATA N (2002) Loss of urate oxidase activity in hominoids and its evolutionary implications. *Mol. Biol. Evol.* 19, 640–653.
- OHTA Y & NISHIKIMI M (1999) Random nucleotide substitutions in primate nonfunctional gene for L-gulonogamma-lactone oxidase, the missing enzyme in L-ascorbic acid biosynthesis, *Biochim. Biophys. Acta* 1472, 408–411.
- REBHANDI S, HUEMER M, GREIL R & GEISBERGER R (2015) AID/APOBEC deaminases and cancer. *Oncoscience* 28, 320–333.
- Rhesus Macaque Genome Sequencing and Analysis Consortium (2007) Evolutionary and Biomedical Insights from the Rhesus Macaque Genome, *Science* 316, 222–234.
- RORAS A & CARROLL SB (2006) Bushes in the tree of life, *PLoS Biol.* 4(11):e352.
- RUIZ-PESINI E, MISHMAR D, BRANDON M, PROCACCIO V & WALLACE DC (2004) Effects of purifying and adaptive selection on regional variation in human mtDNA. *Science* 303, 223–236.
- SCHMID JK & TAUTZ D (1997) A screen for fast evolving genes from *Drosophila*, *Proc. Natl. Acad. Sci.* 94, 9746–9750.
- SOODYALL H et al. (1996) mtDNA control-region sequence variation suggests multiple independent origins of an 'Asian-specific' 9-bp deletion in sub-Saharan Africans, *Am. Hum. Gen.* 58, 595–608.
- SPEETNER L (1997) *Not by Chance*. The Judaica Press Ltd.
- TERBERG P (2019) Überraschende genetische Engpässe – Hinweis auf eine globale Dezimierung der Tierwelt? *Stud. Integr. J.* 26, 39–42.
- TRUMAN R & TERBERG P (2007) Why the shared mutations in the Hominidae exon X GULO pseudogene are not evidence for common descent. *J. Creat.* 21.
- XIE KT, WANG G, THOMPSON AC, WUCHERPFENNIG JI, REIMCHEN TE, MACCOLL ADC, SCHLUTER D, BELL MA, VASQUEZ KM & KINGSLEY DM (2019) DNA fragility in the parallel evolution of pelvic reduction in stickleback fish. *Science.* 363, 81–84.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Peter Borger Rosenbergweg 29,

72720 Baiersbrunn; E-Mail: sg@wort-und-wissen.de



Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten

1. Woher kommt die Artenvielfalt?

Wie kann Vielfalt innerhalb von genetischen Familien bzw. Grundtypen entstehen? Der durch seine Vererbungsgesetze bekannte Gregor Mendel entwickelte zu dieser Frage eine Erklärung, die heute nahezu vergessen ist. Aber gerade neuere Befunde über rasche Artbildung sind starke Indizien dafür, dass nicht Darwin, sondern Mendel Recht hatte: Artbildung „lebt“ von präexistenten genetischen Programmen.

Nigel Crompton

Abb. 1 Gregor Johann Mendel, der Vater der modernen Genetik. Geboren am 20. Juli 1822 in Heinzendorf, Schlesien (heute Hynčice, Tschechien). Er nahm den Namen Gregor an, nachdem er Augustinermönch in der Abtei St. Thomas, Brünn, Österreich (heute Brno, Tschechien), geworden war. 1868 wurde er dort Abt. Er führte seine Experimente mit Pflanzenhybriden zwischen 1854 und 1865 durch und veröffentlichte 1866 seine berühmte Arbeit. Er starb am 6. Januar 1884 in Brünn im Alter von 61 Jahren. (Mit freundlicher Genehmigung der Abtei St. Thomas, Brno)

Einleitung

Die Frage, wie Artbildung erfolgt, also die Aufspaltung von einer Art in zwei oder mehr Tochterarten, gehört zu den zentralen Fragen der Biologie. Charles Darwins epochemachendes Werk „On the Origin of Species“ trägt diese Frage implizit im Titel. Im Gefolge Darwins sollen Arten sich dadurch auseinanderentwickeln und aufspalten, dass sich nach und nach Mutationen* ansammeln, Populationen geographisch getrennt werden und in den getrennten Populationen unterschiedliche Selektion wirkt. Im Laufe der Zeit sollen schließlich Fortpflanzungsbarrieren entstehen (genetische Isolation). Auf dieser Basis werden große Zeiträume für die Bildung neuer Arten veranschlagt. Dieses Verständnis ist heute Mainstream in der Evolutionsbiologie.

Ein Zeitgenosse Darwins, der Augustinermönch Gregor Mendel, der als Vater der

modernen Genetik bezeichnet wird (Abb. 1), verfolgte ein ganz anderes Konzept. Dieses ist weitgehend übersehen worden, erweist sich aber gerade angesichts zahlreicher Befunde über sehr schnelle Artbildungsprozesse als ausgesprochen aktuell und fruchtbar. Es beruht auf präexistenter Vielfalt durch präexistente genetische Programme und ermöglicht Artbildung innerhalb weniger Generationen, da die Unterschiede zwischen den Arten nicht in langwierigen Mutations-Selektions-Zyklen aufgebaut werden müssen, sondern von Beginn an bereits angelegt sind. Sein Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen erweist sich angesichts zahlreicher neuerer Befunde als ausgesprochen nützlich zum Verständnis der Veränderung von Arten innerhalb genetischer Familien*. Mendels Konzept – Mendel'sche Artbildung – soll in diesem Beitrag und in zwei Folgebeiträgen vorgestellt und Darwins Ansatz gegenübergestellt werden.

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

Woher stammt die Vielfalt in der Natur?

Obwohl Mendel das Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen entdeckt hat, das den Ursprung biologischer Vielfalt erklärt, und obwohl dieses den einzigen nachgewiesenen Mechanismus für den Ursprung eindeutiger Arten innerhalb eukaryotischer Familien darstellt und obwohl Mendel das Rekombinationsgesetz mindestens dreimal in seinem berühmten Fachartikel über Pflanzenhybriden, der die Wissenschaftsdisziplin der Genetik ins Leben rief, nachgewiesen und formuliert hat, wird dieses sein Gesetz unbegreiflicherweise im Großen und Ganzen nach wie vor übersehen. Biologie- und Genetik-Lehrbücher schreiben Mendel zwei bzw. drei andere Gesetze zu: die sogenannte Uniformitätsregel, Spaltungsregel (Abb. 2) und Unabhängigkeitsregel. Mit unseren heutigen Erkenntnissen können wir diese Regeln als Gesetz über die Auftrennung der Allele (Regel 1 und 2) und als Gesetz der unabhängigen Sortierung der Gene (Regel 3) bezeichnen (wie es in den meisten englischen Genetik-Lehrbücher steht; vgl. Kasten). Durch seine Forschung wurde die Gültigkeit dieser beiden Gesetze zweifellos nachgewiesen (abgesehen von der später entdeckten Möglichkeit der Kopplung von Genen), aber ausdrücklich formuliert hat er sie nie.

Wenn man sein Manuskript gründlich liest, stellt man fest, dass es zweifellos Mendels Ziel war, seine Leser auf das Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen (d. h. die exponentielle Zunahme der Kombinierbarkeit der Merkmalsausprägungen mit der einfachen Zunahme der Merkmale) aufmerksam zu machen. In einer ausgezeichneten neueren Besprechung des Mendel'schen Vermächtnisses (ELLIS et al. 2011) wurde auf diese ungewöhnliche Situation hingewiesen. Darin wird die irreführende englische Übersetzung des Titels der Mendel'schen Abhandlung beklagt und bestätigt, dass Mendels Schwerpunkt auf der Speziation (Artbildung) lag, der Verwandlung von einer Art in eine andere. Sein Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen erklärt, wie eine große Menge phänotypischer Information auf elegante Weise in den Genomen der Organismen codiert ist. Das ist nicht nur völlig ausreichend, um das breite Spektrum der beobachteten Vielfalt innerhalb eukaryotischer Familien zu erklären, sondern sein Vielfaltspotenzial

Mendels Schwerpunkt lag auf der Verwandlung von einer Art in eine andere innerhalb genetischer Familien.

Kompakt

Die meisten Tier- und Pflanzenfamilien weisen eine enorme Vielfalt unterschiedlich angepasster Arten auf. Woher kommt diese Vielfalt? Gregor Mendels bahnbrechende wissenschaftliche Abhandlung aus dem Jahre 1866, *Versuche über Pflanzenhybriden*, bietet für diese Frage eine heute weitgehend übersehene Erklärung. In ihr beschreibt er Eigenschaften von Hybriden*, die sowohl dominante* als auch rezessive* Merkmalsausprägungen* haben, und legt dar, dass rezessive Merkmalsausprägungen in den Hybriden latent* vorhanden sind. Er beschreibt, wie diese latenten Merkmalsausprägungen zum Vorschein kommen und wie dadurch neue Sorten und Arten von Hülsenfrüchtlern erzeugt werden können. Mendels Entdeckungen lassen die genetische Strategie hinter der Entstehung der Arten (innerhalb von separaten Familien) erkennen. Sein Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen resultiert aus Rekombination* der Merkmalsausprägungen bei der Meiose (Bildung der Geschlechtszellen).

Eigenartigerweise wird dieses Mendel'sche Gesetz von Biologen meistens übersehen oder bewusst ignoriert. Dabei lässt sich mithilfe dieses Gesetzes die Entstehung einer großen Anzahl von phänotypischen* Variationen innerhalb genetischer Familien* zufriedenstellend erklären. Dies wiederum ist eine ausreichende Basis für die Entstehung von Arten innerhalb genetischer Familien (Grundtypen). Vielfalt innerhalb genetischer Familien und Prozesse der Artbildung (Aufspaltung von Arten) beruhen demnach auf bereits vorliegenden, präexistierenden genetischen Anlagen. Wenn alternative Kombinationen dieser präexistierenden Merkmalsausprägungen in den Nachkommen fixiert werden, kann daraus eine Fülle von neuen Arten und Gattungen entstehen. Die Summe aller dieser Kombinationen stellt die Grenzen dar, innerhalb derer eine Familie sich durch Ausprägung der angelegten Möglichkeiten entfalten kann. Mendels Erkenntnisse können aus heutiger Sicht als Gegenentwurf zu der auf Charles Darwin zurückgehenden Theorie verstanden werden, wonach die Vielfalt der Arten (auch über genetische Familien hinaus) durch zufällige Mutationen* und deren langwierige Fixierung durch natürliche Auslese und andere Prozesse entstanden sind. In diesem ersten Teil der auf drei Teile angelegten Artikelserie über Mendel'sche Artbildung werden Mendels Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen und andere von ihm entdeckte Gesetzmäßigkeiten vorgestellt und erläutert, wie es mithilfe dieser Gesetze gelingt, die Verhältnisse beobachteter Merkmalsausprägungen bei Hybriden zu erklären. Dieses Gesetz ist Grundlage für das Verständnis der Entstehung einer großen Vielfalt von Merkmalsausprägungen und darauf aufbauender Artbildung.

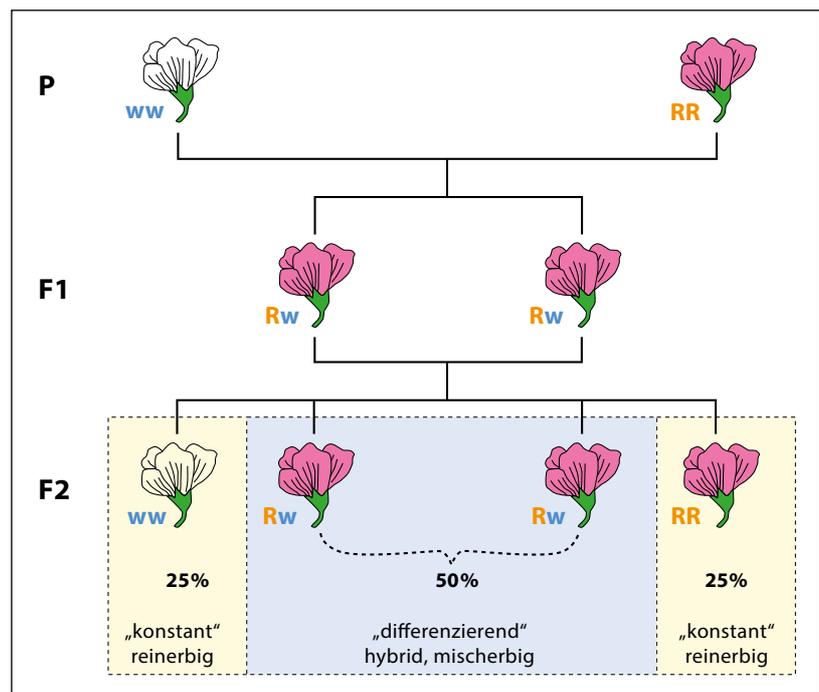


Abb. 2 Veranschaulichung der Uniformitätsregel (bei Generation F1) und der Spaltungsregel (bei Generation F2) bei einem monohybriden* dominant-rezessiven Erbgang. Im unteren Teil der Abbildung wird gezeigt, was mit konstanten (reinerbigen, homozygoten) und differenzierenden (hybriden, mischerbigen, heterozygoten) Merkmalen gemeint ist.

Glossar

Allel: Zustandsform bzw. Variante ein und desselben Gens.

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

dihybrid: in zwei Merkmalen mischerbig.

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

Epistasis: Gen-Wechselwirkung. Die Wirkung des einen (epistatischen) Gens verdeckt eines der Merkmale des anderen (hypostatischen) Gens. Statt erwarteter zweier Merkmale wird nur eines ausgebildet. Dominante Epistasis liegt vor, wenn die Anwesenheit eines einzelnen dominanten → Allels des epistatischen Gens eines der Merkmale des hypostatischen Gens verdeckt. Rezessive Epistasis liegt vor, wenn die Anwesenheit beider rezessiver Allele des epistatischen Gens die Ausprägung eines oder mehrerer Merkmale des hypostatischen Gens unterdrückt.

eukaryotische Organismen: Lebewesen mit echten Zellkernen. Sie sind normalerweise zur

Meiose fähig.

Expression (Genexpression): Das Ablesen und somit Nutzbarmachen von Genen bzw. der durch sie codierten Information im Zellbetrieb.

exprimieren: → Expression.

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

Genom: Das gesamte Erbgut eines Individuums

Genotyp: Gesamtheit der Erbfaktoren.

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

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

Hybrid: Mischling.

Isolation: Trennung von Populationen und Unterdrückung eines Genaustauschs.

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

Meiose: Reifeteilung, Bildung der Geschlechtszellen.

Merkmal: Bestimmtes Kennzeichen des Phänotyps, entspricht einem Gen. Beispiel: Das Merkmal „Blütenfarbe“ (nicht: die tatsächlich ausgeprägte Farbe selbst).

Merkmalsausprägung: spezifische phänotypische Ausprägung eines → Merkmals, entspricht einem bestimmten → Allel eines Gens. Beispiel: Verschiedene Farben einer Blüte.

monohybrid: in einem Merkmal mischerbig.

Mutation: Spontane oder künstlich ausgelöste Änderung des Erbguts.

Phänotyp, phänotypisch: äußere Erscheinungsform, die Morphologie, Anatomie oder Physiologie betreffend.

Rekombination: Durchmischung des Erbgutes bei der sexuellen Fortpflanzung.

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

trihybrid: in drei Merkmalen mischerbig.

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

geht weit darüber hinaus. Mendel gebührt volle Anerkennung für die Entdeckung des Gesetzes von der freien Kombinierbarkeit der Merkmale und für die Entdeckung des Mechanismus, der der Entstehung der Arten innerhalb genetischer Familien zugrunde liegt.¹

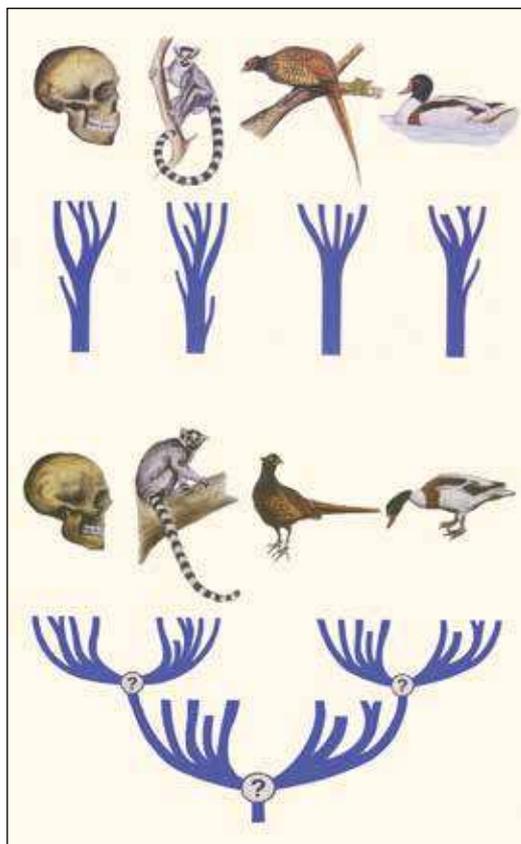
Woher stammt die Vielfalt in der Natur? Die Entstehung der Arten ist ein faszinierendes

Thema. Warum sind Leoparden und Jaguare einander so ähnlich und bleiben trotzdem immer verschieden? Warum sind Wölfe als eigene Art relativ homogen und doch stellen die Hunde, ihre künstlich gezüchteten Nachkommen, einen solchen Reichtum an unterschiedlichen Rassen dar? Warum sind einige Organismen in der Lage, eine große Vielfalt neuer Arten zu erzeugen, wenn sie Meeresinseln besiedeln, während andere das nicht können? Vor Darwin begnügte sich die Mehrheit in der Gesellschaft damit, biologische Vielfalt göttlichem Handeln zuzuschreiben, oder fand sich einfach damit ab, dass man sie eben nicht erklären kann. Aber nach der Veröffentlichung seines Buches suchte man nach einer Erklärung, die wissenschaftlichen Ansprüchen genüge.

Der Augustinermönch Gregor Mendel (Abb. 1) veröffentlichte die Lösung, doch obwohl sie klar formuliert war, wurden seine Entdeckungen von einer sich um sich selbst kreisenden wissenschaftlichen Gesellschaft missachtet und fielen in einen jahrzehntelangen Dornröschenschlaf. Dann aber wurde plötzlich sein Werk anerkannt, und zwar in drei voneinander unabhängigen Artikeln in den Ausgaben vom März, April und Juni 1900 des „Berichtes der Deutschen Botanischen Gesellschaft“, deren Autoren de Vries, Correns und von Tschermak waren. Correns machte deutlich: „Dass dies Verhalten von Bedeutung für die Frage ist, ob aus Bastarden (=Hybriden) Arten werden können, braucht wohl kaum bemerkt zu werden.“ Mendel hatte die Quelle für die Vielfalt in der Natur entdeckt. Später sollte man den zugrunde liegenden Vorgang als mei-

Abb. 3 Cis-Evolution versus trans-Evolution.

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



otische* Rekombination bezeichnen, und mit dieser Entdeckung hatte Mendel das Geheimnis der Entstehung der Arten gelüftet.

Die eukaryotische Welt ist äußerst vielfältig und umfasst Millionen von Organismenarten. Man könnte sie durch einen einzelnen Abstammungsbaum des Lebens darstellen (dann wäre sie monoarboresal) oder durch zahlreiche Abstammungsbäume, einen Abstammungswald des Lebens (dann wäre sie sylvan; vgl. Abb. 3). Beide Modelle gehen davon aus, dass ursprüngliche Arten zu zahlreichen von ihnen abstammenden Arten führen, aber sie haben ganz verschiedene Antworten auf das „Wie“ und das Ausmaß der Veränderungen. Mendels Abhandlung beschrieb den Mechanismus der Artbildung. Sie behandelte speziell die wohl wichtigste Frage in der Biologie: Sind Arten innerhalb bestimmter Grenzen fix, über die hinaus sie sich nicht ändern können (womit das Leben als Abstammungswald beschrieben würde), oder können Arten grenzenlos variieren (womit die Lebewesen in einem einzigen Abstammungsbaum dargestellt werden könnten)?

Natürlich benutzte Mendel Begriffe, mit denen wir heute meistens nicht so vertraut sind. Mit der Abfassung seiner Abhandlung erlebte die Genetik als Wissenschaftsdisziplin ihre Geburtsstunde. Während Mendel seine Experimente in den Jahren zwischen 1854 und 1865 durchführte, erschien schließlich Darwins *Über die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl* (1859). Mendel besaß sein eigenes Exemplar der deutschen Übersetzung dieses Buches aus dem Jahre 1863 (MAWER 2006). Darwin verstand das Leben als einen einzigen Abstammungsbaum. Da Mendel begriff, was die Ergebnisse seiner Experimente bedeuteten, neigte er eher dazu, die Natur als einen Abstammungswald aufzufassen. Ihn bedrückte jedoch die Tatsache, dass er seine Forschungen nur bei einigen Hülsenfrüchten durchgeführt hat. Mehrere Male empfahl er, dass seine Untersuchungen an anderen Organismen durchgeführt werden sollten, und er war deshalb eher vorsichtig mit Verallgemeinerungen.

Mendels Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen (meiotische Rekombination)

Darwin war ein Zeitgenosse Mendels und ein leidenschaftlicher Biologe, der viele weitreichende Entdeckungen machte. Schon aus dem Titel seines berühmten Buches geht eindeutig der Mechanismus hervor, den er für den Ursprung der Arten verantwortlich machte. Der volle Titel lautete nämlich: „*Über die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl oder die Erhaltung*

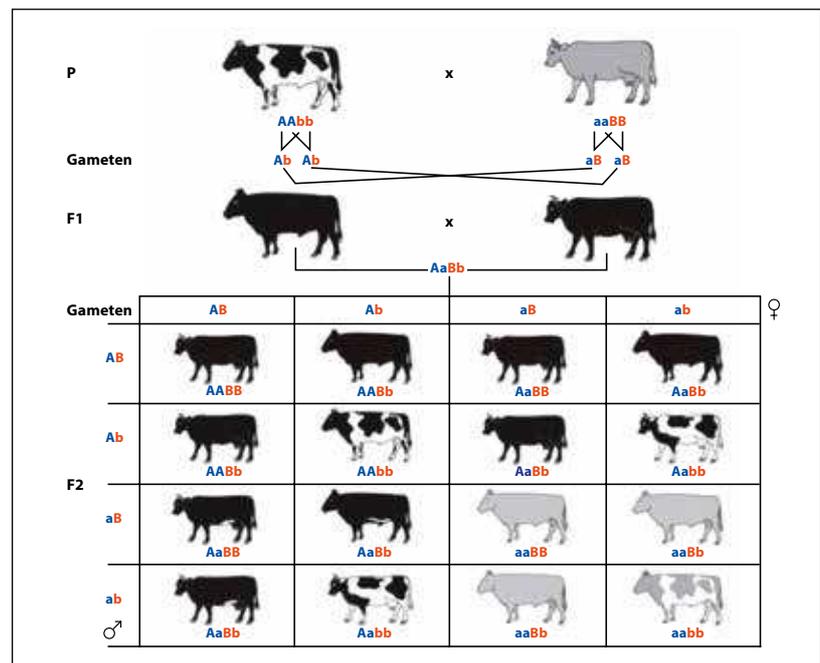
Mendels Gesetze – verschiedene Formulierungen

Mendels Gesetze werden ihm zugeschrieben. Mendel hat sie jedoch nie formuliert, und ohne eindeutige Quelle wurde ihr Inhalt im Laufe der Zeit unterschiedlich wiedergegeben. Lehrbücher über Genetik auf Englisch haben die folgenden zwei (drei) Gesetze. Mendels erstes Gesetz, „The Law of Segregation“ (Gesetz der Auftrennung) besagt, dass Merkmalszustände (Englisch: traits) (oder Allele) nach dem Zufallsprinzip an die nächste Generation bei der Meiose weitergegeben werden. Mendels zweites Gesetz, „The Law of Independent Assortment“ (Gesetz der unabhängigen Auftrennung) besagt, dass Merkmale (Englisch: characters) (oder Gene) zufällig an die nächste Generation bei der Meiose weitergegeben (sortiert) werden (bei Kopplung von Genen am gleichen Chromosom kann diese Un-

abhängigkeit bzw. Zufälligkeit gestört sein). Mendels drittes Gesetz „The Law of Dominance“ (Gesetz der Dominanz) wird fast nie erwähnt und besagt, dass dominante Merkmalszustände (Allele) rezessive Merkmalszustände (Allele) maskieren (bzw. verbergen). Lehrbücher über Genetik auf Deutsch nennen folgende drei Regeln (oder Gesetze). Regel 1, die „Uniformitätsregel“, besagt, dass Eltern, die unterschiedlich homozygot sind, einheitliche heterozygote (mischerbige) Nachkommen hervorbringen. Regel 2, die „Spaltungsregel“, besagt, dass Eltern, die in gleicher Weise heterozygot sind, sich beim Nachwuchs sowohl phänotypisch als auch genotypisch aufspalten. Regel 3, die „Unabhängigkeitsregel“, entspricht dem Gesetz der unabhängigen Auftrennung.

der begünstigten Rassen im Kampfe ums Dasein“. Darwin glaubte, dass die natürliche Zuchtwahl das Mittel sei, durch das neue Arten ins Dasein gelangen. Heute wird ihm zugeschrieben, er habe das Geheimnis der Artbildung gelüftet. Jedenfalls wurde durch seinen Vorschlag der Mechanismus von der göttlichen Ebene auf die irdische Ebene verschoben. Eigentlich ist seine Prämisse jedoch nicht richtig. Selektion (=Zuchtwahl) ist kein Mechanismus, der die Entstehung neuer Merkmalsausprägungen oder neuer Arten verursacht. Sie begünstigt jedoch deren Überleben. Im Gegensatz dazu wies Mendel anhand seiner Untersuchungen von Pflanzenhybriden nach, wie neuartige Merkmalsausprägungen wirklich entstehen. Die meiotische Rekombination ist die

Abb. 4 Veranschaulichung der Uniformitätsregel (bei Generation F₁) und der Spaltungsregel (bei Generation F₂) bei einem dihybriden dominant-rezessiven Erbgang. Einfarbig ist hier dominant über gescheckt; schwarz ist dominant über grau. In der F₁-Generation sind die rezessiven Allele (für grau und gescheckt) verdeckt (latent).



Hybriden mit drei Genen: Phänotypen ($\phi_1-\phi_8$) und Genotypen ($\gamma_1-\gamma_{27}$)
 ϕ_1 (A-B-C-), ϕ_2 (A-B-cc), ϕ_3 (A-bbC-), ϕ_4 (A-bbcc),
 ϕ_5 (aaB-C-), ϕ_6 (aaB-cc), ϕ_7 (aabbC-), ϕ_8 (aabbcc)

Verhältnis der Phänotypen: $\phi_1:\phi_2:\phi_3:\phi_4:\phi_5:\phi_6:\phi_7:\phi_8$ 27:9:9:3:9:3:3:1
Verhältnis der Genotypen: $\gamma_1:\gamma_2:\gamma_3:\dots:\gamma_{27}$ 1:2:1:2:4:2:1:2:1:2:4:2:4:8:4:2:4:2:1:2:1:2:4:2:1:2:1:2:4:2:1:2:1

	ABC							
ABC	ABC ABC $\phi_1\gamma_1$	ABc ABC $\phi_1\gamma_2$	AbC ABC $\phi_1\gamma_4$	Abc ABC $\phi_1\gamma_5$	aBC ABC $\phi_1\gamma_{10}$	aBc ABC $\phi_1\gamma_{11}$	abC ABC $\phi_1\gamma_{13}$	abc ABC $\phi_1\gamma_{14}$
ABc	ABC ABc $\phi_1\gamma_2$	ABc ABc $\phi_2\gamma_3$	AbC ABc $\phi_1\gamma_5$	Abc ABc $\phi_2\gamma_6$	aBC ABc $\phi_1\gamma_{11}$	aBc ABc $\phi_2\gamma_{12}$	abC ABc $\phi_1\gamma_{14}$	abc ABc $\phi_2\gamma_{15}$
AbC	ABC Abc $\phi_1\gamma_4$	ABc Abc $\phi_1\gamma_3$	AbC Abc $\phi_3\gamma_7$	Abc Abc $\phi_3\gamma_8$	aBC Abc $\phi_1\gamma_{13}$	aBc Abc $\phi_1\gamma_{14}$	abC Abc $\phi_3\gamma_{16}$	abc Abc $\phi_3\gamma_{17}$
Abc	ABC Abc $\phi_1\gamma_5$	ABc Abc $\phi_2\gamma_6$	AbC Abc $\phi_3\gamma_8$	Abc Abc $\phi_4\gamma_9$	aBC Abc $\phi_1\gamma_{14}$	aBc Abc $\phi_2\gamma_{15}$	abC Abc $\phi_3\gamma_{17}$	abc Abc $\phi_4\gamma_{18}$
aBC	ABC aBC $\phi_1\gamma_{10}$	ABc aBC $\phi_1\gamma_{11}$	AbC aBC $\phi_1\gamma_{13}$	Abc aBC $\phi_1\gamma_{14}$	aBC aBC $\phi_5\gamma_{19}$	aBc aBC $\phi_5\gamma_{20}$	abC aBC $\phi_5\gamma_{22}$	abc aBC $\phi_5\gamma_{23}$
aBc	ABC aBc $\phi_1\gamma_{11}$	ABc aBc $\phi_2\gamma_{12}$	AbC aBc $\phi_1\gamma_{14}$	Abc aBc $\phi_2\gamma_{15}$	aBC aBc $\phi_5\gamma_{20}$	aBc aBc $\phi_6\gamma_{21}$	abC aBc $\phi_5\gamma_{23}$	abc aBc $\phi_6\gamma_{24}$
abC	ABC abC $\phi_1\gamma_{13}$	ABc abC $\phi_1\gamma_{14}$	AbC abC $\phi_3\gamma_{16}$	Abc abC $\phi_3\gamma_{17}$	aBC abC $\phi_5\gamma_{22}$	aBc abC $\phi_5\gamma_{23}$	abC abC $\phi_7\gamma_{25}$	abc abC $\phi_7\gamma_{26}$
abc	ABC abc $\phi_1\gamma_{14}$	ABc abc $\phi_2\gamma_{15}$	AbC abc $\phi_3\gamma_{17}$	Abc abc $\phi_4\gamma_{18}$	aBC abc $\phi_5\gamma_{23}$	aBc abc $\phi_6\gamma_{24}$	abC abc $\phi_7\gamma_{26}$	abc abc $\phi_8\gamma_{27}$

Abb. 5 Mendel'sche Erzeugung von Vielfalt. Punnett-Quadrat mit drei Genen, das die möglichen Ergebnisse einer trihybriden Selbstkreuzung zeigt. Keines der Gene ist mit einem anderen verknüpft. Aus den drei heterozygoten Genen entstehen 8 (2^3) einzigartige haploide Gameten, die am oberen und linken Rand aufgelistet sind. Wenn sich diese bei der Befruchtung kombinieren, entstehen 8 (2^3) einzigartige Phänotypen, 27 (3^3) einzigartige Genotypen und 64 (4^3) einzigartige diploide Kombinationen von Allelen. Es gibt so viele einzigartige Gameten, wie es einzigartige Phänotypen gibt. Die 8 Phänotypen ($\phi_1-\phi_8$), ihre redundanten Genotyp-Bezeichnungen (ein Bindestrich zeigt an, dass jedes der beiden Allele vorhanden sein kann) und ihr erwartetes Verhältnis sind oberhalb der Matrix aufgeführt. Die Leitdiagonale (von oben links nach unten rechts, kursiv blau) zeigt alle 8 (2^3) konstanten, reinerbigen, panhomozygoten Genotypen. Wenn sie unter reproduktiver Isolation gehalten werden, handelt es sich um neuartige Sorten bzw. Spezies. Die Rückendiagonale (von oben rechts nach unten links) zeigt den pan-heterozygoten, panhybriden Genotyp. Dieser besitzt die maximale Merkmalsinformation. Bei zwei (oder mehr) Stamm-Individuen können jedoch doppelte (oder mehr) Merkmalsinformationen übertragen werden. Das erwartete Verhältnis der 27 Genotypen ($\gamma_1-\gamma_{27}$) ist ebenfalls angegeben. Die 8 Phänotypen ($\phi_1-\phi_8$) und 27 Genotypen ($\gamma_1-\gamma_{27}$) sind in der Matrix angegeben.

Abb. 6 Punnett-Quadrat mit 3 Merkmalen in vereinfachter Darstellung; es sind nur Genotypen angezeigt. Von den 64 Kombinationsmöglichkeiten sind acht (Leitdiagonale) für alle Merkmale reinerbig (konstant); vgl. Abb. 5. Zur Erläuterung der unterlegten Diagonalen siehe Text zu Abb. 5.

| | ABC |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| ABC |
| ABc |
| AbC |
| Abc |
| aBC |
| aBc |
| abC |
| abc |

notwendige und auch ausreichende Quelle von neuartigen Merkmalsausprägungen.² Darüber hinaus bietet dieser Mechanismus eine einfache Erklärung, wie neue Arten entstehen. Man hat noch keinen anderen Mechanismus nachgewiesen, der entweder notwendig oder ausreichend wäre, um die Entstehung neuer (nicht-trivialer) Arten bei Eukaryoten zu erklären. (Wie dieser Mechanismus funktioniert, ist Gegenstand der beiden Folgeartikel.) Nicht-meiotische Organismen wie Prokaryoten verwenden andere Mechanismen, um genetische Information auszutauschen.

Das mögliche Ausmaß der Variation

Wie viel Variation kann man vernünftigerweise auf der Grundlage der Mendel'schen Experimente mit sieben Merkmalen bei Erbsen erklären, mit denen Mendel experimentiert hat? Es hat sich gezeigt, dass drei Prinzipien bei der Mendel'schen Artbildung wirksam sind: latent* vorhandene Information, das Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen* und der Verlust der Mischerbigkeit. Das erste Prinzip beobachtete Mendel bei seinen frühesten Experimenten mit Hybriden. Ihre Merkmale wiesen dominante und rezessive Ausprägungen auf. Mendel bezeichnete Merkmalsausprägungen, die latent werden, als rezessiv, „weil die damit benannten Merkmale an den Hybriden zurücktreten oder ganz verschwinden.“ Solche *latente genetische Information* ist für die Artbildung entscheidend. Diese Information ist von Anfang an vorhanden. Sie muss nie erzeugt werden und ist immer potenziell verfügbar. Genetische Information wird durch mindestens drei Mechanismen in latentem Zustand gehalten: Dominanz, Epistasie* und Transposition (Näheres

Die Information ist von Anfang an vorhanden, muss nie erzeugt werden und ist immer potenziell verfügbar.

dazu im Teil 2 der Artikelserie).

Das zweite Prinzip, das Mendel bei seinen Experimenten mit Hybriden beobachtete, war das *Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen*. Zwar hat Mendel das Gesetz ausdrücklich formuliert und in seiner Abhandlung dreimal angeführt, doch hat er nie eine Anerkennung dafür erhalten. Stattdessen werden ihm zwei (oder drei) andere Gesetze zugeschrieben, die er nicht speziell formuliert hat. Wenn man den gesamten Sachverhalt berücksichtigt, sollte das Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen eigentlich als sein erstes Gesetz gelten und die anderen könnten sein zweites und drittes Gesetz darstellen. Mit Hilfe des Gesetzes der Kombinationen von Merkmalsausprägungen gelang

es Mendel, das zu erwartende Verhältnis von Genotypen* bei monohybriden*, dihybriden* und trihybriden* Kreuzungen vorherzusagen. Er entdeckte das Phänotypenverhältnis von 3:1 bei dominanten zu rezessiven Merkmalsausprägungen (Abb. 2). Doch Mendels Forschung ging noch weiter in die Tiefe. Er wusste, dass der dominante Phänotyp sowohl konstante (homozygote) als auch differenzierende (heterozygote) Merkmale enthält (zu diesen Begriffen siehe Abb. 2). Er zeigte auf, dass bei Letzteren das monohybride (1 Gen) Genotypenverhältnis tatsächlich 2:1:1 beträgt. Dann wies er nach, dass das dihybride (2 Gene) Genotypenverhältnis bei 9 einzigartigen Genotypen 1:1:1:1:2:2:2:2:4 lautet (Abb. 4). In Genetik-Lehrbüchern wird das Verhältnis mit 9:3:3:1 angegeben, weil die gleich gestalteten Phänotypen normalerweise zusammengefasst werden, auch wenn sie unterschiedliche Genotypen besitzen. Mendel wies sogar nach, dass das trihybride (3 Gene) Genotypenverhältnis von 27 einzelnen Genotypen 1:1:1:1:1:1:1:1:2:2:2:2:2:2:2:2:2:2:2:2:4:4:4:4:4:4:8 beträgt (siehe Abb. 5).

Der britische Biologe Reginald PUNNETT (1911) veröffentlichte eine effektive Methode, mit der er die Vielfalt und Häufigkeit der Nachkommen bei solchen Experimenten darstellen konnte. Dabei benutzte er ein „Schachbrett“, das heutzutage nach ihm benannte Punnett-Quadrat. Abb. 5 und 6 zeigen Punnett-Quadrate für drei Merkmale (bzw. Gene), welche trihybride (3 Gene) Eigenkreuzungen darstellen. Das Punnett-Quadrat mit drei Merkmale (Genen) zeigt die 27 verschiedenen Genotypen, von denen Mendel berichtet hat. Es zeigt auch, dass diese 27 Genotypen in acht verschiedene Kategorien von Phänotypen eingeordnet werden können. Mendels „konstante“ und „differenzierende“ Pflanzen werden heutzutage als „reinerbige“ und „hybride“ Pflanzen bezeichnet. Die Hybride mit drei Merkmalen bringt acht einzigartige „reinerbige“ Nachkommen (acht konstante oder unveränderliche Arten) hervor, wenn alle drei Gene homozygot werden. Diese bilden die Hauptdiagonale des Punnett-Quadrats.

Die einzelnen Elemente der Trihybride (mit den acht unterschiedlichen Phänotypen) sehen zwar alle gleich aus, enthalten aber doch eine unterschiedliche Anzahl von heterozygoten Genen und wären von Mendel zumeist als „differenzierend“ eingeteilt worden. Dennoch kommt jeder Phänotyp immer einmal in einer konstanten (reinerbigen) Form vor. Mendel wies nach, dass hybride Organismen dem Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen folgen. Deshalb steigt die Vielfalt exponentiell mit der Zahl der Merkmale (Gene). Eine Hybride mit „n“ Merkmalen (oder Genen) kann 2ⁿ verschiedene konstante Nachkommen und

Ausblick: Evolution eines Grundtyps mit neun Merkmalen

Untenstehende Abbildung verdeutlicht, wie aus einem panheterozygoten Gründerpaar, bei dem alle Merkmale mischerbig (heterozygot) sind, Vielfalt ausgeprägt werden kann und verschiedene Arten entstehen können.

Genotypen* der Population (bzw. Art) werden als 3x3-Matrizen dargestellt. Jede Spalte mit 3x3-Matrizen repräsentiert eine aufeinanderfolgende Generation und jede Zeile die evolutionäre Linie einer Population (bzw. Art). Jede Zelle in einer Matrix repräsentiert ein Merkmal: schwarz, homozygot dominant; grau, heterozygot; weiß, homozygot rezessiv. Jede graue Zelle zeigt das dominante (schwarze) Merkmal im Phänotyp, kann aber ein rezessives (weißes) Allel an die nächste Generation weitergeben. Die Entwicklung von Merkmalen ist ein stochastischer Prozess. Nachdem die Populationen isoliert wurden (gestrichelte Linien), variieren nur heterozygote Merkmale (grau). Die Erzeugung von Vielfalt, der Verlust von Heterozygotie und die natürliche Selektion sind laufende Prozesse. Der Verlust der Heterozygotie führt zu einzigartigen Konstellationen homozygoter dominanter und rezessiver Merkmale, d.h. zum Ursprung der Arten. Populationen (Arten) sterben aus verschiedenen Gründen aus (†). Die letzte

Spalte stellt die heutigen Populationen (Arten) dar. Die meisten haben eine gewisse Heterozygotie und das Potenzial zur Diversifizierung bewahrt. Eine Art (3. Reihe) ist völlig homozygot und „unveränderlich“. Die Hybridisierung kann den Verlust der Heterozygotie (Pfeilkette) teilweise umkehren. Die Hybridisierung der oberen überlebenden Population (Art) mit der „unveränderlichen“ Population (Art) stellt den ursprünglichen Phänotyp der oberen Linie wieder her, aber Heterozygotie ist nur bei den Merkmalen 2, 3, 5, 7 und 8 gegeben. In den beiden untersten Linien ist ein Verzweigungsereignis aufgetreten und die vorhandenen Nachkommen sind eng miteinander verwandt. Die Hybridisierung zwischen den beiden stellt den Phänotyp ihres jüngsten gemeinsamen Vorfahren wieder her, aber Heterozygotie ist nur bei den Merkmalen 2, 7 und 8 gegeben. Kein Hybridisierungsereignis zwischen bestehenden Populationen (Arten) kann das dominante Merkmal von Merkmal 1 oder die rezessive Ausprägung von Merkmal 4 wiederherstellen. Diese Information ist aus der Population verloren gegangen. In den Teilen 2 und 3 dieser Artikelserie werden diese Vorgänge genauer beschrieben und anhand von Beispielen erläutert.

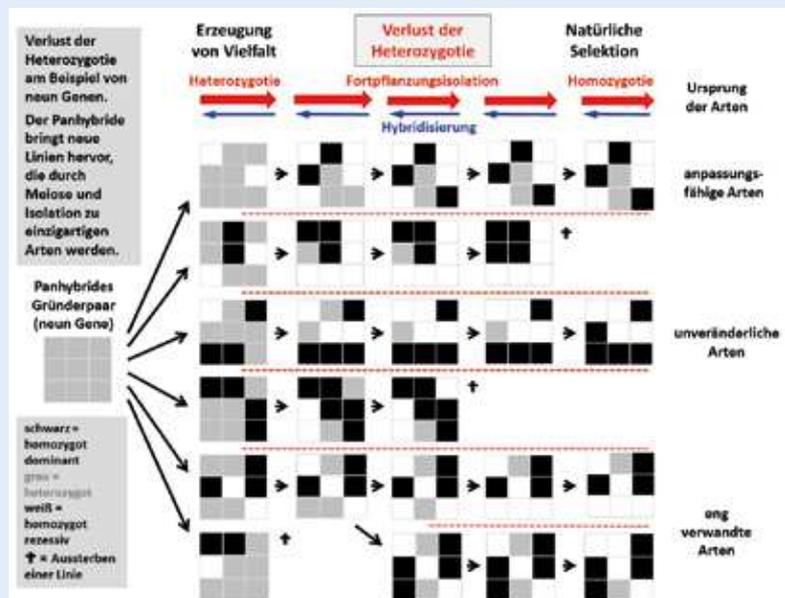


Abb. 7 Evolution eines Grundtyps mit neun Merkmalen. Erläuterungen im Text.

3ⁿ verschiedene Genotypen erzeugen. Sie kann auch 2ⁿ verschiedene Phänotypen erzeugen. Des Weiteren untersuchte Mendel bei Erbsen insgesamt sieben differenzierende Merkmale und er beschrieb, dass er alle 2⁷ (128) einzigartigen Phänotypen beobachtet hat. Da sein Gesetz von Natur aus exponentiell ist, erklärt es leicht die Entstehung einer Vielzahl von Phänotypen:

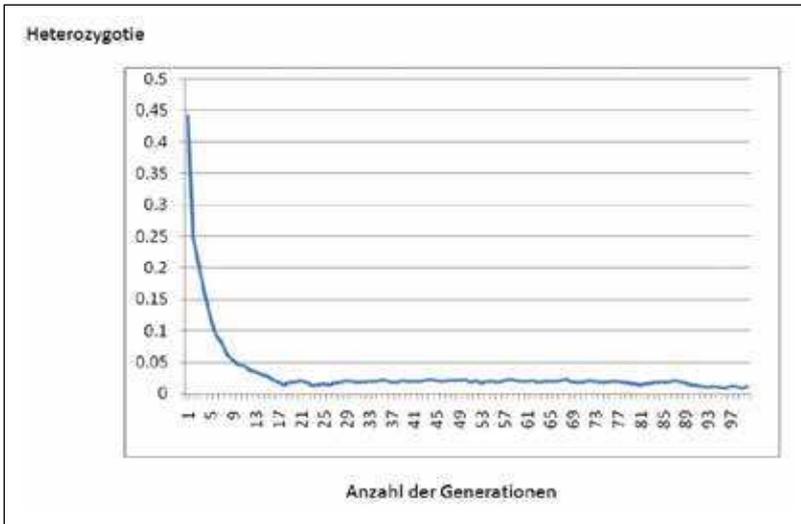


Abb. 8 Anteil heterozygoter Gene, aufgetragen gegen die Anzahl der Generationen in einer typischen Population (0,5 = 50%). Verlust der Heterozygotie, was einer kompletten adaptiven Radiation einer genetischen Familie mit vielen neuen Arten und Gattungen entspricht, braucht weniger als zwanzig Generationen.

10 differenzierende Merkmale (heterozygote Gene) erzeugen bereits etwa tausend verschiedene reinerbige Phänotypen, 20 differenzierende Merkmale (heterozygote Gene) ca. eine Million verschiedene reinerbige Phänotypen. Hier haben die Variation der Arten und die Vielfalt in der Natur letztendlich ihren Ursprung.

Das dritte von Mendel beschriebene Prinzip ist der *Trend zur Konstanz* (= *Verlust der Heterozygotie*). Das ist für die Artbildung entscheidend, denn nach diesem Prinzip werden heterozygote Gene in „fixierte“ homozygote Gene umgewandelt. Mendel war mit den Arbeiten einiger anderer Pflanzenzüchter wie Gärtner und Kölreuter vertraut. Sie hatten beobachtet, dass Hybriden die Tendenz haben, zu den Elternformen (reinerbigen Formen) zurückzukehren. Anhand eines Beispiels mit einem Merkmal (Gen) erläuterte Mendel, wie entsprechend seinem Gesetz eine Hybride (Heterozygote) innerhalb von zehn Generationen zur Entstehung von gleichen Anzahlen beider konstanten (homozygoten) Elternformen führt und fast keine Hybriden mehr übrig bleiben (weniger als eine von tausend: Verlust der Heterozygotie). Mendel beschreibt klar das Prinzip des Verlustes der Heterozygotie.

Wie schnell tritt der Verlust von Heterozygotie in der Population auf? Dauert es Hunderte von Generationen? Mendel beobachtete, dass eine heterozygote Population innerhalb von 10 Generationen nahezu 50% homozygot dominant und 50% homozygot rezessiv geworden war. BURI (1956) untersuchte 107 Populationen von heterozygoten Fruchtfliegen. Nach der Generation 6 erschienen bereits Populationen, die zu 100% homozygot waren. Mit der Generation 19 waren fast alle Populationen entweder 100% homozygot dominant oder 100% homozygot rezessiv. Populationen mit vielen heterozygoten Genen zeigen einen ebenso schnellen Verlust der Heterozygotie. Mathematische Modelle von Populationen mit 25 heterozygoten Genen ergaben in ähnlicher Weise, dass nur 19 Generationen benötigt wurden,

damit fast alle Gene entweder homozygot dominant oder rezessiv werden (vgl. Abb. 8).

Ausblick

In den beiden folgenden Teilen dieser Serie über Mendel'sche Artbildung wird es um die Frage gehen, durch welche Mechanismen ein enormes Ausmaß an Variation schon vorhanden (präexistent) sein kann, aber zunächst – im heterozygoten Zustand – in einem latenten (verborgenen) Zustand verbleibt. Anschließend wird erklärt, wie diese latente Information ausgeprägt wird und wie im Laufe weniger Generationen eine Aufspaltung in zahlreiche unterschiedliche Arten erfolgen kann. Es zeigt sich: Es gibt einen nachvollziehbaren Mechanismus rascher Artbildung auf der Basis präexistenter Information und dieser Ansatz erklärt die heute vorliegenden Befunde über schnelle Artbildung besser als das Darwin'sche Konzept.

Anmerkungen

- 1 Der hier verwendete Begriff „Entstehung der Arten“ ist weder mit dem allgemeinen Ursprung des Lebens noch mit der Entwicklung eines einzigen Lebensbaums vom bakterienähnlichen Organismus zum Menschen gleichzusetzen (wie weiter unten erläutert). Die Entstehung der Arten bezieht sich hier auf die Bildung von Arten, wie sie nach wissenschaftlich anerkannten Regeln beschrieben werden, ausgehend von einem eng verwandten gemeinsamen Vorfahren, meist innerhalb einer eukaryotischen (meiotischen) Familie. Familien sind zum Beispiel die Equidae (Pferdefamilie) oder die Felidae (Katzenfamilie).
- 2 Zumindest für Eukaryoten bzw. meiotische Organismen (oft mit sexueller Fortpflanzung assoziiert).

Literatur

- BURI P (1956) Gene frequency drift in small populations of mutant *Drosophila*. *Evolution* 10, 367–402.
- DARWIN C (1859) *On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life*. John Murray, London.
- ELLIS THN, HOFER JMI, TIMMERMAN-VAUGHAN GM, COYNE CJ & HELLENS RP (2011) Mendel, 150 years on. *Trends Plant Sci.* 16, 590–596.
- JUNKER R & SCHERER S (Hg, 2013) *Evolution – ein kritisches Lehrbuch*. Gießen, 7. Aufl.
- MAWER S (2006) *Gregor Mendel*. Harry N. Abrams, inc. New York, N.Y.
- MENDEL G (1866) Versuche über Pflanzenhybriden. *Verh. Naturforsch. Vereins Brünn* 4, 3–47.
- PUNNETT RC (1911) *Mendelism*, 3rd ed. MacMillan Co. New York, NY.

Anschrift des Verfassers:

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

Hinweise: Eine ausführlichere Darstellung der Mendel'schen Artbildung ist veröffentlicht unter https://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-19-3_mendel.pdf
Mendels Originalarbeit ist unter www.si-journal.de/jg26/heft2/mendel.pdf abrufbar.

Kontrollierte Explosion – Früchte des Springkrauts

Der Faszination explosiver Früchte kann man sich kaum entziehen. Bekanntes Beispiel sind die Kapseln des heimischen Großen Springkrauts. Diese Art trägt sogar in ihrem Artnamen den Hinweis auf ihre Empfindlichkeit bei Fruchtreife. Wie es zu den Explosionen der reifen Früchte kommt, haben genauere Untersuchungen offenbart.

Reinhard Junker

Impatiens noli-tangere! „Rühr-(mich-)nicht-an!“ Ein ungewöhnlicher Name für eine Pflanze – ein Imperativ („noli tangere“) im wissenschaftlichen Artnamen für das Große Springkraut. Diese ungewöhnliche, gelb blühende Pflanze (Abb. 2) mag schattig-feuchte bis nasse Standorte im Wald. Bei längerer Sonneneinstrahlung schützt sie sich durch vorübergehendes Welken, um erneut im vollen Saft zu stehen, sobald sie wieder beschattet ist. Neben dem Großen Springkraut ist auch das Kleine Springkraut (*Impatiens parviflora*) in unseren Wäldern anzutreffen. Mittlerweile am bekanntesten dürfte aber das Indische oder Drüsige Springkraut (*Impatiens glandulifera*) sein (Abb. 1), das sich in manchen Gegenden seit seiner Einschleppung im 19. Jahrhundert vor allem an Flussufern und in feuchten Wäldern stark ausgebreitet hat. Anders als bei den anderen beiden Arten sind seine Blüten purpurrot, gelegentlich auch rosa oder fast weiß.

Warum soll man diese Pflanzen „nicht anrühren“? Der Grund sind die explosiven Früchte, die

im reifen Zustand schon bei leichter Berührung oder beim Schütteln der Pflanze platzen und ihre Samen blitzschnell meterweit ausschleudern – so schnell, dass man keine Chance hat, mit dem bloßen Auge den Vorgang zu verfolgen. Die fünf länglichen Seitenwände der obeliskenfö-



Abb. 1 Das eingeschleppte Indische Springkraut (*Impatiens glandulifera*) mit Blüten und Früchten. (Foto: R. JUNKER)

Abb. 2 Großes Springkraut (*Impatiens noli-tangere*). (Foto: Prof. emeritus Hans SCHNEIDER, CC BY-SA 3.0)



Abb. 3 Aufgeplatze Früchte des Indischen Springkrauts. (Foto: Pixabay)

migen reifen Frucht (Abb. 3) ringeln sich dabei uhrfederartig auf. Nicht nur Kinder können ihren Spaß an diesen sonderbaren Früchten haben.

Man ahnt, dass für diesen Schleudermechanismus ein ausgeklügelter Bau samt besonderer Physiologie erforderlich sein muss. Diesen Mechanismus beschrieb H. Joachim SCHLICHTING (2016) in *Spektrum der Wissenschaft*; Details gehen auf Untersuchungen von DEEGAN (2012) zurück. Die fünf Seitenwände der Frucht (Fruchtklappen) stehen bei Samenreife unter enormer Spannung. Man kann sich von dieser Spannung überzeugen, wenn man versucht, die zusammengerollten Spiralen wieder geradezubiegen. Das geht nur gegen großen Widerstand. Natürlich dürfen sich die Fruchtwandteile nicht vorzeitig (vor der Samenreife) verformen. Das wird dadurch verhindert, dass sie symmetrisch aneinandergefügt sind, was die Kräfte gleich-

Abb. 4 Aufgeplatze Schote des Behaarten Schaumkrauts (*Cardamine hirsuta*). Die Fruchtwände sind zusammengerollt; die falsche Scheidewand verbleibt am Fruchtstiel. (Foto: R. JUNCKER)



mäßig verteilt, und dass sie an festen Nähten verwachsen sind. Die Nähte werden jedoch im Laufe der Zeit zunehmend schwächer und entwickeln sich zu Sollbruchstellen, bis schließlich schon ein kurzer Riss in einer der fünf Fugen genügt, um das ganze Gebilde auseinanderreißen zu lassen. Dieser Vorgang dauert gerade einmal $\frac{1}{4}$ Millisekunde – kein Wunder, dass unser Auge hier „nichts“ sieht. SCHLICHTING spricht von einer „konzertierten Aktion“, durch die eine maximale Beschleunigung der Samen und damit eine maximale Entfernung von deren Ursprungsplatz erreicht werden kann.

SCHLICHTING erklärt weiter: „Entscheidend für diese Koordination ist eine Verbindung der gespannten Streifen durch flexible Membranen im unteren Teil. Wenn eine der Fugen bricht und sich die beiden daran angrenzenden Teile bewegen, drücken sie die Membranen auseinander. Das wiederum zieht an den übrigen Verbindungsstellen und löst auch sie.“ Beim Zusammenschnurren der fünf Teile wird der gemeinsame Boden mitsamt den 5-10 Samenkörnern hochgeschleudert. Die Samen wiegen etwa 20 Milligramm und hängen locker an einem dünnen zentralen Strang. Während die Fruchtwandteile aufgerollt zur Ruhe kommen, fliegen die Samen aufgrund ihrer Trägheit weiter in die Luft.

SCHLICHTING berichtet von eigenen Versuchen, die „Schussweite“ zu bestimmen. Er stellte fest, dass die Samen bei Windstille bis zu 1,8 Meter weit fliegen können, wobei manchmal die ausladenden Blätter zusätzlich als Sprungbretter genutzt werden. Als Startgeschwindigkeit berechnete er ca. 3,3 Meter pro Sekunde. Physikalische Berechnungen von DEEGAN zeigten des Weiteren, dass ein „äußerst effektiver Mechanismus“ verwirklicht ist und dass der Wirkungsgrad, mit dem die elastische Energie in Wurfenergie umgewandelt wird, verblüffend hoch ist. Schöpfungstechnik schlägt menschliche Technik – wie so oft.

Die Geschwindigkeit physiologischer Prozesse (z.B. enzymatische Reaktionen) reicht nicht aus, um die kurze Auslösezeit von 250 Mikroskunden erklären zu können, erklärt SCHLICHTING weiter. „Vielmehr baut sich die mechanische Spannung im Verlauf des Kapselwachstums auf und erreicht ihr Maximum zur Zeit der Reife. Dabei dürfte die Druckverteilung des Zellsafts in den Streifen eine wesentliche Rolle spielen.“

Weitere Beispiele von Selbstausstreung

Selbstausstreung gibt es auch bei einer Reihe weiterer mit dem Springkraut nicht näher

verwandter Arten. Erwähnt seien aus der heimischen Flora die schnabelartig langen Früchte vieler Storchschnabel-Arten, die Hülsenfrüchte z. B. des Besenginster oder die langgestreckten Schoten der Schaumkraut-Arten (z. B. des bekannten Wiesen-Schaumkrauts; vgl.

Schöpfungstechnik schlägt menschliche Technik – wie so oft.

HOFHUIS et al. 2016; Abb. 4). Während Letzteres wie das Springkraut zu den Saftdruckstreuern gehört, sind Besenginster und Storchschnabel Austrocknungstreuer; d. h. die Spannung baut sich in den Fruchtwänden nicht durch hohen Zellsaftdruck auf, sondern durch Austrocknen, was zu Spannungen zwischen verschiedenen Zellwandlagen führt. Gemeinsam ist den beiden sehr verschiedenen Techniken das Vor-

handensein von Sollbruchstellen, deren Kraft zunehmend schwächer wird, was schließlich zur explosiven Entladung der Spannung führt. Die betreffenden Arten sind nicht näher verwandt; die Selbstausstreumechanismen müssen unabhängig (konvergent) entstanden sein. Sie sind schon einzeln angesichts des verwirklichten Knowhows ein Schöpfungsindiz, und für die Wiederkehr derselben Ideen gilt das erst recht.

Literatur

- DEEGAN RD (2012) Finessing the fracture energy barrier in ballistic seed dispersal. Proc. Natl. Acad. Sci. 109, 5166–5169.
- SCHLICHTING HJ (2016) Vorsicht! Explodierende Samenkapseln. Spektrum der Wissenschaft Heft 9/16, S. 74–75.
- HOFHUIS H, MOULTON D et al. (2016) Morphomechanical innovation drives explosive seed dispersal. Cell 166, 222–233.

Können Raben und Affen wie Menschen planen?

Können Affen ähnlich wie Menschen denken? Einige Studien konnten scheinbar zeigen, dass Affen für die Zukunft planen. Eine Untersuchung von Johan LIND aus dem Jahr 2018 ergab jedoch, dass Menschenaffen und sogar Raben nur Aufgaben lösen konnten, die keine menschlichen Denkprozesse benötigen. Menschenaffen entwickeln keine Gedankenszenarien über zukünftige Ereignisse wie der Mensch. Das müssen sie auch nicht, da einfache Verhaltensbefehle mit Gewinnmaximierung zu den gleichen Lernleistungen führen, wie mittels eines Computerprogramms nachgewiesen werden konnte. Mit diesem Ergebnis erscheinen bisherige Verhaltensstudien in einem ganz anderen Licht: Affen planen wohl, ohne dabei menschlich über die Zukunft nachzudenken.

B. Scholl

Johan LIND, Außerordentlicher Professor für Verhaltensbiologie am Zentrum für Kulturelle Evolution in Stockholm, hat eine bahnbrechende Studie zu der Frage, wie Affen eigentlich denken, herausgebracht (LIND 2018). Die Fragestellung war, herauszufinden, ob die Art und Weise, mit der Menschenaffen Handlungen planen, der von Menschen ähnelt. Davon wurde bisher in vielen Studien ausgegangen: „Es wurde [bisher] geschlossen, dass mehrere Arten ähnlich wie der Mensch flexibel für die Zukunft planen. Die Idee ist, dass diese Art der Planung das Ergebnis eines flexiblen mentalen Mechanismus ist, der verschiedene zukünftige Zustände aus aktuellen Informationen simulieren kann.“¹

Doch LIND (2018) hat eine mögliche alternative Erklärung für das, was in Verhaltensstudien

bei Tieren bisher nach menschlicher Intelligenz aussah: „Es wird der Schluss gezogen, dass man nicht ausschließen kann, dass diese Studien der flexiblen Planung bei Menschenaffen und Raben vollständig durch assoziatives Lernen erklärt werden können.“ Damit unterscheidet LIND (2018) zwischen höheren kognitiven Fähigkeiten, wie sie ein Mensch nutzt, und der einfachen Form des assoziativen Lernens durch Konditionierung (Training, welches Reiz und Reaktion verknüpft), wie man es beispielsweise für die Gesichtserkennung bei Computerprogrammen einsetzt. „Denken und Planen“ bei diesen Tieren ist also etwas anderes, als wenn Menschen denken und planen.

Die Verhaltensforschung unterscheidet zwischen zwei Konditionierungen. Nach der klassischen Konditionierung (nach PAVLOV) wird



Abb. 1 Die Grafik symbolisiert die Überschätzung von kognitiven Fähigkeiten von Schimpansen sehr anschaulich. (Thomas SKIRDE, Pixabay.com)

ein erlernter Reiz-Reaktions-Zusammenhang mit einem neuen Reiz verknüpft. Beispielsweise sabbert der Hund, wenn er gefüttert wird. Läutet man währenddessen eine Glocke, sabbert er irgendwann auch nur beim Glockengeläut, weil er den neuen Reiz mit der alten Reaktion verknüpft hat. Nach der instrumentellen Konditionierung werden neue Handlungsweisen mit Belohnungen verbunden und dadurch erlernt.

LIND (2018) äußert darüber hinaus die Vermutung, dass bei der Verhaltensbeobachtung von Tieren die bisherigen „*Ergebnisse durch spezialisierte Speicherrepertoires verursacht werden*“ könnten, also auf dem Abspeichern von Erfahrungen (dem Anlegen einfacher Erfahrungsdatenbanken) im Gehirn beruhen. Außerdem vermutet er „*methodologische Mängel*“ bei bisherigen Studien. Sein Team verglich zur Überprüfung der Art von tierischer Intelligenz die Aufgaben, die Raben und Affen in zwei bisherigen Verhaltensstudien (MULCAHY & CALL 2006 und KABADAYI & OSVATH 2017) lösen sollten, mit den Lösungen, die ein lernfähiges Computerprogramm ergab. Das Programm sollte bei jeder Aufgabe stets die Handlungsalternative auswählen, die die

Abb. 2 LIND (2018) konnte mit einem Computerprogramm das Verhalten von Schimpansen und Rabenvögeln mit simplen Reiz-Reaktionsketten simulieren. (Free-Photos, Pixabay.com)



meisten Belohnungspunkte ergab, da auch in der Natur die effizienteste Verhaltensweise (z.B. bei der Futtersuche von Raben oder auch Affen) die höchsten Überlebens- und Fortpflanzungschancen ermöglicht.

So lernten in einem Versuch Orang-Utans und Bonobos, eine Röhre in eine Vorrichtung einzuführen, wofür sie eine Belohnung bekamen. Bei einem anderen Versuch sollten sie mithilfe eines Hakens Futter aus einer Flasche herausangeln. Das Futter diente als Belohnung, welche die Affen motivierte, dieses Verhalten zu wiederholen. Jede Aufgabe war nur mit einem bestimmten Werkzeug lösbar. Um beim nächsten Mal wieder eine Belohnung zu erhalten, mussten die Affen nach dem Training das richtige Werkzeug unter mehreren Alternativen aussuchen. Die Zeit zwischen der Auswahl und der späteren Verwendung des Werkzeuges für die Erlangung des Futters wurde immer weiter verlängert. Schließlich erlernten die Affen das richtige Werkzeug bis zu 14 Stunden vor der erlaubten Benutzung für das Erlangen des Futters auszusuchen.

In der Studie lernten die Tiere so folgende zunehmend anspruchsvollere Verhaltenssequenz:

1. Nimm das Werkzeug A → geh zum Gerät → verwende es am Gerät → nimm die Belohnung
2. Nimm das Werkzeug A aus einer größeren Auswahl → geh zum Gerät → verwende es am Gerät → nimm die Belohnung
3. Nimm Werkzeug A aus einer größeren Auswahl → warte → geh zum Gerät → verwende es am Gerät → nimm die Belohnung

Ein ähnliches Experiment wurde mit Raben durchgeführt. Auch sie erhielten eine Belohnung, wenn sie vorher ein Werkzeug in einen Apparat gesteckt hatten. Zuerst wurde mit einem Werkzeug geübt, das auch in die Apparatur passte. Danach wurden den Raben zusätzlich zu dem richtigen Werkzeug drei nicht in die Apparatur passende Werkzeuge zur Auswahl gestellt. Anschließend wurde auch in diesem Experiment eine (bis zu 17 Stunden dauernde) Wartezeit eingeführt. Die auf eine entsprechende Belohnung trainierten Raben wählten das korrekte Werkzeug, obwohl sie viele Stunden bis zum Einsatz für die Futtergewinnung warten mussten. Schließlich lernten sie sogar, das richtige Werkzeug zu wählen und dann lange auf dessen Einsatz zu warten, obwohl sie stattdessen eine kleine Belohnung sofort hätten bekommen können.

Aus Verhaltensstudien dieser Art war bisher geschlossen worden, dass manche Tiere die Zukunft planen können. Doch LIND (2018) modellierte diese Experimente nun auch am Computer. In seinem Computerprogramm wurden analog zum Tierversuch die Verstärkerwerte der jeweiligen Reize (also die Belohnungen in Form von Futter) einbezogen und aus der



Abb. 3 Rabenvögel verfügen über die gleiche Planungskompetenz wie die Schimpansen. (Adobe Stock, junya.k)

bisherigen Erfahrung wurde die Verhaltensweise ausgewählt, die den höchsten Erwartungswert hatte. So lernte das Programm Versuch für Versuch, welche Handlungsweisen vom Trainer mit der höchsten Belohnung versehen wurden, und wählte diese Handlungen dann von alleine. Zusätzlich kann nun noch durch die Verlängerung der Frist zwischen Reiz und Belohnung das Programm dazu trainiert werden, auch eine Auswahl zu treffen, wenn erst später eine Belohnung folgt und eine schnelle Belohnung dafür vernachlässigt werden muss. Somit kann also auch die Wahl zwischen kleinen sofortigen Belohnungen und späteren großen Belohnungen durch festgesetzte Verstärkerwerte im Computerprogramm nachempfunden werden.²

an fehlender gespeicherter Vorerfahrung der mentalen Datenbank beziehungsweise an einer für das Tier nicht ganz ersichtlichen Kombination von Handlung und Belohnung liegen.

Die Versuche und Computersimulationen zeigen, dass Tiere es gar nicht nötig haben, für eine Planungsaufgabe auch zu denken. Sie assoziieren verschiedene bekannte Möglichkeiten mit dem Problem und treffen so eine Entscheidung, die auf Erfahrung und wohl nicht auf kognitiven Szenarien basiert, wie bisher von Wissenschaftlern angenommen wurde. LIND (2018) erwähnt, warum dieser Zusammenhang bisher nicht so gesehen wurde: „*Dass Tiere sich sehr lange an Reiz-Antwort-Assoziationen und Reizwerte erinnern, wurde in keiner der simulierten*

Das Computerprogramm löste die Aufgaben genauso wie die Raben oder Affen, ohne dabei eine Prognose über zukünftige Szenarien zu erstellen.

Letztlich löste das Computerprogramm die Aufgaben genauso wie die Raben oder Affen, ohne dabei eine Prognose über zukünftige Szenarien zu erstellen. Die Tiere „*simulieren unterschiedliche Ergebnisse nicht mental*“, „*reorganisieren Informationen nicht*“ und bleiben gedanklich „*in der Zeit stecken*“, obwohl sie ja durch Konditionierung Planungs-analoges Verhalten zeigen (LIND 2018). Tritt dieses Verhalten einmal nicht auf, muss dies umgekehrt auch nicht an mangelnder Intelligenz liegen, sondern kann



Abb. 4 Selbst Meisen können auf eine kleine Belohnung verzichten, um später eine größere zu bekommen. (Gerhard GELLINGER, Pixabay.com)



Abb. 5 Einfache Verhaltensregeln können Intelligenz imitieren. Dies gilt für Computer wie auch für Raben und Menschenaffen. (Gert ALTMANN, Pixabay.com)

Studien erwähnt. „Tiere speichern im Langzeitgedächtnis die zu erwartenden Ergebnisse von Handlungen sehr lange ab. Sie greifen auch in Experimenten auf Erfahrungen zurück – eine Tatsache, die den bisherigen Experimentatoren gar nicht bewusst war. Tiere treffen Entscheidungen damit erfahrungsbasiert und nicht planungsbasiert wie der Mensch.

Interessant sind diese Vergleiche zwischen Computer und Tier auch hinsichtlich des Konzeptes der Selbstkontrolle (definiert von KABADAYI & OSVATH nach LIND 2018): „*die Unterdrückung von Sofortanstrengungen zugunsten verspäteter Belohnungen*“, welche von Autoren vorheriger Studien als Intelligenzindikator gesehen wurde. LIND (2018) schreibt „*Die Ergebnisse unterstützen die Idee, dass Selbstkontrolle durch assoziatives Lernen entstand. Wir haben bereits gezeigt, wie Tiere durch assoziatives Lernen Selbstbeherrschung erlangen können, wenn ihnen ausreichend Informationen und Erfahrungen zur Verfügung stehen.*“ Damit hat LIND (2018) nun ein Erklärungsmuster für vielfältige Beobachtungen von scheinbar intelligenter Selbstkontrolle, die in der Verhaltensforschung beobachtet wurden. „Beobachtungen, bei denen Tiere lernen, kleine Belohnungen abzulehnen, wenn sie große Belohnungen erwarten, oder, mit anderen Worten, unrentable Beute abzulehnen, wenn profitable Beute im Überfluss vorhanden ist, stammen beispielsweise von Fischen (Bluegill Sunfish, *Lepomis macrochirus*), Krebstieren (Uferkrebse, *Carcinus maenas*), Vögeln (Kohlmeisen, *Parus major*, und Rotschenkel, *Tringa totanus*) [...]“. LIND beschreibt nun aber das Deutungsproblem dieser Studien so: In diesen Studien „*wurde Selbstkontrolle oft als separate Art von mentalen Mechanismen und nicht als etwas, das lernfähig ist, untersucht*“. Dabei kann das hier beschriebene Verhalten von Affen und Raben nach LIND (2018) „*am besten*“ durch „*Lernen mit konditionierter Verstärkung*“ erklärt werden.

Menschliche Denkprozesse sind in ihrer Qualität einmalig. Das bisher bei Tieren untersuchte Verhalten weist nicht auf eine menschliche Planungsfähigkeit hin.

Um die Problematik etwas deutlicher zu machen, zog LIND den Vergleich mit Schachspielen heran: Mittlerweile kann künstliche Intelligenz bei Schachprogrammen mithilfe von großen Datenmengen erfolgreicher Schachzüge und enormer Rechenleistung menschliche Schachspieler schlagen.

Damit wird menschenähnliches Denken von Tieren und Computerprogrammen zwar imitiert, aber nicht nachvollzogen. Genauso wäre es also denkbar, dass Tiere sehr effizient von ihren Erfahrungen lernen können, ohne dabei menschliche flexible Kognitionsprozesse verwenden zu müssen (vgl. BERBLINGER (2018) und LIND (2018)).

Die Studie von LIND zeigt, dass menschliche Denkprozesse in ihrer Qualität einmalig sind. Das bisher bei Tieren untersuchte Verhalten weist nicht auf eine menschliche Planungsfähigkeit hin. Die häufig aufgestellte Behauptung, nach der zwischen Mensch und Tier eine enge evolutionäre kognitive Verwandtschaft besteht, ist nicht durch die Faktenlage abgedeckt.

Anmerkungen

- 1 Dieser Artikel basiert auf der Studie von LIND (2018) und wird beim Zitieren übersetzt. Vgl. BERBLINGER (2018).
- 2 Angemerkt sei hierzu, dass die Fähigkeit, solche Entscheidungsprozesse durchzuführen, natürlich von einem intelligenten Programmierer programmiert wurde. Dies bedeutet, dass das Programm dabei weder evolvierte (sich in seinem Quellcode weiterentwickelte), noch dass der Computer in irgendeiner Weise versteht, welche Rechenschritte er ausführt. Es erweitern sich bei diesem Programm lediglich die Datenbanken der bisherigen Erfahrungen, die nach einem fest programmierten Vorgehen ausgewählt werden.

Literatur

- BERBLINGER S (2018) Affen planen ohne zu denken. <https://www.wissenschaft.de/bildervideos/bild-der-woche/affen-planen-ohne-zu-denken/> (Zugriff 4.5.2019)
- KABADAYI C & OSVATH M (2017) Ravens parallel great apes in flexible planning for tool-use and bartering. *Science* 357, 202–204.
- LIND J (2018) What can associative learning do for planning? Royal Society Open Science. doi: 10.1098/rsos.180778
- MULCAHY NJ & CALL J (2006) Apes save tools for future use. *Science* 312, 1038–1040.

Das populationsdynamische Wildbeuter-Paradoxon und seine Lösung

Ein brisantes populationsdynamisches Paradoxon der menschlichen Bevölkerungsentwicklung wurde erneut in der Forschung aufgegriffen: Warum ist die Menschheit in ihrer Frühphase auf geringem Niveau etwa zwei Millionen Jahre lang fast nicht gewachsen? Die neuerlich diskutierten Lösungen wie geringe Fruchtbarkeit, hohe Sterberate, regelmäßige Kriege und Katastrophen stehen im Widerspruch zu anerkannten Daten. Die einzig plausible Lösung ist eine drastische Reduktion der Zeitdauer der menschlichen Frühgeschichte.

Michael Brandt

Michael D. GURVEN und Raziel J. DAVISON machen in einer kürzlich erschienenen Ausgabe der *Proceedings of the National Academy of Sciences* auf ein hoch brisantes populationsdynamisches Paradoxon aufmerksam. Die heute lebenden *forager* (Wildbeuter oder Jäger und Sammler), die

Selbst bei einer geringen Wachstumsrate steht die Bevölkerungsentwicklung massiv im Widerspruch zur Populationsdynamik der Wildbeuter während der Frühzeit der Menschheitsgeschichte.

nach Ansicht der Autoren unter ähnlichen Bedingungen wie die Wildbeuter in früherer Zeit leben (z. B. natürliche Fertilität, wilde Nahrung, geringer Zugriff auf Gesundheitsfürsorge und

moderne Annehmlichkeiten), weisen typischerweise ein jährliches Bevölkerungswachstum von $>1\%$ auf. Aber selbst bei einer geringen Wachstumsrate von jährlich nur $0,5\%$ wie bei den Dobe !Kung ergibt sich eine Bevölkerungsentwicklung, die massiv im Widerspruch zur Populationsdynamik der Wildbeuter während der Frühzeit der Menschheitsgeschichte („*human evolutionary history*“) steht – so die Autoren. Im Gegensatz zu dem deutlichen Bevölkerungswachstum der heute lebenden Wildbeuter war das Bevölkerungswachstum während der Frühzeit der Menschheitsgeschichte, die insgesamt mit ca. 2 Millionen radiometrischen Jahren nahezu die gesamte Geschichte der Menschheit ausmacht, jährlich praktisch Null.

Die Autoren fragen nun zu Recht, wie dieser eklatante Widerspruch gelöst werden kann, wobei das Nullwachstum während der Frühzeit von ihnen nicht zur Diskussion gestellt wird.

Abb. 1 Darstellung einer mesolithischen Jäger-Sammler-Gemeinschaft an der Südküste von Sussex. Quelle: <https://andyggammon.myportfolio.com/reconstruction-illustrations>

Abbildung online nicht verfügbar

Glossar

Fertilität: Fruchtbarkeit

Hortikulturalisten: Gartenbauer

Mortalität: Sterberate

vorkontaktlich: vor dem Kontakt mit moderner Zivilisation

GURVEN & DAVISON rechnen vier theoretische bevölkerungsdynamische Szenarien durch, die ein Nullwachstum der Bevölkerung über lange Zeit ergeben. Es wurden Veränderungen der *vital rate* (Fertilität* und/oder Mortalität*), die zufällige Variabilität („Rauschen“) der *vital rate*, die Kovarianz (Assoziationsmaß) zwischen den *vital rates* bei verschiedenen Altern und der Einfluss der Häufigkeit und Intensität von Katastrophen auf die Mortalität bestimmt.

Es wurden zehn Gruppen untersucht, die wilde Nahrung zu sich nehmen: Fünf vorkontaktliche* oder isolierte Jäger-Sammler-Gruppen (Agta, Ache, Hadza, Hiwi und Ju/'hoansi), drei hortikulturalistische* Gruppen (Gainj, Tsimane und Yanomamo), eine angepasste Jäger-Sammler-Gruppe (Nördliches Territorium Aborigines) und eine Hirtennomaden-Gruppe (Herero).

Bei den Frühmenschen ist im Vergleich zu den heute lebenden Wildbeutern eher höhere Fertilität anzunehmen.

Die heute lebenden Gruppen weisen durchschnittlich sechs Lebendgeburten pro Frau und ein jährliches Bevölkerungswachstum von ca. 1,6% auf.

GURVEN & DAVISON postulieren als Ursache des Nullwachstums periodische Katastrophen in Kombination mit einer geringeren Geburtenrate (durchschnittlich fünf statt sechs Lebendgeburten) und einer 20% höheren Sterblichkeit der Frühmenschen im Vergleich mit den untersuchten Lebendgruppen. Als mögliche Ursachen der Katastrophen, die zu einer immer wiederkehrenden deutlichen Dezimierung der Bevölkerung geführt haben, geben die Autoren Kriege, Hunger und Infektionskrankheiten an. Ist das vorgeschlagene Szenario plausibel? GURVEN & DAVISON führen dazu keine Diskussion, obwohl zahlreiche Daten in der Literatur zu finden sind, die recht sichere Auskunft über Lebensumstände des Frühmenschen geben.

BRANDT hat bereits 2006 in „*Wie alt ist die Menschheit?*“ (5. Aufl. 2015) das populations-

dynamische Paradoxon der Jäger und Sammler ausführlich dargelegt und alle möglichen Lösungsansätze diskutiert.

Für die Annahme einer geringen Fertilität und einer größeren Mortalität bei den früheren Jägern und Sammlern gibt es keine stichhaltigen Gründe – im Gegenteil. Die verfügbaren Daten (z.B. Körpergröße, Hinweise auf Erkrankungen, Ernährungsstrategien) weisen eindeutig darauf hin, dass die heutigen Wildbeuter unter schlechteren Bedingungen leben als die Frühmenschen. Deshalb ist eine eher höhere Fertilität und möglicherweise auch geringere Mortalität bei den Frühmenschen im Vergleich zu den lebenden Wildbeutern anzunehmen.

Noch wesentlich problematischer sind die von GURVEN & DAVISON postulierten Katastrophen zu beurteilen. Um auf das gewünschte Nullwachstum zu kommen, müssten alle Menschen auf der Erde während einer Zeitspanne von ca. 2 Millionen Isotopenjahren in kurzer Folge immer wieder Katastrophen mit einem deutlichen Bevölkerungseinbruch ausgesetzt gewesen sein! Um diesen Sachverhalt zu verdeutlichen: Selbst bei einer Wachstumsrate von nur 0,7% pro Jahr müsste eine Population alle 50 bis 100 Jahre eine Katastrophe erleiden, bei der 25% aller Menschen umkommen, damit die Population langfristig nicht wächst. Während dieses Szenario für sich genommen schon sehr unplausibel ist, schließen die Daten dies bei den Frühmenschen kategorisch aus. Als potenzielle Ursachen der Katastrophen geben GURVEN & DAVISON Kriege, Nahrungsknappheit und Infektionskrankheiten an. Alle drei Faktoren spielten in den Zeiten des (angeblichen) Nullwachstums keine wesentliche Rolle. In späterer Zeit dagegen, als diese drei Faktoren eine größere Rolle spielten und die Ernährung deutlich schlechter war, fand ein weltweites, wenn auch geringes, jährliches Bevölkerungswachstum statt. Die einzig plausible Lösung des demografischen Wildbeuter-Paradoxons besteht darin, dass die auf ca. 2 Millionen Jahre datierte Zeitspanne der Frühgeschichte des Menschen in Wirklichkeit nur Jahrtausende gedauert hat.

Literatur

- BRANDT M (2015) *Wie alt ist die Menschheit? Demografie und Steinwerkzeuge mit überraschenden Befunden*. 5. Aufl., Holzgerlingen.
- GURVEN MD & DAVISON RJ (2019) Periodic catastrophes over human evolutionary history are necessary to explain the forager population paradox. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 116, 12758–12766.



Spinnen – Spezialistinnen und Vorbilder in Sachen Kleben

Kleber werden in der Technik zur Realisierung vieler Verbindungen genutzt. Dabei stellen nicht nur die unterschiedlichsten Materialien Herausforderungen dar, die miteinander verbunden werden sollen, sondern auch die äußeren Randbedingungen, unter denen die Klebung durchgeführt bzw. stabil sein soll. Radnetzspinnen nutzen Klebstoffe, um mit ihren Fangfäden Beute zu machen. Sie verwenden wasserbasierte, bioabbaubare Klebstoffe, die unter verschiedensten klimatischen Bedingungen funktionieren müssen, wenn die Spinne ihren Nahrungserwerb sicherstellen will.

Harald Binder

Einleitung

Die Kombinationen verschiedenster Eigenschaften von Spinnenseiden rufen bei Chemikern staunende Bewunderung hervor. Spinnen sind fähig, mehrere Seiden mit unterschiedlichen Qualitätsmerkmalen zu produzieren und diese dann für unterschiedlichste Zwecke einzusetzen. Angesichts dieser faszinierenden Naturstoffe, die die achtbeinigen Seidenkünstler herstellen, versuchen Naturwissenschaftler deren molekularen Aufbau zu erfassen, um so die Zusammenhänge zwischen Struktur und Funktionalität besser zu verstehen. Dies könnte neue Ansätze zur Lösung technischer Probleme eröffnen. In jüngerer Zeit wurde in einigen Arbeiten das Adhäsionsvermögen (Klebekraft) von Spinnenseide unter verschiedenen Bedingungen untersucht. Diese Eigenschaft ist für Spinnen wichtig, wenn sie

ihre Fäden an irgendwelchen Oberflächen fixieren wollen, z. B. um sich abzuseilen oder ihre Netze aufzuspannen. Radnetzspinnen (Araneidae) müssen sicherstellen, dass die in ihren Netzen gefangene Beute so lange zurückgehalten wird, bis sie von der Spinne überwältigt werden kann. Zum Zurückhalten der Beute wenden Spinnen zwei unterschiedliche Prinzipien an (vgl. Abb. 2).

Fangfäden von Radnetzspinnen

Die cribellaten Spinnen besitzen eine siebartige Platte (Cribellum) vor den Spinnwarzen am Hinterleibsende. Im Cribellum endet eine Vielzahl von Spinndrüsen, durch die die Spinne sehr dünne Seidenfäden (Durchmesser ca. 20 nm)¹, eine Art Kräuselwolle, produzieren kann. Diese

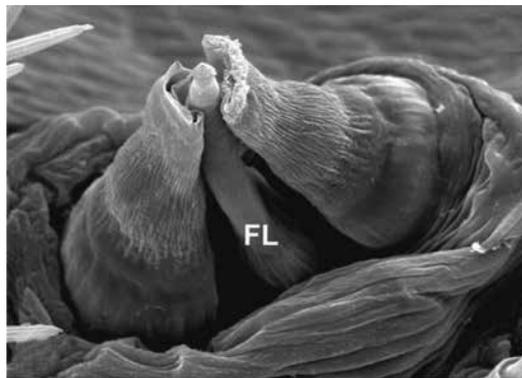
Abb. 1 Schilfradspinne (*Larinioides cornutus*) in ihrem Schlupfwinkel, einem nach unten offenen ballonartigen Gespinst, in dem sie sich typischerweise tagsüber unmittelbar an ihrem Netz aufhält. (Foto: Winfried BORLINGHAUS, mit freundlicher Genehmigung)



Abb. 2 Zwei Radnetze mit unterschiedlichen Fangfäden zum Beutefang. Ein Radnetz mit klebrigen Fangfäden, das von einer cribellaten Spinne erstellt wurde (links), und zum Vergleich ein Netz mit Fangfäden, die mit einer Kräuselwolle belegt sind (rechts). Die Erbauerin dieses Netzes weist als Körpermerkmale Cribellum und Calamistrum auf. (Aus BLACKLEDGE et al. 2009; mit freundlicher Erlaubnis)

legt sie mit einer kammartigen Struktur, dem Calamistrum, das sich am zweitletzten Glied (Metatarsus) der Hinterbeine befindet, auf die spiralförmig angeordneten Fangfäden ihres Netzes. Diese filzartige Kräuselwolle behindert die Beweglichkeit der erbeuteten Tiere und schränkt damit auch deren Befreiungsversuche aus dem Netz ein; die Beute wird so lange fixiert, bis sie von der herbeieilenden Spinne überwältigt werden kann (SAHNI et al. 2011). Diese eher mechanische Fixierung der Beute im Spinnennetz kann die Erbauerin realisieren, weil sie verschiedene, sehr spezifische Körpermerkmale (Cribellum, Calamistrum) aufweist. Diese kann sie durch komplexe Koordination zum Beutefang nutzen. Ecribellate Spinnen (ohne Cribellum) beschichten die Fangfäden mit wasserhaltigen, adhäsiven* Stoffgemischen. Diese Klebefäden von Radnetzspinnen (Araneioidea) werden durch dreiteilige Spinnspulen gefertigt. Dabei befindet sich zentral der Ausgang der flagelliformen Drüse,

Abb. 3 Elektronenmikroskopische Aufnahme einer dreiteiligen Spinnspule, mit der Radnetzspinnen ihre Fangfäden erzeugen. Zentral ist die flagelliforme Drüse (FL) zu sehen, die den seidenen Fangfaden liefert. Diese wird je halbkreisförmig von zwei Drüsen umgeben, die den Faden zunächst gleichmäßig mit der wässrigen Klebstofflösung beschichten. (Aus BLACKLEDGE et al. 2009; mit freundlicher Erlaubnis)



Glossar

Adhäsion: Haftwirkung zweier Stoffe an deren Grenzfläche

Kohäsion: innerer Zusammenhalt eines Stoffes

Viskosität: Zähigkeit bzw. Fließfähigkeit von Stoffen

in der die Seide für den Tragefaden der Fangspiralen produziert wird. Dieser Drüsenausgang ist von zwei Ausgängen der zusammengesetzten („aggregate“) Drüse halbkreisförmig umgeben (Abb. 3). Daraus bringt die Spinne einen komplex zusammengesetzten Kleber hervor, mit dem der Tragefaden zunächst gleichmäßig umhüllt wird. Aufgrund der wirkenden Kapillarkräfte ist diese gleichmäßige Umhüllung jedoch instabil (Plauteau-Rayleigh-Instabilität) und wandelt sich in eine Struktur um, bei der „Perlen“ aus Klebetropfchen in einem regelmäßigen Abstand auf einem Faden aufgereiht sind (Abb. 4).

Beschichtete Spinnenseide zum Beutefang

Todd A. BLACKLEDGE (Universität von Akron, Ohio, USA) untersucht seit vielen Jahren Spinnen und ihre verschiedenen Seidenprodukte. In Zusammenarbeit mit Kollegen hat er grundlegende Beiträge zum Verständnis der Klebefäden von Radnetzspinnen veröffentlicht. Analysen des wässrigen Überzugs der Fangfäden haben ergeben, dass die daraus gebildeten Tröpfchen eine komplexe Zusammensetzung aufweisen. Die Klebewirkung wird vor allem Glykoproteinen zugeschrieben, die sich mikroskopischen Untersuchungen zufolge im Zentrum der Tröpfchen befinden, in unmittelbarer Nähe des eigentlichen Spinnfadens. Die wässrige Hülle des Klebetropfchens enthält verschiedene Komponenten mit geringem Molekulargewicht, die oft unter dem Begriff „low molecular mass components“ (LMMC) zusammengefasst werden. Darunter finden sich Aminosäuren wie Glycin, Alanin und Prolin sowie einige niedermolekulare Neurotransmitter. Viele dieser Stoffe sind hygroskopisch (gr.: *hygros* = feucht, *nass* und *skopein* = anschauen), das heißt, sie binden Feuchtigkeit aus der Umgebung.

Die Zusammensetzung der LMMC unterscheidet sich bei verschiedenen Arten von Radnetzspinnen und weist einen Zusammenhang mit ihrem Lebensraum auf. Je nachdem, ob die Spinne am Waldrand, mitten im (tropischen) Wald oder auf offenem Feld lebt, ob sie tag- oder nachtaktiv ist, finden sich spezifisch unterschiedlich zusammengesetzte LMMC. Bei Laboruntersuchungen von Fangfäden kann man beobachten, dass die Klebetropfchen abhängig von der Luftfeuchtigkeit an Größe zu- oder abnehmen, d.h. bei steigender Luftfeuchtigkeit werden die Klebetropfchen aufgrund der hygroskopischen Wirkung der LMMC größer. Die komplexe chemische Zusammensetzung der wässrigen Lösung, mit der Spinnen ihre Fangfäden präparieren, ist in hohem Maße zweckdienlich: Der Wassergehalt

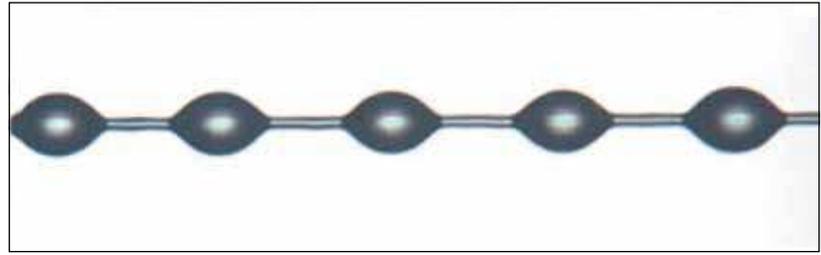
Durch den regelmäßigen Verzehr der Fangfäden stellen die Spinnen quasi nebenbei ihre Wasserversorgung sicher.

beeinflusst die Elastizität des Fangfadens und auch die Adhäsion*, Dehnbarkeit und Kohäsion* der Klebetröpfchen.

Allgemein zeigen die Untersuchungen von OPELL et al. (2018) folgende Zusammenhänge auf: Bei zunehmender Luftfeuchtigkeit nimmt die Viskosität* ab, die Verformbarkeit nimmt zu, was z. B. bedeutet, dass bei steigendem Wassergehalt die Kontaktfläche der Klebetröpfchen mit Oberflächenstrukturen einer Beute vergrößert wird. Die Klebekraft (Adhäsion) weist bei einem bestimmten Feuchtigkeitsgrad ein Maximum auf und fällt dann wieder ab. Die hygroskopischen Eigenschaften der Beschichtung der Fangfäden von cribellaten Radnetzspinnen stellen sicher, dass die Erbauerinnen zuverlässig mit Wasser versorgt werden. Wenn sie die Fangfäden regelmäßig auffressen und damit die physiologisch „teuren“ Proteine und Kohlenhydrate als Nährstoffe aufnehmen, diese verstoffwechseln und so einer Wiederverwertung zuführen, ist quasi nebenbei ihre Wasserversorgung sichergestellt.

Schwierige Beute – spezielle Lösung

DIÁZ et al. (2018) haben Klebefäden von Radnetzspinnen untersucht, die sich in ihrem Beutespektrum auf Falter konzentriert haben. Schmetterlinge stellen insofern besondere Herausforderungen an die Adhäsions-Fangnetze der Jägerinnen dar, als die Schuppen der großflächigen Flügel leicht abgelöst werden können. Dies ermöglicht der zunächst gefangenen Beute das Entkommen, die Schuppen kontaminieren die Klebetröpfchen und reduzieren damit die Wirksamkeit des Fangnetzes. In der großen Familie der echten Radnetzspinnen (Araneidae) sind die Vertreter der Gattung *Cyrtarachne* auf Falter als Beute spezialisiert. Die Klebetröpfchen an ihren Fangfäden sind im Vergleich zu anderen cribellaten Spinnen auffallend groß, und die Adhäsion von *Cyrtarachne*-Fangfäden auf einer Glasoberfläche ist stärker als die von anderen Spinnen. Der entscheidende Effekt scheint jedoch nicht in der Klebekraft zu liegen. Die frisch produzierten Klebetröpfchen an den Fangfäden von *Cyrtarachne* weisen einen hohen Wasseranteil von 99,8 Vol% auf, während diejenigen anderer Radnetzspinnen einen Wassergehalt von 69 Vol% und weniger aufweisen. Der hohe Wassergehalt bewirkt eine sehr geringe Viskosität, die es erlaubt, dass das Klebetröpfchen bei Kontakt mit den schuppenbedeckten



Schmetterlingsflügeln deren Oberfläche sehr schnell und großflächig benetzt, einschließlich des Raums zwischen den einzelnen Schuppen.

Erste Untersuchungen der niedermolekularen Komponenten (LMMC) in den Adhäsions-tröpfchen von *Cyrtarachne* zeigen einige Komponenten, die in den bisher untersuchten Klebetröpfchen anderer Radnetzspinnen (von 14 Arten aus 3 Familien) nicht gefunden wurden. Die Identifikation der Substanzen steht noch aus. DIÁZ et al. vermuten jedoch, dass sie einen maßgeblichen Einfluss auf die besonderen Eigenschaften der Klebetröpfchen haben und damit auf die besondere Spezialisierung der *Cyrtarachne* auf Schmetterlinge als Beute.

Kleben unter erschwerten Bedingungen

Die Herausforderung für Klebstoffe unter sehr feuchten Bedingungen wurde in einer weiteren Veröffentlichung thematisiert. Viele synthetische Kleber verlieren ihre Wirkung, wenn die zu klebende Oberfläche ab einer kritischen Feuchtigkeit mit einem Wasserfilm bedeckt ist. Selbst bei den Klebefäden von Spinnen, die typischerweise in klimatisch vergleichsweise trockenen Lebensräumen jagen, verlieren eher die einzelnen Klebetröpfchen den Zusammenhalt (Kohäsion), als dass sich das Klebetröpfchen von der Chitinoberfläche des Beuteinsekts lösen würde (Adhäsion). Bisherige Untersuchungen hatten gezeigt, dass vor allem zwei mit Zuckern modifizierte Proteine (Glykoproteine) für die Adhäsion von Bedeutung sind. In der Abfolge der Aminosäuren des einen Glykoproteins finden sich Abschnitte (Domänen), die an Chitin binden und einen hohen Anteil an geladenen Aminosäuren aufweisen. Die zweite Glykoproteinkomponente ist der flagelliformen Spinnenseide ähnlich und für die Dehnbarkeit und die Flexibilität der Klebetröpfchen verantwortlich.

SINGLA et al. (2018) haben Fangspiralfäden der Schilfradspinne (*Larinioides cornutus*) mit speziellen spektroskopischen Methoden bei unterschiedlicher Feuchtigkeit untersucht. Der Lebensraum der Schilfradspinne sind feuchte offene Flächen im Uferbereich von Gewässern; *L. cornutus* ist eine auch in Deutschland häufig

Abb. 4 Unmittelbar nachdem der Fangfaden produziert wurde, bildet sich aus dem zunächst gleichmäßigen Überzug eine Reihe von Tröpfchen, die wie auf einem Faden aufgezogene Perlen erscheinen. (Aus BLACKLEDGE et al. 2009; mit freundlicher Erlaubnis)

Genetische Einsichten zu den Klebstoffen

Um die Klebstoffe, die Spinnen an ihren Fangfäden verwenden, und ihre genaue Funktionsweise besser zu verstehen, wäre es ein großer Fortschritt, die Struktur der beteiligten Proteine genauer zu kennen. Dem steht bisher entgegen, dass die Gene der als Spidroine bezeichneten Eiweißketten mit etablierten Sequenzierungsmethoden nicht vollständig und zuverlässig zu bestimmen sind. Das hängt damit zusammen, dass die Spidroine sehr lang und aus vielen sich wiederholenden Sequenzabschnitten zusammengesetzt sind. Dabei sind die sich wiederholenden Abschnitte länger als die Abschnitte, die typischerweise von Sequenzierungsautomaten gelesen werden. STELLWAGEN & RENBERG (2019) haben jüngst durch Kombination verschiedener Sequenzierungstechniken erstmals Spidroine (AgSp1 und AgSp2) der gebänderten Tigerspinne (*Argiope trifasciata*), einer Radnetzspinne, zuverlässig bestimmt. Dabei benutzten sie neben etablierten Sequenzierungsmethoden, mit denen sich kurze Sequenzbereiche zuverlässig bestimmen lassen, auch fehleranfälligeren Methoden, mit denen sehr lange Abschnitte gelesen werden können, und kombinierten die Resultate. STELLWAGEN & RENBERG erhielten dadurch für AgSp1 eine DNA-Sequenz aus 42 270 Basenpaaren (bp). Die daraus abgeleitete Aminosäuresequenz ergibt Bereiche mit zwei unterscheidbaren Mustern (Motive), die jeweils 40-mal wiederholt in

dem Spidroin vorkommen. Für AgSp2 ergab die Untersuchung ein Gen mit 20 526 bp, wobei ein Motiv, das einem der beiden in AgSp1 gefundenen ähnlich ist, 48-mal wiederholt wird. Die sich wiederholenden Motive sind von Abschnitten unterbrochen, die reich an Glutamin sind. Mit diesen Untersuchungen haben STELLWAGEN & RENBERG die bisher umfangreichsten Spidroin-Sequenzen bestimmt und gleichzeitig einen Zugang eröffnet, den Zusammenhang zwischen Proteinstruktur und ihren physikalischen Eigenschaften besser zu verstehen.

Erste Schritte dazu unternehmen die beiden Autorinnen, indem sie Strukturdaten der Klebeproteine von Spinnen miteinander vergleichen, die mit Radnetzen Beute jagen, und solchen, die Haubennetze bauen und nutzen. STELLWAGEN & RENBERG gehen dabei davon aus, dass die Klebstoffe folgende Eigenschaften erfüllen müssen: Adhäsion, um die Beutetiere durch Kleben festzuhalten (1), Dehnbarkeit, um die sich wehrende Beute am Netz halten zu können (2), und Elastizität, um die Beute nach der ursprünglichen Dehnung am Fangfaden zu halten (3). Klebeproteine von Radnetzen sollten tendenziell im Vergleich zu denen von Haubennetzen eine größere Klebekraft sowie eine höhere Dehnbarkeit aufweisen, da die Beute mit höherer Energie in das Netz fliegt als die typischerweise am Boden laufende Beute der Spinnen, die mit Haubennetz jagen.

Die unterschiedliche Dehnbarkeit wurde auch bereits in Laboruntersuchungen demonstriert, hier sollte nach molekularen Strukturdaten gesucht werden, die diese Eigenschaften verständlich machen.

Die molekularbiologischen Daten ergeben tatsächlich Hinweise darauf, dass sich die unterschiedlichen physikalischen Eigenschaften durch Merkmale in der Proteinstruktur nachvollziehen lassen. So könnten z. B. Unterschiede im Gehalt an den Aminosäuren Serin und Threonin den Unterschied im Ausmaß der Verknüpfung mit Zuckerketten (Glykosylierung) und damit die unterschiedliche Klebekraft erklären. Abschnitte von Aminosäuren, die in anderen Proteinen von Spinnenseiden mit deren Dehnbarkeit in Verbindung gebracht worden sind, finden sich auch in Klebeproteinen und passen zu den experimentellen physikalischen Befunden. Damit haben STELLWAGEN & RENBERG (2018) einen wichtigen Impuls gegeben und Wege aufgezeigt, über die ein tieferes Verständnis über den molekularen Aufbau von Glykoproteinen in Spinnenseiden und ihren hoch spezifischen Eigenschaften zugänglich wird. Die Autorinnen äußern die Hoffnung, dass durch den Fortschritt in den Sequenzierungstechniken der Zugang zu molekularen Strukturdaten immer besser wird. Sie erhoffen sich dadurch ein wachsendes Verständnis der besonderen Eigenschaften von Spinnenseide, das vielleicht auch in eine technische Nutzung münden könnte.

vorkommende Spinne (Abb. 1). Die Autoren wählten die Fangfäden dieser Spinne, weil die daran befindlichen Klebetröpfchen bei mittlerer Feuchtigkeit maximale Klebekraft (Adhäsion) zeigen. Bei hoher Feuchtigkeit jedoch reißen die Tröpfchen unter Beanspruchung, d. h. die Kohäsion ist nicht ausreichend. Für die Untersuchungen wurden Fangfäden auf eine Saphiroberfläche gelegt und für spektroskopische Untersuchungen so montiert, dass die Feuchtigkeit verändert werden konnte. In den spektroskopischen Untersuchungen wurden natürliche Fangfäden mit solchen verglichen, die gründlich mit Wasser gewaschen worden waren. Durch den Waschprozess werden die niedermolekularen Komponenten (LMMC) entfernt, die für die Anziehung von Feuchtigkeit bzw. ihrer Verteilung im Seidenmaterial verantwortlich sind.

Zunächst bestätigten die Messungen, dass an der Kontaktfläche Fangfaden/Saphir die Glykoproteine vorliegen, welche die Adhäsion bewirken. Überraschenderweise konnten SINGLA et al. aber auch bei hoher Feuchtigkeit spektroskopisch kein freies Wasser an der Kontaktfläche Fangfaden/Saphir nachweisen. Bei zunehmender Feuchtigkeit steigt der Wassergehalt im Innern der Klebetröpfchen, aber freies

Wasser findet sich nicht an der Grenzfläche. Mit wechselndem Wassergehalt geht eine reversible Veränderung der Proteinstruktur (α -Helix und β -Faltblattstrukturen) einher. SINGLA et al. (2018) bestätigen also mit ihrer Untersuchung, dass die Adhäsion vor allem durch Glykoproteine verursacht wird. Darüber hinaus zeigen sie, dass die LMMC nicht nur für genügend Wasser sorgen, um die Glykoproteine mobil und flexibel zu halten, sondern auch dazu beizutragen scheinen, dass Wasser ins Innere des Klebetröpfchens verlagert wird und nicht an der Klebefläche die Wirkung des Fangfadens beeinträchtigt. Bei einer relativen Feuchtigkeit von 90 % beträgt der Wassergehalt der Klebetröpfchen zwar 50 %, aber an der Kontaktfläche, also der Klebefläche, ist Wasser nicht nachweisbar. Wäre Wasser an der zu klebenden Oberfläche gebunden, würde das die Adhäsion der Klebetröpfchen reduzieren, d. h. die Klebekraft der Fangfäden geht verloren und die Beute der Spinne wäre wieder frei; das wird aber nicht beobachtet. Die LMMC stellen also sicher, dass die Klebetröpfchen der Fangfäden von Spinnen auch unter feuchten Bedingungen an der Chitinoberfläche der Beuteinsekten kleben und diese Wirkung nicht durch freies Wasser zunichte gemacht wird. Das

Durch die chemische Zusammensetzung der Spinnenseide wird das den Klebevorgang störende Wasser im Inneren der Klebetröpfchen verteilt, so dass es beim Kleben nicht stört.

Wasser wird von der Oberfläche entfernt und im Innern des Tröpfchens verteilt. Somit scheint die komplexe Zusammensetzung der Fangfäden von Spinnen sehr spezifisch und für die Lösung von Klebproblemen bei wechselnder Feuchtigkeit nahezu optimiert zu sein. Möglicherweise ist sie sogar jeweils an die verschiedenen Lebensräume angepasst, was allerdings durch weitere Studien noch konkret nachzuweisen ist.

Zusammenfassung und Fazit

Die hier vorgestellten Untersuchungen an Fangfäden von Spinnen ermöglichen Einblicke in den Zusammenhang zwischen den chemisch komplexen Stoffgemischen und der Klebewirkung, die die Seidenkünstlerinnen nutzen, um ihre Beute im Spinnennetz ausreichend lange festzuhalten. Dabei muss die Klebewirkung (Adhäsion) an Oberflächenstrukturen der Beute unter wechselnden Wetterbedingungen sichergestellt sein. Gleichzeitig muss der innere Zusammenhalt (Kohäsion) der Klebermasse in Kombination mit dem Fangfaden gewährleistet sein, da sonst die Beutetiere bei ihren Befreiungsversuchen erfolgreich sind und wieder entkommen. Bei alledem muss das gesamte System eine Elastizität aufweisen, die den heftigen Bewegungen der Beute standhält und diese am Netz zunehmend fixieren. Es muss also eine ganze Reihe von Faktoren berücksichtigt werden und diese müssen aufeinander abgestimmt sein.

Das Klebesystem von Radnetzspinnen ist so attraktiv, dass große Anstrengungen unternommen werden, es zunehmend besser zu verstehen und durch Nachahmung Lösungen für anspruchsvolle technische Klebprobleme zu finden. Dabei nutzen die Spinnen wasserbasierten und bioabbaubaren Kleber.

Im Blick auf die bisherigen Erkenntnisse über die komplexe Zusammensetzung der

Spinnenkleber stellen sich Fragen nach dem Ursprung, der Abstimmung und der Optimierung ihrer Rezeptur. Befunde, die eine einfache Rohversion repräsentieren könnten, sind bisher unbekannt; ganz abgesehen davon, dass eine solche für den Bestand der Spinnen bedrohlich wäre. Festzuhalten bleibt beim derzeitigen Kenntnisstand, dass ein natürlicher Ursprung der Kleberrezeptur nicht erkennbar ist. Bemerkenswert ist, dass die Komposition der Bestandteile des Spinnenklebers in den unterschiedlichen Lebensräumen die Hoffnung nährt, dass weitere Einsichten zur Verbesserung von Klebern für technische Anwendungen führen könnten. Das würde auch zu Vorstellungen passen, dass die Zusammensetzung der Kleber an den Fangfäden von Spinnen hinsichtlich ihrer Funktion beabsichtigt ist.

Anmerkung

- ¹ Das ist eine erstaunliche „technische“ Leistung, wenn man sich daran erinnert, dass der DNA-Doppelstrang eine Breite von 2 nm aufweist; diese Seidenfäden sind also nur um Faktor 10 breiter als dieses Biopolymer.

Literatur

- BLACKLEDGE TA, SCHARFF N, CODDINGTON J, SZÜTS T, WENZEL JW, HAYASHI CY & AGNARSSON I (2009) Spider web evolution and diversification. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 106, 5229–5234.
- DIAZ C, TANIKAWA A, MIYASHITA T, AMARPURI G, JAIN D, DHINOJWALA A & BLACKLEDGE TA (2018) Supersaturation with water explains the unusual adhesion of aggregate glue in the webs of the moth-specialist spider *Cyrtarachne airai*. *R. Soc. Open sci.* 5, 181296; <http://dx.doi.org/10.1098/rsos.181296>
- OPELL BD, JAIN D, DHINOJWALA & BLACKLEDGE TA (2018) Tuning orb spider glycoprotein glue performance to humidity. *J. Biol. Exp.* 221; doi:10.1242/jeb.161539
- SAHNI V, BLACKLEDGE TA & DHINOJWALA A (2011) A review on spider silk adhesion. *J. Adhesion* 87, 595–614.
- SINGLA S, AMARPURI G, DHOPATKAR N, BLACKLEDGE TA & DHINOJWALA A (2018) Hygroscopic compounds in a spider aggregate glue remove interfacial water to maintain adhesion in humid conditions. *Nature Commun.* DOI: 10.1038/s41467-018-04263-z
- STELLWAGEN SD & RENBERG RL (2019) Towards spider glue: long read scaffolding for extreme length and repetitive silk family genes AgSp1 and AgSp2 with insights into functional adaptations. *G3-Genes Genomes Genetics* 9, 1909–1919.

Entstehung der Vierbeiner – doch kein glatter Übergang

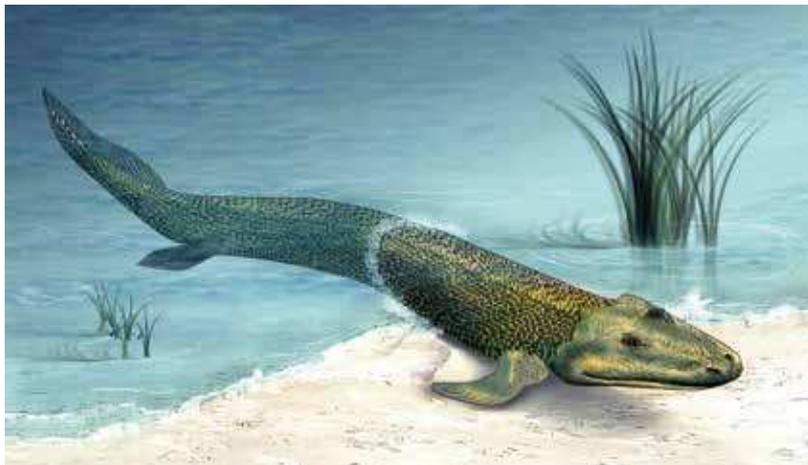
Bislang wurden einige Gattungen aus dem Oberdevon mit einer Kombination aus teils fisch- und teils vierbeinertypischen Merkmalen als sehr gut passende evolutive Übergangsformen zwischen Fischen und Vierbeinern (Amphibien) interpretiert. Deutlich ältere Vierbeiner-Spuren und eine neue Gesamtschau der Fossilien des Devons stellen diese Deutung jedoch in Frage. Damit wird die Kluft zwischen Fischen und Vierbeinern wieder deutlich größer als zuletzt angenommen.

Reinhard Junker

Einleitung

Als im Jahr 2006 die Entdeckung von *Tiktaalik* – scheinbar halb Fisch, halb Vierbeiner – veröffentlicht wurde, schien alles klar zu sein: Der mutmaßliche evolutive Übergang von Fischen zu Vierbeinern (Tetrapoden) war glänzend belegt. Denn *Tiktaalik* aus dem Oberdevon von Nordkanada weist eine ausgeprägte Kombination aus fischtypischen Merkmalen und typischen Tetrapodenmerkmalen auf und wurde in Rekonstruktionen als ein Zwischenwesen dargestellt, das dabei ist, das Land zu erobern (Abb. 1). Fischartig sind z. B. die großen Kiemenhöhlen, die ausgeprägten Flossenstrahlen, die Schuppenhaut, der Unterkiefer und der Gaumen. Dagegen sind das verkürzte Schädeldach, der flache Schädel mit nach oben gerichteten Augen, die Ohrregion, die Beweglichkeit der Halsregion, das Fehlen von Kiemendeckeln, der relativ kräftige Brustkorb mit überlappenden Rippen, der flache Körperbau und der Besitz eines Handgelenks Merkmale, die eher zu Tetrapoden weisen. Was für die

Abb. 1 *Tiktaalik roseae*. Oben aus AHLBERG (2018; CC BY 4.0); unten Rekonstruktion. (National Science Foundation, gemeinfrei)



Entstehung der Vögel der Urvogel *Archaeopteryx* ist, war nun für die Entstehung der Tetrapoden daher für manche Forscher die Gattung *Tiktaalik*.

Tiktaalik wurde zusammen mit der fischartigen Gattung *Panderichthys* (Abb. 2) und mit der Gattung *Elpistostege* zur Gruppe der Elpistostegiden zusammengefasst; neuerdings wird diese Bezeichnung verwendet, um diese drei Gattungen mit den Tetrapoden zusammenzufassen. Die nicht zu den Tetrapoden gehörenden Elpistostegiden des Oberdevons wurden entsprechend als Vorläufergruppe der Tetrapoden interpretiert.

Es wurde aber damals auch darauf hingewiesen, dass manche Merkmale von *Tiktaalik* nicht gut in eine Übergangstellung passen (AHLBERG & CLACK 2006, vgl. JUNKER 2006), und AHLBERG & CLACK (2006, 748) schließen ihren damaligen Kommentar mit der Feststellung, dass fast nichts über den Schritt zwischen *Tiktaalik* und den frühesten Tetrapoden bekannt sei. Bei diesem Übergang habe die Anatomie die „dramatischsten Änderungen“ erfahren.

Spuren bringen einiges durcheinander

Anfang 2010 wurden dann aber zahlreiche Tetrapodenspuren und -fährten im unteren Mitteldevon in Zachełmie/Polen entdeckt. Das bedeutete, dass deutlich früher als *Tiktaalik* und auch als alle anderen mutmaßlichen Formen des Übergangsbereichs zwischen Fischen und Vierbeinern bereits landlebende Tetrapoden existierten; nach QVARNSTRÖM et al. (2018) bis zu 14 Millionen radiometrische Jahre früher. Auch

Beim mutmaßlichen Schritt von *Tiktaalik* zu den frühesten Tetrapoden habe die Anatomie die „dramatischsten Änderungen“ erfahren.

weitere eindeutige Tetrapodenspuren aus dem oberen Mitteldevon auf Valentia Island in Irland sind etwas älter als die Elpistostegiden. NIEDZWIĘDZKI et al. (2010, 46–47) schlossen daraus, dass die fossile Überlieferung eine Evolution von Elpistostegiden zu Tetrapoden nur vortäusche, und sprechen von „falscher stratophylogenetischer Abfolge“. Der Körperbau der Elpistostegiden sei kein kurzes Übergangsstadium gewesen, sondern selber ein stabiler angepasster Rang. Deren Merkmale müssten daher als Anpassung an bestimmte ökologische Verhältnisse gewertet und könnten nicht als Hinweise auf ein evolutives Übergangsstadium interpretiert werden. QVARNSTRÖM et al. (2018, 1) bezeichnen die Abfolge von Elpistostegiden zu Tetrapoden als „Artefakt“.

In einer neueren Arbeit stellen QVARNSTRÖM et al. (2018) eine neue paläoökologische Interpretation der spurenführenden Sedimente von Zachełmie (s.o.) vor, wonach es sich beim Lebensraum der betreffenden Tiere um eine Abfolge von kurzlebigen Seen in Küstennähe handelt und nicht um eine Küstenzone des Meeres wie ursprünglich angenommen. Dieser Kontext unterstütze die Deutung, dass die Verursacher der Spuren sich auf dem Land fortbewegen konnten, was auch mit der Form der Spuren des Schwanzes übereinstimme.

Ein neues Szenario

In einem kürzlich erschienenen Überblicksartikel über Spuren und Körperfossilien devonischer Tetrapoden und Elpistostegiden unterstützt AHLBERG (2018), ein Spezialist für devonische Tetrapoden, die ökologische Deutung der Elpistostegiden und hält die angestammte evolutionäre Hypothese für eine „Fehlinterpretation“. Die Spurenfossilien aus dem Mitteldevon würden zeigen, dass Tetrapoden in der Lage waren, vor dem Ende des Mitteldevons Landgänge durchzu-



Abb. 2 Rekonstruktion von *Panderichthys rhombolepis*. (© N. TAMURA, CC BY 2.5)

führen. Der Fossilbericht der frühen Tetrapoden und verwandten Formen sei sehr unvollständig. Elpistostegiden und Tetrapoden hätten gleichzeitig gelebt und parallele Radiationen durchlaufen. AHLBERG (2018, 17) resümiert: „Es ist verlockend, die Elpistostegiden einfach als einen Zwischenschritt in einer gerichteten evolutionären Entwicklung zu betrachten, aber natürlich waren sie nichts dergleichen; wie alle Organismen wurden sie adaptiv für ihre eigene Lebensweise optimiert und waren nicht ‚auf dem Weg‘ zu irgendetwas.“ Stattdessen betrachtet er *Tiktaalik* und *Elpistostege* als die letzten nachkommenlosen Überlebenden der Radiation (Aufspaltung) der Elpistostegiden, deren Lebensräume nach ihrem Aussterben von

„Wie alle Organismen wurden sie [die Elpistostegiden] adaptiv für ihre eigene Lebensweise optimiert und waren nicht ‚auf dem Weg‘ zu irgendetwas.“

Tetrapoden übernommen wurden (S. 18) und die als Bewohner des Uferbereichs eine heute nicht mehr vorkommende Lebensweise gehabt hätten (S. 19; vgl. Abb. 3). Dazu passt eine sog. baraminologische¹ Analyse von GARNER & ASHER (2018), die als Ergebnis eine deutliche Diskontinuität, also eine Abgrenzbarkeit, zwischen Elpistostegiden und Devon- und Karbon-Tetrapoden erbrachte.

Die abgeleiteten Merkmale des Körperbaus von Elpistostegiden und devonischen Tetrapoden stünden im Zusammenhang mit der Bewegung auf dem Untergrund, der Stützung des Gewichts

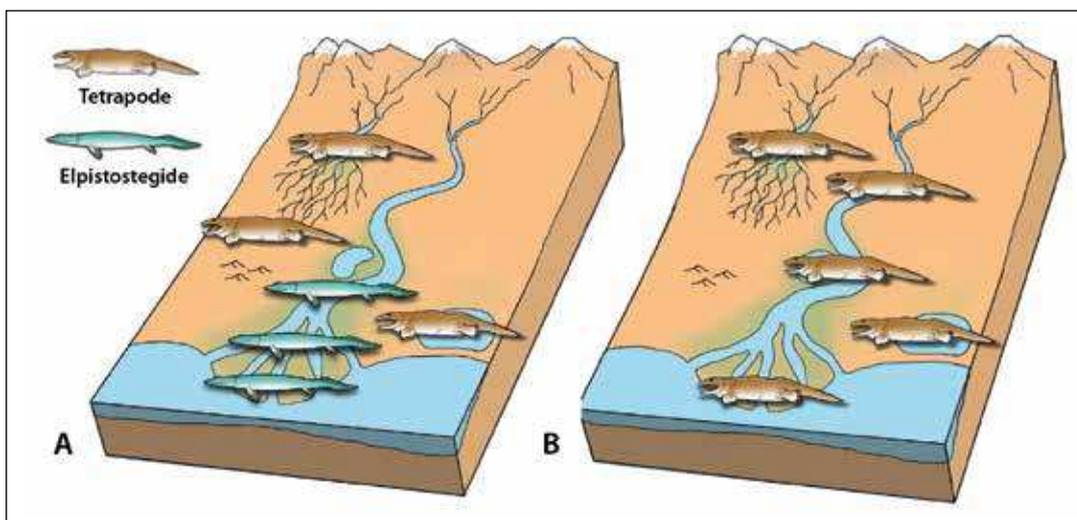


Abb. 3 Blockdiagramme idealisierter devonischer Landschaften, die die Verteilung von Elpistostegiden und Tetrapoden zeigen, die aus fossilen Daten abgeleitet wurden.

A Mitteldevon bis frühes Frasnium (unteres Oberdevon): Elpistostegiden besetzen die unteren Teile von Flusssystemen, während Tetrapoden in den oberen Teilen von Flusseinzugsgebieten, in Sabkha-Umgebungen und in Küstenseen vorkommen.

B Vom späten Frasnium bis zum Famennium (oberes Oberdevon): Die Elpistostegiden sind verschwunden und alle Lebensräume sind von Tetrapoden besetzt. (Aus AHLBERG 2018; CC BY 4.0)

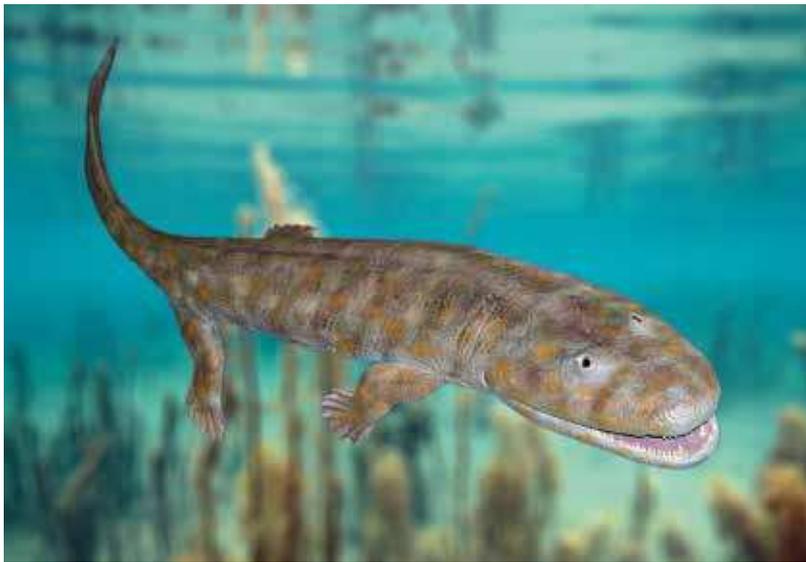
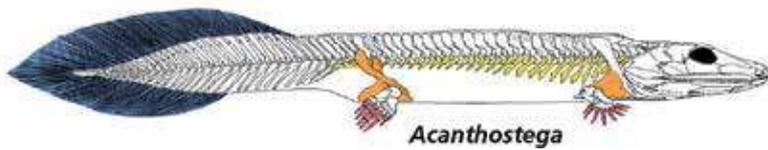


Abb. 4 *Acanthostega*. Oben aus AHLBERG (2018 ; CC BY 4.0), unten lebensgroßes Modell von *Acanthostega* am Staatlichen Museum für Naturkunde in Stuttgart. (Bild: Dr. Günter BECHLY, CC BY-SA 3.0)

und dem Sehen in der Luft, seien also Ausdruck von „terrestrischer Kompetenz“ (Fähigkeit zum Leben auf dem Land), während die Beibehaltung von Seitenlinienkanälen, Kiemen und Flossenstrahlen zeige, dass sie gleichzeitig eng mit dem Wasser verbunden waren. AHLBERG präsentiert vor diesem Hintergrund eine neue Hypothese, wonach einige devonische Gattungen und eine Reihe von Tetrapoden des Karbons, die bislang als sekundär wasserlebend interpretiert wurden, nicht von landangepassten Formen abstammen würden, sondern wiederholt von

Vermeintliche Übergangsformen waren nicht auf dem Weg vom Wasser ans Land, sondern für einen bestimmten Ufer-Lebensraum spezialisiert.

Formen ausgehend evolviert seien, die noch an das Wasser gebunden waren. Zu diesen Formen rechnet er auch die Gattung *Acanthostega* (Abb. 4), die wie *Tiktaalik* häufig als Bindeglied zwischen Fischen und Vierbeinern gewertet wurde. *Acanthostega* besaß zwar acht Finger an seinen Flossen, war aber vollständig wasserlebend und wird wie *Tiktaalik* als lauernder Räuber in der Ufervegetation rekonstruiert. Statt auf dem Weg zum Landleben sieht AHLBERG (2018, 2) *Acanthostega* also auf einem Weg in umgekehrter Richtung: von einer semiaquatischen zurück zu einer vollaquatischen Form.

Kommentar

Folgt man der Interpretation von AHLBERG und NIEDZWIEDZKI, bricht eine ganze Reihe mutmaßlicher Übergangsformen zwischen Fischen und Vierbeinern weg: *Panderichthys*, *Elpistosteg* und *Tiktaalik*, aber auch *Acanthostega*, der Fisch mit acht Fingern. Zwischen Fischen und Vierbeinern klafft damit eine entsprechende Lücke, die erheblich größer ist als bisher angenommen. Nach AHLBERG lässt die Fossilsituation aus evolutionstheoretischer Sicht schließen, dass die Elpistostegiden und landlebenden Tetrapoden mindestens an der unteren Grenze des Mitteldevons existiert haben müssen, aber kaum fossil überliefert sind (Tetrapoden im Mitteldevon nur durch Spuren bekannt, Elpistostegiden gar nicht). Somit müssen geologisch nicht überlieferte Lebensräume angenommen werden. AHLBERG (2018, 18) schreibt: „Der rätselhafteste Aspekt der Elpistostegiden ist ihre völlige Abwesenheit im Fossilbericht während des Eifeliums und des frühen Teils des Givetiums [Anm.: das sind die beiden Stufen des Mitteldevons]. ... Vermutlich existierten sie anderswo, entweder ökologisch oder biogeographisch, aber derzeit haben wir keine Hinweise darauf, wo sie gelebt haben.“

Anmerkung

¹ Begriff aus den hebräischen Wörtern „bara“ und „min“ zusammengesetzt und steht für „geschaffene Art“. Bei einer baraminologischen Analyse erfolgt ein umfangreicher Merkmalsvergleich verschiedener Arten oder höherer Taxa mit dem Ziel, herauszufinden, ob sich deutlich voneinander abgegrenzte Gruppierungen ergeben. Die Art der Analyse an sich ist unabhängig von der Annahme geschaffener Arten.

Literatur

AHLBERG PE (2018) Early Vertebrate Evolution. Follow the footprints and mind the gaps: a new look at the origin of tetrapods. *Earth Environ. Sci. Trans. R. Soc. Edinb.*, doi:10.1017/S1755691018000695

AHLBERG PE & CLACK JA (2006) A firm step from water to land. *Nature* 440, 747–749.

GARNER PA & ASHER J (2018) Baraminological analysis of Devonian and Carboniferous tetrapodomorphs. In: WHITMORE JH (ed) *Proc. Int. Conf. Creat.*, 8, 458–471. Pittsburgh, Pennsylvania: Creation Science Fellowship, doi:10.15385/jpicc.2018.8.1.36

JUNKER R (2006) *Tiktaalik* – ein erstklassiges Bindeglied? *Stud. Integr. J.* 13, 88–91.

NIEDZWIEDZKI G, SZREK P, NARKIEWICZ K, NARKIEWICZ M & AHLBERG PE (2010) Tetrapod trackways from the early Middle Devonian period of Poland. *Nature* 463, 43–48.

QVARNSTRÖM M, SZREK P, AHLBERG PE & NIEDZWIEDZKI G (2018) Non-marine palaeoenvironment associated to the earliest tetrapod tracks. *Sci. Rep.* 8:1074.

„Schildkröten-Nashorn“: Riesiger Konkurrent der Dinosaurier

Der Fund eines elefantengroßen Tieres mit Namen *Lisowicia bojani* – ein naher Verwandter der Säugetiere – in Fundschichten der späten Trias in Polen sorgt für mehrere Überraschungen. Wieder einmal müssen bisherige Vorstellungen zum Lebensumfeld der Dinosaurier sowie zur Evolution der Säugetiere hinterfragt oder sogar aufgegeben werden.

Henrik Ullrich

Dinosaurier und Säugetiere – ein systematischer Überblick

Unter den Evolutionsbiologen geht man davon aus, dass am Ende des Karbon vor ca. 300 MrJ (Millionen radiometrische Jahre) eine evolutionäre Aufspaltung der Amnioten¹ in den Zweig der Sauropsiden² (hypothetische Vorfahren u. a. der Dinosaurier, heutigen Reptilien und Vögel) und den der Synapsiden³ (hypothetische Vorfahren u. a. der Säugetiere) erfolgte (vgl. Abb. 1). Im Verlauf des Perm (ca. 299–252 MrJ) und der frühen Trias (ab ca. 252 MrJ) stellten dann, entsprechend der evolutionstheoretischen Interpretation, die Abkömmlinge der Synapsiden, die Therapsiden, die ökologisch dominierende Gruppe dar. Sie zeigten in diesem Überlieferungshorizont zunächst eine große Formenvielfalt. Das Aufkommen der Dinosaurier jedoch führte nach herrschender Ansicht zu einer Zurückdrängung der Therapsiden. Im Schatten der Riesenechsen sei es nur wenigen und kleinen Vertretern der Therapsiden gelungen, sich bis zum Ende der Trias (vor 201 MrJ) in einzelnen ökologischen Nischen zu behaupten. Darunter befanden sich unscheinbare, säugetierähnliche Formen, Eutherapsiden mit zwei Untergruppen, den Theriodontiern und Anomodontiern (vgl. Abb. 1 und Abb. 2). Zu den Theriodontiern gehörten u. a. die Cynodontier (Hundezähner), die als die unmittelbaren Vorfahren der Säugetiere angesehen werden.

Der hier vorgestellte Überraschungsfund, *Lisowicia bojani*, wird systematisch zu den Anomodontiern, speziell der Untergruppe der Dicyodontier (Zwei-Hundezähner), gestellt. Diese Seitengruppe ist erstmals in Sedimenten fossil überliefert, denen ein Alter von ca. 270 MrJ zugewiesen wurde. Die bisher letzten bekannten Vertreter dieser Gruppe sind neben den *Lisowicia*-Giganten, die in den jüngsten Schichten der Trias (208 MrJ) in Polen entdeckt wurden, Formen, welche aus der Unterkreide (ca. 110 MrJ) Australiens stammen (THULBORN et al. 2003).

Die Dicyodontier repräsentierten die artenreichste Gruppe innerhalb der Therapsiden. Fossilien der Dicyodontier fand man bislang in Afrika, Amerika, Australien und Asien. Frühe Dicyodontier waren nicht größer als 30 cm. Nur wenige Gattungen, so die Theorie, überlebten das vermutete große Aussterbeereignis am Ende des Perm (vor ca. 251 MrJ)

Aktuelle fossile Befunde fordern eine Neubewertung der o.g. Vorstellungen. Einige Vertreter der Dicyodontier durchliefen demnach im Verlauf der Trias, unbeeindruckt von oder

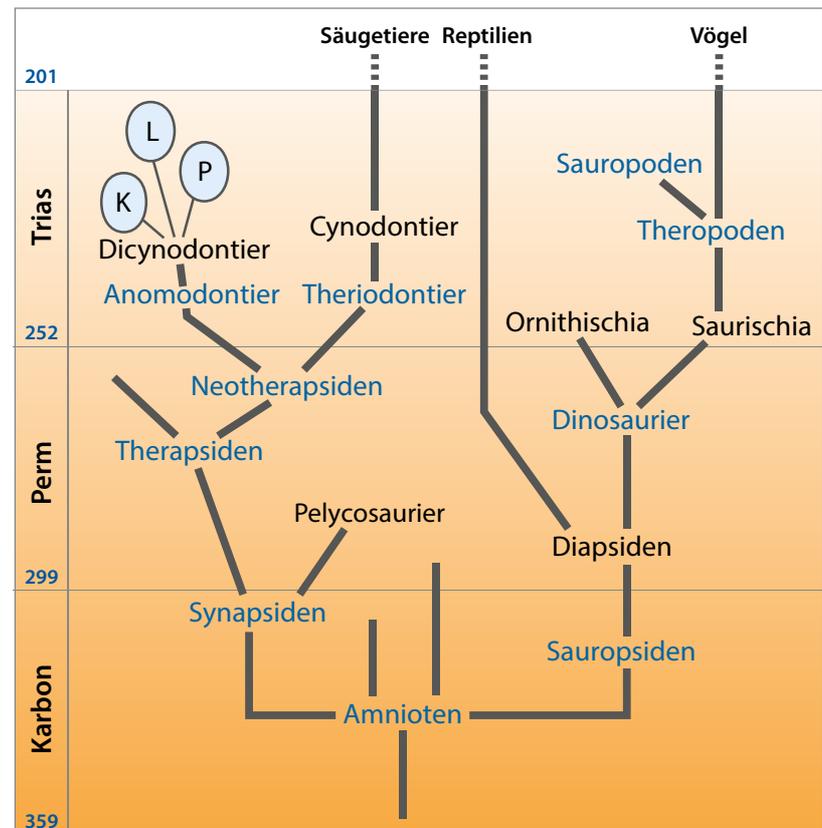


Abb. 1 Stark vereinfachte Darstellung der Abstammungsverhältnisse der Amniota nach evolutionstheoretischen Deutungen, mit ungefährender Einordnung in die geologischen Formationen (links; MrJ = Millionen radiometrische Jahre). Demnach kennzeichnen zwei große Entwicklungslinien die Amniota. Ein Zweig beinhaltet die Reptilien/Sauropsiden, zu denen der Großteil der fossilen und alle heutigen Echsen zählt. Der andere Zweig umfasst die Synapsiden, aus denen die Säugetiere hervorgegangen sein sollen. Es sind nicht alle Gruppen genannt, sondern die, welche für die Abstammungsverhältnisse besonders wichtig sind. Die im Text erwähnten Gruppen sind farblich hervorgehoben. K *Kannemeyeria*, L *Lisowicia bojani*, P *Placerias*.



Abb. 2 Verschiedene Typen des Schläfenfensters bei Reptilien nach ROMER & PARSONS (1991). Der Typ des Schläfenfensters dient zur Klassifikation der Reptilien. Die säugerähnlichen Reptilien sind Synapsiden. (Aus JUNKER & SCHERER 2013)

gerade wegen der Existenz der Dinosaurier, eine überraschend schnelle Radiation mit dem Ergebnis, dass am Ende der Trias unerwartet große und vielgestaltige Formen wie *Kannemeyeria* mit einer Länge von etwa 3 Metern und *Placerias*, ein nilpferdähnlicher Dicynodontier mit ca. 3,5 Metern Länge und einem Gewicht von ungefähr einer Tonne, oder *Lisowicia bojani* auftraten. Letzterer erreichte nicht nur die Größe heutiger Elefanten, sondern auch deren Gewicht (Abb. 3 und 4). Zeitgleich mit den Dinosauriern – also in den entsprechenden Fundhorizonten der Trias – traten also diese Formen als deren ernstzunehmende Konkurrenten in einem gemeinsamen Lebensraum in Erscheinung.

Ein überraschender Fund

Fossile Überreste von zwei Vertretern der Art *Lisowicia bojani* entdeckten Forscher im Süden Polens nahe der Ortschaft Lisowice. Die Fundschicht wird der Obertrias zugezählt und auf 208 MrJ datiert. SULEJ & NIEDZWIEDZKI (2018) vermuten, dass der 4,50 Meter lange, 2,60 Meter hohe und neun Tonnen schwere Gigant das bis dahin größte Landwirbeltier war, welches nicht zur Formengruppe der Dinosaurier gehörte und gleichzeitig mit diesen lebte.

Lisowicia war das bis dahin größte Landwirbeltier, welches nicht zu den Dinosauriern gehörte und zeitgleich mit ihnen lebte.

Als typisches Kennzeichen der Dicynodontier (Zwei-Hundezähler) besaß *Lisowicia bojani* anstelle eines Gebisses einen Schnabel aus Horn (ähnlich dem heutiger Schildkröten), seitlich davon ragten zwei massive Zähne hervor, die

Stoßzähnen glichen (Abb. 4). Typisch für die übrigen Dicynodontier waren ihre rechtwinklig bzw. horizontal zum Körper angeordneten Oberarmknochen, während die hinteren Extremitäten senkrecht unter dem Körper standen (vgl. Abb. 3). Demgegenüber zeigt *Lisowicia bojani* auch senkrecht unter dem Körper angeordnete Oberarm- und Unterarmknochen. Dies ist eine anatomische Besonderheit, wie sie auch bei Säugetieren (z. B. bei Nilpferd, Rhinoceros) und Dinosauriern zu finden ist. Mit dieser Anordnung verband sich eine völlig andere Konfiguration und Physiologie des Muskelapparates als bei den übrigen Vertretern der Dicynodontier (z. B. Ursprungs- und Ansatzstellen der Muskulatur an den Knochen, was Bewegungsabläufe und Koordination betrifft). Ein weiteres physiologisches Merkmal, das *Lisowicia bojani* mit den Dinosauriern, jedoch nicht mit seinen nächsten Verwandten teilte, lag in dessen Fähigkeit, rasch und dauerhaft zu wachsen. Das konnten die Autoren aus der Struktur und dem Aufbau der Knochen ableiten.

In der fossilen Überlieferung tritt *Lisowicia bojani* wie die anderen erwähnten großen Formen *Kannemeyeria* und *Placerias* unvermittelt, d. h. ohne Zwischenformen, auf; mögliche Vorfahren werden in der Gruppe der Dicynodontier aus der frühen Trias vermutet (SULEJ & NIEDZWIEDZKI 2018). Somit eröffnet sich eine fossile Fundlücke von ca. 45 MrJ.

Neue Bewertung der Lebenswelten in der Trias und alte Fragen an die Modelle der Evolution

Die beeindruckenden Funde erfordern, so SULEJ & NIEDZWIEDZKI (2018), in verschiedener Hinsicht eine neue Bewertung der Lebenswelten in der Trias insbesondere bezüglich der morphologischen Vielfalt und Verbreitung der Dicynodontier und der bislang favorisierten evolutionstheoretischen Modelle über ihre Entstehung.

Vielfalt und Größe trotz der Dominanz der Dinosaurier

Die Entwicklung von Riesenwuchs bei Pflanzenfressern (Gigantismus) während der späten Trias (vgl. Abb. 1) war kein Alleinstellungsmerkmal der Dinosaurier, sondern ist auch bei anderen Tiergruppen in der späten Trias nachweisbar. Auch die Dicynodontier, insbesondere *Lisowicia bojani*, konnten riesige Größen erreichen. Die Theorie, dass säugetierähnliche Formen, die als Ur-Säugetiere bezeichnet werden, erst nach dem Verschwinden der Dinosaurier große bzw.

Abb. 3 Der Dicynodontier *Placerias* mit rechtwinklig zum Körper angeordneten Oberarmknochen und senkrecht unter dem Körper stehenden Hinterextremitäten. (Rainbow Forest Museum, gemeinfrei)



gigantische Formen entwickeln konnten, ist damit nicht mehr haltbar. SULEJ & NIEDZWIEDZKI (2018) schließen, dass die sogenannten Ur-Säugetiere und andere Formen von Synapsiden gemeinsam mit Dinosauriern lebten, sie wurden nicht, wie bisher vermutet, von den Dinosauriern im Lauf der Trias verdrängt und zur Bedeutungslosigkeit verurteilt.

Fundort Europa – nicht-überlieferte Ökosysteme, nicht-überlieferte Fossilien

Auch der Fundort dieser riesigen Dicynodontier in Polen war eine Überraschung. Damit wurde nicht nur die erstaunliche morphologische Vielfalt am Ende der Trias innerhalb der Dicynodontier bestätigt, sondern auch eine unerwartet weite Verbreitung dieser Tiergruppe. Bislang vermutete man nur ein auf einzelne Regionen begrenztes Auftreten der Dicynodontier. Die älteren Fossilien von Dicynodontiern stammten vor allem aus Afrika, Asien und Amerika. Lediglich ein Unterkiefer und ein paar Knochen waren in Europa gefunden und den Dicynodontiern zugeordnet worden. Die Autoren vermuten als Erklärung für den nun bis Europa reichenden Lebensraum der Dicynodontier die Existenz des Superkontinents Pangaea am Ende der Trias, wo Erdteile noch miteinander über Landbrücken verbunden waren und den Dicynodontiern eine großflächige Ausbreitung ermöglichten.

Andererseits wird nach Ansicht der Autoren klar, wie lückenhaft und unvollständig die hypothetische evolutionäre Geschichte durch Fossilien widerspiegelt wird. *Lisowicia bojani* erscheint geographisch und morphologisch unvermittelt mit einer nicht übermittelten Fundlücke von ca. 45 Mrj zu mutmaßlichen Vorfahren.

„The find of *Lisowicia* shows that at least one dicynodont lineage also participated in the ‘push

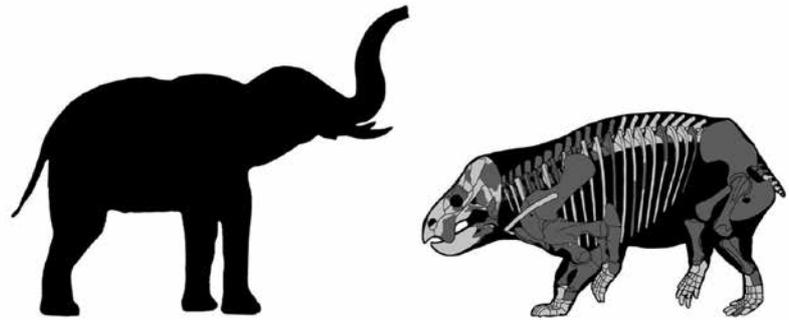


Abb. 4 Größenvergleich von *Lisowicia* mit einem heutigen Elefanten. (Bild: Science/ Tomasz SULEJ und Grzegorz NIEDZWIEDZKI)

for gigantism’ at the same time as the sauropodomorphs but also suggests that their evolutionary history in the Late Triassic is poorly documented ...“ (SULEJ et al. S. 364).

Konvergenzen

Lisowicia bojani kann als weiteres Beispiel für das innerhalb des Evolutionsparadigmas unverständene, aber tausendfach belegte Faktum von Parallelentwicklungen und Konvergenzen angeführt werden. Wie bei den Dinosauriern und bei den Säugetieren finden sich bei *Lisowicia bojani* senkrecht unter dem Körper angeordnete Gliedmaßen (Säulengang). Das erfordert – wenn man ein evolutionäres Entstehungsszenario voraussetzt – eine gewaltige morphologische und physiologische Umgestaltung der Gliedmaßen im Vergleich mit seinen hypothetischen Vorfahren. Weiter muss postuliert werden, dieser Umbauprozess sei mindestens dreimal unabhängig voneinander bei den Dinosauriern, bei den Säugetieren und hier bei *Lisowicia bojani* im Laufe der Evolution „erfunden“ worden. Weitere Merkmale, die als Konvergenzen interpretiert werden müssen, sind das Phänomen des kontinuierlichen Größenwachstums wie bei Dinosauriern, das Vorhandensein von Aushöhlungen



Abb. 5 Rekonstruktion von *Lisowicia bojani*, dem gigantischen Dicynodontier der späten Trias. (Bild: Dmitry BOGDANOV, CC BY 3.0)

in Wirbelkörpern wie bei Sauropoden oder die sekundäre Umgestaltung des Gebisses in einen Schnabel aus Horn ähnlich wie bei den heutigen Schildkröten. Die bislang favorisierten und diskutierten Evolutionsmechanismen im Rahmen der Modellbildungen einer erweiterten evolutionären Synthese bzw. unter Zugriff auf moderne Ansätze von Evo-Devo können diese Befunde und Merkmalsverteilungen nicht einmal ansatzweise plausibel erklären.

Evolutionsmechanismen und Selektion

Nicht nur hinsichtlich der Erklärung von Konvergenzen, sondern auch unabhängig davon sind die o. g. Evolutionsmechanismen überfordert, die morphologischen und funktionellen Innovationen bei *Lisowicia bojani* zu erklären. Um riesig zu werden, musste diese Form der Dicynodontier gravierende Veränderungen in Körperbau und Stoffwechsel durchlaufen. Die Entstehung bzw. der Umbau von vorhandenen Bauplänen, sodass die Oberarmknochen senkrecht unter dem Körper stabil Platz fanden und funktionierten, erforderte eine andere Konfiguration der Muskulatur und damit innerhalb der Dicynodontier eine völlig neue Konstruktion. Parallel dazu bleibt offen, warum und wie in den Wirbelkörpern Aushöhlungen entstehen konnten oder wie rasches und dauerhaftes Knochenwachstum möglich wurde. Und das alles im Verlauf einer aus evolutionärer Perspektive vermeintlich relativ kurzen evolutionären Spanne von nur 25 Millionen Kalenderjahren, wie die Autoren vermuten (wobei radiometrische Jahre mit Kalenderjahren gleichgesetzt werden).

Die bekannten Evolutionsmechanismen sind überfordert, die morphologischen und funktionellen Innovationen bei *Lisowicia* zu erklären.

Nur am Rande werden von SULEJ & NIEDZWIEDZKI (2018) Aspekte der Selektion diskutiert, welche die Evolution von *Lisowicia bojani* vorantrieben und kanalisiert haben könnten. Dass *Lisowicia bojani* sich zu einem riesigen Tier mit dem Körperbau eines Nashorns entwickelte, könnte an dem damit verbundenen Schutz vor Raubtieren (Dinosauriern) gelegen haben, spekulieren die Autoren. Vielleicht waren es auch Vorteile bei der Verwertung der Nahrung oder einer optimierten Verwertung von Energie, weil sich bei Riesenwachstum die Körperoberfläche, über die kostbare Energie in Form von Wärme verloren geht, im Verhältnis zur Körpermasse reduzierte. Allerdings muss immer wieder daran

erinnert werden, dass ein Nutzen im fertig ausgeprägten Zustand keinerlei Erklärung für die Entstehungsweise liefert.

Abschluss

Fossilien offenbaren immer wieder eine erstaunliche und atemberaubende Formenvielfalt ausgestorbener Tiergruppen. Offenkundig ist die zunehmende Fülle von aus der Perspektive des Evolutionsparadigmas unerwarteten und nicht erklärbaren Daten wie beispielhaft bei *Lisowicia bojani* dokumentiert. Dazu zählen die extrem raschen Entwicklungen neuer Baupläne innerhalb sehr kurzer evolutionärer Zeitspannen, das Auftreten von tiefgreifenden Konvergenzen zwischen weit entfernten Tiergruppen, die Tatsache der fehlenden fossilen Dokumentation des vermuteten evolutionären Wandels und nicht zuletzt die unbeantworteten Fragen nach den Mechanismen und den Selektionsdrücken der Evolution. Diese Situation fordert eine grundsätzliche Infragestellung des Konzeptes der Evolution. Ein schöpfungstheoretischer Ansatz zur Deutung der Fossilien vermag manche der o. g. Probleme besser zu erklären, weil eine freie Kombinierbarkeit von Merkmalen und plötzlich auftretende Formen aus der Sicht von Schöpfung plausibel sind. Dieser Ansatz muss sich aber der nicht minder großen Herausforderung stellen, die geographische und zeitliche Ordnung bzw. Verteilung der Fossilien sowie die tiefgreifenden Wechsel der Ökosysteme, in denen z. B. die heute fremdartig anmutenden Dicynodontier und Dinosaurier zu Hause waren, besser zu deuten. Bis dahin ist es noch ein weiter Weg.

Anmerkungen

- 1 Amnioten sind Landwirbeltiere, deren Embryonen sich in einer mit Fruchtwasser (Amnionflüssigkeit) gefüllten Amnionhöhle entwickeln, die von einer Embryonalhülle (lat. Amnion) umgeben ist.
- 2 Dazu zählen z. B. Reptilien, Dinosaurier, Vögel und deren ausgestorbene Vertreter.
- 3 Tiere mit einem charakteristischen Knochenfenster an der hinteren Schädelseitenwand, zu denen die sehr umfangreiche Ordnung der Therapsiden gehört, welche die Säugetiere einschließt (vgl. Abb. 2).

Literatur

SULEJ T & NIEDZWIEDZKI G (2018) An elephant-sized Late Triassic synapsid with erect limbs. *Science* 363, 78–80.
 THULBORN T & TURNER S (2003) The last dicynodont: an Australian Cretaceous relict. *Proc. R. Soc. Biol. Sci.* 270B, 985–993.
 JUNKER R & SCHERER S (2013) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen, 7. Aufl.



DNA als Retter der RNA-Welt-Hypothese?

Ungeachtet ihrer Beliebtheit weist die RNA-Welt-Hypothese als Erklärung eines natürlichen Ursprungs der ersten Organismen große Defizite auf. Im Sinne einer Ergänzung dieser Hypothese veröffentlichte die Forschungsgruppe um Oliver TRAPP eine Arbeit zur präbiotischen Synthese von Desoxy-Nukleosiden (DNA-Bausteine). Die Autoren vertreten die Auffassung, dass ihr Modell ein geochemisch plausibles Szenario für die Entstehung von DNA-Bausteinen darstellt. Eine genauere Analyse zeigt jedoch, dass sich ein gänzlich anderes Bild ergibt.

Boris Schmidtgall

Unter Naturwissenschaftlern gilt es als ausgemacht, dass Leben „von alleine“, d. h. unter rein natürlichen Umständen ohne schöpferischen Input, entstanden ist, obwohl es dafür bis heute keine tragfähigen Belege gibt. Nach Ansicht der meisten Lebensursprungs-Forscher stellten sich selbst vervielfältigende molekulare Systeme auf der Basis von RNA-Molekülen das Vorstadium zu den ersten Organismen dar. Die RNA gilt als der beste Kandidat für einen möglichst einfachen Ursprung des Lebens, weil sie als einziges Biomolekül zugleich zwei wichtige Eigenschaften in sich vereint: sowohl die Fähigkeit zur Informationsspeicherung und -übertragung als auch zur Katalyse (Beschleunigung) bestimmter chemischer Reaktionen. Damit wären zumindest hypothetisch chemische Verbindungen in einer „RNA-Welt“ vorhanden, die sowohl Stoffwechsel als auch Vererbung ermöglichen (GILBERT 1986).

Suche nach neuen Erklärungen

Allerdings sind gravierende Schwächen des RNA-Welt-Modells in der Fachwelt allgemein bekannt. Weder für die Möglichkeit der

Entstehung der notwendigen Bausteine der RNA, der Ribonukleotide, noch für ihre anschließende Polymerisation (Verknüpfung) zu RNA-Strängen sind plausible präbiotische Bedingungen aufgezeigt worden. „Präbiotisch“ bedeutet dabei „vor der Anwesenheit von Leben“. Noch weit größer ist die Herausforderung, die anschließend erforderliche Replikation (Vermehrung) der RNA in einem wässrigen, annähernd natürlichen Milieu zu realisieren.

Die Schwächen des RNA-Welt-Modells veranlassen Forscher immer wieder dazu, neue Ideen für einen hypothetischen Anfang des Lebens zu entwickeln.

Das Kernproblem dabei ist die ausgeprägte Labilität sowohl der RNA-Bausteine als auch des Makromoleküls RNA selbst in wässriger Lösung. Behauptungen, dass diese Probleme schon gelöst seien, sind nicht überzeugend, denn die Publikationen, auf die dabei oft verwiesen wird (POWNER 2009, FERRIS 2006, DECK 2011), beschreiben Kunstgriffe, die auf chemischer Erfahrung beruhen und die keinerlei Bezug

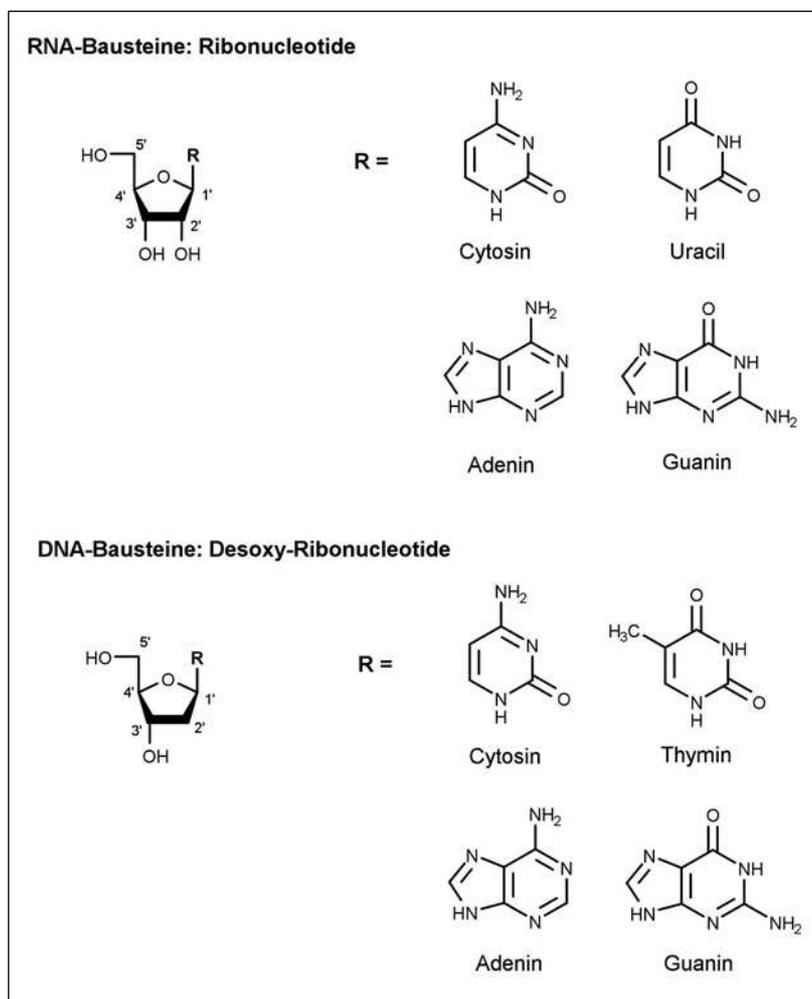


Abb. 1 Strukturformeln der Bausteine der RNA (Ribonucleotide) und der DNA (Desoxy-Ribonucleotide). Die zwei strukturellen Unterschiede zwischen den Bausteinen sind die fehlende OH-Gruppe an der 2'-Position bei den DNA-Bausteinen und das Thymin anstelle des Uracil als eine der kanonischen Nucleobasen. Damit also Desoxy-Ribonucleotide hergestellt werden können, muss die 2'-OH Gruppe der Ribonucleotide entfernt werden. In Organismen ist dafür das Enzym Ribonucleotid-Reduktase zuständig.

zu realistischen präbiotischen Bedingungen auf einer frühen Erde haben. Diese offenkundigen Schwächen des RNA-Welt-Modells veranlassen Forscher immer wieder dazu, bestehende Modelle abzuwandeln oder neue Ideen für einen hypothetischen Anfang des Lebens zu entwickeln. Kritische Kommentare dazu wurden in diesem Journal bereits publiziert (BINDER 2009, SCHMIDTGALL 2014).

Eine Möglichkeit, die bereits früher erwogen worden ist, besteht in der stabilisierenden Wirkung des chemisch verwandten Biopolymers der RNA, der DNA (LINDAHL 1993). Allerdings galt ihre Entstehung bisher als problematisch, weil nach den gängigen Vorstellungen DNA aus RNA gebildet worden sein soll und dazu das komplexe Enzym Ribonucleotid-Reduktase erforderlich ist. Dieses entfernt die Hydroxy-Gruppe an der 2'-Position der Ribose und wandelt sie in 2-Desoxyribose um (Abb. 1). Das wäre aber kein *einfacher* Anfang des Lebens. Abgesehen davon ist bisher kein Experiment beschrieben worden, das eine gute Erklärung für den Ursprung von DNA-Bausteinen (ebenso wie für diejenige von RNA-Bausteinen) darstellen würde.

Daher wurde kürzlich von der Münchner Forschungsgruppe um Oliver TRAPP (TEICHERT et al. 2019) in der chemischen Fachzeitschrift

Angewandte Chemie ein Artikel veröffentlicht, in welchem eine Reihe von chemischen Reaktionen beschrieben ist, die von den Autoren als ein mögliches Szenario der Entstehung von DNA-Bausteinen beschrieben wird.

Ohne exakte Reaktionsführung keine DNA-Bausteine

Den Autoren der Arbeit gelang es, alle vier kanonischen Nucleoside ausgehend von drei verschiedenen Molekülen (Aldehyd, Nucleobase und D-Glyceraldehyd, Abb. 2) herzustellen. Gegenüber früheren Arbeiten auf diesem Gebiet können die Forscher um TRAPP durchaus einige Fortschritte vorweisen. Die Reaktionen wurden allesamt in wässrigem Milieu und ohne die Isolierung und Aufreinigung von Zwischenprodukten durchgeführt. Die Reaktionen liefen unter relativ milden Bedingungen (40–70 °C) ab und es waren keine Veränderungen der Temperatur oder anderer Parameter (pH, Konzentration) nötig. Das klingt in der Tat nach einem beachtlichen Erfolg auf der Suche nach einem plausiblen Szenario für den Ursprung erster Biomoleküle. Allerdings fällt bei näherer Betrachtung der experimentellen Details auf, dass die Versuche geradezu meisterhaft *geplant* wurden, um DNA-Nucleotide zu erhalten.

Es bedarf keiner vertieften Erörterung, dass die Verwendung hochreiner chemischer Verbindungen (Nucleobasen, Acetaldehyd und D-Glyceraldehyd) in demineralisiertem Wasser – wie in den Versuchen von TEICHERT et al. geschehen – keineswegs eine Nähe zu natürlichen Bedingungen darstellt. Zudem wurden die Versuche stets in geschlossenen Ampullen durchgeführt, da anderenfalls der flüchtige Acetaldehyd (Siedepunkt 20 °C) aus der Reaktionsmischung schnell entweichen würde. In dem Originalartikel wird der Einsatz geschlossener Ampullen damit begründet, dass auf der frühen Erde ein deutlich höherer Atmosphärendruck geherrscht haben soll – eine kaum überprüfbare Vermutung.

Außerdem wurde mit D-Glyceraldehyd gezielt ein Molekül gewählt, das von seiner geometrischen Beschaffenheit (Konfiguration) her für das anvisierte Resultat genau passend ist. Das Spiegelbild-Molekül L-Glyceraldehyd findet in der Publikation von TEICHERT et al. dagegen keine Erwähnung, obwohl dessen Entstehung unter natürlichen Bedingungen genauso wahrscheinlich ist wie diejenige des D-Glyceraldehyds. Die Verwendung von L-Glyceraldehyd anstelle des D-Glyceraldehyds ist problematisch, weil seine entsprechende Reaktion Nucleoside hervorbringt, die für die Bildung von Erbmolekülen aufgrund ihrer

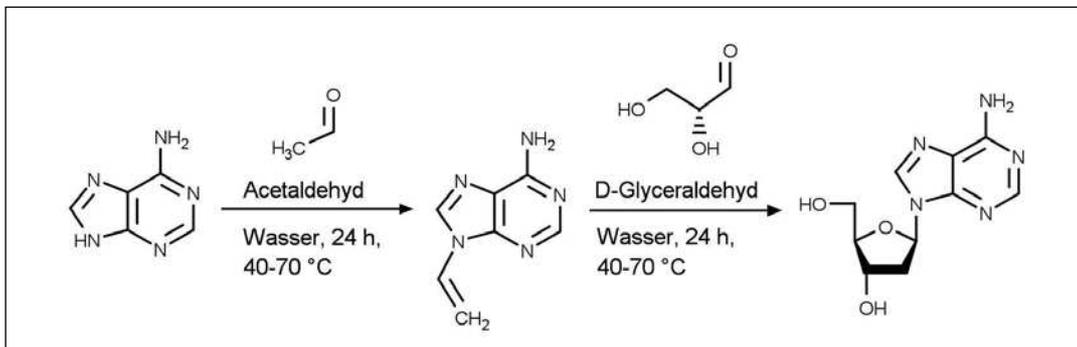


Abb. 2 In der Arbeit von TRAPP et al. untersuchter Reaktionsweg ausgehend von Nucleobasen, Acetaldehyd und D-Glyceraldehyd. Hier ist der Reaktionsweg exemplarisch am Adenin gezeigt. Die Reaktion ergibt aber ebenso auch Desoxy-Nucleotide bei Verwendung der anderen drei Nucleobasen. Die Ausbeuten der Reaktionen waren mit unter einem Prozent (Adenosin, Guanosin, Thymin) bzw. 2,5% für Cytidin recht niedrig.

Geometrie ungeeignet sind. Selbst wenn der L-Glyceraldehyd nur einen Teil des Gemischs ausmacht, würde das die Synthese von funktionsfähigen DNA-Molekülen wirksam verhindern. Für einen erfolgreichen Reaktionsverlauf ist es also nötig, dass der D-Glyceraldehyd in reiner Form vorliegt. Hier wird also das Problem der Entstehung enantiomerenreiner (nur D-Form oder nur L-Form liegt vor) chemischer Verbindungen ohne gezielte Steuerung durch einen Experimentator schlicht übergangen. Dabei ist jedem Chemiker bekannt, dass die Herstellung enantiomerenreiner chemischer Verbindungen selbst mit fortschrittlichen Methoden der Synthesechemie oft eine Herausforderung ist. Die angebliche Spezifität der von TEICHERT et al. aufgezeigten Synthese wird auch durch mögliche Reaktionen mit anderen Carbonylverbindungen eingeschränkt. In präbiotischen Szenarien ist zu erwarten, dass neben D-Glyceraldehyd auch andere Aldehyde vorhanden sind und damit den resultierenden Cocktail in seiner Zusammensetzung komplex werden lassen. Im Hinblick auf die beabsichtigte Synthese von DNA wäre ein solches Gemisch unbrauchbar.

Das in der Erdkruste häufig vorkommende Magnesium-Ion müsste fehlen, damit die Reaktion stattfindet – ein praktisch unüberwindbares Problem.

Ein weiteres Problem sind die Ausbeuten der von TEICHERT et al. veröffentlichten Reaktionen. Die angesprochene Reaktion wurde für alle vier kanonischen Nucleoside durchgeführt. Dabei ergaben sich für drei 2'-Desoxy-Nucleoside (Adenosin, Guanosin, Thymin) Ausbeuten von unter einem Prozent. Nur im Fall von 2'-Desoxy-Cytidin lag die Ausbeute bei immer noch mageren 2,5%. Das sind relativ dürftige Ergebnisse. Angesichts des schwerwiegenden präbiotischen „Verdünnungsproblems“ sind diese Resultate in keiner Weise überzeugend.

Es ist noch wichtig zu erwähnen, dass die Reaktion in Gegenwart von Magnesium-

Salzen kaum abläuft, wie der Originalliteratur entnommen werden kann. Das aber bedeutet, dass ein in der Erdkruste häufig vorkommendes Ion abwesend sein müsste, damit die Reaktion stattfindet – ein praktisch unüberwindbares Problem für dieses hypothetische Szenario der Entstehung der Bausteine der DNA. Schließlich stellt sich die Frage, warum TEICHERT et al. die Entstehung von DNA-Bausteinen ohne angefügte Phosphatgruppen simulierten. Denn ohne Phosphatgruppen ist die Weiterreaktion der Bausteine zu DNA-Makromolekülen absolut ausgeschlossen.

Fazit

Insgesamt liefert die Arbeit von TEICHERT et al. kein gutes Argument für eine mögliche Entstehung von Desoxy-Nucleosiden unter plausiblen präbiotischen Bedingungen. Vielmehr verdeutlicht die Arbeit erneut, dass Moleküle des Lebens nur mithilfe ausgefeilter Experimentierkunst hergestellt werden können.

Literatur

- BENNER SA (2013) Asphalt, Water, and the Prebiotic Synthesis of Ribose, Ribonucleotides and RNA. *Acc. Chem. Res.* 46, 2025–2034.
- BINDER H (2009) Neue Synthese für Nucleinsäure-Bausteine – ein plausibler Weg zu ersten Nucleinsäuren? *Stud. Integr. J.* 16, 111–113.
- DECK C, JAUER M & RICHERT C (2011) Efficient enzyme-free copying of all four nucleobases template by immobilized RNA. *Nature Chemistry* 3, 603–608.
- FERRIS JP & HUANG W (2006) One-Step, Regioselective Synthesis of up to 50-mers of RNA Oligomers by Montmorillonite Catalysis. *J. Am. Chem. Soc.* 128, 8914–8919.
- GILBERT W (1986) The RNA world, *Nature* 319, 618.
- LINDAHL T (1993) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362, 709–715.
- POWNER MW, GERLAND B & SUTHERLAND JD (2009) Synthesis of activated pyrimidine ribonucleotides in prebiotically plausible conditions. *Nature* 459, 239–242.
- SCHMIDTGALL B (2014) RNA-Welt: Krise überwunden? *Stud. Integr. J.* 21, 22–28.
- TEICHERT JS, KRUSE FM & TRAPP O (2019) Directed prebiotic pathway of DNA nucleosides. *Angew. Chem.* 131, 10049–10052; *Angew. Chem. Int. Ed.* 58, 9944–9947.

Streiflichter

■ Neue Gespenstschrecken auf Madagaskar: überraschend bunt

Geographisch wird Madagaskar nach Grönland, Neuguinea und Borneo als viertgrößte Insel der Welt geführt. Die mehr als 585 000 km² große Insel liegt östlich von Mosambik (Südostafrika) im indischen Ozean. Madagaskar zeichnet sich durch viele Besonderheiten in Fauna und Flora aus und viele Arten kommen nur dort vor, sind also endemisch. Auch gegenwärtig werden von dort regelmäßig neue Arten beschrieben. Ein Zoologenteam hat nun in einer umfangreichen Arbeit die vermutete stammesgeschichtliche Entwicklung der Gattung *Achrioptera* aus der Ordnung der Gespenstschrecken (Phasmatodea) anhand molekularer Daten überarbeitet und dabei auch zwei neue Arten aus Madagaskar beschrieben (GLAW et al. 2019). Nachfolgend soll ein Aspekt der Arbeit, nämlich die auffällige Färbigkeit einiger bereits bekannter und der beiden neu beschriebenen Gespenstschrecken, kurz referiert und eingeordnet werden. Die aufgrund ihres Körperbaus auch als Stabschrecken bezeichneten Tiere erinnern in ihrer Erscheinung an Ästchen und Zweige von Pflanzen, auf denen sie leben. Dabei sind sie

typischerweise unauffällig gefärbt und dadurch sehr gut getarnt. Dieses Phänomen wird als Mimese interpretiert, also als eine Anpassung bzw. nachahmende Tarnung, die die Überlebenschancen (und damit den möglichen Fortpflanzungserfolg) angesichts von Fressfeinden erhöht. Die Männchen vieler *Achrioptera*-Arten weisen bei einem typisch Stabschrecken-artigen Körperbau dagegen eine auffällige Färbung auf; die neu beschriebenen Arten sind faszinierend gefärbt: *Achrioptera manga* sp. nov. hat eine erstaunliche Körperlänge (Kopfspitze bis Hinterleibsende) von ca. 15,5 cm und ist blaugrün gefärbt mit orangefarbenen Seiten der Beinschienen; dort finden sich noch weiße Punkte. Auch die Kopfkapsel ist mit weißen Linien verziert. *Achrioptera maroloko* sp. nov. ist ebenfalls ca. 15,5 cm lang. Körper und Beine weisen dunkelgrüne, matt orange und weiße Bereiche auf, die Beinschienen sind ebenfalls dunkelgrün und orange. An der Kopfkapsel findet sich eine weiße Linienzeichnung. Als mögliche Ursachen für die auffällige Färbung bei *Achrioptera*-Männchen führen GLAW et al. folgende Punkte an:

Werbung um Weibchen zur Fortpflanzung: Nur die fortpflanzungsfähigen Männchen zeigen die genannte Färbung, die Larven

sind unauffällig gefärbt. Es gibt aber keine Hinweise im Verhalten der Weibchen, dass Färbung bei der Wahl der Paarungspartner eine Rolle spielt. Dabei sind die farblich auffälligen Männchen für Fressfeinde leichter zu entdecken und damit liegt ein starker Selektionsdruck gegen die auffällige Färbigkeit vor.

Die Färbung könnte für die vergleichsweise mobilen Männchen in ihrem Lebensraum eine tarnende Wirkung für potentielle Fressfeinde darstellen. Die Autoren halten das aber zumindest bei den blaugrünen Männchen von *A. manga* für eher unwahrscheinlich.

Es könnte sich auch um Warnfärbung (Aposematismus) handeln, die Ungenießbarkeit oder Giftigkeit signalisiert. Giftige Substanzen sind in *Achrioptera*-Arten bisher aber nicht beschrieben worden. Außerdem würde man in diesem Fall erwarten, dass auch die Weibchen über dieses Signal verfügen, was nicht der Fall ist.

Aufnahme toxischer Nahrung und entsprechende Warnfärbung ist z. B. von Fröschen bekannt. Im Lebensraum der Gattung *Achrioptera* kommen zwar toxische Pflanzen vor, es liegen aber keine Daten vor, die eine solche Erklärung stützen.

Die Autoren fordern auch aus diesem Grund weitere Untersuchungen, um Erklärungen für die auffällige Färbung bei *Achrioptera*-Männchen zu finden. Bisher gibt es jedenfalls keine plausiblen Erklärungen nach den gängigen evolutionären Denkmustern. Aus einer Schöpfungsperspektive ist die in der Natur häufig zu beobachtende faszinierende Vielfalt einfacher einzuordnen, denn von diesem Standpunkt aus müssen nicht alle Merkmale ausschließlich unter funktionalen Aspekten gesehen und verstanden werden.

[GLAW F, HAWLITSCHKE O, DUNZ A, GOLDBERG J & BRADLER S (2019) When giant stick insects play with colors: molecular phylogeny of the Achriopterini and description of two new splendid species (Phasmatodea: Achrioptera) from Madagascar. *Front. Ecol. Evol.*, doi: 10.3389/fevo.2019.00105] H. Binder



Abb. 1 Bunte männliche Riesenstabschrecke *Achrioptera manga*. (Bild: Frank GLAW, SNSB-ZSM, mit freundlicher Genehmigung)

■ Die Trichterfallen des Ameisenlöwen

Beutefang mithilfe von Fallen ist im Tierreich insgesamt nicht stark verbreitet. Beispielsweise gelangt kein einziges Säugetier auf diese Weise zu seiner Beute – ausgenommen der Mensch. Von den wenigen Tieren, die Fallen stellen, nutzen die meisten klebrige Seide, vor allem die Radnetzspinnen, aber auch einige Köcherfliegenlarven und Larven einiger weniger Arten der Langhornmücken-Gattung *Arachnocampa*. Nur von zwei Gruppen von Lebewesen ist ein Bau von Fallen bekannt, der ohne selbst produziertes Hilfsmaterial erfolgt. Gemeint sind die Ameisenlöwen (Larven der zu den Netzflüglern gehörenden Ameisenjungfer) und die Wurmlöwen (Larven der Zweiflügler-Familie der Vermileonidae). Diese Larven bauen in feinem Sand Trichter, in die Ameisen hineinrutschen, die dadurch erbeutet werden können.

Die rund 1,7 cm großen Ameisenlöwen sitzen nach der Fertigstellung des ca. drei cm tiefen und im Durchmesser acht cm breiten Trichters eingegraben am Grund des Trichters und warten, bis eine Ameise so nahe an den Trichtertrand gerät, dass sie abrutscht. Wenn das Beutetier nicht gleich direkt in die Zange des Ameisenlöwen gerät und die Flucht versucht, schießt der Räuber durch Bewegungen seines Kopfes in rascher Folge Sand nach oben. Dadurch kommt der Hang und mit ihm das Opfer ins Rutschen, so dass es nur selten entkommen kann. Die Beute wird durch Einspritzen von Gift getötet (die Kiefer dienen nur zum Fangen, nicht zum Fressen). Durch eine Kieferrinne lässt der Räuber Verdauungssaft in die Ameise einfließen. In deren fester Chitinhülle werden die Eingeweide aufgelöst und können nach wenigen Stunden vom Ameisenlöwen aufgenommen werden.

Für den Bau des Trichters benötigen die Larven kaum eine halbe Stunde. Dabei schieben sie sich, mit dem borstigen Hinterteil voran, in kreisenden Bewegungen durch den Sand. Sandkörner, Blättchen und Zweige werden mit dem Kopf

und den riesigen Mundwerkzeugen bis zu 30 Zentimeter weit weg geschleudert.

Nun hat eine Forschergruppe (FRANKS et al. 2019) die Art und Weise des Trichterbaus genauer untersucht und dabei ein erstaunliches strategisches Geschick der Insektenlarven entdeckt. Denn es stellte sich heraus, dass die Ameisenlöwen den Sand nicht zufällig aus dem Trichter schleudern, sondern gezielt die größeren Sandkörner entfernen. Das macht den Trichter besonders rutschig.

Nigel FRANKS und seine Mitarbeiter haben dieses bemerkenswerte Verhalten an 16 Ameisenlöwen der Art *Euroleon nostras* studiert, deren Trichterbau sie im Labor beobachtet haben. Sie stellten den Tieren eine Sandmischung aus Körnern in drei Größen und Färbungen zur Verfügung: feinen hellen Sand, mittelgroße schwarze Silikatkörner von ein bis zwei Millimetern Durchmesser und schließlich bläuliche, bis zu drei Millimeter große Körner. Dadurch konnten sie beobachten, dass der Sand nicht zufällig aus dem Trichter herausgeschleudert wurde, sondern gezielt die größeren Sandkörner dafür ausgesucht wurden. Als Folge davon waren die Trichterwände fast ausschließlich mit sehr feinem Sand bedeckt. Hier greift ein physikalischer Effekt: Kleinere Körner verlieren ihren Halt an Abhängen leichter als größere. Das Entfernen der größeren Sandkörner macht die Trichterfalle also besonders effektiv. Der Ameisenlöwe weiß darüber offenbar Bescheid.

Aber es kommt noch eine weitere Strategie hinzu, bei der ebenfalls ein physikalischer Effekt ausgenutzt wird. Die Ameisenlöwen wählen nämlich einen spiraligen Weg beim Trichterbau. Die Larve startet außen und gräbt sich in spiraligen Rillen zur Mitte des Trichters hin. Dabei rutscht vom Rand ihrer Grabspur immer wieder Sand in ihren Weg. Größere Körner rutschen dabei am weitesten und sammeln sich bevorzugt in der Mitte der Rille – genau dort, wo der Ameisenlöwe Sand aufnimmt und wegschleudert. Die Grabtechnik sorgt dafür, dass der Sand immer nur ein Stück weit bis

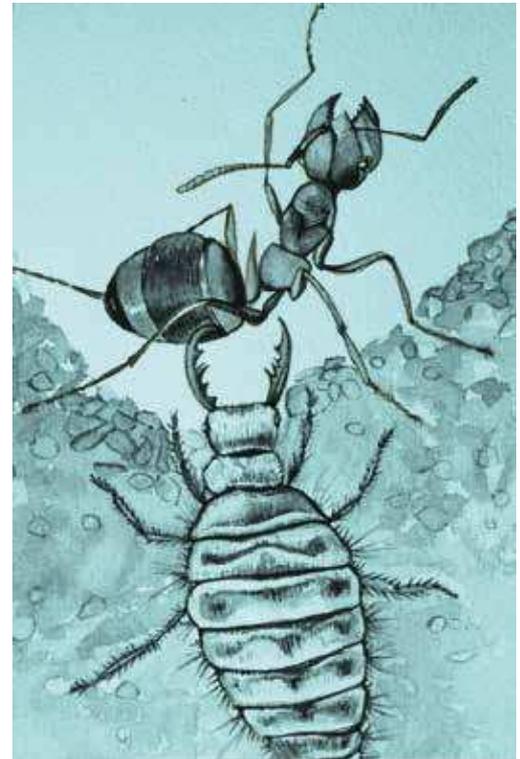


Abb. 1 Oben: Trichter eines Ameisenlöwen (Bild: Christian FISCHER, CC BY-SA 3.0), unten Ameisenlöwe mit Beute (Zeichnung: Marion BERNHARDT)

zur nächsten Grabrille nachrutscht, was besonders schnelles Graben ermöglicht. Diese Bautechnik ermöglicht somit eine Optimierung der Sortierarbeit in Bezug auf Effektivität und Zeitbedarf. Die Forscher modellierten auch das Graben von der Mitte aus und konnten zeigen, dass der Zeitbedarf in diesem Fall doppelt so groß ist.

Natürliche Selektion als Ursache? Die Autoren stellen fest, dass ihre Studie über den Trichterbau des Ameisenlöwen ein Beispiel für die Fähigkeit der natürlichen Selektion sei, auch bei Tieren mit kleinem Gehirn einen sogenannten „erweiterten Phänotyp“ zu produzieren (damit ist hier die Nutzung von Material der Umwelt gemeint) (FRANKS et al. 2019, 7). Wie könnte Selektion aber zur Entstehung dieser komplexen

Verhaltensweise überhaupt beigetragen haben? In der Originalarbeit wird nur darüber diskutiert, dass Selektion einen direkteren Einfluss auf selbstproduziertes Material (z.B. Spinnenseide) nehmen könne als auf Verhaltensweisen wie beim Ameisenlöwen, bei denen Fremdmaterial genutzt wird. Doch wie das Verhalten überhaupt zustande kommt, ist gar kein Thema. Dabei sind die Hürden auf dem Weg zu einem derart komplexen Verhalten für einen nicht zielorientierten Selektionsprozess immens hoch. Denn man muss bedenken, dass sowohl die dafür erforderlichen Mutationen als auch Selektion zukunftsblind sind und in keiner Weise irgendwelche Bedürfnisse berücksichtigen oder Ziele ansteuern können. Ein solch anspruchsvolles Verhalten ist nur im Wesentlichen ganz oder gar nicht sinnvoll (und selektierbar); wie eine schrittweise Entstehung durch natürliche Selektion erfolgen soll, ist völlig unklar.

Übrigens ähneln die Trichter der nicht näher mit den Ameisenlöwen verwandten Wurmlöwen den Gruben der Ameisenlöwen in mancher Hinsicht, werden aber auf unterschiedliche Weise gebaut, nämlich durch eine zentrale Grabung. Ameisenlöwen und Wurmlöwen sind somit eines von vielen bemerkenswerten Beispielen für eine Konvergenz (die allerdings nicht alle Aspekte betrifft). Eine zweimalige unabhängige nichtzielorientierte Entstehung von Trichterfallen verschärft das Selektionsproblem noch.

Grenzüberschreitung. Aus biblisch-schöpfungstheoretischer Perspektive ist festzustellen, dass es hochintelligent eingerichtete Mechanismen in der Anatomie und Physiologie von Organismen gibt, die der Tötung und Vernichtung von Leben dienen und deshalb Zeugnis für eine Pervertierung bzw. Entstellung einer einst sehr guten Schöpfung ablegen.

[FRANKS NR, WORLEY A, FALKENBERG M, SENDOVA-FRANKS AB & CHRISTENSEN K (2019) Digging the optimum pit: antlions, spirals and spontaneous stratification. Proc. R. Soc. B 286: 20190365] R. Junker

■ **Wird der „Urvogel“ *Archaeopteryx* als „ältester Vogel“ abgelöst?**

Erneut macht ein Urvogel-Fund aus den Solnhofener Plattenkalken (Altmühltal, Frankenalb) von sich reden. Nachdem erst Ende letzten Jahres *A. albersdoeferi* als neue *Archaeopteryx*-Art beschrieben worden war (KUNDRÁT et al. 2019), wird nun von einer neuen Gattung – *Alcmonavis* – berichtet (Abb. 1), deren fossile Reste in denselben Oberjura-Schichten geborgen wurden, denen auch eines der *Archaeopteryx*-Fossilien entstammt (RAUHUT et al. 2019). Benannt wurde *Alcmonavis* nach seinem Fundort: Alcmona ist der keltische Name der Altmühl. Der Artname *poeschli* ist vom Entdecker Roland PÖSCHLI abgeleitet.

Gefunden wurde allerdings nur der rechte Flügel, aber er ermöglicht einige interessante Beobachtungen. So sind zwar viele Merkmale ähnlich wie beim „Urvogel“, einige jedoch werden als „moderner“ eingestuft. Die Muskelansatzstellen am Flügel deuten nach Ansicht der Forscher darauf hin, dass *Alcmonavis* besser für den aktiven Flatterflug gerüstet war als *Archaeopteryx*. Der Ansatz des Brustmuskels, die Form der Speiche und ein robuster zweiter Finger gelten ebenfalls als „abgeleitete“ Merk-

male, die von modernen Vögeln bekannt sind. *Alcmonavis* teilt somit mit *Archaeopteryx* den Rang als geologisch ältester Urvogel. Bemerkenswert ist auch, dass *Alcmonavis* größer war als alle bekannten Exemplare des *Archaeopteryx*, nämlich gut 10% größer als der größte und mehr als doppelt so groß wie der kleinste fossil bekannte *Archaeopteryx* (RAUHUT et al. 2019, 18).

Welche Schlussfolgerungen ziehen die Forscher aus dem neuen Fund? „Die Anpassungen des Urvogels zeigen, dass die Evolution des Fluges relativ schnell vorangeschritten sein muss“, wird Co-Autor Christian FOTH auf wissenschaft.de zitiert (ALBAT 2019). Unter evolutionstheoretischen Vorgaben müsse der aktive Flug früher entstanden sein als bisher angenommen. Außerdem zeige sich, dass die Vielfalt der Vogelwelt im Oberjura größer war als bisher bekannt. Die Forscher werfen auch die Frage auf, ob der neue Fund Hinweise darauf gebe, wie der Vogelflug entstanden sein könnte – direkt oder über ein Gleitflugstadium. Der Fund schein eher für die direkte Variante zu sprechen, doch es seien zur Klärung weitere Funde erforderlich.

Kommentar. Eine schnelle Entstehung des Vogelflugs ist evolutionstheoretisch nicht zu erwarten. Denn die Erfordernisse für den Flug



Abb. 1 Übersichtsfoto des Holotypenexemplars von *Alcmonavis poeschli*. Abkürzungen: hu Oberarmknochen; mc Mittelhand, r Radius (Speiche); sl halbmondförmiges Carpale; ul Ulna (Elle); römische Ziffern stehen für die Finger und arabische Ziffern zeigen Phalangen der Finger an. Die Skala ist 5 cm lang. (Aus RAUHUT et al. 2019; CC BY 4.0)

sind immens (JUNKER 2016) und der Erwerb der Flugfähigkeit müsste auf der Basis bekannter Evolutionsmechanismen große Zeiträume beanspruchen und ließe viele Zwischenstufen in Bezug auf Flugapparat und Flugfähigkeit erwarten. Die meisten mutmaßlichen Zwischenformen stammen aber aus der geologisch jüngeren Kreide (ausführliche Diskussion zu diesen Formen bei JUNKER 2017). In der Schichtenfolge tauchen fossile Zeugnisse flugtüchtiger Formen mit dem neuen Fund noch abrupter auf. Einige älter datierte, zur Dinosauriergruppe der Troodontiden gestellte Gattungen aus dem Oberjura wie z. B. *Anchiornis* waren zwar offenbar voll gefiedert (vgl. SAIITA et al. 2017; vgl. JUNKER 2018), doch ihre Merkmalskombinationen erschweren eine Interpretation als Vorfahrenstadien und sprechen eher dafür, dass es sich aus evolutionstheoretischer Sicht um eine unabhängige Linie handelt. Der neue Fund vergrößert weiter die Vielfalt fossiler Formen, die schon bisher nur mit Annahme zahlreicher Konvergenzen in ein Baumschema gebracht werden kann und eher netzförmige Beziehungen aufweist. Zum Modus des Flugerwerbs kann der neue Fund nichts aussagen, denn mit ihm verkleinern sich die enormen Probleme aller Flugentstehungshypothesen (vgl. JUNKER 2017, 59ff.) in keiner Weise.

[ALBAT D (2019) Gesellschaft für den Archaeopteryx. <https://www.wissenschaft.de/erde-klima/gesellschaft-fuer-den-archaeopteryx/> • JUNKER R (2016) Vogelfedern und Vogelflug. 1. Was eine Evolutionstheorie erklären müsste. Stud. Integr. J. 23, 75-82. • JUNKER R (2017) Dino-Federvieh. Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug. http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-17-1_feder-und-flug.pdf • JUNKER R (2018) Neuartiger Federtyp bei mutmaßlichem Dinosaurier. https://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n257.php • KUNDRÁT M, NUDDS J, KEAR BP, LÜE J & AHLBERG P (2019) The first specimen of *Archaeopteryx* from the Upper Jurassic Mörnsheim Formation of Germany. Hist. Biol. 31, 3-63. • RAUHUT OWM, TISCHLINGER H & FOTH C (2019) A non-archaeopterygid avialan theropod from the Late Jurassic of southern Germany. eLife 2019;8:e43789. doi: 10.7554/eLife.43789 • SAIITA ET, GELERNTER R & VINTHER J (2017) Additional information on the primitive contour and wing feathering of paravian dinosaurs. Paleontology, DOI: 10.1111/pala.12342] R. Junker

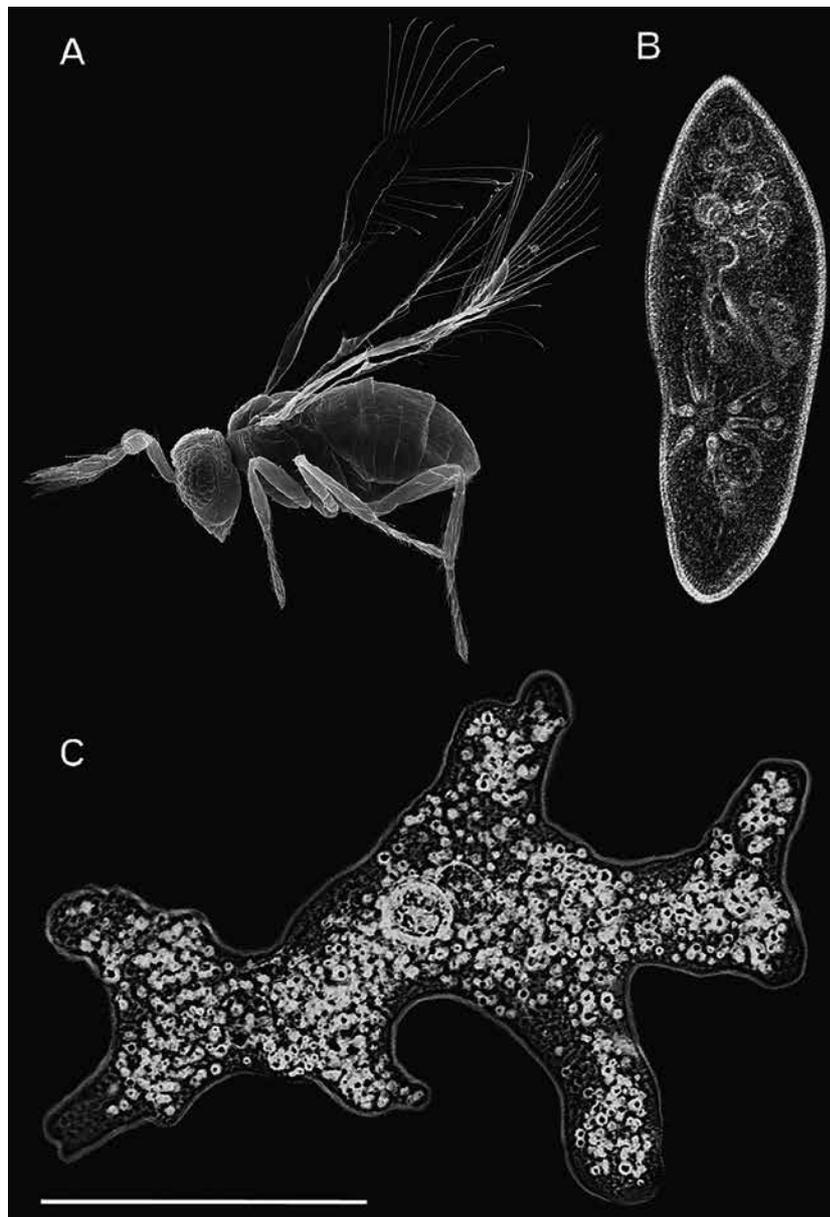


Abb. 1 Miniaturwespe im Größenvergleich mit einem Pantoffeltierchen und einer Amöbe. **A** *Megaphragma mymaripenne*. **B** *Paramecium caudatum*. **C** *Amoeba proteus*. Balken: 0,2 mm. (AUS PALAVALLI-NETTIMI & SANE 2018, mit freundlicher Genehmigung)

■ Zwergwespen – extreme Miniaturisierung im Insektenreich

Auf Englisch heißen sie „Fairyflies“, frei übersetzt Feen-Fliegen, denn winzig wie sie sind, sind sie praktisch unsichtbar, gerade so wie die märchenhaften Feen. Mit ihrer Kleinheit stoßen die Tiere an die Grenzen des physikalisch Möglichen.

Wer würde damit rechnen, dass es Insekten gibt, die ausgewachsen nicht größer sind als das vom Mikroskopieren bekannte einzellige Pantoffeltierchen? (Abb. 1) Und doch ist es so. Die kleinsten Exemplare der Insektenfamilie der Zwergwespen sind nur wenig

länger als der Durchmesser eines menschlichen Haares. Und doch handelt es sich dabei um komplette, allerdings aufs absolute Mindestmaß reduzierte Insekten mit Nervensystem, Verdauungstrakt, Reproduktions-, Atmungs- und Sinnesorganen (s. z. B. WALDBAUER 2008, NOYES & VALENTINE 1989). Sie besitzen zwar kleinere Organe und Zellen, aber die Miniaturisierung stößt dabei schon an physikalische Grenzen: Nervenzell-Fortsätze können nicht beliebig dünner werden, irgendwann spielt das Grundrauschen durch sporadische Ionenkanal-Aktivität eine limitierende Rolle für die Signalübertragung. Um Platz in den Nervenzellen freizuräumen, verlieren

deshalb Zwergwespen der Art *Megaphragma mymaripenne*, die nicht größer sind als eine einzellige Amöbe, den Großteil der Zellkerne ihrer Nervenzellen. Für die kurze Zeit ihres Lebens als ausgewachsenes Tier – das sind nur wenige Tage – müssen die Nervenzellen dann aus der Substanz betrieben werden. Auch die Komplexaugen der Insekten müssen eine Mindestgröße haben. Denn in dieser minimalen Größenordnung kommen die Linsenbrennweiten der Wellenlänge des sichtbaren Lichts schon bedenklich nahe. Es reicht aber gerade noch, dass die Wellennatur des Lichts den Augen nicht durch Beugung am Gitter einen Streich spielt. So kommen die Zwergwespen mit Komplexaugen aus etwa 20 Einzelaugen aus, man nimmt an, dass sie nicht besonders gut sehen.

Der Rekordhalter der Miniaturisierung, das Männchen der Art *Dicopomorpha echmepterygis*, ist mit 0,139 mm Länge allerdings blind und besitzt keine Flügel. *Tinkerbella nana* dagegen ist mit ihrer Länge von weniger als einem Viertel Millimeter eine komplette „Fee“, mit den typisch gefiederten Flügeln und den langen, bei Weibchen keulen-, bei Männchen fadenförmigen Antennen der Zwergwespen. Bei den „größeren“ Zwergwespen sind die Flügel durch lange „Wimpern“ verlängert, bei sehr kleinen Arten, wie *Tinkerbella* oder *Kikiki huna*, dem mit 0,16 mm Körperlänge bisher kleinsten bekannten flugfähigen Insekt, bestehen die Flügel praktisch nur noch aus diesem feinen Kamm, ganz ohne flächige Flügel. Denn hier hat die Physik der Miniaturisierung dann auch mal einen Vorteil: Für die fliegenden Zwerge wirkt Luft so viskos, dass der feine Kamm durch die Grenzflächen um jedes Haar herum wie ein flächiger Flügel wirkt und das Fliegen ermöglicht. Und da in dieser Zwergen-Physik der Unterschied zwischen Luft und Wasser auch nicht mehr so bedeutend ist, gibt es auch Zwergwespen, die unter Wasser leben, mit ihren Kammflügeln durchs Wasser „fliegen“ und es bis zu 15 Tage untergetaucht aushalten können. Verlassen können sie das Wasser allerdings nur, indem sie

sich an Halmen herausziehen, die die Wasseroberfläche durchstechen, denn einfach so könnten sie die Oberflächenspannung des Wassers nicht überwinden.

Wer so klein ist, muss sparen. Da Fortpflanzung ein eher energieintensives Geschäft ist, betreiben die Zwergwespen eine parasitische Art der Aufzucht ihrer Nachkommenschaft. Um keine Eier mit großem Energievorrat vorstrecken zu müssen, legen sie ihre Eier immer in Eier anderer Insekten ab. So bedienen sich die heranwachsenden „Feen“-Larven am nährstoffreichen Inhalt fremder Eier. Da es sich bei den Wirten (in unseren Augen) teils auch um „Pflanzenschädlinge“ handelt, können die fast unsichtbaren Insekten für die menschliche Landwirtschaft durchaus nützlich sein. Die Zwergwespen sind sehr effektiv darin, die Eier ihrer Wirte zu finden, hierzu bedienen sie sich vor allem ihres Geruchssinns. Weil sie auch auf diverse Wirte angesetzt werden können, wurden und werden die Insektenei-Aufspürer schon erfolgreich und auch kommerziell als biologische Schädlingsbekämpfer gegen unterschiedliche Bedrohungen eingesetzt. Dabei ist es erstaunlich, dass diese Lebewesen selbst mit miniaturisiertem Nervensystem doch so komplexe Verhaltensweisen wie Brutparasitismus an den Tag legen können und über einen ausgeprägten Geruchssinn verfügen, der ja eine riesige Vielfalt an Verbindungen durch spezifische Rezeptoren an den Antennen erkennen muss.

Zwergwespen, diese miniaturisierten Spezialisten, sind auch fossil gut überliefert, in Bernstein oder als Abdrücke in Sedimentgestein. Schon die ältesten Fossilien von Zwergwespen, die auf ein Alter von 100 Millionen radiometrische Jahre datiert werden, sehen den heutigen Arten erstaunlich ähnlich. Erstaunlich allerdings nur dann, wenn man erwartet, dass eine evolutive Höherentwicklung dieser Familie in dieser langen Zeitspanne stattgefunden haben müsste. Aber offensichtlich waren sie schon beim ersten fossilen Erscheinen die märchenhaften Zwerg-Spezialisten, die sie heute noch sind.

[RAVINDRA PALAVALLI-NETTIMI R & SANE SP (2018) Fairyflies, Quick guide, Curr. Biol. 28, R1331-R1332 • WALDBAUER G (2008) A walk around the pond: Insects in and over the water. Harvard University Press. pp. 25–26 • NOYES JS & VALENTINE EW (1989) Mymaridae (Insecta: Hymenoptera) – introduction, and review of genera. Fauna of New Zealand] H.-B. Braun

■ Parallele Anpassung bei Stichlingen

Der Dreistachelige Stichling (*Gasterosteus aculeatus*) gehört zu den meistuntersuchten Tieren in der Freilandforschung. Er kommt in Küstengewässern und im Süßwasser der Nordhemisphäre vor. Der ca. 10 cm lange Fisch tritt in verschiedenen Formen auf: Die im Meer lebenden Stichlinge besitzen seitliche Panzerplatten, z.T. mit stacheligen Auswüchsen, vermutlich ein Schutz vor Raubfischen. Die Süßwasser-Stichlinge dagegen besitzen entweder verkleinerte oder gar keine Seitenstacheln und Panzerplatten (Abb. 1), was mit dem geringen Angebot an Calcium für den Knochenaufbau oder mit dem Fehlen von nur im Meer lebenden Raubfischen zusammenhängen könnte.

Die Erforschung von Neubesiedlungen von Inseln im Gebiet der Südküste von Alaska durch diese Fischart brachte das Ergebnis, dass verschiedene Ausprägungen in der Ausrüstung mit Rückenstacheln und seitlichen Panzerplatten sich schnell ändern können und auf einer prä-existenten Vielfalt beruhen (LESCAK et al. 2015; vgl. JUNKER 2016).

Stichlinge kommen auch in zahlreichen Seen Schottlands vor und haben diese unabhängig nach der letzten Eiszeit besiedelt. Die Seen unterscheiden sich aufgrund eines markant verschiedenen geologischen Untergrunds durch ihren pH-Wert (mehr sauer oder mehr alkalisch). Die Seen im Westen sind alkalisch und meso- bis eutrophisch (mittlere bis gute Nährstoffversorgung), im Osten sind sie sauer und nährstoffarm und weisen relativ wenig gelöste Ionen auf; so ist die Calciumkonzentration etwa zehnmal geringer als in den alkalischen Seen. HAENEL et al. (2019) untersuchten je fünf Populationen aus den alka-

lischen und sauren Seen der Insel North Uist der Äußeren Hebriden und zwei marine Populationen. Entsprechend den Unterschieden im pH-Wert der Seen (alkalisch/sauer) unterscheiden sich die Fische in der Panzerung. Während die Fische in alkalischen Seen gegenüber den marinen Formen deutlich reduzierte Stacheln und Panzerung aufweisen, besitzen Fische aus sauren Seen fast gar keine Stacheln oder Seitenpanzer und sie sind auch viel kleiner. Die Fische in den jeweiligen Seetypen sind untereinander jedoch sehr ähnlich, obwohl diese Ähnlichkeiten ausgehend von einer marinen Population jeweils unabhängig erworben wurden.

Die Forscher hatten hier die seltene Möglichkeit eines Vergleichs der in den Seen vorkommenden Formen mit der im Meer lebenden Vorfahrenpopulation unter der plausiblen Annahme, dass sich deren Aussehen und genetische Ausstattung seit der Besiedlung der Seen bis heute nicht nennenswert geändert hat. Es stellte sich dabei heraus, dass die Fische aus alkalischen Seen eine deutliche genetische Ähnlichkeit zu ihren jeweiligen vermuteten marinen Vorfahren aufweisen, während bei Fischen in sauren Seen mehr Allele vorkommen, die in der marinen Population selten sind. Möglicherweise bleiben diese seltenen Allele in den Meerespopulationen erhalten, weil sie in geringer Anzahl selektionsneutral sind, so die Vermutung der Forscher.

Außerdem zeigte sich, dass in jedem Typ von Habitat dieselben genetischen Varianten vorliegen. Die Autoren schreiben: „Insgesamt hebt unsere Arbeit hervor, dass phänotypische Parallelität durch parallele Evolution auf genomischer Ebene gespiegelt werden kann.“ Die genetischen Unterschiede in den verschiedenen Habitaten könnten somit vorhergesagt werden.

Die Studie von HAENEL et al. (2019) zeigt, dass die Meerespopulation über eine bereits bestehende genetische Vielfalt verfügt, die es den Stichlingen ermöglichte, sich auf vorhersehbare Weise an unterschiedliche lokale Gegebenheiten anzupassen.

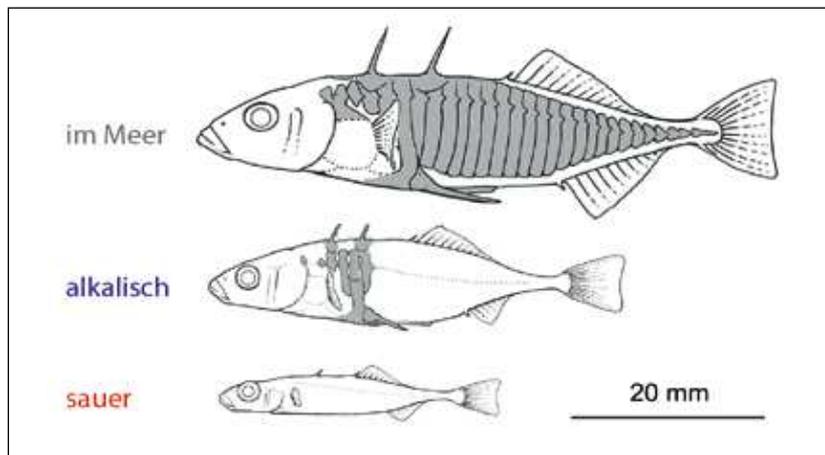


Abb. 1 Die drei im Text genannten Ausprägungen von Stichlingen. (Aus HAENEL et al. 2019; CC BY 4.0)

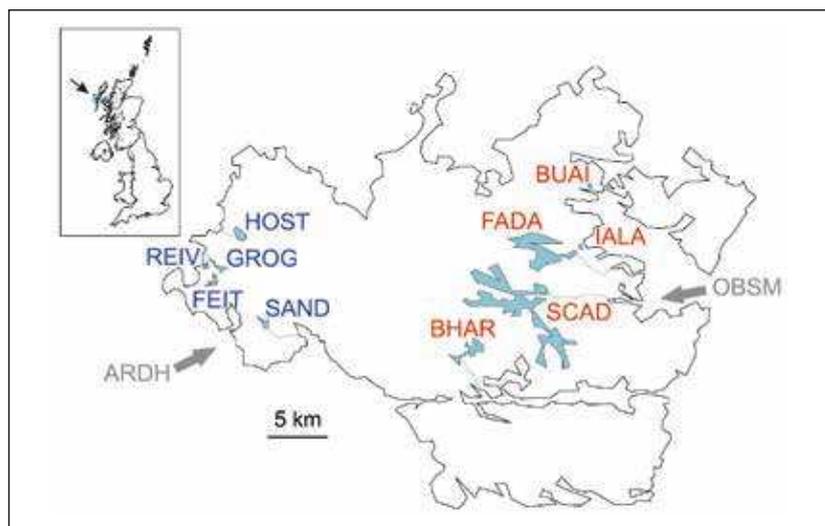


Abb. 2 Geographische Lage der alkalischen (blauen) und sauren (roten) Seen auf North Uist, einer Insel der Äußeren Hebriden, Schottland, mit ihren Verbindungen zum Meer, die als feine blaue Linien dargestellt sind (der Ausgang von FEIT ist ungewiss). Die grauen Pfeile zeigen die beiden Küstenlagunen an, in denen die im Meer lebenden Stichlinge entnommen wurden. Die Vier-Buchstaben-Abkürzungen stehen für verschiedene Lokalitäten. (Aus HAENEL et al. 2019; CC BY 4.0)

Das Beispiel der unterschiedlich spezialisierten Stichlinge veranschaulicht, dass Anpassung nicht durch das Auftreten glücklicher Mutationen und deren anschließend langwieriger Fixierung in der Population erfolgen muss, sondern dass vorliegende genetische Varianten Anpassungen in kurzer Zeit ermöglichen. Auf dieser Basis sind auch Vorhersagen von Veränderungen möglich und erfolgreich und auch parallele Anpassungen keine Überraschung. Die Stichlinge sind weiterhin ein Beispiel dafür, dass Arten mit der Fähigkeit ausgestattet sind, sich an verschiedene lokale Lebensräume anzupassen, indem präexistente genetische Programme genutzt und unterschiedliche Ausprägungen je nach Eignung für eine bestimmte ökologische Nische selektiert und im Genpool angereichert werden.

[HAENEL Q, ROESTI M, MOSER D, MACCOLL ADC & BERNER D (2019) Predictable genome-wide sorting of standing genetic variation during parallel adaptation to basic versus acidic environments in stickleback fish. *Evol. Lett.* 3, 28-42 • JUNKER R (2016) In 50 statt in 12000 Jahren: Wiederholte Anpassungen bei Stichlingen. *Stud. Integr J.* 23, 121-122 • LESCAK EA, BASSHAM SL, CATCHEN J, GELMOND O, SHERBICK ML, VON HIPPEL FA & CRESKO WA (2015) Evolution of stickleback in 50 years on earthquake-uplifted islands. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 112, E7204-E7212] R. Junker

■ Bisher unbekannter Luftwirbel trägt die Schirmchen der Pustelblume

Der Faszination der Schirmchenflieger des Löwenzahns kann man sich kaum entziehen. Die Pustelblume entzückt nicht nur Kinder. Was ganz selbstverständlich aussieht, war bis vor Kurzem tatsächlich noch ein Rätsel.

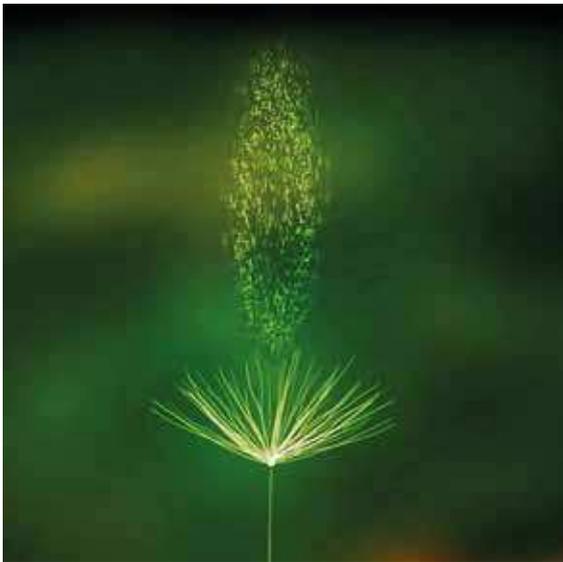


Abb. 1 Man würde es den Schirmchen nicht ansehen, aber bei Bewegung entsteht über ihnen ein Luftwirbel, der einen Unterdruck erzeugt. (Links nach dem in den Quellen angegebenen Video; Foto rechts: R. JUNKER)

Wie schaffen es die Schirmchen, so lange in der Luft zu verbleiben? Unter günstigen Bedingungen fliegen sie viele Kilometer weit. Und wenn man genau hinschaut, bemerkt man leicht, dass es gar keine „richtigen“ Schirme sind. Sie haben keine Membran wie ein Fallschirm, sondern nur feine Härchen (Pappus), die 90% der Fläche frei lassen. Eigentlich keine guten Voraussetzungen für effektiven Flug, könnte man meinen.

Aber die Schirmchen aus den Pappus-Härchen fliegen hervorragend. Eine Forschergruppe hat kürzlich herausgefunden, warum das so ist (CUMMINS et al. 2018). Dabei entdeckten sie nicht weniger als eine bisher unbekannte Art eines aerodynamischen Verhaltens von Fluiden (Gase oder Flüssigkeiten). Sie ermit-

telten die Richtungen des Luftflusses um die Löwenzahn-Schirmchen und entdeckten eine außergewöhnliche Art von Wirbel. Dieser Wirbel ist ein blasenförmiger Luftring aus einem umlaufenden Fluid, der durch die Strömung, die durch den Pappus fließt, von diesem losgelöst wird (Abb. 1). Die Luft bewegt sich dabei kontinuierlich in der Mitte nach unten und am Rand nach oben. Dadurch entsteht ein Unterdruck-Effekt, der das Schirmchen nach oben zieht und es gleichzeitig in der Luft stabil hält.

Offenbar sind die kreisförmige, scheibenartige Geometrie und die Durchlässigkeit des Pappus die wichtigsten Konstruktionsmerkmale, die die Bildung des getrennten Wirbelrings ermöglichen. Die

Wissenschaftler konnten das durch Tests mit künstlichen Nachbildungen bestätigen: Eine Scheibe mit ähnlicher Durchlässigkeit weist ein ähnliches Strömungsverhalten wie der Pappus auf. Die Durchlässigkeit des Löwenzahnpappus scheint präzise abgestimmt zu sein, um den Wirbel zu stabilisieren, während die aerodynamische Belastbarkeit maximiert und der Materialbedarf minimiert wird. Dieses aerodynamische System ist möglicherweise weit verbreitet, denn auch die Samen einiger anderer Pflanzen sind behaart oder mit Schirmchen ausgestattet (z.B. bei Weiden, Weidenröschen, Nelkenwurz oder Baldrian, vgl. Abb. 2). Auch manche Insektenflügel sind mit filigranen Härchenstrukturen ausgestattet und einige Wasserlebewesen nutzen vielleicht ebenfalls diesen Effekt, da er vermutlich auch im Wasser zum Tragen kommt, so die Wissenschaftler.

Die Autoren sehen Chancen, diese neu entdeckte Klasse von Flüssigkeitsverhalten technisch nutzbar zu machen. Der Flugmechanismus mit erheblicher Gewichtsreduktion ist nach ihrer Einschätzung deutlich effizienter als das, was mit konventionellen Fallschirmdesigns möglich ist.

Einmal mehr zeigt sich, dass die Schöpfung mit ausgeklügelten Konstruktionen und Mechanismen ausgestattet ist, die offenbar an das Maximum des physikalisch Möglichen heranreichen. Es scheint, als



Abb. 2 Schirmchen der Früchte des Berg-Baldrians. (Foto: R. JUNKER)

könne man die Schirmchen der Pustelblume nicht besser machen. [CUMMINS C, SEALE M et al. (2018) A separated vortex ring underlies the flight of the dandelion. *Nature* 562, 414–417; Video: <https://www.wissenschaft.de/astronomie-physik/aerodynamisches-geheimnis-gelueftet/>] R. Junker

■ Wiege der Samenpflanzen geologisch nicht überliefert?

Wie gut bildet der Fossilbericht die Geschichte der Lebewesen ab? Sind nennenswerte Lebensräume vergangener Fauna und Flora einer Konservierung als Fossilien entgangen? Waren möglicherweise zahlreiche Gruppen von Lebewesen viel weiter verbreitet, als die bekannte Fossilüberlieferung vermuten lässt? STEPHAN (2002) hat eine Reihe von Beispielen zusammengestellt, bei denen das angenommen werden muss. Hier soll kurz über ein weiteres aktuelles Beispiel dieser Art berichtet werden.

Eine Forschergruppe der Universität Münster hat in der Umm-*Irna*-Formation am jordanischen Ostufer des Toten Meeres eine große Menge verschiedenster Pflanzenfossilien des oberen Perm entdeckt (BLOMENKEMPER et al. 2018). Die sehr gute Erhaltung ermöglichte eine recht genaue Bestimmung. Fast perfekt konservierte Blätter und Stiele, Fortpflanzungsorgane und sogar die Kutikula samt Spaltöffnungen waren in dem feinen Sedimentgestein erhalten. Neben Fossilien von Gruppen, die schon bisher aus vergleichbar alten Sedimenten bekannt waren, konnten die Forscher mehrere Vertreter von drei Pflanzengruppen nachweisen, von denen man bisher angenommen hatte, dass sie erst ab der Unter- oder Mitteltrias fossil überliefert seien: Nadelbäume der Steineibengewächse (*Podocarpaceae*), die auch heute vorkommen, ausgestorbene Samenfarne der Ordnung *Corystospermales* und Vertreter der ebenfalls ausgestorbenen *Bennettitales*. Ungewöhnlich ist auch, dass Vertreter bislang unterschiedlicher geografischer Regionen in den Sedimenten der Umm-*Irna*-Formation vergesellschaftet sind.

Alle drei genannten Gruppen sind damit im System der Historischen Geologie deutlich älter als zuvor vermutet. Die Sedimentgesteine, die die Pflanzenfossilien bergen, waren nach Auskunft der Forscher zu Lebzeiten der Pflanzen in einem küstennahen Flachland in Äquatornähe abgelagert worden, wo die Chancen der fossilen Erhaltung gering seien. Die Forscher vermuten, dass die Tropen als „evolutionäre Wiege“ für viele Pflanzengruppen gelten können, doch diese Wiege hinterlasse kaum Spuren. Möglicherweise sind also die gefundenen Fossilien nur die Spitze eines Eisbergs.

Nach dem derzeitigen Kenntnisstand muss im evolutionstheoretischen Langzeitrahmen eine erhebliche zeitliche Lücke vom oberen Perm teils bis Mitteltrias zwischen dem ersten nachweisbaren Auftreten der drei genannten Gruppen und den Beginn ihrer reichhaltigen Entfaltung bzw. Ausbreitung angenommen werden. Eine solche Verzögerung ist auch bei anderen Gruppen bekannt und evolutionstheoretisch schwer verständlich, würde dagegen in einem sehr viel kürzeren Zeitrahmen passen, da erstmaliger Nachweis und Entfaltung bzw. Ausbreitung einer Gruppe nahe zusammenrücken würden.

Die neuen Funde verlängern die Liste der Formen, die an der Perm-Trias-Grenze nicht verschwanden, an der das größte Massenaussterben des Tierreichs stattgefunden haben soll. Warum diese globale Krise das Tierreich schwer und das Pflanzenreich viel weniger getroffen hat, erscheint rätselhaft – ein Beispiel dafür, dass vieles in der Geschichte des Lebens unverstanden ist und vielleicht wichtige Schlüssel zum Verständnis fehlen.

[BLOMENKEMPER P, KERP H, HAMAD AA, DI-MICHELE WA & BOMFLEUR B (2018) A hidden cradle of plant evolution in Permian tropical lowlands. *Science* 362, 1414–1416 • STEPHAN M (2002) Der Mensch und die geologische Zeittafel. Holzgerlingen] R. Junker

■ Weiterer Zuwachs für die „kambrische Explosion“

Die sogenannte „kambrische Explosion“ gilt als markanteste Dis-



Abb. 1 Fossiler Wedel eines Samenfarne. (© Palaeobotanical Research Group Münster / BLOMENKEMPER et al.)

kontinuität im Fossilbericht; d.h. es gibt einen auffälligen Unterschied in der Fossilüberlieferung in den Sedimentgesteinen vor und nach der Präkambrium/Kambrium-Grenze. Ein großer Teil der Tierstämme ist im Kambrium, viele bereits im Unterkambrium, fossil vertreten, während vorkambrische Fossilien kaum Formen enthalten, die als deren Vorläufer interpretierbar sind.

Die bereits enorme Anzahl verschiedenartiger kambrischer Formen wurde nun durch die Entdeckung einer neuen Fossilagerstätte nochmals vergrößert. Als Fossilagerstätte bezeichnet man eine fossilreiche Einheit von Sedimentgesteinen mit einer großen Vielfalt und/oder besonderer Erhaltungsqualität der erhaltenen Formen. FU et al. (2019) berichten über die Neuentdeckung einer solchen Fossilagerstätte, die Qingjiang-Lagerstätte (Qingjiang biota) im Changyang-Gebiet von Südchina. Die sehr gute Erhaltung der Fossilien erinnert an die Fossilagerstätte des geologisch jüngeren berühmten Burgess-Schiefers in Kanada (Mittelkambrium), der von Stephen J. GOULD in seinem vielbeachteten Buch „Wonderful Life“ ausführlich beschrieben wird (daher die Formulierung „Burgess Shale-type fossil Lagerstätte“ im Titel der Arbeit von FU et al.). GOULD (1989) beschreibt darin die Burgess-Fauna als „irre Wundertiere“ mit einem „Maximum an anatomisch leistungsfähigen Möglichkeiten“. Die neue Lagerstätte wurde auf 518 Millionen radiometrische Jahre datiert und wird damit zur dritten von zehn kambrischen Stufen gerechnet; ihr geologisches Alter ist damit fast gleich der schon länger bekannten chinesischen Chengjiang-Lagerstätte. Die Ein-



Abb. 1 Künstlerische Darstellung des Qingjiang-Biotops mit charakteristischen kambrischen Taxa, die in der Fossilagerstätte gefunden wurden. (Illustration: Z. H. Yao und D. J. Fu; aus Fu et al. 2019, mit freundlicher Genehmigung)

bettung der Fossilien muss schnell und ohne nachfolgende Störungen erfolgt sein (Fu et al. 2019, 1339f.).

Die neu entdeckte Qingjiang-Lagerstätte ist insofern von besonderem Interesse, als sich die fossil überlieferten Formen durch eine große taxonomische Vielfalt und einen unerwartet hohen Anteil bisher nicht bekannter Taxa auszeichnet. 53% der entdeckten Arten waren bisher nicht bekannt. 101 Taxa, davon 86 mit Weichteilen, aus 18 Bauplänen quer durch alle Linien, und acht Algenarten wurden bisher unter den 4351 Fundstücken identifiziert (Fu et al. 2019, 1338). Einen größeren Anteil bilden Nesseltiere (Cnidaria, dazu gehören z.B. Quallen). Die Rippenquallen von Qingjiang sind wie die heutigen Formen mit Tentakeln ausgestattet, was bedeutet, dass ihr Bauplan seither unverändert ist. Die Hypothese, dass Rippenquallen von einem Polyp-artigen Vorfahren abstammen könnte (ZHAO et al. 2019), ist damit in Frage gestellt.

Höchst unerwartet ist nach dem Kommentator DALEY (2019) auch die Anwesenheit verschiedener Ha-

kenrüssler (Kinorhyncha). Die heutigen Formen dieser sich häutenden Wirbellosen sind weniger als 1 mm lang, leben in Meeressedimenten und waren fossil bisher kaum bekannt. In Qingjiang wurden nun mindestens drei neue Taxa mit Längen von bis zu 4 cm gefunden, die eher auf dem Meeresboden als darin gelebt zu haben scheinen.

Die Autoren vermuten unterschiedliche paläoökologische Bedingungen als Grund für die deutlichen Unterschiede in der Zusammensetzung der Faunen der Qingjiang- und der Chengjiang-Lagerstätte. Der besonders hohe Anteil an neuen Taxa deutet darauf hin, dass das bisherige Verständnis der Vielfalt und Verschiedenartigkeit der Ökosysteme unmittelbar nach der kambrischen Explosion noch lange nicht vollständig sei (Fu et al. 2019, 1340)

Kommentar: Die Faunen von Qingjiang und Chengjiang sind so unterschiedlich, dass man versucht sein könnte, evolutionäre Abstammung von einer zur anderen zu verfolgen, aber ihre Lage im gleichen stratigraphischen Niveau schließt

diese Möglichkeit aus. Die Autoren vermuten wie erwähnt stattdessen unterschiedliche ökologische Bedingungen. Die neuen Funde tragen dazu bei, dass die Vielfalt verschiedenster Formen, die in den untersten Stufen des Kambriums fossil überliefert sind, weiter vergrößert wird. Die „kambrische Explosion“ erweist sich somit als noch gewaltiger. [DALEY AV (2019) A treasure trove of Cambrian fossils. *Science* 363,1284–1285 • FU D, TONG G et al. (2019) The Qingjiang biota – A Burgess Shale-type fossil Lagerstätte from the early Cambrian of South China. *Science* 363,1338–1342 • GOULD SJ (1989) *Wonderful life. The Burgess Shale and the Nature of History.* New York. (Deutsch: *Zufall Mensch.* München, 1991) • ZHAO Y, VINTEHER J et al. (2019) Cambrian sessile, suspension feeding stem-group ctenophores and evolution of the comb jelly body plan. *Curr. Biol.* 29, 1112–1125] R. Junker

■ Überraschende Konservierung der Babynahrung bei Bienenwölfen

Bienenwölfe (*Philanthus triangulum*; Abb. 1) sind solitär lebende Grabwespen. Die Weibchen graben in

sandigen Böden eine bis zu einem Meter lange Röhre, die in einer oder mehreren runden Kammern endet. In diese Kammern legt die Bienenwölfin jeweils ein Ei. Bienenwölfe ernähren sich von Blütennektar und -pollen. Zur Versorgung der aus den Eiern schlüpfenden Larven erbeutet die Bienenwölfin jedoch Honigbienen (*Apis mellifera*). Diese überfällt sie bei deren Blütenbesuch, lähmt sie mit einem Stich und transportiert die Biene im Flug zum Eingang ihrer Brutröhre. Durch den Höhleneingang zerrt sie ihre Beute in eine der Brutkammern und legt in unmittelbarer Nähe dazu ein Ei ab. Die paralytisierte Biene – es können bis zu sechs sein – dient der geschlüpften Bienenwölflarve als Nahrung.

Für die Metamorphose spinnt sich die Larve einen Seidenkokon, der in der Brutkammer so aufgehängt ist, dass er keine Wandberührung aufweist. Dies schützt die Puppe vor Feuchtigkeit, und die Gefahr von Pilzbefall ist dadurch reduziert.

Die Bienenwölfin versorgt ihre Nachkommen zwar mit ausreichend Nahrung, aber eine Pflege übernimmt sie nicht, die Larven bleiben in den Brutkammern sich selbst überlassen. Wie stellt die Bienenwölfin sicher, dass die Biene als Lebendfutter nicht z.B. durch Pilzbefall verdirbt und ihre eigene Nachkommenschaft zugrunde geht?

Bereits 2007 hatten HETZER & STROHM berichtet, dass Bienenwölfinnen die erbeuteten Bienen mit einem Drüsensekret einschmieren, das vor allem aus langkettigen ungesättigten Kohlenwasserstoffen besteht. Auf der Oberfläche der einbalsamierten Bienen sammelt sich dadurch deutlich weniger Kondenswasser an. Die durch die Wachsschicht ermöglichte Reduktion der Wasseransammlung auf der Oberfläche verringert auch die Gefahr der Bildung von Schimmel. In weiteren Untersuchungen konnten KROISS et al. (2010) zeigen, dass Bienenwölfinnen in ihren keulenartig ausgebildeten Fühlern Streptomyceten (Antibiotika produzierende Mikroorganismen) züchten. Diese produzieren einen Cocktail aus verschiedenen Anti-



Abb. 1 Bienenwolf (*Philanthus triangulum*). (Alvesgaspar, CC BY-SA 3.0)

biotika (neun Antibiotika wurden in der Arbeit strukturell beschrieben). Die Bienenwölfin beschmiert die Wände der Brutkammer mit den Streptomyceten und trägt damit auch durch die Antibiotika zur Erhaltung der Bienenwölflarve bei. In einer jüngst erschienenen Arbeit zeigt dasselbe Autorenteam, dass die Eier selbst ebenfalls einen Beitrag dazu leisten, dass sich Schimmelpilze in der Brutkammer nicht zu leicht ausbreiten können (STROHM et al. 2019). Die von der Bienenwölfin abgelegten Eier geben erhebliche Mengen von Stickstoffmonoxid (NO) ab. NO wirkt toxisch; es ist ein sehr reaktives Radikal, und 14–16 Stunden nach der Eiablage ist die NO-Emission aus dem Ei am höchsten. Die Autoren geben eine Spitzenkonzentration von ca. 1500 ppm in der Brutkammer an; bei Mäusen kann schon eine Dosis von 320 ppm tödlich sein.

Neben den toxischen Eigenschaften ist NO für Organismen von physiologischer Bedeutung

(z. B. unspezifische Immunabwehr, Erweiterung der Blutgefäße) und wird auch für die Signalweiterleitung genutzt. Daher ist in Lebewesen die genetische Information zur Biosynthese von NO vorhanden. Im Fall des Bienenwolfes ist die Produktionsrate jedoch außerordentlich hoch.

Wenn die Larve nach drei Tagen aus dem Ei schlüpft, ist die Konzentration an NO bereits wieder deutlich abgesunken (Oxidation zu NO₂ und Diffusion). Die Autoren weisen nach, dass es einen deutlichen Unterschied im Schimmelbefall der Bienen gibt: In Gegenwart von NO-emittierenden Eiern oder in Gegenwart von extern zugeführtem NO ist Schimmelbildung sehr selten; ohne Eier bzw. NO zeigen die Bienen typischerweise nach wenigen Stunden Schimmelbefall. Untersuchung der Gene und der mRNA, die im Zusammenhang mit der NO-Biosynthese in Bienenwölfen eine Rolle spielen, ergaben zunächst keine Auffälligkeiten. NO-Synthetase scheint aufgrund histochemischer Analysen

ausschließlich in embryonalem Gewebe aktiv zu sein und nicht in anderen Bereichen des Eis. Die Expression des NO-Synthetasegens korreliert mit dem zeitlichen Verlauf der NO-Emission. Wie bisher auch bei anderen Wirbellosen wurde nur ein NO-Synthetasegen gefunden; die abgeleitete Aminosäuresequenz ist derjenigen von Bienen und anderen Insekten sehr ähnlich. Ein Vergleich der mRNA von NO-Synthetase von erwachsenen Bienenwölfen und den Eiern zeigt jedoch, dass derjenigen der Eier ein Teil fehlt; dieser Teil wird im Ei bei der Bildung der mRNA herausgeschnitten. Dadurch scheint die Regulation der Aktivität der NO-Synthetase nachhaltig verändert zu sein. Über die Entstehung dieser veränderten Regulation der NO-Produktion des Bienenwolfes stellen die Autoren zwar spekulative Überlegungen an, aber dazu kann beim derzeitigen Stand der Erkenntnisse, außer den gängigen evolutionären Versatzstücken, nichts Substanzielles gesagt werden. Dabei ist es ein risikoreicher Schritt, Babynahrung mit NO zu konservieren, das sich gleichzeitig auch toxisch für den Embryo auswirken könnte. Wie kommt es, dass das Ei die bereitgestellte Babynahrung konserviert, die von der Larve erst nach dem Schlüpfen gebraucht wird? Wie kommt es, dass

dieselbe Gensequenz in erwachsenen Bienenwölfen anders als im embryonalen Gewebe im Ei durch das genannte Herausschneiden präpariert wird?

Bei Bienenwölfen liegen erstaunlich komplexe Prozesse zur Konservierung von Babynahrung vor, die Anlass geben zu vielen weiteren Fragen!

[HETZER G & STROHM E (2007) Fighting fungi with physics: food wrapping by a solitary wasp prevents water condensation. *Curr. Biol.* 17, R46 • KROISS J, KALTENPOTH M, SCHNEIDER B, SCHWINGER M-G, HERTWECK C, MADDULA RK, STROHM & SVATOS A (2010) Symbiotic streptomycetes provide antibiotic combination prophylaxis for wasp offspring. *Nature Chem. Biol.* 6, 261-263 • STROHM E, HERZNER G, RUTHER J, KALTENPOTH M & ENGL T (2019) Nitric oxide radicals are emitted by wasp eggs to kill mold fungi. *eLIFE*, 8:e43718; doi:10.7554/eLife.43718] H. Binder

■ Ein Fischschwarm im Eozän?

Die geregelte Ansammlung einer größeren Gruppe gleichartiger, kleiner Fische lässt auf eine Konservierung eines koordinierten Fischschwarms schließen. Das ist das Ergebnis der Studie von MIZUMOTO et al. (2019) an einer Kalksteinplatte mit 259 Exemplaren des ausgestorbenen Fisches *Erismatopterus levatus* (Abb. 1).

Die Platte ist Eigentum eines japanischen Museums und stammt

sehr wahrscheinlich aus der eozänen Green-River-Formation (Wyoming oder Utah, USA); nur aus dieser Formation ist *E. levatus* (Ordnung der Percopsiformes, Barschlachsartige) bisher bekannt. (Das Eozän ist eine Einheit der internationalen chronostratigraphischen Tabelle: die 2. Serie/Epoche des Paläogen bzw. des Tertiär.) Die Ansammlung der jungen Exemplare (Körperlängen zwischen 11 und 24 mm) beeindruckt durch den Einklang ihrer Bewegungsrichtung und ihrer Anordnung zueinander (s. auch Abb. 2).

Zur Prüfung ihrer Annahme, dass hier ein „kollektives Verhalten“ (Schwarmverhalten) konserviert wurde, unternahm MIZUMOTO et al. (2019) zahlreiche Vermessungen und Simulationen. Eine Simulation galt der Abschätzung der Position der Fische einen Moment nach dem Schnapsschuss der Konservierung auf Grundlage ihrer Bewegungsrichtung. Aus diesen Ergebnissen leiteten sie mögliche Verhaltensregeln ab (nach publizierten Zonen-Modellen für Fischschwärme): 1. Abstoßung (repulsion) von nahen Individuen und 2. Anziehung (attraction) von weiter entfernten Nachbar-Individuen. Des Weiteren zeige die fossile Fischansammlung Strukturen auf Gruppenebene in Form eines länglichen Gebildes mit einer Längsausrichtung zur Bewegungsrichtung

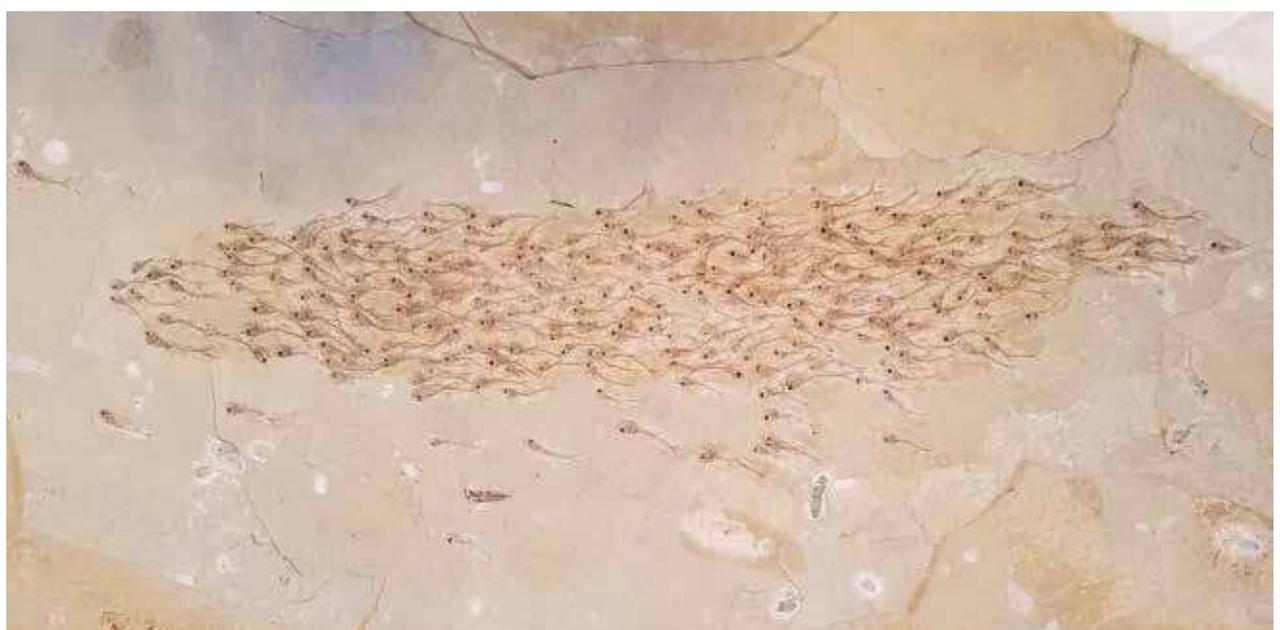


Abb. 1 Kalksteinplatte mit 259 Exemplaren des ausgestorbenen Fisches *Erismatopterus levatus*. Die Platte stammt sehr wahrscheinlich von der eozänen Green-River-Formation (Wyoming, USA). Breite etwa 22 cm. Foto/Credit: Shinya MIZUMOTO, Josai University (freundl. Zurverfügungstellung von Nobuaki MIZUMOTO).

und hoher Polarisation (gleichsinnige Orientierung) auf.

Allerdings ist fraglich, ob sich Verhaltenseigenschaften eines dreidimensionalen Fischschwarms in einer zweidimensionalen Projektion – wie es die Platte ist – haben erhalten können. Dies ist unter der Voraussetzung, dass sich der Fischschwarm quasi in zweidimensionaler Anordnung (also flach) unmittelbar über dem Grund hinwegbewegte, eher vorstellbar. Dazu bedarf es aber zusätzlich einer plötzlichen und schnellen Einbettung.

So ist die Interpretation der Fischansammlung als Fischschwarm eng mit den möglichen Umständen

des Todes und der Konservierung verknüpft. MIZUMOTO et al. (2019) führen für eine rasche Fixierung – für das „Einfrieren des Verhaltens“ – beispielhaft den Kollaps einer Flachwasser-Sanddüne an, die eine Überdeckungsschicht in Sekunden oder Minuten hätte produzieren können. Allerdings sind die unter- und überlagernden Schichten zur Platte nicht bekannt.

Fazit: Die Fischansammlung repräsentiert sehr wahrscheinlich einen koordinierten Fischschwarm. Wenn dem so ist, wären Verhaltensweisen – wie sie heute bekannt sind – auch in der Eozän-Periode vorgekommen. Warum auch nicht?



Abb. 2 „Stirnseite“ eines Fischschwarms? Ausschnitt der Abb. 1., linke Seite. Foto/Credit: Shinya MIYATA, Josai University (freundl. Zurverfügungstellung von Nobuaki MIZUMOTO).

[MIZUMOTO N, MIYATA S & PRATT SC (2019) Inferring collective behaviour from a fossilized fish shoal. Proc. R. Soc. B 286, 20190891. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2019.0891>] M. Kotulla

Rezension



Jonathan B. Losos: Glücksfall Mensch. Ist Evolution vorhersehbar? München: Carl Hanser, 2018. (Titel der Originalausgabe: Improbable Destinies: Fate, Chance, and the Future of Evolution)

Verläuft Evolution langfristig in vorhersehbaren Bahnen und *mussten* letztlich die Baupläne entstehen, die heute in der Tier- und Pflanzenwelt existieren, oder spielen zufällige Effekte eine so große Rolle, dass auch etwas ganz anderes hätte entstehen können? Kurz: Eher Notwendigkeit oder eher Zufall? Zwei bedeutende Forscher stehen für diese beiden Positionen: Stephen J. Gould für die „Zufall“-Seite, Simon Conway Morris für die „Notwendigkeit“. Gould argumentierte in seinem vielzitierten Buch „Zufall Mensch“, dass in der Evolution der Lebewesen so viel Unvorhersehbares (Kontingentes) geschehe, dass sie ganz anders verlaufen würde, wenn man das Band des Lebens nochmals auf dem Einzellerstadium neu starten könnte (GOULD 1991; vgl. STEPHAN 1994). Dagegen wies Conway Morris darauf hin, dass es ein derart großes Ausmaß an Konvergenzen gebe, also unabhängig erreichte ähnliche „Lösungen“ für ähnliche Erfordernisse, dass angenommen werden müsse, dass diese Lösungen *notwendigerweise* erreicht wurden (vgl. BRAUN 2012).

Die Auffassungen dieser beiden Antipoden bilden den Hintergrund des Buches „Glücksfall Mensch“ von Jonathan Losos. Der Autor wurde vor allem durch seine langjährigen Arbeiten an der karibischen Eidechsenart *Anolis* bekannt, und selbstverständlich nehmen

diese einen prominenten Platz in seinem Buch ein. Losos erzählt lebendig von diesen Eidechsen und über einige weitere spannende Langzeitstudien in Freiland Situationen und im Labor – immer mit der Fragestellung, was sie zur Frage nach Zufall und Notwendigkeit (bzw. Wiederholbarkeit) in der Evolution austragen.

Losos' Antwort zur aufgeworfenen Grundfrage ist ein klares „Sowohl – als auch“. Sowohl in den Vorgängen im Freiland als auch in den Ergebnissen, die unter kontrollierten und eher unnatürlichen Laborbedingungen erzielt wurden, findet er Hinweise auf Vorhersagbarkeit und auch auf Nicht-Vorhersehbares in den beobachteten Veränderungen der betreffenden Arten.

Überblick über das Buch

Nachdem Losos im einleitenden Kapitel die beiden gegensätzlichen Positionen „Zufall“ und „Notwendigkeit“ umrissen hat, schildert er in Kapitel 1 eine Reihe eindrucksvoller Konvergenzen. Deren Liste wird immer länger und eindrucksvoller. „In den letzten Jahren erkannten Wissenschaftler Konvergenz in fast jeder erdenklichen Art von Merkmal“, stellt Losos fest (58). Einige besonders bemerkenswerte Beispiele sind die mehrfach unabhängige Entstehung von chemisch identischem Koffein oder das Anlegen von unterirdischen Pilzgärten bei Termiten, Ameisen und einigen Käfern. Losos gelangt zur Aussage: „Es ist fast egal, welches Merkmal man herausgreift, es hat sich mehrfach konvergent entwickelt“ (62).

Besonders auf Inseln fanden sich wiederholte „natürliche“ Experimente der Evolution“ (89), seien es die von Losos selbst untersuchten *Anolis*-Eidechsen („Nur sehr wenige Spezies von einer Insel haben keine Doppelgänger auf mindestens einer anderen Insel“, S. 85), *Mandarinaschnecken* (85f.), *Mausohrfledermäuse* (86f.), *Frösche*

Madagaskars (87f.) oder Pflanzenarten, die auf Inseln baumförmig werden (93). Eine Wiederholung zahlreicher Merkmalsausprägungen ist auch bei domestizierten Tieren bekannt (94).

Es gibt andererseits aber auch eine Reihe von einmaligen Merkmalen, sei es bei Inselarten oder Arten des Festlands (Kapitel 3). Losos bringt auch dafür eine Reihe von Beispielen, und es ist nicht klar, weshalb bei vielen Merkmalen keine Konvergenzen bekannt sind.

In Teil 2 (Kapitel 4–8) schildert Losos eine Reihe von Experimenten, mit denen die Wiederholbarkeit evolutionärer Veränderungen untersucht wurde: Freilandexperimente mit Guppys auf Trinidad und mit *Anolis*-Eidechsen auf den karibischen Inseln, ein groß angelegtes Freiland-Experiment mit Wiesengräsern sowie

„Glücksfall Mensch“ – gegen den Strich gelesen

Experimente in künstlich angelegten Wasserbecken und Sandkästen. Allgemeiner Tenor: Innerhalb nah verwandter Formen sind wiederholt auftretende, gleichartige Änderungen die Regel und diese Änderungen erfolgen um Größenordnungen schneller als früher angenommen, nämlich innerhalb weniger Generationen anstelle von Millionen von Jahren.

So sind beispielsweise Guppy-Männchen oberhalb von Wasserfällen, wo es wenige Fressfeinde gibt, farbenfroh gemustert (vermutlich mit Bedeutung bei der Balz), flussabwärts dagegen sind sie unauffällig gefärbt; dort haben sie es mit vielen Fressfeinden zu tun, und Tarnung ist daher wichtig. Oder es zeigte sich, dass die Größe der Farbpunkte auf ihrer Haut mit der Kieselgröße im Bachbett korrelierte (Tarneffekt) und dass die Zeit bis zum Erreichen der Geschlechtsreife in Abhängigkeit vom Feinddruck variiert. Experimente mit künstlich veränderten Umgebungen zeigten, dass die Fische sich in wenigen Generationen wiederholt an neue Umgebungen anpassen können. Das Aussehen und das Verhalten bei experimentellen Umsiedlungen verändern sich schnell und vorhersagbar.

Zahlreiche ähnliche Beobachtungen wurden bei den *Anolis*-Eidechsen gemacht. Beinlänge, Form der Zehnlappen und Haftpolster, Körpergröße und Farbe haben sich mehrfach schnell und parallel in ähnlicher Weise in Anpassungen an verschiedene Habitate verändert – was nach bisheriger Auffassung während Millionen von Jahren erfolgt sein soll (180).

Wichtig ist dabei, dass durch Kontrollstudien ausgeschlossen werden konnte, dass die Anpassungen auf phänotypische Plastizität (Reaktion auf Umweltreize ohne erbliche Unterschiede) zurückzuführen sind, sondern tatsächlich genetische Grundlagen haben.

Schließlich wirft Losos einen Blick auf Langzeitexperimente mit Mikroorganismen (Teil 3, Kapitel 9–12). Ausführlich werden das seit 1988 laufende Langzeit-Evolutions-Experiment mit zwölf Linien des Darmbakteriums *Escherichia coli* und seine wichtigsten Ergebnisse beschrieben. Auch hier zeigen sich viele

parallele Entwicklungen, aber auch Unterschiede in den Linien, die allesamt die gleichen Startbedingungen hatten. Die Unterschiede dürften auf verschiedene Mutationen zurückzuführen sein, aber auch auf verschiedene Möglichkeiten, sich auf eine neue Umwelt einzustellen. Losos fasst zusammen: „Trotz dieser Vorbehalte kann man schlussendlich durchaus sagen, dass sich in mikrobiellen Evolutionsexperimenten vieles als wiederholbar erweist. ... Diese Erkenntnisse legen nahe, dass die Evolution immer wieder den gleichen Weg nimmt, zumindest auf der makroskopischen Ebene – identische Populationen, die identischem Selektionsdruck ausgesetzt sind, entwickeln sich gewöhnlich auf ganz ähnliche Weise“ (263). Eine Ausnahme ist die nur einmal aufgetretene Fähigkeit, Citrat bei Anwesenheit von Sauerstoff zu verwerten, die auf drei selten auftretende Mutationen zurückgeführt werden kann (s. u.).

Kommentar

Ist angesichts der von Losos vorgestellten Beispiele Evolution also vorhersagbar? Man muss mit Losos differenzieren: „Auf kurze Sicht teilweise ja. Aber je mehr Zeit vergeht und je unterschiedlicher die Vorfahren oder Bedingungen sind, umso weniger zuverlässig werden die Prognosen“ (351). Die spannende Frage ist, woran das liegt. Ein Schlüssel ist die *Geschwindigkeit* der Veränderungen. Anpassungen innerhalb weniger Generationen sind nur möglich auf der Basis genetischer Programmierung. Genetische Programme sind vorhanden und werden abgerufen. Ein Neuaufbau durch Mutationen würde sehr viel mehr Zeit brauchen, bereits für die Ausbreitung in der Population, aber auch weil vorteilhafte Mutationen selten sind. Vorhersagbarkeit ist also möglich, wenn Bauplanmodule und Variationsmöglichkeiten bereits auf Abruf vorliegen und durch verschiedene Auslesebedingungen in unterschiedlicher Weise zur Ausprägung gebracht werden können.

Mutationen scheinen dagegen für das Auftreten der parallelen Änderungen eher eine untergeordnete Rolle zu spielen; sie führen aber zu einer Sequenzvielfalt, die zur Bestimmung von Verwandtschaftsverhältnissen genutzt werden kann (s. u.).

Warum aber ist Vorhersage von Veränderungen auf längere Sicht kaum oder gar nicht möglich? Das hängt damit zusammen, dass die Herausbildung eines größeren Formenkreises nicht nur durch Abrufen latenter Anlagen erklärt werden kann, sondern echte Neuheiten erfordert. Und Neuheiten sind nicht vorhersagbar (vgl. JUNKER 2018). Niemand hätte – evolutionstheoretisch argumentiert – zu Beginn des Tertiärs vorhersagen können, dass sich Fledermäuse oder Bartenwale entwickeln würden, genauso wenig wie heute niemand seriös vorhersagen kann, welche ganz neuen Organe sich in welcher Organismengruppe in Zukunft herausbilden werden. Neuheiten brauchen Erfindungen und damit sind die evolutionären Prozesse klar überfordert.

Vom Langzeitexperiment mit *E. coli* berichtet Losos nur in einem Fall von einer Neuheit. Deren

Auftreten kann durch drei aufeinander aufbauende Zufallsmutationen rekonstruiert werden, wobei für jede Mutation ein aktueller Selektionswert angegeben werden kann (Mutationen hätten sonst nur zufällig – durch Gendrift – fixiert werden können). Das „Neue“ ist die Fähigkeit, Citrat bei Anwesenheit von Sauerstoff aufzunehmen zu können (statt wie zuvor nur unter sauerstofffreien Bedingungen) – kein neues Enzym, kein neuer Stoffwechselschritt. Eine solche geringfügige „Neuheit“ mit der Entstehung von Auge oder Niere zu vergleichen (wie es Losos auf S. 277 tut¹), ist unseriös. Auch die Feststellung „Evolutionsexperimente im Labor haben einen brillanten Beitrag zur Klärung dieser Fragen geleistet ...“ (302) ist stark übertrieben und tendenziös. Das Paradebeispiel des Langzeitexperiments zeigt gerade nicht, wie Neuheiten durch Zufallsmutationen und Auslese entstehen, sondern belegt nur geringfügige, untergeordnete Veränderungen.

Insoweit genetische Programmierung (latente genetische Programme) hauptsächlich ursächlich für Veränderungen gemacht werden können, sind Vorhersagen möglich, nicht jedoch wenn zufällige Mutationen die Ursache sind. Phänotypische Vielfalt in einem engeren Verwandtschaftskreis ist vor diesem Hintergrund offenbar nicht in erster Linie auf Mutationen zurückzuführen. Losos selber stellt fest: „Eine echte Prognose wird im Voraus, basierend auf einem detaillierten Verständnis des zu untersuchenden Systems, gestellt und nicht, indem man einfach abwartet, was wiederholt geschieht, und dann vorhersagt, dass es weitere Wiederholungen geben wird“ (316). Das Fehlen einer Vorhersagbarkeit ist ein Symptom dafür, dass eine Entstehung neuer Baupläne naturwissenschaftlich nicht beschrieben werden kann (vgl. JUNKER 2018).

Eine Bestätigung für Schöpfung und die Grundtypenbiologie?

Die eher vorhersagbaren und die eher zufälligen Aspekte in der (z.T. nur hypothetischen) Evolution scheinen recht klar verteilt zu sein: Als vorhersagbar erweisen sich Änderungen, die sich in einem engeren Verwandtschaftskreis abspielen, und sie sind in Langzeitstudien über mehrere Generationen direkt beobachtbar. Es spricht einiges dafür, dass die vorhersagbaren Änderungen gar nicht mit Evolution im neodarwinistischen Sinne zu tun haben (zufällige Mutationen und Auslese als Kernmechanismen), sondern auf vorhandene, verborgene Variationsprogramme zurückgehen. Dafür spricht schon die überraschende enorm große Schnelligkeit der vorhersagbaren Veränderungen (s.o.). Liest man unter diesem Aspekt Losos' Buch gegen den Strich, so liefert es gute Argumente für die Grundtypenbiologie der Schöpfungslehre: Es gibt programmierte Variabilität und sie kann unter geeigneten Bedingungen schnell zur Ausprägung kommen. Das ist genau das, was im Rahmen der Grundtypenbiologie schon länger postuliert wurde.

Die zufälligen Aspekte von Veränderungen betreffen zum einen größere Änderungen, also Merkmale, durch

die sich Ordnungen oder höhere Taxa voneinander unterscheiden. Die Etablierung dieser Änderungen durch Evolution ist hypothetisch und nicht experimentell nachvollziehbar. Dass hier der Zufall eine dominante Rolle spielt, ist selbst kein Zufall. Hier geht es um evolutionäre Neuheiten bzw. um Erfindungen. Diese lassen sich nicht aus Vorbedingungen und Gesetzmäßigkeiten ableiten. Zwar gibt es auch hier Wiederholungen – Konvergenzen –, aber sie sind zufällig verteilt und können nicht durch einen gemeinsamen Pool programmierter Möglichkeiten erklärt werden. Auf dieser Ebene sind Wiederholungen – komplexe Konvergenzen – ein Problem: Wie können ohne Programmierung auf der Basis von Zufallsmutation und streng gegenwartsbezogener Selektion anspruchsvolle „Ziele“ mehrfach unabhängig erreicht werden? Schließlich können weder Mutation noch Selektion in die Zukunft sehen.² Auch hier kann man gegen den Strich lesen: Die zufällige Verteilung komplexer Konvergenzen bei entfernt verwandten Organismen kann als Indiz dafür gewertet werden, dass die größeren Bauplanunterschiede gar nicht evolutiv entstanden sind.

Zum anderen zeigt sich die Zufälligkeit der Veränderungen auch im Großteil der Mutationen, die nichts anderes als Kopierfehler sind und auch nicht auf versteckte Programmierung zurückgeführt werden können. Diese DNA-Sequenzänderungen sind zu einem großen Teil bedeutungslos, ermöglichen aber, Verwandtschaftsverhältnisse zu rekonstruieren. Sie sind daher als Marker für Verwandtschaft nützlich, kaum aber als Erklärungen für nennenswerte evolutionäre Veränderungen.

Reinhard Junker

Anmerkungen

- ¹ „Die Cit⁺-Geschichte trägt maßgeblich zum besseren Verständnis des evolutionären Prozesses bei. Einerseits veranschaulicht sie, wie es zu großen evolutionären Fortschritten kommt. Gewöhnlich ist jedes komplexe Merkmal – wie ein Auge oder eine Niere – nicht das Ergebnis einer einzigen Mutation, die aus dem Nichts heraus eine neue Struktur schafft“ (277). Auch der Begriff „Merkmal“ für „Auge“ oder „Niere“ ist fragwürdig.
- ² Das merkt Losos ausdrücklich an: „Wie gesagt, die natürliche Selektion hat keinen Weitblick. Sie bevorzugt keine Mutation, nur weil diese in der Zukunft nützlich sein wird“ (276). Zur Richtungslosigkeit der Mutationen schreibt er: „Aber wir können nicht vorhersagen, an welcher DNA-Stelle es zu einer Mutation kommen wird, und noch viel weniger, was für eine Mutation es sein wird“ (284).

Literatur

- BRAUN HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. Stud. Integr. J. 19, 12–19.
- GOULD SJ (1991) Zufall Mensch. Das Wunder des Lebens als Spiel der Natur. München – Wien.
- JUNKER R (2018) Gibt es eine naturwissenschaftliche Evolutionstheorie? Internetartikel. <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/a25/a25.pdf>
- STEPHAN M (1994) Neuere Forschungen zur Lebewelt im Kambrium und Jung-Präkambrium – ein Überblick. Stud. Integr. J. 1, 4–11.

