

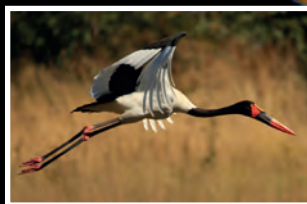
JOURNAL STUDIUM INTEGRALE



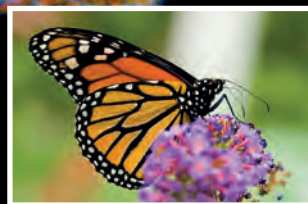
Tintenfische – erstaunliche Tiere



Überraschungsfund
vom Berg Ebal



Störche als
Grundtyp



Flügelmuster bei
Schmetterlingen

Frühe Homininen

**Stark erweiterte
Neuaufgabe 2023**

Eine Bestandsaufnahme
anhand fossiler und
archäologischer Zeugnisse

Frühe Homininen sind ein Brennpunkt evolutionsbiologischer Forschung, geht es doch darum, den hypothetischen Übergang von affenartigen Formen zum Menschen plausibel zu machen. In diesem Band werden zu verschiedenen Aspekten der frühen Homininen neue Forschungsergebnisse vorgestellt und diskutiert.

Bei den beiden neu entdeckten Arten *Australopithecus sediba* und *Homo naledi* wird der Frage nachgegangen, wie menschenähnlich diese Wesen waren und ob sie sich plausibel in einen evolutionären Stammbaum des Menschen einordnen lassen.

Im Weiteren werden Gründe dafür aufgezeigt, warum Fossilien, die älter als der echte Mensch *Homo erectus* sind, nicht überzeugend zur Gattung *Homo* gestellt werden können. Dagegen weisen neue Forschungsergebnisse zu *Homo erectus* und *Homo heidelbergensis* darauf hin, dass schon die Frühmenschen über Fähigkeiten verfügten, die denen des *Homo sapiens* kaum nachstanden.

Neu entdeckte sehr alte Steinwerkzeuge aus Afrika und Asien werfen die Frage nach ihren Herstellern auf. Waren es nichtmenschliche Homininen wie *Australopithecus afarensis* und *Kenyanthropus platyops* oder gar fossile Großaffen oder sind nur Menschen zur Werkzeugherstellung fähig? Zur Beantwortung dieser Frage werden die Produkte von Steinsplitterungen heute lebender nichtmenschlicher Primaten einer eingehenden Betrachtung unterzogen und die motorischen und geistigen Fähigkeiten sowie das Nahrungsverhalten früher nichtmenschlicher Homininen anhand des vorhandenen Datenmaterials diskutiert.

Insgesamt zeigt sich, dass nach aktueller Kenntnis der neuesten Fossilfunde und Artefakte eine deutliche Grenze zwischen eindeutig menschlichen und nichtmenschlichen Homininen begründet vertreten werden kann.

- Entstehung des Menschen ist ein Top-Thema der Forschung
- Argumente für die Einzigartigkeit des Menschen
- Für Naturwissenschaftler, Biologielehrer und Naturwissenschaftsstudenten

Dr. Michael Brandt studierte Medizin und arbeitete als Radiologe in Dresden. Er beschäftigt sich seit über 30 Jahren mit der menschlichen Urgeschichte und mit Evolutionskritik.



Michael Brandt

Frühe Homininen

Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse.

2. überarbeitete und stark erweiterte Auflage 2023

SCM Hänssler, Holzgerlingen, Reihe STUDIUM INTEGRALE, Paperback 297 x 210 (DIN A4), farbig, 289 Seiten, 140 Abb., 16 Tab. ISBN: 978-3-7751-6223-4;

35,00 EUR [D] / 36,00 EUR [A] / 47,00 CHF

Mehr Infos
zum SIJ-Special

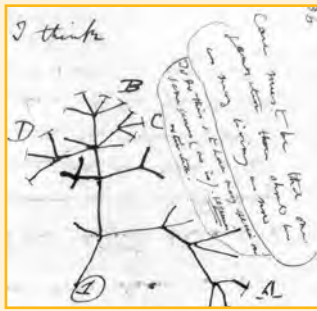


Erhältlich auch bei: Studiengemeinschaft Wort und Wissen e. V.

Rosenbergweg 29 • 72270 Baiersbronn

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

Editorial



„I think“ (ich denke) steht über der wohl berühmtesten Stammbaum-Skizze der Welt geschrieben. Eigentlich war es nur eine kleine Kritzelei, die der junge Charles Darwin im Jahr 1836 anfertigte. Darwin war erst wenige Monate zuvor von seiner zweijährigen Forschungsreise um die Welt zurückgekehrt und notierte nun seine ersten Gedanken über den Ursprung der Arten im *First Notebook on Transmutation of Species*. Darwin visualisierte mit seiner Skizze die Vorstellung, dass verschiedene Gruppen von Lebewesen (A bis D) über Verästelungen (die in der Regel ausgestorbene Arten repräsentieren) auf einen gemeinsamen Ursprung (1) zurückgeführt werden könnten.

Nach der Veröffentlichung von Darwins Werk *On the Origin of Species* im Jahr 1859 wurde die Idee des gemeinsamen Stammbaumes der Lebewesen auf der ganzen Welt propagiert und eroberte die Universitäten. Nun hatte Darwin den schöpfungskritischen Gelehrten seiner Zeit eine Theorie geliefert, die mit naturwissenschaftlichem Anspruch die Herkunft der Lebewesen ohne einen Schöpfergott erklären sollte. Auch wenn Darwins konkrete Ideen, wie Evolution funktionieren soll, selbst bei den eigenen Anhängern auf viel Kritik stießen, akzeptierte dennoch die große Mehrheit die Vorstellung vom Stammbaum des Lebens.

An der Akzeptanz eines Stammbaums des Lebens hat sich bis heute nichts geändert, auch wenn man mittlerweile mit phylogenetischen Analysen bzw. Cladogrammen anstelle von Stammbäumen arbeitet. Der wesentliche Unterschied ist hierbei, dass heute lebende Gruppen von Lebewesen nicht als die Vorfahren anderer heutiger Gruppen betrachtet werden, sondern als Nachfahren unbekannter gemeinsamer Vorfahren. Die Aufzweigungen in heutigen Cladogrammen basieren darüber hinaus auf statistisch ausgewerteten, abgeleiteten gemeinsamen Merkmalen (Synapomorphien) statt auf einem subjektiven Eindruck („I think“).

Die große Frage ist allerdings, ob die empirischen Indizien wirklich für einen gemeinsamen Stammbaum aller Lebewesen sprechen. Leider wird diese Frage in der heute stark atheistisch geprägten Wissenschaftswelt gar nicht mehr diskutiert. Es wird einfach als unangreifbares Dogma vorausgesetzt. Tatsächlich weisen aber immer mehr Befunde in eine ganz andere Richtung: Es ist eben nicht möglich, die Lebewesen in einen gemeinsamen Stammbaum einzuordnen, in welchem die abgeleiteten gemeinsamen Merkmale eindeutige Verzweigungsmuster zwischen den Arten ergeben. Das betrifft sowohl Morphologie (den Körperbau) und Verhalten als auch molekulargenetische Analysen. Ein besonders eindrückliches Beispiel über die Störche beschreibt Benjamin SCHOLL. Weder innerhalb dieser Vögel, die wahrscheinlich einen erschaffenen Grundtyp mit Kreuzungen zwischen den Arten bilden, noch in Bezug auf andere Vogelgruppen ist ein eindeutiger Stammbaum in Sicht. Stattdessen weisen verschiedene Merkmale auf ganz unterschiedliche Verwandtschaftsbeziehungen hin. Noch verworrener ist es bei den sogenannten Deuterostomiern (Neumundtieren), zu denen auch wir Menschen gezählt werden. Reinhard JUNKER schildert die Situation der vielfach widersprüchlichen Verwandtschaftsbeziehungen anhand einer aktuellen Überblicksarbeit. Es ergibt sich ein komplexes Netzwerk von gemeinsam geteilten Merkmalen zwischen den verschiedensten Gruppen von Tieren – statt einem Stammbaum. Dasselbe Phänomen zeigt sich bei der Frage nach dem Ursprung des Nervensystems, wie neueste Untersuchungen zeigen, ebenso beim neu entdeckten ausgestorbenen Vogel *Janavis* und sehr ausgeprägt beim merkwürdigen Tully-Monster, worüber ebenfalls in dieser Ausgabe von *Studium Integrale Journal* berichtet wird. Evolutionstheoretisch ist es aufgrund dieser Situation unvermeidbar, Konvergenzen in einem früher ungeahnten Ausmaß annehmen zu müssen – was früheren Erwartungen klar widerspricht, da die unabhängige Entstehung (Konvergenz) komplexer Merkmale von einem Prozess nicht zu erwarten ist, der keinerlei Zielorientierung beinhaltet.

Während Rekonstruktionen des einen Stammbaums aller Lebewesen mit fortschreitender Forschung zunehmend mit erheblichen Widersprüchen zu kämpfen haben, können ausgeprägte Merkmals-Netzwerke viel sparsamer als Hinweis auf einen genialen Schöpfer gedeutet werden. Ein intelligenter Schöpfer kann die Merkmale bei der Erschaffung unterschiedlicher Grundtypen frei zuteilen – wie in einem Baukastensystem. Diese Grundtypen konnten sich dann an unterschiedliche Lebensbedingungen anpassen. Daher liegt es aus Schöpfungsperspektive nahe, zu erwarten, dass man beim Ordnen und Sortieren der Merkmale von Lebewesen verschiedener Grundtypen netzartige Beziehungen findet. Denn während Evolution an einen Mechanismus gebunden ist, der bei Vielzellern Konvergenzen und damit Vernetzung von Ähnlichkeitsbeziehungen nicht erwarten lässt, ist ein Schöpfer in seinem Handeln frei.

Bei diesen und vielen weiteren spannenden Themen wünschen wir Ihnen eine anregende Lektüre,

■ 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
E-Mail: sg@wort-und-wissen.de

Redaktion

Benjamin Scholl, Chemnitz
Dr. Boris Schmidtgall, Lossburg
Dr. Reinhard Junker, Baiersbronn

Korrespondenzadresse

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

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

Produktion

Dönges - Gutenbergdruckhaus & Medien,
GmbH & Co. KG, Dillenburg

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen

Die Zeitschrift erscheint zweimal jährlich.
Jahresbezugspreis € 16,00; für Studenten
€ 11,00; Preise inkl. Versandkosten und
MwSt. Auslandspreise auf Anfrage.
Einzelhefte: € 9,00 (inkl. Versandkosten).
Bestellungen richten Sie an den Herausgeber.
Das Abonnement kann zum Jahresende
gekündigt werden. Die Kündigung
muss schriftlich erfolgen.

Alle Rechte vorbehalten.

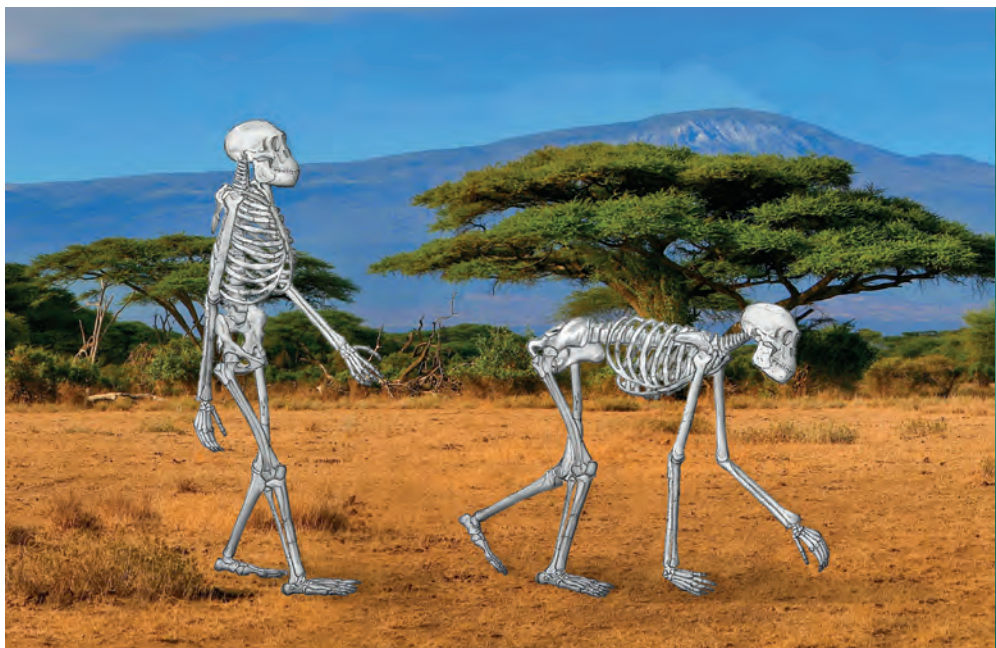
Die Verantwortung für den Inhalt tragen
die jeweiligen Autoren. Der Herausgeber
und die Redaktion identifizieren sich nicht
zwangsläufig mit allen Details der Darlegungen.

■ TITELBILD

Tintenfische mit ihrem speziellen Aussehen und besonderen Verhalten wecken immer wieder das Interesse von Forschern. Eine aktuelle Untersuchung zeigt, dass auch das Erbgut viele Besonderheiten aufweist. (Маргарита Грановская, Adobe Stock)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt

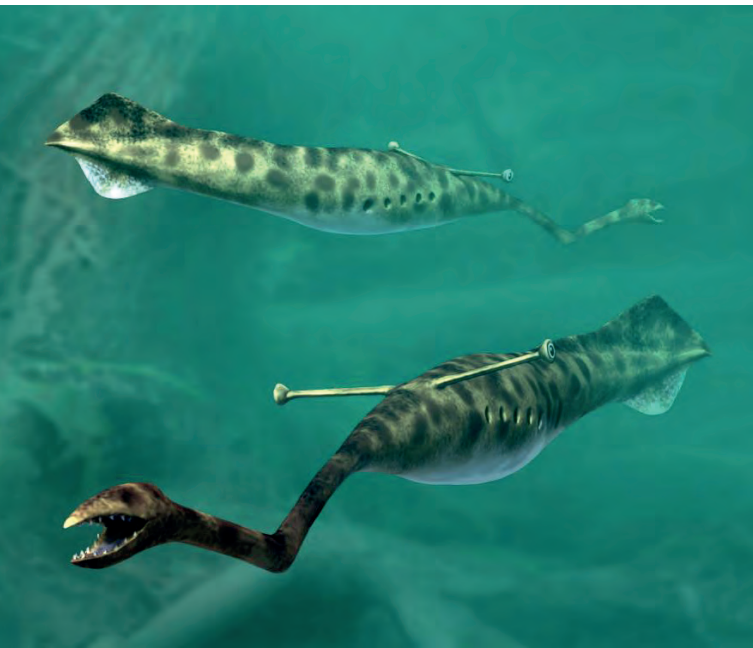


■ THEMEN

R. Junker	Neumundtiere „sprechen“ gegen Evolution. Über den Ursprung der Deuterostomier	72
M. Brandt & B. Scholl	Besaß <i>Australopithecus</i> einen menschlichen aufrechten Gang?	80
S. Stripling, A. Leavitt & P. van der Veen	Ein Überraschungsfund vom Berg Ebal: „Sei verflucht durch El-Jahu!“	87
B. Schmidtgall	Evolution oder Devolution? Wohin „geht“ die Entwicklung der Arten?	94

■ REZENSION

R. Junker	The Compatibility of Evolution and Design (E. V. Røpe Kojonen)	136
-----------	--	-----



■ KURZBEITRÄGE

B. Scholl	Schwarz- und Weißstorch-Paar zieht Junge in freier Wildbahn auf	103
R. Junker	Das Monster, das in kein Schema passt	108
H. Binder	Tintenfische – erstaunliche Tiere mit auffälligem Genom	111
R. Junker	Mosaik an der Basis der Tiere: Ist das Nervensystem zweimal entstanden?	114
A. Ehrmann	Zusätzliche Super-Erde würde Sonnensystem instabil machen	117
P. Borger	„Parasitäre DNA“ stabilisiert Multigen-Familien	119

■ STREIFLICHTER

Zahnvogel <i>Janavis</i> mit überraschendem Merkmalsmosaik	124
Geologisch älteste Fledermaus mit „modernem“ Aussehen	125
Mammuts: Degenerierte Elefanten?	126
Hakenblatt: Fleischfresser „on demand“	127
Flügelmuster bei Schmetterlingen: sehr „alte“ genetische Module	128
Kapitalistische Kapuzineraffen?	129
Wirbeln Langschwanzmakaken die Steinwerkzeug-Geschichte durcheinander?	131
<i>JUICE</i> auf dem Weg zu den Eismonden des Jupiters	132
Zwischen Quantenmechanik und klassischer Physik	133
Harnstoff und der Ursprung des Lebens	134

Neumundtiere „sprechen“ gegen Evolution

Über den Ursprung der Deuterostomier

In einer Überblicksarbeit über die Deuterostomia („Neumundtiere“), zu denen die Wirbeltiere und damit auch wir Menschen gehören, stellen NANGLU et al. (2023) eine Reihe von Widersprüchlichkeiten in der Systematik zusammen. Die mutmaßliche frühe Evolutionsgeschichte liegt im Dunkeln. Die Probleme rühren letztlich daher, dass die Merkmalsbeziehungen der höheren Taxa* netzartig und nicht stammbaumartig sind – entgegen evolutionstheoretischer Vorhersagen.

Reinhard Junker

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

Introbild Hufeisenwurm
Phoronis hippocrepis (Géry
Parent, gemeinfrei)

Die meisten Tiere sind zweiseitig symmetrisch gebaut und haben zwei ungefähr spiegelbildliche Körperseiten. Sie werden daher als **Bilateria** („Zweiseitentiere“) bezeichnet (vgl. Abb. 5). Dazu gehören so unterschiedliche Gruppen wie Wirbeltiere, Gliederfüßer, Schnecken oder Würmer; auch die Stachelhäuter (Echinodermata) wie z. B. Seesterne und Seeigel, obwohl Stachelhäuter meist fünf Symmetrieachsen besitzen.¹ Die fünfstrahlige Radiärsymmetrie der Stachelhäuter wird als sekundär interpretiert, da ihre Larvenstadien zweiseitig symmetrisch sind.

Die mit Abstand größten Untergruppen der Bilateria sind die **Protostomia** („Urmundtiere“) und **Deuterostomia** („Neumundtiere“) (vgl. Abb. 1, 5+6). Diese beiden Bezeichnungen nehmen Bezug auf die Entwicklung des Urmundes in der Embryonalentwicklung. Bei den Protostomiern bleibt der Urmund die vordere

Körperöffnung und wird zum definitiven Mund, während sich bei den Deuterostomiern der Urmund zum After entwickelt und der definitive Mund neu entsteht.²

Entsprechend ist bei den Protostomiern das Zentralnervensystem bauchseitig, bei den Deuterostomiern rückenseitig. Die bekanntesten Tiergruppen der Protostomier sind die Gliederfüßer (wie Insekten, Spinnen und Krebse), Weichtiere und Ringelwürmer; auch viele andere Gruppen gehören dazu. Die Deuterostomier haben vor allem die Stachelhäuter wie z. B. Seesterne und Seeigel und die Chordatiere in ihren Reihen, außerdem gehören die **Hemichordata** dazu (Kiemlochtiere, bestehend aus Eichelwürmern und Flügelkiemern; vgl. Abb. 2+6). Die zahlenmäßig weitaus größte Gruppe der **Chordata** (Chordatiere) sind die Wirbeltiere (Fische, Amphibien, Reptilien, Vögel und Säugetiere).

Angesichts der sehr verschiedenen Baupläne der Deuterostomier scheint es paradox, dass sie eine gemeinsame Abstammungsgeschichte teilen sollen. Begründet wird die Zusammengehörigkeit neben der Gemeinsamkeit der Entwicklung des Urmundes zum After durch weitere Entwicklungsmerkmale wie das Muster der radialen Teilung* der Embryonalzellen und die Entstehung der Leibeshöhle aus Ausstülpungen des Urdarms (Enterocoelie). Außerdem ist das Vorhandensein von Rachenöffnungen ein wichtiges vereinigendes morphologisches Merkmal, auch wenn es bei den modernen Stachelhäutern nicht verwirklicht ist, was evolutionstheoretisch als späterer Verlust interpretiert wird (NANGLU et al. 2023, 317). Dieses Vorgehen ist typisch in evolutionären Stammbaumrekonstruktionen: Passen Merkmale nicht in evolutionäre Rekonstruktionen, werden sie als sekundäre Änderungen interpretiert, oft als sekundärer Verlust. Sofern aber nicht durch passende Fossilfunde oder konkrete molekulargenetische Evolutionskonzepte eine solche sekundäre Änderung glaubhaft belegt werden kann, handelt es sich um rein spekulative Hilfhypothesen.

„Keine Hypothese kann völlig verworfen werden und keine Theorie kann von sich behaupten, sich gegen ihre Konkurrenten durchgesetzt zu haben.“

Eine Forschergruppe hat kürzlich eine Überblicksarbeit über den gegenwärtigen Stand des Wissens zum Ursprung der Deuterostomier veröffentlicht (NANGLU et al. 2023). Die darin zusammengetragenen Befunde entsprechen vielfach und in wichtigen Aspekten nicht den Erwartungen an eine evolutive Entstehung. Die

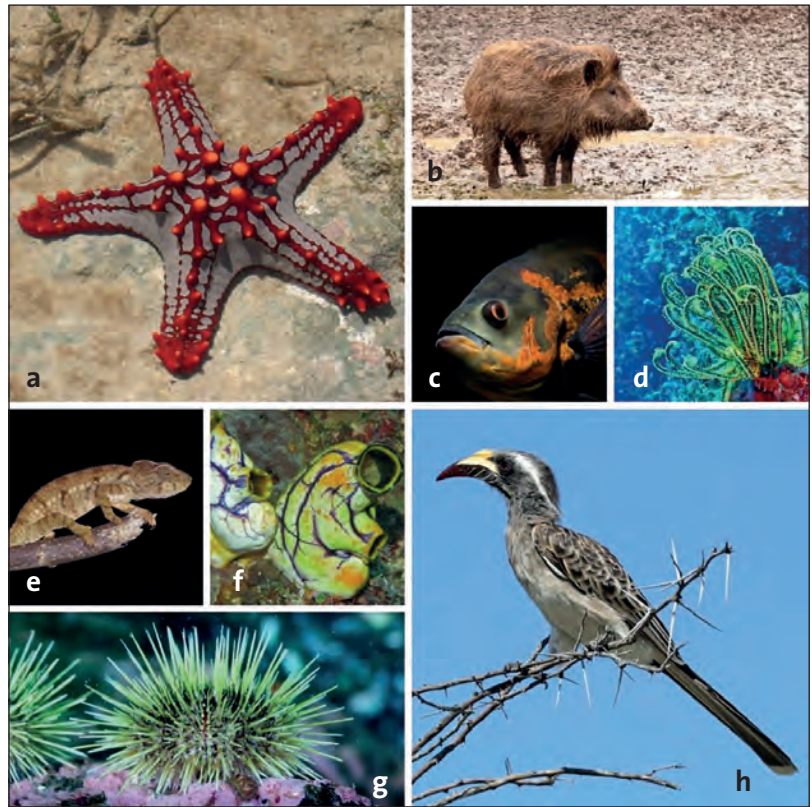


Abb. 1 Vielfalt von Deuterostomiern. **a** Walzenseestern (*Protoreaster linckii*), **b** Wildschwein (*Sus scrofa*), **c** Pfauenaugenbuntbarsch (*Astronotus ocellatus*), **d** Bennett-Federstern (*Oxycomanthus bennetti*), **e** Pantherchamäleon (*Furcifer pardalis*), **f** Gold-Seescheide (*Polycarpa aurata*), **g** Grüner Seeigel (*Strongylocentrotus droebachiensis*) und **h** der Grautoko (*Tockus nasutus*). (Michael Gäbler, CC BY 3.0)

Autoren stellen fest, dass die frühe Evolution der Deuterostomier nur unzureichend erforscht und umstritten ist. Dafür nennen sie drei Gründe: Erstens die enorme Verschiedenartigkeit der Baupläne, die die Feststellung von Gemeinsamkeiten und damit die Rekonstruktion mutmaßlicher Abstammungsbeziehungen erschwert. Zweitens den Mangel an Fossilfunden aus der Frühzeit der Deuterostomier. Und drittens viele widersprüchliche Merkmalskombinationen.



Abb. 2 Hemichordata (Kiemelochtiere): Links verschiedene Vertreter der Enteropneusta (Eichelwürmer), rechts *Cephalodiscus dodecalophus*, ein Vertreter der Pterobranchia (Flügelkiemer). (Links: Johann Wilhelm Spengel, gemeinfrei; rechts: Luis Fernández García, CC BY-SA 4.0). (Vgl. Abb. 6)

Kompakt

Eine Überblicksarbeit über den gegenwärtigen Stand des Wissens zum Ursprung der Deuterostomie (NANGLU et al. 2023) zeigt, dass die Befunde vielfach und in wichtigen Aspekten nicht den Erwartungen an eine evolutive Entstehung entsprechen. Die frühe Evolution der Deuterostomie ist nur unzureichend erforscht und bleibt umstritten. Gründe für diese Situation sind nach NANGLU et al. die enorme Verschiedenartigkeit der Baupläne, der Mangel an Fossilfunden und viele widersprüchliche Merkmalskombinationen. Als Konsequenz daraus wurden zahlreiche sich widersprechende Hypothesen über Verwandtschaftsverhältnisse aufgestellt, von denen keine als sicher belegt oder als klar widerlegt gelten könne. Unterschiedliche Merkmale begründen verschiedene Verwandtschaftshypothesen. Jede baumförmige bzw. eingeschachtelte Darstellung der Beziehungen der Deuterostomie-Gruppen ist mit mehr oder weniger ausgeprägten Merkmalswidersprüchen behaftet. Die Autoren bezeichnen diese Situation bezüglich der Herkunft der Deuterostomie als „intellektuellen Wilden Westen“.

In diesem Beitrag werden einige Befunde aus der Arbeit von NANGLU et al. zusammengestellt, die diese Schwierigkeiten veranschaulichen, zum einen aus der Vergleichenden Biologie (Merkmalswidersprüche), zum anderen aus der Fossilüberlieferung. Es handelt sich nicht um einzelne offene Fragen, sondern um *systematische* Schwierigkeiten. Die weithin unsystematische Verteilung der Merkmale entspricht einer freien Verwendbarkeit von genetischen bzw. morphologischen Modulen, wovon aber nur in einem Schöpfungsmodell ausgegangen werden kann.

Die Autoren resümieren: „In vielerlei Hinsicht befinden wir uns trotz jahrhundertelanger zoologischer Bemühungen und zwei Jahrzehnte nach der Veröffentlichung der neuen Phylogenie der Tiere immer noch in einem intellektuellen Wilden Westen, was die Herkunft der Deuterostomie angeht. Keine Hypothese, wie weit hergeholt sie auch erscheinen mag, kann völlig verworfen werden. Keine Theorie, und sei sie noch so verlockend logisch, kann von sich behaupten, sich gegen ihre Konkurrenten durchgesetzt zu haben. Die Deuterostomie entziehen sich nach wie vor einer einzigen, klaren Aussage zu ihrer frühen Evolution, was gleichermaßen faszinierend und frustrierend ist“ (NANGLU et al. 2023, 345). Nachfolgend sind einige Befunde aus der Arbeit von NANGLU et al. zusammengestellt, die diese Schwierigkeiten veranschaulichen, zusammengefasst unter den Stichworten „Merkmalswidersprüche“ und „Fossilüberlieferung“.

Abb. 3 Pfeilwurm *Spadella cephaloptera* (Zatgelmar, CC BY 3.0). Hufeisenwürmer (Phoroniden) und Pfeilwürmer (Chaetognathen) werden zum Protostomie-Überstamm der Lophotrochozoa gerechnet.



Merkmalswidersprüche nach NANGLU et al. (2023)

- Die Einzelheiten der Beziehungen zwischen den Deuterostomie-Gruppen sind schwer zu entschlüsseln. Das liegt daran, dass die Deuterostomie-

Gruppen (abgesehen von den Wirbeltieren) die meisten grundlegenden ökologischen Anpassungen und mutmaßlichen evolutionären Übergänge aufweisen: Übergang von der bilateralen (zweiseitigen) zur radialen Symmetrie, Miniaturisierung des Körperbaus, *mehrfache unabhängige* Erlangung der Koloniebildung, vollständige und teilweise Metamorphose und *mehrfache unabhängige* Wechsel zwischen sessilen* und beweglichen Lebensformen in den wichtigsten Kladen* (Abstammungsgemeinschaften) (NANGLU et al. 2023, 317).

- Zahlreiche Tierstämme, die früher zu den Deuterostomiern gestellt wurden, wie z. B. die Phoroniden (Hufeisenwürmer; Introbild) und die Chaetognathen (Pfeilwürmer; Abb. 3), werden heute nicht mehr dazu gerechnet. In anderen Fällen ist ihre Zugehörigkeit umstritten wie z. B. bei den Xenoturbelliden (S. 317; vgl. Abb. 4+5). Die mit den Deuterostomiern gemeinsamen Merkmale dieser Gruppen werden von verschiedenen Wissenschaftlern also teilweise unterschiedlich interpretiert.

- Verschiedene Datensätze ergaben bei den Xenacoelomorpha (vgl. Abb. 5) widersprüchliche Verwandtschaftsbeziehungen. **Xenacoelomorpha** ist die Bezeichnung für die gemeinsame Klade von Xenoturbellida („fremde Strudelwürmer“, s. Abb. 4) und Acoelomorpha (sehr kleine Würmer ohne Verdauungstrakt). Diese Übergruppe relativ unscheinbarer Würmer erhielt besondere Beachtung als mögliche Schwestergruppe der übrigen Bilateria (S. 317f.). Sie wurde auf der Basis umfangreicher molekularer Daten in verschiedene Zweige des Stammbaums der Bilateria eingeordnet. Die Beziehungen zu den anderen Bilateria sind trotz der Datenfülle immer noch umstritten (S. 342; vgl. Abb. 9). „Wenn es sich tatsächlich um Deuterostomie handelt, stellt sich die Frage, ob die xenacoelomorphe Linie sekundär vereinfacht ist oder ob der letzte gemeinsame Vorfahre der Deuterostomie viel einfacher ist, als wir denken“ (S. 342). Das aber würde Befunden widersprechen, die auf einen eher komplex gebauten gemeinsamen Vorfahren hinweisen (vgl. CANNON et al. 2016).

- Möglicherweise sind die Deuterostomie nicht monophyletisch* (d. h. nicht nur aus einer einzigen Abstammungsgemeinschaft bestehend); und vielleicht sind die Chordatiere enger mit den Protostomiern (Urmundtieren) verwandt als mit den Xenambulacraria (S. 342) – die Xenambulacraria sind ein Paraphylum* aus Xenacoelomorpha („Darmlose“) und Ambulacraria, die ihrerseits aus Hemichordata (Kiemlochttieren) und Echinodermata (Stachelhäutern) bestehen (vgl. Abb. 8).

- Zwar konnte die Klade der **Ambulacraria** (Kiemlochttiere + Stachelhäuter; vgl. Abb.

6+9) durch eine Kombination aus morphologischen (gestaltlichen), entwicklungsgeschichtlichen und molekularen Daten als Schwestergruppe der Chordatiere untermauert werden. Aber die Monophylie* dieser Gruppe wurde kürzlich in Frage gestellt, weil viele der verbindenden Merkmale weiter im Tierreich verbreitet sind als zuvor angenommen und auch außerhalb der Deuterostomier vorkommen (S. 318).

- Auf der Ebene der Überstämme ist die Identifizierung stimmiger Synapomorphien* (gemeinsamer abgeleiteter Merkmale) teilweise schwierig. Die entwicklungsbiologischen Merkmale, die für die Deuterostomier typisch sind, kommen nämlich auch außerhalb der Deuterostomier vor (S. 335).

- Die Ableitung größerer morphologischer Veränderungen innerhalb der morphologisch vielgestaltigen Stammgruppe der **Stachelhäuter** (Echinodermata) ist umstritten (S. 318).

Die Yunnanozoen wurden in fast jede denkbare Position der Deuterostomier eingeordnet außer bei den Stachelhäutern.

- Sogenannte „**problematische Taxa**“ wie die ausgestorbenen **Vetulicolia** (Abb. 7) vergrößern die Unstimmigkeiten noch. Die Vetulicolia haben einen der rätselhaftesten Körperbaupläne unter allen fossilen Gruppen (vgl. S. 336). Zusammen mit dem durchweg kutikularisierten* Körper (mit Außenskelett) „scheinen die Vetulicolia viel mit den Gliederfüßern gemeinsam zu haben“, die zu den Protostomiern gehören. „Die Reihe der seitlichen Öffnungen im vorderen Bereich wurde jedoch als homolog* [d. h. gemeinsames Merkmal einer Abstammungsgemeinschaft] zu den Kiemenporen der Deuterostomier interpretiert, was zu einer verwirrenden, chimärenartigen³ Tiergruppe führt“ (S. 336). Ebenso problematisch ist es bei den eventuell zu den Vetulicolia gehörenden ebenfalls ausgestorbenen **Yunnanozoa**: „Die Yunnanozoa aus Chengjiang haben eine der verworrensten phylogenetischen Geschichten hinter sich. [...] Tatsächlich wurden die Yunnanozoen in fast jede denkbare Position der Deuterostomier eingeordnet – außer bei den Stachelhäutern“ (S. 337; vgl. CONG et al. 2014).

- Es ist schwierig, eine konkrete Liste von Synapomorphien* zusammenzustellen, die die Deuterostomier vereint (S. 337). Merkmale der Entwicklungsbiologie wie das Schicksal des Blastoporus (Urmund in der Embryonalentwicklung) und die radiale Teilung der Embryonalzellen, die gewöhnlich angeführt werden, finden sich auch außerhalb der Deuterostomier

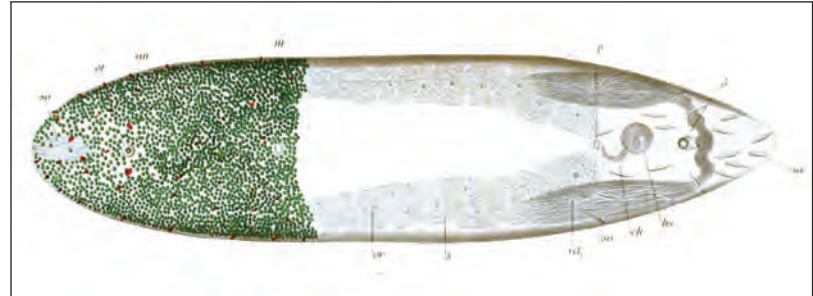


Abb. 4 Oben: Weibchen von *Xenoturbella japonica* aus der Gruppe der Xenoturbelliden („fremde Strudelwürmer“). Die weiße Pfeilspitze zeigt die Ringfurche an. (NAKANO et al. 2017; CC BY-SA 4.0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>) Unten: *Symsagittifera schultzei* aus der Gruppe der Acoelomorpha („Darmlose“) gehört zur Familie der räuberischen Convolutidae, die häufig in Symbiose mit endosymbiontischen Algen (in grün) leben. (Ludwig Graff, gemeinfrei)

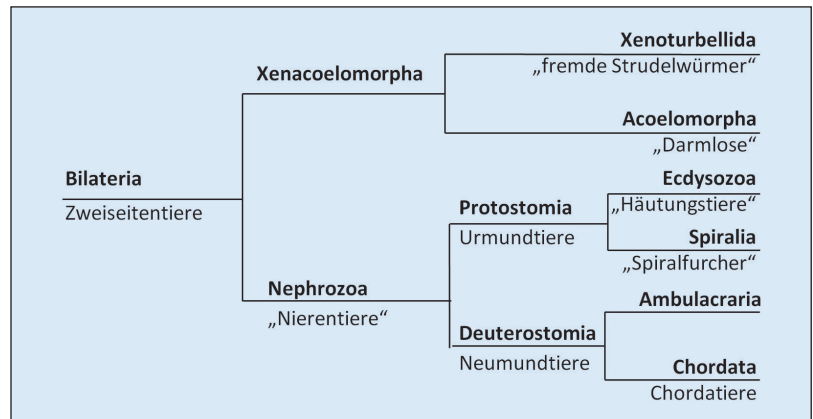


Abb. 5 Eine mögliche Systematik der Bilateria („Zweiseitentiere“), soweit möglich mit deutschen oder eingedeutschten Bezeichnungen. Xenoturbellida („fremde Strudelwürmer“); Acoelomorpha („Darmlose“); Ecdysozoa (z. B. Insekten), Spiralia (z. B. Weichtiere und Ringelwürmer); zu Deuterostomia siehe Abb. 6.

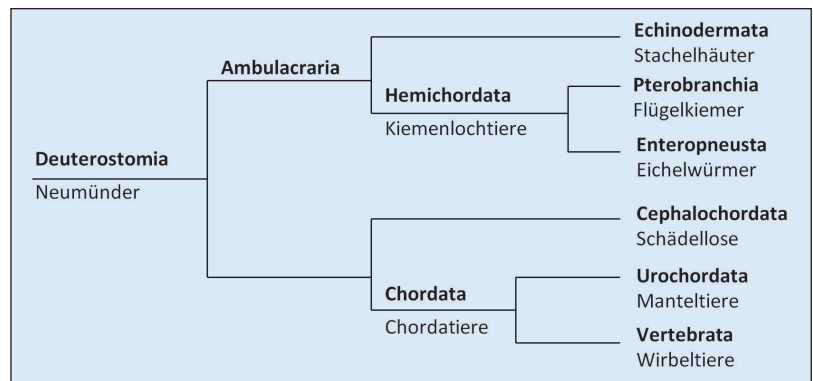


Abb. 6 Die derzeit bevorzugte Systematik der Deuterostomia.

(S. 337). Mögliche Deuterostomia-übergreifende Merkmale sind konservierte Hox-Cluster* (Gruppen wichtiger regulativer Gene) und drei Merkmale, die am ehesten im Fossilbericht nachweisbar sind: die Larvenentwicklung, die biomineralisierten Skelette und die Kiemen-

Abb. 7 Rekonstruktion verschiedener Mitglieder des Stammes Vetulicolia, die in der Fossilagerstätte des Maotianshan-Schiefers aus dem frühen Kambrium (auf ca. 525–520 Millionen Jahre radiometrisch datiert) gefunden wurden. Von oben: *Yuyuanozoon magnificissimi*, *Heteromorphus longicaudatus*, *Vetulicola cuneata*, *Xidazoon stephanus* und *Yunna-nozoon lividum*. (© Stanton F. Fink, CC BY 2.5)



schlitze im Schlund (S. 338). Die drei Deuterostomier-Stämme Stachelhäuter, Hemichordaten und Chordatiere produzieren Biominerale allerdings auf unterschiedliche Weise und mit sehr unterschiedlicher Ausprägung in Bezug auf ihren Körperbau und ihre kladenspezifischen Bestandteile (S. 339). Dieser Befund spricht wiederum eher für konvergente* Bildungen, also eine unabhängige Entstehung.

Es ist schwierig, Merkmale zusammenzustellen, die allen Deuterostomiern gemeinsam sind.

- Auch die Beziehung zwischen Deuterostomieren und Protostomieren ist ungeklärt. Die früher als Deuterostomier ausgewiesenen drei Stämme der Lophophorata (Kranzföhler)⁴ sowie der Stamm Chaetognatha (Pfeilwürmer) wurden mittlerweile zu den Protostomieren gestellt. Einige Deuterostomier-Merkmale, nämlich das definierende Merkmal der Deuterostomie sowie radiale Teilung und Enterocoelie (Leibeshöhle entsteht aus Urdarmlusstülpungen) sind möglicherweise plesiomorph („ursprünglich“) zu den Bilateria, d. h. nicht spezifisch für die Deuterostomier (S. 343), und kennzeichnen damit eine größere Gruppe als nur die Deuterostomier.
- Die Beurteilung der Homologien zwischen den deuterostomischen Stachelhäutern, Hemichordaten und Chordatiere ist bemerkenswert schwierig. Bei den Merkmalen, die Xenacoelomorphe („Darmlose“) und Deuterostomier gemeinsam haben (vgl. Abb. 5), könnte es sich zudem aus evolutionärer Perspektive um Merkmale der Urbilateria (Stammform der Zweiseitentiere) handeln, die dann in der protostomischen Linie sekundär verloren gegangen wären. Wie oben bereits angemerkt, sind solche sekundären Verluste empirisch kaum überprüfbar

Hypothesen. Außerdem haben die „problematischen Taxa“ wie die Vetulicolia mehr Fragen als Antworten gebracht (S. 343; s. o.).

- Es wird auch der Vorschlag diskutiert, die Chordatiere mit den Protostomieren in einer Klade zusammenzufassen. KAPLI et al. (2021) haben dafür den Begriff „**Centroneuralia**“ vorgeschlagen (vgl. Abb. 8), deren Angehörige durch das Vorhandensein eines zentralen Nervensystems gekennzeichnet sind. Viele Merkmale, die die Deuterostomie definieren – wie die Deuterostomie und die radiale Teilung der Embryonalzellen –, wären dann nicht spezifisch für diese Gruppe, sondern weiter verbreitet und in Wirklichkeit Synapomorphien der Bilateria (s. o.). Die Lophophorata (Kranzföhler) und Chaetognatha (Pfeilwürmer), die früher zu den Deuterostomieren gestellt und später ausgegliedert wurden, wären in diesem Modell Mitglieder der Centroneuralia. Ihre Deuterostomier-Merkmale müssten somit nicht als unabhängiger Erwerb interpretiert werden, sondern könnten als Ausprägungen eines gemeinsamen Vorfahren interpretiert werden (S. 345). Nach dieser Phylogenie müssten aber mit den Chordatiere gemeinsame Merkmale der Ambulacraria (Kiemenlochtiere und Stachelhäuter; vgl. Abb. 6) konvergent (unabhängig) entstanden sein. Dies zeigt exemplarisch: Konvergenzen sind so typisch für Stammbaumrekonstruktionen, dass man sie auch durch das Aufstellen neuer Kladen nicht vermeiden kann. Natürlich wird versucht, die Anzahl an Konvergenzen in evolutionären Modellen weitgehend zu minimieren, komplett loswerden kann man sie aber nicht.

Fossilüberlieferung nach NAGLU et al. (2023)

- Fossilien liefern keine Daten, die es ermöglichen, die beschriebenen Inkonsistenzen aufzulösen. Denn die ältesten eindeutig zuordenbaren Fossilien der Tierstämme der Deuterostomier stammen erst aus dem Kambrium (541–485 MrJ (Millionen radiometrische Jahre)). Zu diesem Zeitpunkt weist jede Hauptlinie bereits eine erhebliche Verschiedenartigkeit auf und muss vom mutmaßlichen letzten gemeinsamen Vorfahren der Deuterostomier (LCA) beträchtlich unterschieden sein (S. 318).
- Eine Fülle von Merkmalen früher potenzieller fossiler Deuterostomier besaß keine eindeutige Entsprechung mit heutigen Formen. Außerdem weisen einige Formen Kombinationen moderner Merkmale auf, die als solcher Merkmalsmix seit über einer halben Milliarde radiometrischer Jahre bei keinem anderen Lebewesen mehr vorkamen (S. 318).

Die Fossilien der Tierstämme der Deuterostomier weisen von Beginn ihrer Überlieferung an eine erhebliche Verschiedenartigkeit auf.

- Die kambrische Fossilüberlieferung „liefert ebenso viele Fragen wie Antworten, wenn es um die Ökologie der frühen Hemichordaten [Kiemlochtiere] geht, da nahezu jedes denkbare Merkmal und jede Merkmalskombination synchron auftritt“ (S. 324). Es gibt also eine verwirrende Vielfalt und Vielgestaltigkeit von Beginn der Fossilüberlieferung an.
- Zahlreiche neuere Fossilfunde haben keine klaren, schlüssigen Aussagen zur Abstammung der Hemichordata ermöglicht, und die Reihenfolge des Erwerbs der typischen Merkmale innerhalb dieses Stammes ist schwer zu ermitteln. „Die erst kürzlich entdeckte Vielfalt von Weichteilen der kambrischen Hemichordaten scheint das zu rekapitulieren, was wir bereits von vielfältigeren und leichter fossilisierbaren Stämmen wissen: Alle Merkmalskombinationen scheinen möglich zu sein, zusätzlich zu völlig neuen Merkmalen, die sich einer direkten Homologie mit modernen Taxa widersetzen“ (S. 324). Hierbei drängt sich der Gedanke an ein *frei verwendbares Baukastensystem* förmlich auf (s. u.).
- Bei den Stachelhäutern bestehen Schwierigkeiten, homologe Merkmale bei verschiedenen

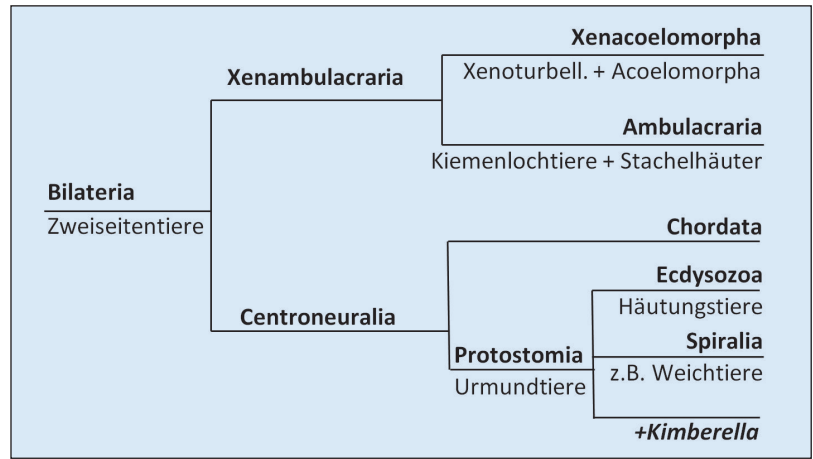


Abb. 8 Systematik der Bilateria nach Vorschlag von KAPLI et al. (2021), die die Deuterostomia (Urmundtiere) als seit 1908 durch GROBEN etablierte Klade komplett hinfällig macht (vgl. Abb. 9).

Gruppen sicher zu identifizieren, was eine große Herausforderung bei der Modellierung des gemeinsamen Vorfahren darstellt. Zwischen den Taxa der Stachelhäuter bestehen große morphologische und ökologische Unterschiede von Beginn der Fossilüberlieferung an; sie müssten sich aus evolutionärer Perspektive also innerhalb einer relativ kurzen Zeitspanne entwickelt haben. Zudem haben sich phylogenetische (stammesgeschichtliche) Interpretationen mit der Entdeckung neuer Fossilien, mit der Beschreibung bisher nicht erkannter morphologischer Merkmale, durch alternative Homologie-Beziehungen und durch die Anwendung quantita-

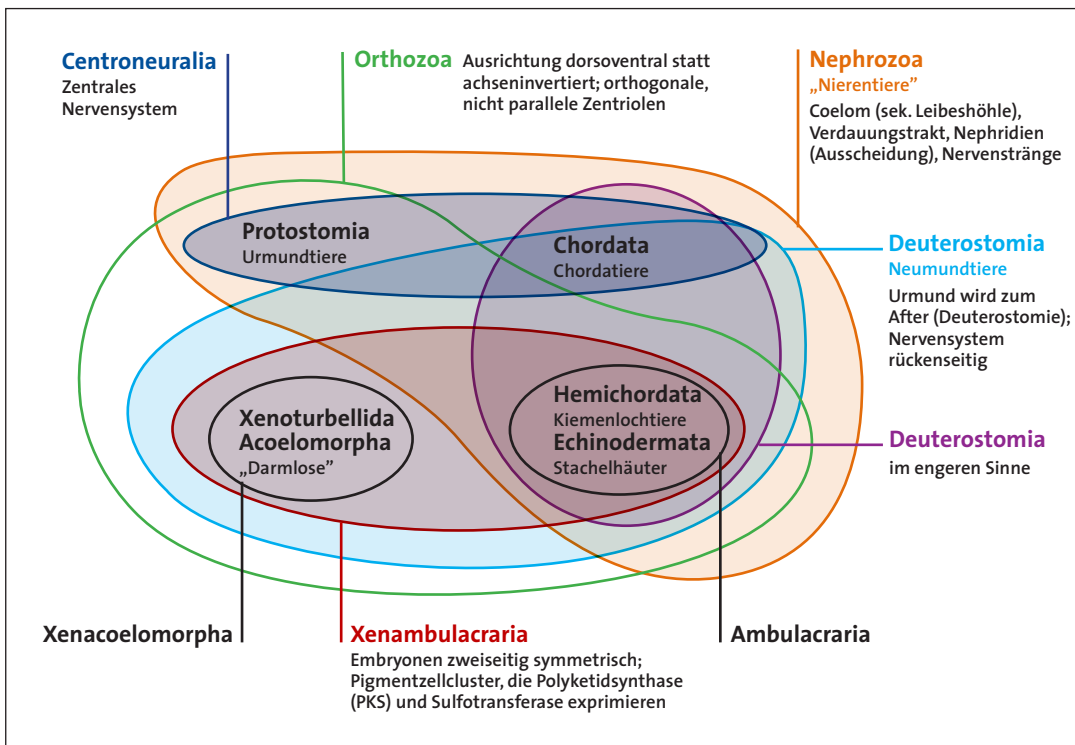


Abb. 9 Vorschläge verschiedener Gruppierungen unter den Bilateria (Zweiseitentiere). Einige verbindende Merkmale sind angegeben. Dazu kommen bei einigen Gruppen molekulare Gemeinsamkeiten. Die Beziehungen sind ausgeprägt vernetzt. Man kann zwar Gründe benennen, warum manche Gruppierungen nicht (mehr) bevorzugt werden, das ändert aber nichts daran, dass es jeweils gemeinsame verbindende Merkmale gibt. Die Verhältnisse sind noch komplizierter als dargestellt, z. B. kommt Deuterostomie auch bei manchen Protostomiiern vor (bei Chaetognatha, einigen Lophophorata, Nematomorpha, Arthropoda). Zudem ist die fossile Gruppe der Vetulicolia aufgrund ihres Merkmalsmosaiks nicht klar zuordenbar. (Darstellung auf der Basis von Angaben in CANNON et al. 2016, HEINOL et al. 2009, PHILIPPE et al. 2019, KAPLI et al. 2021, KAPLI & TELFORD 2020)

tiver phylogenetischer Methoden *wiederholt* geändert (S. 325). Phylogenetische Analysen führen zwar zu ähnlichen Stammbaumrekonstruktionen, decken jedoch immer wieder Unstimmigkeiten zwischen den phylogenetischen Positionen und dem ersten Auftreten der wichtigsten Gruppen im Fossilbericht auf (S. 328). Die Forscher interpretieren den Befund evolutionär so, dass die Entstehung von verschiedenartigen Körpermerkmalen der Stachelhäuter in der frühen Evolutionsgeschichte der Gruppe extrem schnell verlief (S. 328) und resümieren: „Angesichts der Schwierigkeiten bei der Feststellung von Homologien zwischen den Stachelhäutergruppen, der großen morphologischen Unterschiede zwischen den frühen Formen der Stachelhäuter und der unvollständigen kambrischen Überlieferung ist die Rekonstruktion des LCA [last common ancestor] der Stachelhäuter eine große Herausforderung“ (S. 333). Die Annahme einer schnellen Diversifizierung ist jedoch nur eine Ad-hoc-Hilfshypothese, für die es keine unabhängigen Belege gibt.

Zwischen den Taxa der Stachelhäuter bestehen große morphologische und ökologische Unterschiede von Beginn der Fossilüberlieferung an.

- Nach der aktuellsten Phylogenie der Stachelhäuter ist die radiale Symmetrie der Stachelhäuter abgeleitet und nicht ursprünglich. Allerdings tauchen bilaterale und asymmetrische Stachelhäuter fossil erst ca. 20 MrJ später als die radiärsymmetrischen Formen auf, nämlich erst in der Mitte der 4. Stufe des Kambriums (514–509 MrJ) – statt zu dessen Beginn wie beim Großteil der Stachelhäuter; nach TOPPER et al. (2019) bereits deutlich früher in der 1. Stufe (Fortunium, ca. 541–521 MrJ). Diese Situation könnte nach Auffassung von NANGLU et al. (2023) ein Indiz dafür sein, dass sich die Biomineralisierung unabhängig in mehreren Linien entwickelt hat. Allerdings spricht die komplizierte Natur des Stachelhäuter-Stereoms⁵ stark für einen *einzigsten* Ursprung (S. 340). Aufgrund dieser Situation spekulieren die Forscher, dass die Stachelhäuter eine extrem hohe morphologische Evolutionsrate aufweisen könnten (S. 340).

Aussehen des Ur-Deuterostomiers

NANGLU et al. (2023) versuchen trotz des kontroversen Diskussionsstandes und der Merkmalswidersprüche das Aussehen des mutmaßlichen gemeinsamen Vorfahren der Deuterostomier zu rekonstruieren. Die Autoren vermuten, dass dieser Vorfahr ein ähnliches Genregulationssystem für die Ausbildung der Körperachse

(„anterior-posterior“) wie die modernen Eichelwürmer und Schädelloser (Acrania bzw. Cephalochordata wie Lanzettfischchen) besaß, eine einfache planktonische Larvenform hatte, Kalziummineralien in begrenztem Umfang ausscheiden konnte und dass eine aus einfachen Poren bestehende Schlundregion ausgebildet war. Im erwachsenen Zustand soll dieses hypothetische Tier wahrscheinlich beweglich gewesen sein, im Gegensatz zu einem früher angenommenen sessilen* Ursprung.

Es ist klar, dass eine solche Rekonstruktion ziemlich spekulativ bleiben muss. Denn der Fossilbericht ist nicht aussagekräftig genug und aus evolutionärer Perspektive extrem lückenhaft. Und die Merkmalskombinationen sind so unterschiedlich, dass daraus kein klarer Favorit für einen Ur-Deuterostomier erschlossen werden kann. Diese Feststellung findet sich ähnlich auch bei CONG et al. (2014, 65): „Die Erkennung eines Stamm-Deuterostomiers im Fossilbericht ist eine Herausforderung, da erhebliche Unsicherheit über den wahrscheinlichen Körperbau des letzten gemeinsamen Vorfahren der Deuterostomier besteht [...] und weil es nur wenige identifizierbare Synapomorphien von Deuterostomiern gibt.“

Schlussfolgerungen

Die Schwierigkeiten, eine stimmige Systematik zu entwickeln, rühren daher, dass in einem evolutionstheoretischen Deutungsrahmen die Existenz *eines* einzigen bestimmten *Stammbaums* angenommen werden muss, der im Idealfall auch rekonstruierbar sein sollte. Die Verteilung der Merkmale führt jedoch je nach Gewichtung zu *unterschiedlichen* und sich widersprechenden phylogenetischen Rekonstruktionen. Immer wieder auftretende Umgruppierungen von Taxa und umstrittene Positionen von Taxa je nach zugrunde gelegten Datensätzen belegen, dass die Merkmalsverteilung eine *stammbaumförmige* Darstellung häufig massiv erschwert. Selbst hochrangige Merkmale wie die Deuterostomie (Bildung des Neumundes) sind nicht geeignet, um für klare Verhältnisse zu sorgen. Besonders frappierend ist die Kombination von Protostomier- und Deuterostomier-Merkmalen bei den fossilen Vetulicolia (gleichsam eine paradoxe Mischung aus Gliederfüßer und Chordatier). Hinzu kommen Feststellungen wie solche, dass die Yunnanozoen „in fast jede denkbare Position der Deuterostomier eingeordnet“ werden können oder dass bei den Hemichordaten „nahezu jedes denkbare Merkmal und jede Merkmalskombination synchron auftritt“ (NANGLU et al. 2023, 324+337). Diese Befunde sprechen für eine freie Kombinierbarkeit von Merkmalen

(Baukastensystem) und eine eher netzförmige Beziehung der Merkmale (vgl. Abb. 9). Diese Freiheit hat ein Schöpfer, nicht jedoch ein an bestimmte Mechanismen und jeweilige Vorkonstruktionen gebundener Evolutionsprozess.

Die beschriebenen Befunde können aus Schöpfungsperspektive so gedeutet werden, dass die Anzahl von eigenständig erschaffenen Gruppen (Grundtypen) mit heute unbekanntem Merkmalsmosaik vor deren Aussterben viel höher war als heute. Wahrscheinlich sind massive Umweltänderungen im Laufe der Erdgeschichte die wesentliche Ursache dafür, dass von der ursprünglichen Vielzahl von Grundtypen ganz unterschiedlicher hochrangiger Taxa (wie Stämme und Klassen) nur ein Teil mit entsprechend geeigneten Merkmalskombinationen überleben konnte. Dabei ist allerdings aufgrund bisheriger Grundtyp-Studien davon auszugehen, dass hochrangige Taxa wie Stämme und Klassen wohl nur als eine menschengemachte begriffliche Zusammenfassung von verschiedenen Grundtypen zu verstehen sind, da die Schöpfungseinheiten eher auf mittlerer systematischer Ebene (am ehesten auf Familienebene) zu suchen sind (CROMPTON 2018, 10–12; ähnlich BEHE 2019, 152–156).

Auch die Fossilüberlieferung erfüllt evolutionstheoretische Vorhersagen nicht. Das sehr schnelle Auftreten einer enormen Verschiedenartigkeit im Kambrium und das weitgehende Fehlen von Fossilien mutmaßlicher Vorfahren in älteren Schichten entspricht nicht evolutionstheoretischen Erwartungen (vgl. JUNKER 2014; 2022).

Dank. Benjamin Scholl verdanke ich zahlreiche wertvolle Hinweise, Ergänzungen und Verbesserungsvorschläge.

Anmerkungen

- ¹ Unter den ausgestorbenen Arten gibt es auch zweiseitig-symmetrische und asymmetrische Formen.
- ² Es gibt allerdings Ausnahmen, daher ist dieses Merkmal nicht alleine entscheidend für die Zuordnung zu den beiden Gruppen (siehe Text).
- ³ Eine Chimäre kombiniert in der griechischen Mythologie die Merkmale verschiedener Tiergruppen.
- ⁴ Zu dieser Gruppe stellte man sessile Tiere, die sich als Filtrierer im Wasser ernähren: Armfüßer (Brachiopoda), Moostierchen (Bryozoa) und Hufeisenwürmer (Phoronida).
- ⁵ Ein Kalziumkarbonat, aus dem die inneren Skelette aller Stachelhäuter aufgebaut sind.

Literatur

- BEHE M (2019) Darwin Devolves: The New Science About DNA That Challenges Evolution (English Edition). Kindle Ausgabe. HarperOne.
- CANNON JT, COSSERMELLI B, SMITH J III, RONQUIST F, JONDELIUS U & HEJNOL A (2016) Xenacoelomorpha is the sister group to Nephrozoa. *Nature* 530, 89–93.
- CONG PY, HOU XG, ALDRIDGE RJ, PURNELL MA & LI

Glossar

Deuterostomia: Tiergruppen, bei deren Mitgliedern in der Entwicklung der Urmund zum After wird und der Mund neu gebildet wird.

Homologie: In evolutionstheoretischer Deutung eine Bauplanähnlichkeit, die auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt wird, die das Bauplanelement bereits besaßen.

Hox-Cluster: In der Ontogenese wichtige Gruppe regulatorisch wirksamer Gene; enthalten einen identischen Genabschnitt, der für einen spezifischen Proteinabschnitt (Homeobox) codiert.

Klade: (gr.) Zweig, geschlossene → monophyletische Abstammungsgemeinschaft.

Konvergenz: Vorkommen ähnlicher Strukturen und Funktionen einzelner Organe bei nicht abstammungsmäßig verwandten Organismen.

Kutikula: bei Tieren ein Außenskelett; eine von der äußersten Zellschicht nach außen abgeschiedene stabile Hülle.

monophyletisch: alle Nachfahren einer

hypothetischen Stammart umfassend.

paraphyletisch: Die Mitglieder einer Gruppe stammen zwar alle von einer einzigen Stammart ab, aber diese Gruppe umfasst nicht alle Nachfahren dieser Stammart.

Protostomia: Tiergruppen, bei deren Mitgliedern in der Entwicklung der Urmund zum definitiven Mund wird.

radiale Teilung: Bei der radialen Teilung sind die Blastomere (Zellen, die durch Zellteilung durch Abschnürung entstanden sind) so angeordnet, dass die Blastomere jeder oberen Schicht direkt über denen der direkt darunter liegenden Schicht liegen.

sessil: (auf einem Untergrund) festsitzend.

Synapomorphie: gemeinsames abgeleitetes („höherentwickeltes“) Merkmal.

Taxon: (pl. Taxa): systematische Gruppe bzw. eine Einheit im System der Lebewesen wie Arten, Gattungen, Familien, Ordnungen, Klassen oder Stämme.

YZ (2014) New data on the palaeobiology of the enigmatic yunnanozoans from the Chengjiang Biota, Lower Cambrian, China. *Paleontology* 58, 45–70.

CROMPTON N (2018) Die genetische Familie der Haliotidae – Hybridisierung, Fortpflanzungsisolierung und sympatrische Artbildung. *W+W Special Paper B-18-2*, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/halio-tidae-hybridisierung-sympatrische-artbildung/>.

HEJNOL A, OBST M et al. (2009) Assessing the root of bilaterian animals with scalable phylogenomic methods. *Proc. R. Soc. B* 276, 4261–4270.

JUNKER R (2014) Zur neueren Diskussion über die kambriische Explosion. *W+W Special Paper B-14-1*, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-14-1_kambriische_explosion.pdf

JUNKER R (2022) Ein Update zur „Kambriischen Explosion“. *Stud. Integr. J.* 29, 103–106.

KAPLI P, NATSIDIS P et al. (2021) Lack of support for Deuterostomia prompts reinterpretation of the first Bilateria. *Sci. Adv.* 7, eabe2741.

KAPLI P & TELFORD MJ (2020) Topology-dependent asymmetry in systematic errors affects phylogenetic placement of Ctenophora and Xenacoelomorpha. *Sci. Adv.* 6, eabc5162.

NAKANO H, MIYAZAWA H et al. (2017) A new species of *Xenoturbella* from the western Pacific Ocean and the evolution of *Xenoturbella*. *BMC Evol. Biol.* 17, 245.

LANGLU K, COLE SR, WRIGHT DF & SOUTO C (2023) Worms and gills, plates and spines: the evolutionary origins and incredible disparity of deuterostomes revealed by fossils, genes, and development. *Biol. Rev.* 98, 316–351.

PHILIPPE H, POUSTKA AJ et al. (2019) Mitigating anticipated effects of systematic errors supports sister-group relationship between Xenacoelomorpha and Ambulacraria. *Curr. Biol.* 29, 1818–1826.

TOPPER TP, GUO J, CLAUSEN S, SKOVSTED CB & ZHANG Z (2019) A stem group echinoderm from the basal Cambrian of China and the origins of Ambulacraria. *Nat. Commun.* 10:1366.

Anschrift des Verfassers:

Reinhard Junker, SG Wort und Wissen,

Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbrunn;

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

Besaß *Australopithecus* einen menschlichen aufrechten Gang?



Die Frage, ob *Australopithecus* eine Übergangsform auf dem Weg hin zum menschlichen Gang darstellt, ist von essenzieller Bedeutung bei der Frage, ob der Mensch evolvierte oder ob er erschaffen wurde. Michael BRANDT (2023a) gibt in einem neuen Special Paper spannende Hinweise zur Fortbewegung von *Australopithecus*, die hier zusammengefasst werden.

Benjamin Scholl & Michael Brandt

Vorstellungen zur Fortbewegung des sogenannten „Vormenschen“ *Australopithecus afarensis*

Der gewohnheitsmäßig schreitende Gang des Menschen stellt unter allen Primaten (Menschen und Affen) eine Besonderheit dar. Von den meisten Evolutionsbiologen wird jedoch argumentiert, dass auch manche ausgestorbene „Vormenschen“ bereits gewohnheitsmäßig aufrecht auf zwei Beinen gehen konnten. Damit spreche ihre Fortbewegungsweise dafür, dass es sich um Bindeglieder zwischen Menschenaffen und den Menschen handelt. Von allen Australomorphen (die im Grundtypmodell als separat erschaffene und ausgestorbene Großaffen gedeutet werden) besitzt *Australopithecus (A.) afarensis* bei der Frage nach der Evolution des aufrechten Gangs die größte Bedeutung. Dies liegt zum einen daran, dass das als „Lucy“ benannte

Skelett von *A. afarensis* ziemlich vollständig ist, sodass diese Spezies Weltruhm erlangte; und zum anderen daran, dass *A. afarensis* unter den Australomorphen die passendsten Merkmale für eine solche Übergangsposition besitzt.

Unter allen Australomorphen wäre *Australopithecus afarensis* der beste Kandidat für eine vermutete Übergangsposition hin zum typisch menschlichen Gang.

Michael BRANDT (2023a) hat die für diese gängige Sicht vorgebrachten Befunde und Argumente untersucht und einen Überblick über die wissenschaftlichen Arbeiten zusammengestellt, die Zweifel an der Theorie wecken, dass sich *A. afarensis* wirklich gewohnheitsmäßig zweibeinig oder gar typisch menschlich zweibeinig fortbe-

Introbild Das rekonstruierte Skelett von „Lucy“ (*Australopithecus afarensis*) im zweibeinig menschenähnlichen Gang (links), wie es häufig popularisiert wird. In diesem Artikel wird stattdessen eine langsame, nichtmenschlich zweibeinige sowie eine schnelle, vierfüßige Fortbewegung (rechts) am Boden diskutiert. (verändert nach Marion Bernhardt; Details zur Skelettrekonstruktion: s. Abb. 4; Hintergrundbild: Adobe Stock)

wegt hat. Letzteres wird bis heute von einigen Forschern behauptet, die einen *obligaten* (unerlässlichen) zweibeinigen Gang bei *A. afarensis* vertreten und bei dieser Spezies keine funktionell signifikanten Kletteranpassungen sehen.

Eine besondere Bedeutung bei der Kritik an dieser Sichtweise hat die Analyse des Körperskeletts durch STERN & SUSMAN (1983), wonach sich *A. afarensis* zwar *biped* (zweibeinig) fortbewegen konnte – aber eben nicht auf menschliche Art und Weise. Dennoch sehen auch diese Autoren diese Spezies als „beinahe Bindeglied“ zum Menschen an.

Außerdem identifizierten STERN & SUSMAN (1983) zahlreiche Klettermerkmale bei *A. afarensis*. In der Folgezeit wurden weitere Daten zusammengetragen, die diese Sicht auf *A. afarensis* (STERN 2000) und andere Australomorphen – einschließlich des sogenannten „*Homo*“ *habilis* – als zeitweise kletternde Großaffen unterstützen (BRANDT 1995; 2023b, c, SCHOLL 2022a). Dementsprechend geht heute die größere Zahl von Forschern zwar von einer *hauptsächlichen* (primären) zweibeinigen Fortbewegung von *A. afarensis* aus – aber mit einer anderen Körperhaltung als beim Menschen (z. B. gebeugte Hüfte und Knie, größere Beckenbewegungen). Ein solcher Gang war dementsprechend auch weniger energieeffizient als beim Menschen.

Allerdings gibt es neben einem menschlichen aufrechten Gang bzw. einem nichtmenschlichen zweibeinigen Gang noch eine wenig beachtete dritte Option zur Fortbewegungsweise von *A. afarensis* am Boden – nämlich eine vierbeinige Fortbewegung.

Das Wadenbein

Die meisten Studien über die Fortbewegung vermeintlicher „Vormenschen“ beschäftigen sich mit Oberschenkelknochen, Schienbein und Fußknochen. Allerdings zeigen neuere Studien, dass man anhand des Wadenbeins ebenfalls wichtige Schlüsse auf die Fortbewegungsweise ziehen kann (MARCHI 2007; 2015a, b; MARCHI et al. 2019; 2022).

Die Dicke des Knochenschaftes des Wadenbeins im Vergleich zum Schienbein hängt bei heutigen Großaffen mit der Position von Fuß und Bein beim Fortbewegen in Bäumen zusammen (MARCHI et al. 2019). So ist das Wadenbein bei Großaffen, die senkrecht am Baum hoch- und runterklettern und dabei das Knie seitlich abspreizen, wesentlich stärker belastet als bei Menschen, die zweibeinig gehen. Aus der Dicke des Schaftes des Wadenbeins im Verhältnis zum Schienbein kann man daher Rückschlüsse darauf ziehen, ob eine Affenart eher in Bäumen oder am Boden lebt. Die diesbezügliche Analy-

Kompakt

Eine zentrale Frage in Bezug auf eine vermeintliche Evolution des Menschen aus dem Tierreich lautet: Stellt das berühmte Fossil „Lucy“ von *Australopithecus (A.) afarensis* tatsächlich eine Übergangsform auf dem Weg hin zum menschlich ausdauernden Gang dar, wie häufig von Wissenschaftlern behauptet wird? BRANDT (2023a) zeigt anhand vieler Beispiele auf, dass solche Merkmale, die in der Literatur als Belege eines menschlichen zweibeinigen Ganges bei *A. afarensis* gedeutet werden, entweder auch bei vierfüßigen Affen vorkommen oder hinsichtlich der Interpretation der Fortbewegungsweise unsicher sind. Stattdessen plädiert er auf Grundlage der Befunde für einen Fortbewegungsmix auf dem Erdboden statt für einen spezialisierten menschlichen Gang. Die Merkmale deuten insgesamt auf eine Vierfüßigkeit und auf nichtmenschliche Zweibeinigkeit von *A. afarensis* hin, wie es ähnlich auch bei heutigen Affen vorkommt.

se von MARCHI et al. (2019) ergab, dass der „Turkana Boy“ der Spezies *Homo erectus* (ein echter Mensch) eine dem heutigen Menschen sehr ähnliche relative Stärke des Wadenbeins besaß. Das Fossil OH 35, das mehrheitlich dem australomorphen „*Homo*“ *habilis* zugeordnet wird, war hingegen Schimpansen bzw. Orang-Utans sehr ähnlich, welche sich häufig bzw. sehr häufig auf Bäumen fortbewegen. Für *Australopithecus* liegt ein entsprechender Vergleich aber leider noch nicht vor.

Die für die Fortbewegung wichtige Wadenbein-Schaftdicke ähnelte bei Australomorphen wie „*Homo*“ *habilis* stark dem Schimpansen bzw. Orang-Utan.

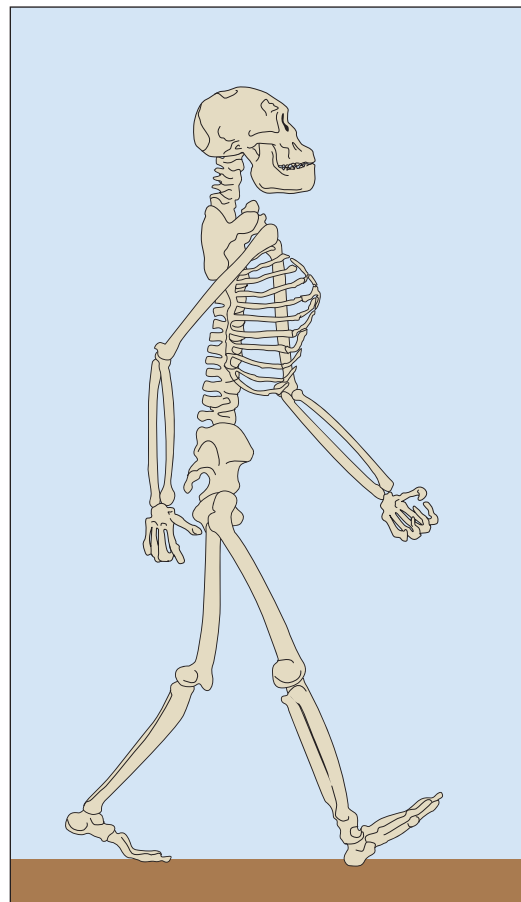


Abb. 1 Weit verbreitete Darstellung von AL 288-1 („Lucy“), einem zu 40 % erhaltenen *Australopithecus afarensis*-Teilskelett, nach einer Rekonstruktion von C. Owens Lovejoy (nach JOHANSON & EDGAR 1998). Ob sich „Lucy“ tatsächlich menschlich aufrecht (wie häufig behauptet wird), nichtmenschlich zweibeinig oder vierfüßig auf dem Boden fortbewegte, stellt die Forschungsfrage dieses Artikels dar. (Grafische Darstellung von Johannes Weiss nach JOHANSON & EDGAR 1998)

Zusätzlich ermöglicht auch der Bau des *distalen* (körperfernen) Wadenbeins, welches zusammen mit Schienbein und Sprungbein das obere Sprunggelenk bildet, Rückschlüsse auf die Fortbewegung. So beschrieben STERN & SUSMAN (1983) am körperfernen Wadenbein von *A. afarensis* Merkmale, die mehr den Großaffen als den Menschen ähneln. Allerdings bestritten LATIMER et al. (1987) und DE SILVA (2009), dass man daraus auf eine großaffenähnliche Belastungsweise des Sprunggelenks schließen kann. Bei einer neueren Analyse dieses Wadenbeinbereichs kommt MARCHI (2015b) aber zu dem Ergebnis, dass bei *A. afarensis* neben Merkmalen, die mit einem menschlichen Gang vereinbar wären, auch großaffenähnliche Merkmale vorhanden waren. So weisen Winkel und Form der Gelenkflächen auf eine Form von Klettern bei *A. afarensis* hin. Allerdings ist die Gesamtform des körperfernen Wadenbeins von *A. afarensis* einmalig im Vergleich mit Menschen und Menschenaffen, was demensprechend auch für eine spezielle Art der Unterschenkelbelastung bei der Fortbewegung spricht (vgl. MARCHI 2015b) – und eben nicht für einen typisch menschlichen Gang.

Die Gesamtform des körperfernen Wadenbeins von *Australopithecus afarensis* ist im Vergleich mit Menschen und Menschenaffen einmalig.

MARCHI et al. (2022) untersuchten schließlich noch die subkutane (unter der Haut liegende) trianguläre Oberfläche (STO) des körperfernen Wadenbeins im Verhältnis zu den betreffenden Muskeln (Peronealmuskeln). Die STO ist bei

Menschen anders gestaltet als bei den ans Klettern angepassten Schimpansen (weiter nach oben ausgedehnt). Dies trägt zu einer anderen Konfiguration der beiden Wadenbeinmuskeln beim Menschen bei (kurzer Muskelbauch und lange Sehne), welche für die Kraftübertragung beim schnellen und sehr ausdauernden aufrechten Gehen notwendig ist. MARCHI et al. (2022) kamen zum Ergebnis, dass die STO von *A. afarensis* großaffenähnlich war und daher den Schluss auf großaffenähnliche und ans Klettern angepasste Muskelkonfigurationen nahelegt. Die verschiedenen Analysen der multimetrischen 3D-Messungen (Bivariate Streudiagramme der Principal Component Analysis) erbrachten Messwerte des körperfernen Wadenbeins von *A. afarensis*, die hauptsächlich großaffenähnlich bzw. einzigartig waren und keine nähere Ähnlichkeit zum Menschen aufwiesen. Solche Merkmale des körperfernen Wadenbeins sprechen eher für Klettern als für eine zweibeinige Fortbewegung. Das gilt auch für die hohe Beweglichkeit des oberen Sprunggelenks. Auf jeden Fall ist aufgrund der einzigartigen Merkmale bei *A. afarensis* nicht von einem ausdauernden schreitenden menschlichen Gang auszugehen. Ähnlich wie heutige Primaten (vgl. Abb. 2), könnte sich *Australopithecus* aber *fakultativ* (gelegentlich) auf nichtmenschliche Weise zweibeinig fortbewegt haben.

Da aber eine solche nichtmenschliche zweibeinige Fortbewegung nicht effektiv war, spricht sich BRANDT (2023a) dafür aus, dass *A. afarensis* zur schnellen bzw. effektiven Fortbewegung auf dem Boden noch eine alternative Fortbewegungsweise praktiziert haben muss – zum Beispiel, um vor den vielfältigen damaligen Raubtieren zu fliehen. So sprechen die großaffenähnlichen Merkmale des körperfernen

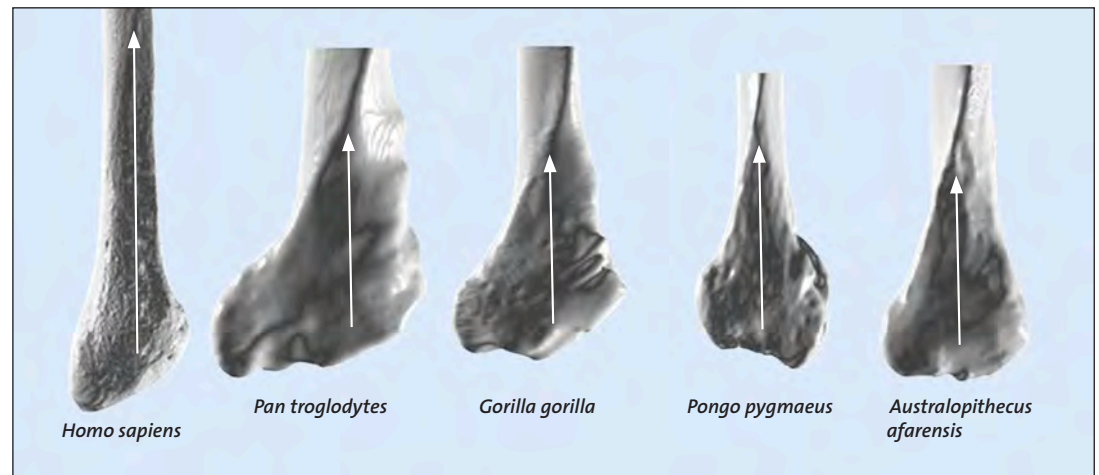


Abb. 2 Das durchschnittliche körperferne Wadenbein (seitliche Ansicht) des lebenden Menschen, der drei lebenden Großaffengattungen und von *Australopithecus afarensis*. Die Pfeile markieren die subkutane trianguläre Oberfläche (STO). Die STO ist craniocaudal (von oben nach unten) beim Menschen lang, bei den drei Großaffengattungen und *Australopithecus afarensis* dagegen kurz. Die Länge der STO korreliert mit der Struktur der Peronealmuskeln; beim Menschen finden sich kurze Muskelbäuche und lange Sehnen, bei den Großaffen dagegen lange Muskelbäuche und kurze Sehnen. Aufgrund dieser Beziehung und der Funktion der Peronealmuskeln ergeben sich Konsequenzen für eine zweibeinige Fortbewegung von *Australopithecus afarensis*. (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>, aus MARCHI et al. (2022), grafische Bearbeitung Johannes Weiss).

Wadenbeins für eine vierfüßige Fortbewegung am Boden, die in unterschiedlicher Art und Weise sowie Häufigkeit auch bei heutigen Menschenaffen auftritt.

Weitere Hinweise auf die Fortbewegungsweise von *A. afarensis*

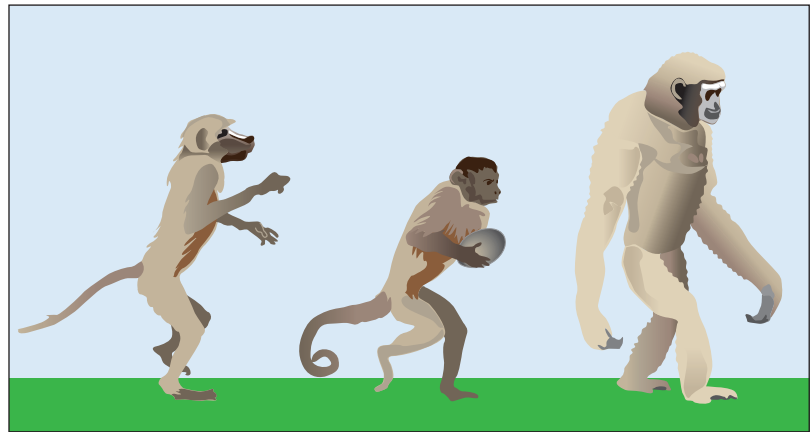
MARCHI et al. (2022) wollen aber (möglicherweise aus evolutionstheoretischen Gründen) doch an einem recht effektiven zweibeinigen Gang von *Australopithecus afarensis* festhalten und verweisen diesbezüglich auf Merkmale des Beckens, des Knies und des Fußes.

BRANDT (2023a) widerspricht dieser Idee, da die Darmbeinschaukeln von *Australopithecus* zwar menschenähnlicher als beim Schimpansen sind, aber auch einzigartige Merkmale aufweisen (z. B. sind sie noch breiter als beim Menschen und in der Ebene von vorn nach hinten anders ausgerichtet). So unterscheiden sich nach CHURCHILL & VANSICKLE (2017) insgesamt 33 von 35 Beckenmerkmalen bei *Australopithecus* und modernem Menschen, was bedeutet, dass *Australopithecus* kaum eindeutig menschliche Beckenmerkmale besitzt. Viele menschenunähnliche Beckenmerkmale dürften auch die Fortbewegung beeinflusst haben; allerdings sind die Zusammenhänge von Merkmalen und Funktionen weitgehend spekulativ.

Eine Reihe weiterer Merkmale steht in Verbindung mit dem menschlichen Gang (weil z. B. die Arme mitschwingen und die Hüfte sich dreht). So listen BRAMBLE & LIEBERMAN (2004) 26 funktionelle Merkmale des Gehens beim Menschen auf, die alle bei *A. afarensis* fehlen (vgl. die Liste von BRANDT 2023a, Anhang 1).

BRAMBLE & LIEBERMAN (2004) listen 26 funktionelle Merkmale des Gehens beim Menschen auf, die alle bei *Australopithecus afarensis* fehlen.

ZUCKERMAN und Kollegen sowie OXNARD setzten sich schon früh für eine vierfüßige Fortbewegung von *Australopithecus* auf dem Boden und auch in Bäumen ein. So kamen ZUCKERMAN et al. (1973) zu dem Ergebnis, dass die für die Fortbewegung von Primaten relevanten Maße des Hüftknochens bei *A. africanus* (der häufig als direkter Nachfahre von *A. afarensis* angesehen wird) einmalig waren. Sie schlussfolgern, dass die Ausrichtung der weit ausladenden Darmbeinschaukeln keinen menschlichen Hüftspreizmechanismus und damit keinen menschlichen schreitenden Gang ermöglicht hat. Die Mobilität der Hinterbeine von *Australopithecus* spricht außerdem für akrobatische Kletterfähigkeiten. Infolgedessen kann man *Australopithecus*



– statt als Bindeglied – als von den heutigen Großaffen und den Menschen unabhängige dritte Gruppe von Lebewesen betrachten, die nach OXNARD (1975) auch keine Übergangsform der Fortbewegungsweise zwischen Großaffen und Menschen praktizierte. Daher vermutet OXNARD (1975) bei *A. africanus* ein Fortbewegungsrepertoire von nichtmenschlicher Zweibeinigkeit und vierfüßiger Fortbewegung sowie Klettern in Bäumen.

Diese Sichtweise bekommt Unterstützung von OXNARD & HOYLAND-WILKS (1994), die das Kräftemuster an verschiedenen Bereichen des Beckenmusters in unterschiedlichen Fortbewegungsweisen bei Affen und Menschen analysiert haben. Das Belastungsmuster des Beckens bei *A. africanus* war zwar besser für eine zweibeinige als für eine vierbeinige Fortbewegung ausgelegt, allerdings war es auch völlig verschieden von dem des Menschen. Außerdem war das Belastungsmuster von *A. africanus* bei der vierbeinigen Fortbewegung dem von Tieraffen und Menschenaffen ganz ähnlich. Dieses überraschende und einzigartige Muster wird von OXNARD & HOYLAND-WILKS (1994) so gedeutet: *A. africanus* besaß wahrscheinlich eine nichtmenschliche Zweibeinigkeit, welche ergänzend zu einer Form von Vierbeinigkeit hinzukam.

Das einzigartige Becken von *Australopithecus afarensis* kann man als Anpassung an eine nichtmenschliche Zweibeinigkeit deuten, welche ergänzend zu einer Form von Vierbeinigkeit hinzukam.

Während Menschen sehr auf den zweibeinigen-schreitenden Gang spezialisiert sind, liegen bei heutigen Affenarten jeweils mehrere verschiedene Fortbewegungsarten vor, was bedeutet, dass ihr Körperbau statt an eine einzige Fortbewegungsweise an einen ganzen Fortbewegungsmix angepasst ist. Da *A. afarensis* in vielen funktionell wichtigen Merkmalen vom

Abb. 3 Formen des nichtmenschlichen, wenig ausdauernden Gangs bei heutigen Primaten: Zweibeinig gehender Pavian, Kapuzineraffe mit Stein und Gibbon (v. l. n. r.). (Nach <https://pterosaurheresies.wordpress.com/2022/03/25/the-gibbon-hylobates-enters-the-lrt-alongside-other-bipedal-hominoids/>; DRUELLE et al. 2022; DUARTE et al. 2012; grafische Gestaltung Johannes Weiss)

Menschen abweicht (vgl. SARMIENTO 1998), widerspricht dies einer Spezialisierung auf den typisch menschlichen Gang und legt einen Fortbewegungsmix wie bei heutigen Affen in *Australopithecus*-spezifischer Kombination nahe.

Weitere Unterstützung erhält die Hypothese einer vierfüßigen Fortbewegung von *A. afarensis* durch die Beobachtung von SARMIENTO (1987), dass die Drehung des körperfernen Schienbeins nach innen (negative Torsion) für eine schlechte Eignung zum zweibeinigen Gehen, aber für gute Kletterfähigkeiten spricht. Um allerdings vor Räubern schnell auf Bäume flüchten zu können (was aufgrund der Bedrohung durch Raubtiere nach FERBER (2006) sowie HART & SUSSMAN (2006; 2011) auch nötig war), bleibt für *A. afarensis* am Boden dann nur eine vierbeinige Fortbewegungsweise als Alternative übrig. SARMIENTO (1994; 1998) untermauert die vierbeinige Fortbewegungsweise mit einer Reihe von Merkmalen, die *A. afarensis* unter den heutigen Großaffen mit den stark am Boden lebenden Gorillas teilt (vgl. BRANDT 2023a, Anhang 4+5).

Interessant ist auch, dass der Bau von Händen und Füßen bei heutigen Berggorillas menschenähnlicher ist als bei den Schimpansen, da Berggorillas stärker ans Bodenleben angepasst sind (vgl. SARMIENTO 1994). Bei *A. afarensis* entsprechen nun aber viele Merkmale vor allem Berggorillas oder sogar Tieraffen (vgl. BRANDT 2023a, Anhang 4+5) und eben nicht den Schimpansen, welche in evolutionären Modellen die gleichen Vorfahren wie *Australopithecus* besessen haben sollen.

Auch Dickenverhältnis und verschiedene Proportionen der Gliedmaßen sowie die Ausrichtung der Hüftpfanne bei *A. afarensis* sprechen für eine Gewichtsverteilung passend zur Vierfüßigkeit bei Tieraffen (vgl. SARMIENTO 1998). BRANDT (2023a) führt zudem eine Reihe neuerer Studien auf, die weitere Ähnlichkeiten von *A. afarensis* zu sich vierfüßig fortbewegenden Affen nachweisen.

Auch das schimpansenähnliche Innenohr von *A. afarensis* spricht – da es sich um das für die Fortbewegung essenzielle Gleichgewichtsorgan handelt – gegen einen gewohnheitsmäßigen zweibeinigen Gang und für eine vierfüßige Fortbewegung (vgl. BRANDT 2023c).

Neben SARMIENTO (1998) vermutete auch PROST (1980), dass eine Reihe von Merkmalen, die fälschlicherweise als Anpassungen an einen zweibeinigen Gang gedeutet wurden, besser als Anpassungen an das senkrechte Klettern an Bäumen erklärt werden können (vgl. BRANDT 2023a, Anhang 6).

Kritik an der Hypothese der Vierbeinigkeit von *Australopithecus afarensis*

Es gab auch hin und wieder Kritik an der Hypothese von der Vierbeinigkeit von *A. afarensis*. So kritisieren SENUT & TARDIEU (1985) aufgrund des Randes einer Grube (Fossa olecrani) am Oberarmknochen, dass das Ellenbogengelenk von *A. afarensis* nicht so stabil wie bei heutigen Großaffen war und daher für eine vierfüßige Fortbewegung wahrscheinlich nicht geeignet gewesen sei. BRANDT (2023a) gibt aber zu bedenken, dass die Armknochen von *A. afarensis* im Bereich des Ellenbogengelenks viele schimpansenähnliche Merkmale besaßen; daher ist eine einzige zarte Knochenstruktur wohl nicht geeignet, die Stabilität bzw. Fortbewegungsweise des kompletten Ellenbogengelenks zu beurteilen. Darüber hinaus werden nichtknöcherne Strukturen, die für die Stabilität eines Gelenkes von Bedeutung sind, fossil auch gar nicht überliefert, was Schlussfolgerungen erschwert.

BRANDT (2023a) entkräftet zudem häufig angeführte Argumente für eine dauerhafte Zweibeinigkeit von *A. afarensis*: Das oft genannte *menschenähnliche Fußgewölbe* lässt sich aufgrund der Fossilfunde bei *A. afarensis* nämlich gar nicht sicher nachweisen (vgl. BRANDT 2023c). Zudem führt ein hoher Gelenkwinkel des Oberschenkels am Knie (sogenanntes nach innen zeigendes *Valgusknie*) aufgrund anderer Körpermerkmale bei *A. afarensis* nicht unbedingt zu einer menschlichen Knieposition, sondern lässt sich auch durch senkrecht Klettern erklären. Auch den Einwand von WARD (2002), dass manche zum Gorilla unähnliche Merkmale einer Vierfüßigkeit im Weg stünden, lässt BRANDT (2023a) nicht gelten, da bei heutigen Affen nicht nur die vierfüßige Fortbewegung des Gorillas, sondern ganz viele verschiedene vierfüßige Fortbewegungsweisen existieren. Weitere angeblich zweibeinige Merkmale von *A. afarensis* kommen auch bei heutigen Affen vor (vgl. SARMIENTO & MARCUS 2000) und sind daher keine sicheren Hinweise für einen aufrechten oder gar menschlichen Gang.

Fazit

Von Paläoanthropologen wird leider oft direkt von einigen einzelnen menschenähnlichen Merkmalen auf eine typisch menschliche Zweibeinigkeit geschlossen. Von großaffenähnlichen Merkmalen leitet man wiederum häufig Kletteranpassungen in Bäumen ab, während verschiedene vierfüßige Fortbewegungsweisen heutiger Affen am Boden oft ignoriert werden

(BRANDT 2023a; vgl. SCHOLL 2022b). Allerdings weisen auch heutige Großaffen und Tieraffen zahlreiche menschenähnliche Merkmale auf (vgl. BRANDT 2023a, Anhang 3), die bei diesen allerdings im Zusammenhang mit einer vierfüßigen Fortbewegung bzw. mit Klettern statt mit zweibeinigem Gang stehen. Daher kann man Fortbewegungsweisen eigentlich nur dann sicher rekonstruieren, wenn insgesamt *analoge* (vergleichbare) Merkmalskomplexe bei heute lebenden Affenarten vorliegen. Dass von fossilen Arten oft nur Knochenfragmente und oft nur wenige Individuen gefunden wurden, und dass breit angelegte Studien mit vielen Vergleichsarten aufwändig und teuer sind (und daher oft vermieden werden, vgl. SCHOLL 2022b), erschwert die Rekonstruktion der Fortbewegungsweise umso mehr.

Dies wird von folgendem Beispiel verdeutlicht: So kamen WARD et al. (2011) bei einem vierten Mittelfußknochen von *A. afarensis* bei einer kleinen Vergleichsprobe zu dem Schluss, dass keine Kletteranpassungen vorgelegen hätten. MITCHELL et al. (2012) untersuchten denselben Knochen mit viel mehr Vergleichsindividuen und -arten und kamen zu dem gegenteiligen Ergebnis, dass der Mittelfußknochen von *A. afarensis* Ähnlichkeiten mit Tieraffen und vor allem mit dem stark ans Bodenleben angepassten Östlichen Gorilla aufwies.

Solche Befunde zeigen, dass die Ergebnisse der Wissenschaftler häufig von ihren an die Fossilien herangetragenen Deutungsmodellen sowie

ihren methodischen Verfahren beeinflusst werden (vgl. SCHOLL 2022b).

Den Evolutionsbiologen kommt die Deutung, dass „Lucy“, die zur Art *A. afarensis* gehört, sich menschlich zweibeinig fortbewegte, zwar entgegen, sie widerspricht jedoch sehr vielen Befunden, die BRANDT (2023a) zusammengetragen hat. Vergleichsanalysen mit heute lebenden Arten offenbaren einen einzigartigen Merkmalsmix bei *A. afarensis*, der sicher mit einem einzigartigen Fortbewegungsrepertoire und nicht mit einem spezialisierten menschlich-aufrechten Gang zusammenhing. Zu dem Fortbewegungsverhalten von *A. afarensis* zählte neben Klettern und einem nicht effektiven und nicht dauerhaften zweibeinigen Gang sehr wahrscheinlich auch eine schnellere Form der vierfüßigen Fortbewegung auf dem Erdboden, die beispielsweise der Flucht diente.

Vergleichsanalysen mit heute lebenden Primaten offenbaren einen einzigartigen Merkmalsmix bei *A. afarensis*, der für ein einzigartiges Fortbewegungsrepertoire und gegen einen menschlich-aufrechten Gang spricht.

Damit ist festzuhalten, dass sich *A. afarensis* nicht als Übergangsform von der vierbeinigen Fortbewegung der Menschenaffen hin zum dauerhaften aufrechten Gang des Menschen eignet, wie Letzterer bereits bei *Homo erectus* gut

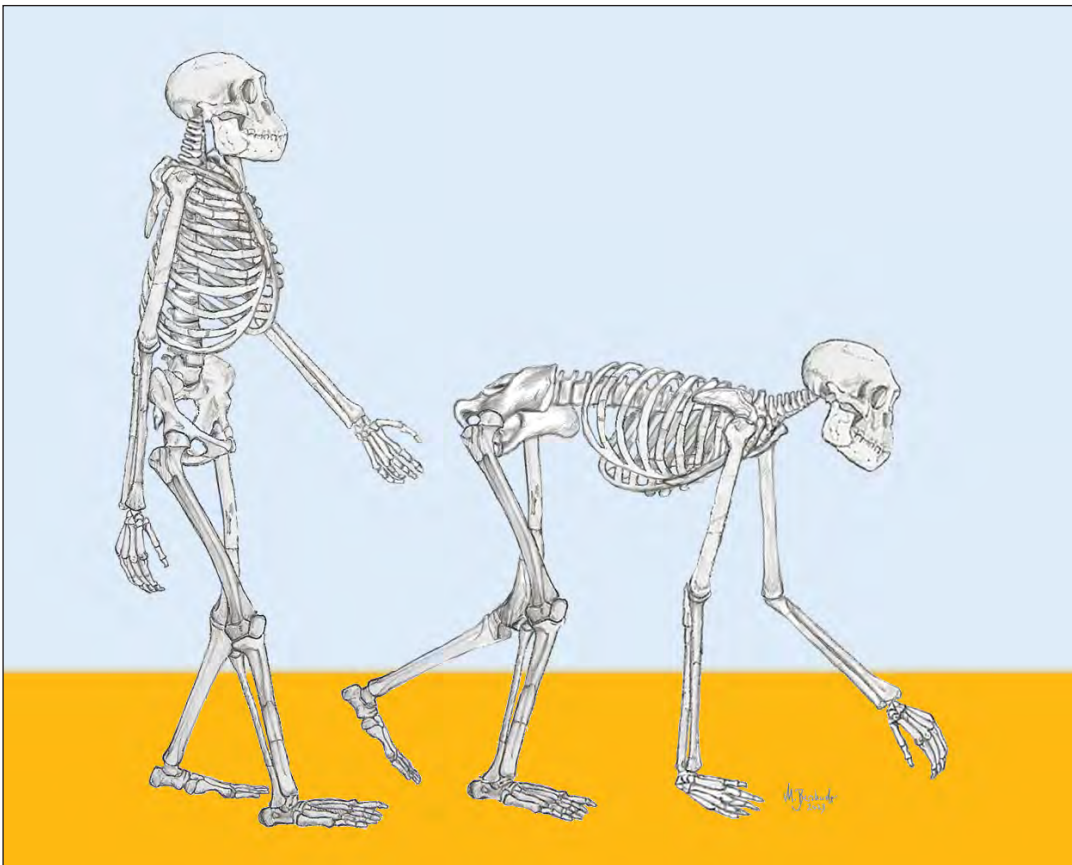


Abb. 4 *Australopithecus afarensis* (AL 288-1 namens „Lucy“) in rekonstruierter bipeder und quadrupeder Fortbewegung. „Lucy“ konnte auf dem Erdboden wahrscheinlich nur ineffektiv kurze Strecken langsam auf zwei Beinen gehen. Eine effektive Fortbewegung auf dem Erdboden über längere Strecken erfolgte dagegen wahrscheinlich auf allen Vieren. Außerdem kletterte *Australopithecus afarensis*. (Zeichnungen von Marion Bernhardt, zweibeinige Körperhaltung nach einem Foto des rekonstruierten Skeletts von Chip Clark, Smithsonian Institution, <https://humanorigins.si.edu/evidence/human-fossils/fossils/al-288-1>).

belegt ist (vgl. BRANDT 2023a; SCHOLL 2022a). Entgegen vieler anderslautender Behauptungen ist es wissenschaftlich nicht nachvollziehbar, wie *A. afarensis* mit einem einzigartigen Merkmalsmix aus teils menschen-, aber auch großaffen-ähnlichen sowie einzigartigen Merkmalen hätte menschlich aufrecht gehen können. Selbst die These, dass *A. afarensis* sich vor allem (primär) zweibeinig fortbewegte, scheint durch die Daten nicht gedeckt zu sein, welche aus Schöpfungsperspektive insgesamt stärker auf die Australomorphen als einen oder mehrere separat vom Menschen erschaffene Grundtypen hinweisen.

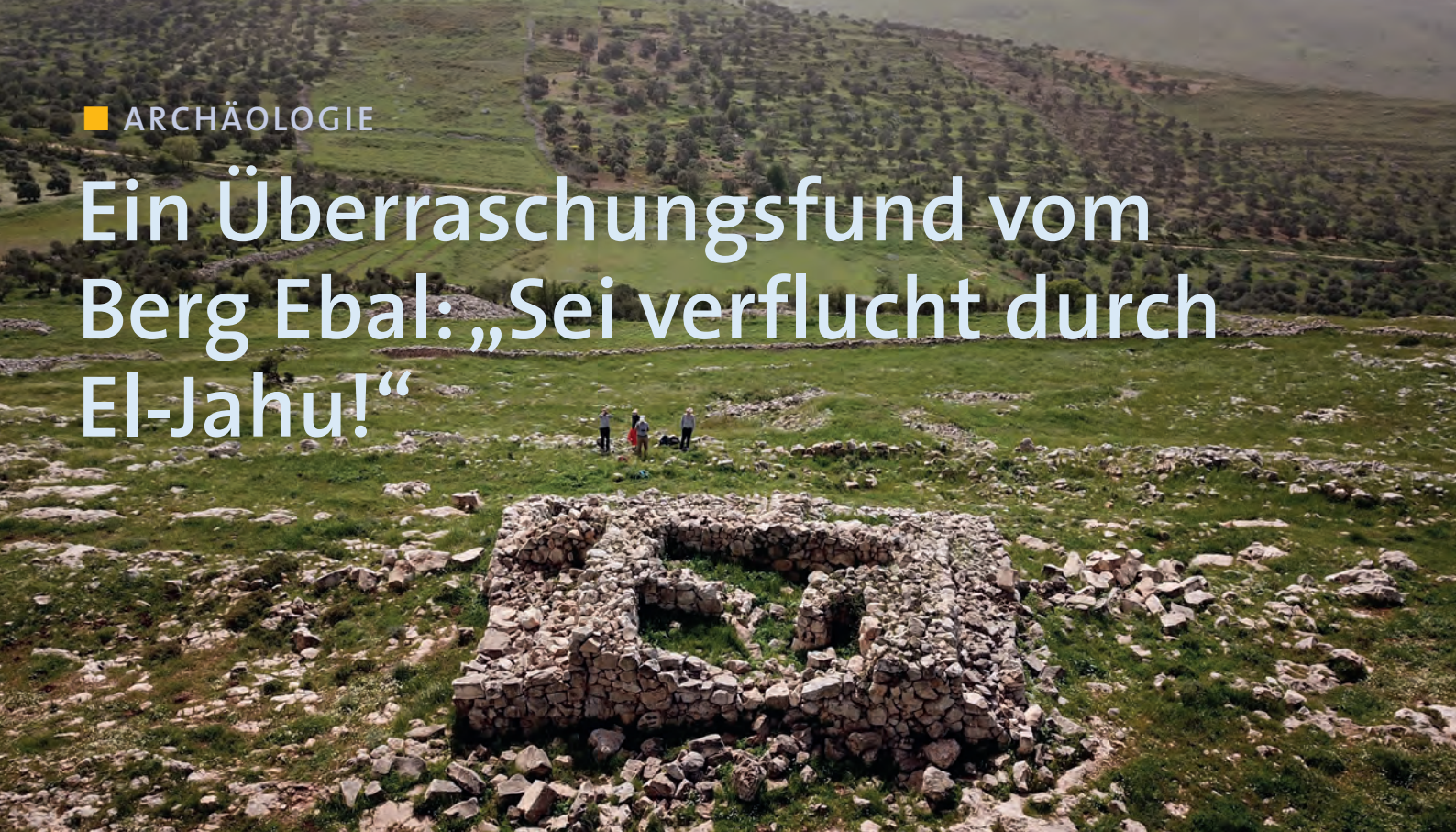
Literatur

- BRAMBLE D & LIEBERMAN D (2004) Endurance running and the evolution of *Homo*. *Nature* 432, 345–352.
- BRANDT M (1995) Der Ursprung des aufrechten Ganges. Neuhausen-Stuttgart.
- BRANDT M (2023a) *Australopithecus* – ein effizienter Zweibeiner? Starke Zweifel am Vormenschenstatus der Australopithecinen. W+W Special Paper. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-23-1_australopithecus.pdf.
- BRANDT M (2023b) „*Homo*“ *habilis* war kein Mensch. Kluft zwischen fossilen Menschen und Menschenaffen größer geworden. In: BRANDT M: Frühe Homininen. *Studium Integrale Special*, 2. erw. Aufl., S. 121–130.
- BRANDT M (2023c) Wie sicher sind Deutungen in der Paläoanthropologie? *Australopithecus sediba* und sein merkwürdiges Merkmalsmosaik. In: BRANDT M: Frühe Homininen. *Studium Integrale Special*, 2. erw. Aufl., S. 11–53.
- CHURCHILL SE & VANSICKLE C (2017) Pelvic morphology in *Homo erectus* and early *Homo*. *Anat. Rec.* 300, 964–977.
- DESILVA (2009) Functional morphology of the ankle and the likelihood of climbing in early hominins. *PNAS* 106, 6567–6572.
- DRUELLE F, ÖZÇELEBI J, MARCHAL F & BERILLON G (2022) Development of bipedal walking in olive baboons, *Papio anubis*: A kinematic analysis. *Am. J. Biol. Anthropol.* 177, 719–734.
- DUARTE M, HANNA J et al. (2012) Kinematics of bipedal locomotion while carrying a load in the arms in bearded capuchin monkeys (*Sapajus libidinosus*). *J. Hum. Evol.* 63, 851–858.
- FERBER D (2006) Preyed Upon, Hominids Began to Cooperate. *Science* 311, 1095.
- HART D & SUSSMAN RW (2011) The Influence of Predation on Primate and Early Human Evolution: Impetus for Cooperation. In: SUSSMAN RW & CLONINGER CR (ed.) *Origins of Altruism and Cooperation, Developments in Primatology: Progress and Prospects* 36, pp. 19–40. Springer Science+Business Media.
- JOHANSON D & EDGAR B (1998) *Lucy und ihre Kinder*. Heidelberg.
- LATIMER B, OHMAN JC & LOVEJOY CO (1987) Talocrural joint in African hominoids: Implications for *Australopithecus afarensis*. *Am. J. Phys. Anthropol.* 74, 155–175.
- MARCHI D (2007) Relative strength of the tibia and fibula and locomotor behavior in hominoids. *J. Hum. Evol.* 53, 647–655.
- MARCHI D (2015a) Variation in tibia and fibula diaphyseal strength and its relationship with arboreal and terrestrial locomotion: extending the investigation to non-hominoid primates. *J. Anthropol. Sci.* 93, 1–4.
- MARCHI D (2015b) Using the morphology of the hominoid distal fibula to interpret arboreality in *Australopithecus afarensis*. *J. Hum. Evol.* 85, 136–148.
- MARCHI D, HARPER CM, CHIRCHIR H & RUFF CB (2019) Relative fibular strength and locomotor behavior in KNM-WT 15000 and OH 35. *J. Hum. Evol.* 131, 48–60.
- MARCHI D, RIMOLDI A, GARCÍA-MARTÍNEZ D & BASTIR M (2022) Morphological correlates of distal fibular morphology with locomotion in great apes, humans, and *Australopithecus afarensis*. *Am. J. Biol. Anthropol.* 178, 286–300, doi: 10.1002/ajpa.24507.
- MITCHEL PJ, SARMIENTO EE & MELDRUM DJ (2012) The AL 333-160 fourth metatarsal from Hadar compared to that of humans, great apes, baboons and proboscis monkeys: Non-conclusive evidence for pedal arches or obligate bipedality in Hadar hominins. *Homo* 63, 336–367, doi: 10.1016/j.jchb.2012.08.001.
- OXNARD CE (1975) *Uniqueness and diversity in human evolution*. Chicago.
- OXNARD CE & HOYLAND-WILKS C (1994) Hominid bipedalism or bipedalism? The pelvic evidence. *Persp. Hum. Biol. No.* 4, 13–34.
- PROST JH (1980) Origin of bipedalism. *Am. J. Phys. Anthropol.* 52, 175–189.
- SARMIENTO EE (1987) Long bone torsions of the lower limb and its bearing upon the locomotor behavior of australopithecines. *Am. J. Phys. Anthropol.* 72, 250–251.
- SARMIENTO EE (1994) Terrestrial traits in the hands and feet of gorillas. *Am. Mus. Novitates* 3091, 1–56.
- SARMIENTO EE (1998) Generalized quadrupeds, committed bipeds, and the shift to open habitats: An evolutionary model of hominid divergence. *Am. Mus. Novitates* 3250, 1–78.
- SARMIENTO EE & MARCUS LF (2000) The os navicular of humans, great apes, OH 8, Hadar, and *Oreopithecus*: Function, phylogeny, and multivariate analyses. *Am. Mus. Novitates* 3288, 1–38.
- SCHOLL B (2022a) Homininen-Schädel: „Stolpersteine“ des Grundtypmodells? Eine schöpfungstheoretische Deutung der Funde von Dmanisi. W+W Special Paper B-22-1, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/homininen-schaedel/>.
- SCHOLL B (2022b) „Totales Chaos“ Unklare Abstammungsverhältnisse bei Menschenaffen und Menschen. W+W Special Paper B-22-2, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/miozaene-affen/>.
- SENUT B & TARDIEU C (1985) Functional aspects of Plio-Pleistocene hominid limb bones: Implications for taxonomy and phylogeny. In: DELSON E (ed.) *Ancestors: The hard evidence*. New York, pp. 193–201.
- STERN JT, JR. (2000) Climbing to the top: A personal memoir of *Australopithecus afarensis*. *Evol. Anthropol.* 9, 113–133.
- STERN JT, JR. & SUSMAN RL (1983) The locomotor anatomy of *Australopithecus afarensis*. *Am. J. Phys. Anthropol.* 60, 279–317.
- SUSMAN RW & HART D (2006) Early humans on the menu. [eurekaalert.org](http://www.eurekaalert.org/pub_releases/2006-02/wuis-eho021406.php), vom 18.02.2006, http://www.eurekaalert.org/pub_releases/2006-02/wuis-eho021406.php.
- WARD CV, KIMBEL WH & JOHANSON DC (2011) Complete fourth metatarsal and arches in the foot of *Australopithecus afarensis*. *Science* 331, 750–753.
- WARD CV (2002) Interpreting the posture and locomotion of *Australopithecus afarensis*: where do we stand? *Yearbook of Physical Anthropology* 45, 185–215.
- ZUCKERMAN S et al. (1973) Some locomotor features of the pelvic girdle in primates. *Symp. Zool. Soc. Lond.* 33, 71–165.

Anschrift der Verfasser:

Benjamin Scholl und Michael Brandt,
SG Wort und Wissen,
Rosenbergweg 29, 72270 Baidersbronn;
E-Mail: b.scholl@wort-und-wissen.de

Ein Überraschungsfund vom Berg Ebal: „Sei verflucht durch El-Jahu!“



Im Schutt einer Grabung am Berg Ebal entdeckten Scott STRIPLING und Abigail LEAVITT eine fast 3.500 Jahre alte beschriebene Fluchtafel aus Blei, deren Inhalt mit der biblischen Landnahme unter Josua in Verbindung stehen könnte. Eine epigraphische Studie, an der sich Peter VAN DER VEEN beteiligte, steht vermutlich in Zusammenhang mit Aussagen aus Deuteronomium (5. Mose) und Josua in der Bibel und erwähnt sogar eine Kurzform des Gottesnamens Jahwe. Der vorliegende Artikel fasst einen wissenschaftlichen Aufsatz in *Heritage Science* zusammen.

Scott Stripling, Abigail Leavitt und Peter van der Veen

Einleitung

Wenn die Berge rund um das antike Sichem sprechen könnten, hätten sie eine Menge zu erzählen. Im Alten Testament wird Sichem insgesamt 60-mal erwähnt. Hier, bei Elon More, schloss Abram den Bund mit Gott (1. Mose 12,6–7). Hier begruben die Israeliten die Gebeine Josefs, die sie aus Ägypten mitgenommen hatten (2. Mose 13,19; Jos 24,32). Und hier grub Jakob einen Brunnen, den Jesus später als Begegnungsort mit einer samaritanischen Frau nutzte (Joh 4,5–26). Hier erneuerte Josua nach den Eroberungen bei Jericho und Ai den abrahamischen Bund mit Israel (Jos 6–8), indem vom Berg Garizim Segen und vom Berg Ebal Flüche ausgesprochen wurden. Übrigens lag die Stadt Sichem zwischen den beiden Bergen. Im Rahmen dieser komplexen Zeremonie errichtete Josua einen Altar auf dem Berg Ebal:

„Damals baute Josua dem HERRN, dem Gott Israels, einen Altar auf dem Berg Ebal“ (Jos 8,30). Dieser Altar und die darin enthaltenen Funde stehen im Mittelpunkt unseres Artikels. Das Gebiet liegt heute in einer politisch heftig umstrittenen Region.

Introbild Luftaufnahme des Berg-Ebal-Altars mit dem umliegenden Bergland im Hintergrund. (Foto: Aaron LIPKIN)

Kompakt

Im Schutt einer älteren Grabung auf dem aus der Bibel bekannten Berg Ebal entdeckten die ersten beiden Autoren eine winzige Bleitafel, deren Fluch-Inschrift eine Verbindung zur biblischen Landnahme unter Josua herzustellen scheint. Da der gefaltete Bleistreifen nicht mehr geöffnet werden konnte, wurden an der Universität von Prag tomographische Scans erstellt, die Teile der inneren Inschrift sichtbar machten. Die Schriftzeichen legen nahe, dass die Tafel aus der Zeit der Landnahme oder aus der früheren Richterzeit stammen könnte. Die Inschrift nennt zudem eine Kurzform des Gottesnamens Jahwes. Dies dürfte eine der ältesten Erwähnungen des Gottesnamens sein. Auch lässt der Fluchtext eine Verbindung mit Ereignissen in 5. Mose 37 und Josua 8 zu.



Abb. 1 Karte mit der Aufteilung von Judäa und Samaria nach den Osloer Abkommen von 1993. Der Berg Ebal wird hier als roter Punkt markiert. (Foundation for Middle East Peace)

Ausgrabungen im Nahen Osten sind voller Herausforderungen – vor allem wohl in Judäa und Samaria. Beide Gebiete befinden sich westlich des Jordan (Westjordanland), das nach dem Sieg Israels über mehrere arabische Staaten im Sechstagekrieg im Juni 1967 umkämpft war. Nach einem entscheidenden Sieg übernahm

Israel die Kontrolle über Jerusalem und das Westjordanland von den Jordaniern. Im Jahr 1993 wurden Judäa und Samaria durch die Osloer Abkommen in drei geopolitische Zonen aufgeteilt.

Gebiet A (Abb. 1) kam vollständig unter „palästinensische“ Kontrolle. Im Gebiet B hatten die Araber ebenfalls die zivile Kontrolle inne, Israel aber behielt die militärische Kontrolle. Israel behielt die zivile und militärische Kontrolle über Gebiet C. Der Berg Ebal liegt genau innerhalb der Grenze von Gebiet B. In diesem umstrittenen Gebiet sind die archäologischen Stätten ständigem Vandalismus ausgesetzt, und es bleibt unklar, wer dafür verantwortlich ist. Dies gilt insbesondere für die Überreste der vor 1993 ausgegrabenen Stätten.

Geschichte der archäologischen Forschung auf dem Berg Ebal

Im Jahr 1979 begann der Archäologe Adam ZERTAL mit einer umfassenden Untersuchung des Berglandes von Manasse. Seine Methode bestand darin, die Region in Gebiete aufzuteilen, die er wiederum in Landschaftseinheiten unterteilte. Er stellte ein Team zusammen und bildete eine Reihe aus Personen, die in gleichmäßigen Abständen voneinander jeden Hügel und jedes Tal in jeder Landschaftseinheit abließen und das Gebiet nach antiken Stätten oder auch nur verstreuten Keramikscherben durchkämmten. ZERTAL (2004, 13–15) dokumentierte sorgfältig jede archäologische Stätte, die das Team entdeckte. Der *Manasseh Hill Country Survey* ist noch nicht abgeschlossen und wird jetzt von ZERTALS Nachfolger, dem Archäologen Shay BAR von der Universität Haifa, geleitet. Möglicherweise ist dies die gründlichste archäologische Untersuchung, die jemals in Israel durchgeführt wurde.

Bei der Vermessung der Landschaftseinheit 11 entdeckte ZERTAL eine archäologische Stätte an den nordöstlichen Hängen des Bergs Ebal am Fundort 276. Im Jahr 1982 kehrte er dorthin zurück und begann mit Ausgrabungen, die acht Jahre andauern sollten. Seine Arbeit förderte eine fußförmige Einfriedung aus Steinmauern zutage, die 14.000 m² umfasste. Innerhalb des Bereichs befand sich eine kleinere Anlage von 3.800 m² (ca. 1,5 Morgen), und innerhalb dieser Anlage entdeckte ZERTAL ein 9×7 Meter großes rechteckiges Bauwerk mit einer tragenden Architektur. Es verfügte über eine Rampe, die nach oben führte, und Innenhöfe, die die Rampe flankierten. Das Bauwerk war mit Asche und Knochen übersät. Rundherum befanden sich Dutzende von kleinen Steinringen mit reichlich zerbrochener Keramik. In einigen



Abb. 2 Die Co-Autoren LEAVITT und STRIPLING (vorne links und rechts) unterstützen Shay BAR (hinten links) bei der Vermessung des Berges Kabir als Teil des *Manasseh Hill Country Surveys*. (Foto: Abigail LEAVITT)

fand ZERTAL Schmuckstücke wie Armbänder und Ohrringe aus Bronze, Silber und Gold, und in einem fand er einen Skarabäus. Er deutete seine Entdeckung als einen von Opfergaben umgebenen Altar (ZERTAL 1987, 108, 113, 118).

Als er das rechteckige Gebäude weiter ausgrub, entdeckte ZERTAL, dass es direkt auf einer früheren, runden Steinstruktur mit einem Durchmesser von zwei Metern errichtet worden war. Diese Struktur befand sich auf einem eingeebneten Felsboden. Eine nahe gelegene Grube (*Grube 250*) enthielt zahlreiche besondere Funde, darunter einen Weihrauchständer aus Basalt (BAR & ROSENBERG 2022, 1–5) und ein sechseckiges Siegel oder einen Würfel (ZERTAL 1987, 109–111; BEERI & BEN-YOSEF 2010, 3). ZERTAL (1987, 151) ging davon aus, dass diese frühere Phase, die er als *Stratum II* einstufte, kultisch war und der Opferung von Tieren diente.

Auf der Grundlage der Keramik und der Skarabäen, die ZERTAL dort entdeckte, kam er zu dem Schluss, dass die Stätte nur 100 bis 120 Jahre lang genutzt wurde, und zwar ab der Mitte des 13. Jahrhunderts bis zur Mitte des 12. Jahrhunderts v. Chr. Im Jahr 1985 veröffentlichte er einen umstrittenen Artikel mit dem Vorschlag, den Altar Josuas auf dem Berg Ebal gefunden zu haben (ZERTAL 1985).

Eine archäologische Stätte an den nordöstlichen Hängen des Bergs Ebal wurde von Scott STRIPLING und Abigail LEAVITT mit dem biblischen Text, der Josuas Altar beschreibt, verglichen.

ZERTALS Artikel löste verschiedene Reaktionen anderer Wissenschaftler aus, die alternative Vorschläge zu Art und Funktion der Stätte vorbrachten. KEMPINSKI (1986) meinte, dass es sich bei der Stätte um ein Dorf handelte und dass dort später ein Wachturm stand. FRITZ (1995) schlug vor, dass es sich bei dem Ort um ein Gehöft handelte. SOGGIN (1984) und NA'AMAN (1986) identifizierten den Ort mit dem in Richter 9,46–49 erwähnten Turm von Sichem. Die wissenschaftliche Diskussion über den Ort hielt sich jedoch in Grenzen, da ZERTAL seine Ausgrabungsergebnisse noch nicht veröffentlicht hatte. Im Jahr 1987 veröffentlichte er einen vorläufigen Grabungsbericht, bis zu seinem Tod im Jahr 2015 hatte er jedoch leider immer noch keinen Abschlussbericht veröffentlicht.

Im Jahr 2007 schloss der Archäologe und Bibelwissenschaftler Ralph HAWKINS eine Doktorarbeit über die von ZERTAL ausgegrabene Stätte auf dem Berg Ebal ab. Er untersuchte die Ausgrabungsstätte gründlich, analysierte die Ergebnisse von ZERTAL sorgfältig und verglich sie mit den Schlussfolgerungen von ZERTAL und

anderen. Er kam zu dem Schluss, dass die Stätte sich von anderen bekannten Dörfern, Gehöften und Türmen sowie Kultstätten unterscheidet. Obwohl er die rechteckige Struktur als einen israelitischen Altar identifizierte, verzichtete er darauf, sie als den in Josua 8,30–35 erwähnten Altar zu bezeichnen (HAWKINS 2012, 224–226). HAWKINS (2012, 36) erwähnte beiläufig die frühere runde Anlage und schien offen für die Möglichkeit, dass es sich dabei um einen Altar handelt, widmete ihr aber nicht viel Aufmerksamkeit.

Die Co-Autoren STRIPLING (2021, 46–48) und LEAVITT (2022) verglichen die archäologischen Funde auf dem Berg Ebal mit dem biblischen Text, der Josuas Altar dort beschreibt. Sie kamen zu dem Schluss, dass die Israeliten in der Zeit der Richter den großen rechteckigen Altar nach der Zeit Josuas errichtet hatten, dass aber der darunterliegende, kleinere runde Altar die Voraussetzungen für den Altar Josuas erfüllt. Mitautor VAN DER VEEN schließt sich dieser Einschätzung an.

Im Jahr 2022 begann Shay BAR mit der Arbeit an der lang erwarteten Abschlusspublikation von ZERTALS Ausgrabungen am Berg Ebal. Er plant, sie in den nächsten Jahren zu veröffentlichen.

Inzwischen gab es noch mehr herauszufinden und zu entdecken, obwohl ZERTAL seine Ausgrabungen bereits 1989 abgeschlossen hatte. Im Dezember 2019 sandten die *Associates for Biblical Research* (ABR) ein Team unter der Leitung von STRIPLING und LEAVITT, um die Schutthalde von ZERTALS Ausgrabung nass zu sieben.

Bei der Nasssiebung wird das ausgegrabene Material gewaschen, um den Schmutz zu entfernen und kleine Artefakte freizulegen, die sonst unentdeckt bleiben würden. ABR setzt

Abb. 3 Darstellung der Altäre auf dem Berg Ebal. (Armstrong Institute of Archaeology, B. NAGTEGAAL)

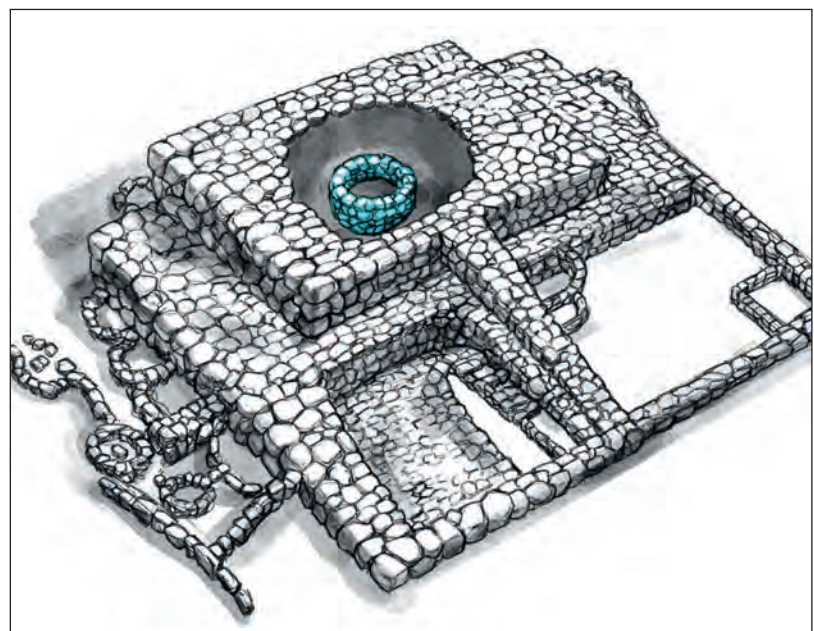




Abb. 4 Luftaufnahme des Berg-Ebal-Altars. (Foto: Aaron LIPKIN)

die Nasssiebung seit 2017 mit großem Erfolg in Tel Silo (in Silo befand sich nach Jos 18,1 die Stiftshütte) ein. Durch die Nasssiebung der Schutthalden vom Berg Ebal wollte das Team nicht nur potenziell wichtige Artefakte finden, die ZERTAL übersehen hatte, sondern auch den Wert der Nasssiebung von archäologischem Material demonstrieren.

Mit der Unterstützung von Aaron LIPKIN sorgte STRIPLING dafür, dass das Material von ZERTALS Schutthalden zu einer nahegelegenen Siedlung, Schavei Schomron, gebracht wurde. Dort baute das Team seine Ausrüstung auf, darunter ein speziell konstruiertes tragbares Nasssieb (gebaut von Steven RUDD), und machte sich an die Arbeit. Wie erwartet fanden sie zahlreiche kleine Gegenstände, darunter Keramikscherben, kleine Metallwerkzeuge und Feuersteinobjekte.

Am 18. Dezember entdeckte Teammitglied und Kleinfundexpertin Frankie SNYDER ein flaches, viereckiges Objekt. Als sie es aus ihrem Sieb herausholte, erkannte sie sofort am Gewicht, dass es aus Blei war. Das Objekt wies eine Falte auf, die an drei Kanten verlief. Dies deutete darauf hin, dass es sich um ein längliches Bleiblech handelte, das früher sorgfältig in der Hälfte gefaltet worden war. SNYDER sowie STRIPLING und LEAVITT erkannten, dass es sich um eine *defixio* handeln musste, eine Bleitafel mit Flüchen.

Bei einer im Jahr 2019 entdeckten Bleitafel handelt es sich um eine *defixio*, d. h. eine Inschrift mit Flüchen.

Die Berg-Ebal-Inschrift

Da der kleine Bleistreifen gefaltet war und nicht geöffnet werden konnte, ohne ihn zu beschädigen, veranlasste STRIPLING mit Hilfe von Zvi KOENIGSBERG, dass das Laborteam des *Instituts für Theoretische und Angewandte Mechanik* in Tel (Tschechische Republik) röntgentomographische Messungen (XCT) durchführte. Ziel war es, festzustellen, ob auf der Innenseite der Tafel eine Inschrift vorhanden war. Die tschechischen Wissenschaftler unter der Leitung von Dr. Daniel VAVRIK erstellten viele zweidimensionale Röntgenbilder, die mit Hilfe der Computertomografie dreidimensionale, flächige Schnitte von der Innenseite des Objekts ergaben. Dort, wo die Materialdichte geringer war, erschienen Flecken, Kratzer und Einschnitte als dunklere Konturen auf den Bildern. Aufgrund gründlicher Untersuchungen anderer beschrifteter Blei-Objekte aus späteren historischen Epochen mit XCT-Messungen wussten sie genau, wonach zu suchen war. Da das Objekt jedoch gekrümmt ist – was vor allem durch die große zentrale Falte deutlich wird – waren diese dunkleren Konturen nicht in allen Scans deutlich zu erkennen, sodass das Objekt mit Hilfe einer speziell entwickelten Software digital geglättet werden musste. Dies war eine äußerst schwierige Aufgabe, die großes technisches Fachwissen erforderte.

Als dieser Prozess abgeschlossen war, entdeckte Prof. Daniela URBANOVA, eine Epigraphikerin für lateinische Inschriften, die das tschechische Team unterstützte, rechts oben einige Zeichen, die ihrer Meinung nach Teil

einer antiken Inschrift sein könnten. STRIPLING lud daraufhin die Epigraphiker Peter VAN DER VEEN (Studiengemeinschaft Wort und Wissen/ Johannes Gutenberg-Universität Mainz) und Gershon GALIL (Universität Haifa) ein, die gerade erstellten Scans zu untersuchen. Beide Wissenschaftler entdeckten ebenfalls Buchstaben, die bald als protoalphabetische Schriftzeichen des 2. Jahrtausends v. Chr. erkannt wurden. Tatsächlich schienen mehrere Buchstaben in die bald als „Innenseite B“ bezeichnete Inschrift eingeritzt worden zu sein. Es bleibt jedoch ungewiss, wie viele Buchstaben und Wörter dort stehen. Während VAN DER VEEN nur etwa 15–20 Buchstaben erkennen möchte, behauptet GALIL nicht weniger als 48 Buchstaben entdeckt zu haben. Die ersten Wörter, auf die sie sich aber einigen konnten, bestanden aus mehreren archaischen protoalphabetischen Buchstaben, die noch die Formen ihrer hieroglyphischen Vorbilder bewahrten, darunter ein *'aleph* (dargestellt als Kopf eines Ochsens), ein kreuzförmiges *taw*, das mit gebogenen Zacken endet (diese Form ist bereits in der protosinaitischen Schrift des früheren 2. Jahrtausends v. Chr. belegt), ein diagonal ausgerichtetes *mem* (das die Wellen des Wassers darstellt), ein *waw* (ein keulenförmiger Buchstabe) und ein *he* (eine große stehende Strichfigur mit erhobenen Armen) (s. Tab. 1). Dieser Typ kommt auch neben der häufigeren sitzenden Variante in den protosinaitischen Inschriften von Serabit el-Chadim im Sinai vor.

Es kommen wohl auch einige weniger eingeschnittene Buchstaben vor, die teilweise mit den vorgenannten Zeichen verflochten zu sein scheinen (es ist jedoch nicht auszuschließen, dass sie mit einer früheren Inschrift in Verbindung stehen könnten). Darunter sind ein *yod* (in Form eines ausgestreckten Arms), ein *lamed* (als aufgerolltes Seil dargestellt) und ein zweites, wenn auch eher linear geformtes *'aleph*. Auf den Scans (welche die Inschrift in Spiegelschrift zeigen) lasen die Epigraphiker nun von rechts nach links die Worte *tamut* („du wirst sterben“), *El* (als Name oder Begriff für „Gott“ zu lesen) und *Jahu* (d. h. „Jahwe, der Gott Israels“). Ergänzt durch zwei weniger tiefe *lameds* dürfte hier „bei El-Jahu [oder „bei dem Gott Jahu“] wirst du sterben“ stehen. Dieser Satz dürfte Teil einer längeren Inschrift gewesen sein, deren mutmaßliche Buchstaben nach mehrmonatiger Arbeit oben links und unten rechts in der Inneninschrift zum Vorschein kamen. Auch dort wurden Einritzungen von Buchstaben gefunden, darunter ein weiteres *'aleph*, ein *resch* (ein Zeichen mit einem rhombenförmigen Kopf auf einem kurzen Hals) und weitere *waws*, *mems* und *taws*. Da es sich bei einigen von ihnen aber auch um bloße Kratzer und Risse im Blei handeln könn-



Abb. 5 Äußere Seite B (recto) der *defixio*. (Foto: Jaroslav VALACH)

te, bleibt die Lesung unsicher. Bei einer von VAN DER VEEN favorisierten vorsichtigeren Lesung scheint die Schreibrichtung der Buchstaben in den meisten Fällen einheitlich von rechts nach links zu verlaufen, außer beim Buchstabencluster oben rechts, wo das Verb *tamut* und der Gottesname *Jahu* zu lesen sind (es sei denn, der Satzteil bedarf einer alternativen Lesung). Was die Gesamtinterpretation der Inschrift ebenfalls etwas erschwert, ist die Tatsache, dass der Schreiber keine Worttrenner verwendet hat (genau wie bei anderen protoalphabetischen Inschriften). Außerdem ist herausfordernd, dass er seine Buchstaben teilweise eng aneinandergereiht hat, sodass sie manchmal zu überlappen scheinen. Alternativ könnte es aber sein, dass manche Buchstaben einer älteren Inschrift (Palimpsest) angehören. Sicherheit kann es da aber nicht geben, solange die Bleitafel nicht geöffnet werden kann. Wie die Inschrift auch immer zu lesen ist, so scheint sie doch mit großer Wahrscheinlichkeit eine Fluchformel zu beinhalten, die sich aus den Worten *'arur* („verflucht“), *tamut* („du sollst sterben“), den Gottesnamen *El* und *Jahu* und vielleicht *'ata* („du“) zusammensetzt.

Die Inschrift scheint mit großer Wahrscheinlichkeit eine Fluchformel zu beinhalten.

Trotz dieser vorsichtigen Worte wurde die Gesamtinterpretation der Buchstabenformen durch die anschließende Untersuchung von



Abb. 6 Die Fluchformel wie sie in protoalphabetischer Schrift auf der Vorderseite (recto) erscheint. (Nachzeichnung, P. VAN DER VEEN)

Auf den Fotografien der Vorderseite wurden Wörter entdeckt, deren Buchstaben dieselben Formen aufwiesen wie auf der Innenseite. Diese wurden eindeutig mit einem Griffel eingeritzt.

vielen hochauflösenden Fotos der Außenseite (Vorder- und Rückseite) der Tafel durch das tschechische Team bestätigt. Diese Fotos wurden den Epigraphikern jedoch erst gezeigt, nachdem sie die grundlegende Fluchformel entziffert hatten, so wie sie auf der ABR-Presskonferenz am 23. März 2022 vorgestellt worden war. Die Fotos erwiesen sich als sehr hilfreich. Denn auf der Rückseite der Tafel zeigten sich aufgrund der Dünnhcit des Bleistreifens (ca. 1 mm) Ausbuchtungen der tieferen Buchstaben, die auf der Innenseite mit einem scharfen Griffel eingeritzt worden waren. Außerdem wurden auf den Fotografien Wörter auf der Vorderseite der Außentafel entdeckt, deren Buchstaben dieselben Formen aufwiesen, wie man sie auf den Scans der Innenseite entdeckt hatte. Diese wurden offenbar mit einem Griffel eingraviert, wie Spuren innerhalb der Einritzungen der Buchstaben belegen. Die Buchstaben *'aleph*, *mem*, *waw* und *taw* erscheinen erneut auf der Außenseite der Tafel. Auch das Wort *tamut* kommt vor, ebenso wie der Gottesname Jahu. Eine eingehendere Untersuchung der Außen-Inschrift soll in einem separaten Artikel vorgestellt werden. Die wissenschaftliche Untersuchung und

Protoalph. B.	Innenseite B			Außenseite A
א Alef				
ה He				
ו Waw				
י Jod				
ל Lamed				
מ Mem				
ר Resch				
ת Taw				

Tab. 1 Protoalphabetische Buchstaben, wie sie nach Ansicht von VAN DER VEEN auf der *defixio* zu finden sind. (Bild: Peter van der VEEN)

Lesung des inneren Textes erschien kürzlich in *Heritage Science* (STRIPLING et al. 2023).

Was lässt sich nun über das Datum der Inschrift, die ethnische Identität des Schreibers und seine Verwendung des Gottesnamens Jahu, des Gottes Israels, sagen? Wenn man die Formen und Positionen der protoalphabetischen Buchstaben auf der Bleitafel untersucht und sie mit anderen protoalphabetischen Inschriften aus der südlichen Levante im 2. Jahrtausend v. Chr. vergleicht (einschließlich protosinaitischer und protokanaanitischer Inschriften aus Serabit el-Chadim, Lachisch, Sichem, Geser und anderen Orten), lässt sich die Schrift grob in die Zeit zwischen ca. 1600 und 1200 v. Chr. einordnen. Während nur wenige Buchstaben archaische Merkmale behalten haben (und unsere Einschätzung beruht auf dem heutigen Stand paläographischer Studien), wie sie nur in der ersten Hälfte des 2. Jahrtausends v. Chr. belegt sind, weisen die meisten Buchstaben weiterentwickelte Formen auf. Keiner von ihnen ist jedoch nach dem Übergang von der Spätbronzezeit II zur Eisenzeit I um ca. 1200 v. Chr. zu datieren, eine Schlussfolgerung, die auch durch die Keramik vor Ort gestützt wird. Im Durchschnitt repräsentieren die Formen und Schreibrichtung (meistens von rechts nach links) ein paläographisches Zwischenstadium (z. B. die linearen rinderartigen Züge des *'aleph*, die diagonale Stellung des *mem* und das kopfartige *resch*), was eine Datierung etwa auf das späte 15. bis 14. Jahrhundert v. Chr. nahelegt.

Obwohl die meisten Wörter in den westsemitischen Dialekten der Spätbronzezeit vorkommen, fehlte bisher der Gottesname Jahu im kanaanitischen Onomastikon (Namensverzeichnis) dieser Zeit. Lediglich in ägyptischen topographischen Listen aus der Zeit des Neuen Reiches (d. h. während der späten 18. und 20. Dynastie) findet sich der Name als geographischer Begriff, der sich auf die Gebiete der an Jahu gläubigen Schasu-Beduinen im Süden Kanaans bezieht (WEIPPERT 2010, 184). Da diese abgekürzte Form des Gottesnamens auch in althebräischen Inschriften in Kuntillet Adschrud (um 800 v. Chr.) zu finden ist (vgl. RENZ 1995, **KAgr(9):3**), kann kaum ein Zweifel daran bestehen, dass die Bleiinschrift tatsächlich von einem israelitischen Schreiber der Spätbronzezeit eingeritzt wurde. Dies ist deshalb so, weil der Gottesname Jahu/Jahwe auch während des 1. Jahrtausends v. Chr. nur in israelitischen und jüdischen Inschriften vorkommt (sowie in Inschriften aus benachbarten Gebieten, wo der Gott Israels genannt wird), bzw. in Inschriften von Juden im Exil in Assyrien, Babylon und Ägypten. Die Kombination aus dem paläographischen Datum und dem Gottesnamen Jahu, der in der Fluchformel auf einer Bleitafel verwendet wird, die am Altar des Berges Ebal (dem biblischen Berg der Flüche) gefunden wurde, deutet auf einen altisraelitischen Ursprung des Objekts hin, das auf die Zeit von Josuas Eroberung Kanaans um 1400 v. Chr. datiert wird. Außerdem scheint die Inschrift zu belegen, dass „El“ und „Jahu“ bereits von den Israeliten als ein und derselbe Gott verehrt wurden, und zwar mehrere Jahrhunderte früher als viele Bibelkritiker behaupten.

Die Tafel scheint nahezulegen, dass „El“ und „Jahu“ bereits von den Israeliten als ein und derselbe Gott verehrt wurden, und zwar mehrere Jahrhunderte früher als viele Bibelkritiker annehmen.

Fazit

Bei richtiger Interpretation harmonieren die archäologischen Überreste auf dem Berg Ebal mit dem Bericht in Josua 8,30 über einen Altar auf dem Berg Ebal, der auf das Ende der Spätbronzezeit I (oder an den Übergang der Mittleren Bronzezeit zur Spätbronzezeit; ZERBST & VAN DER VEEN 2018) datiert wird. Die in diesem Artikel besprochene *defixio* wäre somit ein äußerst wichtiger Fund für die biblische Archäologie. Der Fund untermauert das frühe Datum der Landnahme durch Israel (um 1400 v. Chr.) und scheint religiösen, historischen und

theologischen Erwägungen betreffs einer Vielzahl von Gottheiten, einschließlich der Gottesnamen El und Jahu, zu widersprechen. Die Vertreter der *Quellenscheidungshypothese* haben nämlich *fälschlicherweise* angenommen, dass diese Gottheiten nicht vor dem 1. Jahrtausend v. Chr. mit Jahu als dem Gott Israels und Judas vereint wurden (VAN DER VEEN & ZERBST 2022, 35–40).

Literatur

- BAR S & ROSENBERG D (2022) A note on the pumice chalice from the early Iron Age I structure on Mt. Ebal. *Near East Archaeological Society Bulletin* 67, 1–5.
- BEERI R & BEN-YOSEF D (2010) Gaming dice and dice for prognostication in the Ancient East in light of the finds from Mount Ebal. *Revue Biblique* 117:3 (Juli), 410–429.
- FRITZ V (1995) *The city in ancient Israel*. Sheffield Academic Press, Sheffield.
- HAWKINS R (2012) *The Iron Age I structure on Mt. Ebal: Excavation and interpretation*. Eisenbrauns, Winona Lake.
- KEMPINSKI A (1986) Joshua's altar or an Iron Age I watchtower? *Biblical Archaeology Review* 12:1, 42–49.
- LEAVITT A (2022) *The El-Burnat (A) structure(s): Joshua's altar?* Nehemiah Press, Katy.
- NA'AMAN N (1986) Migdal Shechem and the „House of El-berith“ [auf Hebräisch], 259–280.
- RENZ, J (1995) *Handbuch der althebräischen Epigraphik*. Band 1. Die althebräischen Inschriften, Teil 1: Text und Kommentar. Wissenschaftliche Buchgesellschaft, Darmstadt.
- SOGGIN JA (1984) *A history of ancient Israel: From the beginning to the Bar Kochba revolt, A.D.135*. Übersetzt von John Bowden. Westminster Press, Philadelphia.
- STRIPLING S (2021) The early date: The Exodus took place in the fifteenth century BC. In: JANZEN MD (ed) *Five views on the Exodus: Historicity, chronology, and theological implications*. Zondervan, Grand Rapids, 25–52, 76–80, 109–114, 161–165, 210–215, 256–260.
- STRIPLING S, GALIL G, KUMPOVA I, VALACH J, VAN DER VEEN PG & VAVRIK D (2023) „You are cursed by the God YHW“: An early Hebrew inscription from Mt. Ebal. *Heritage Science* 11:105, <https://doi.org/10.1186/s40494-023-00920-9>.
- VAN DER VEEN PG & ZERBST U (2022) *In search of the biblical patriarchs: A historical and archaeological quest*. Masthof Press and Bookstore, Morgantown.
- WEIPPERT M (2010) *Historisches Textbuch zum Alten Testament*. Grundrisse zum Alten Testament 10. Vandenhoeck & Ruprecht, Göttingen.
- ZERBST U & VAN DER VEEN PG (Hrsg.) (2018) *Keine Posaunen vor Jericho? Beiträge zur Archäologie der Landnahme*. 3. erw. Aufl. SCM Hänssler Verlag, Holzgerlingen.
- ZERTAL A (1985) Has Joshua's altar been found on Mt. Ebal? *Biblical Archaeology Review* 11:1 (Januar/Februar), 26–42.
- ZERTAL A (1987) An early Iron Age cultic site on Mount Ebal: Excavation seasons 1982–1987. *Tel Aviv* 13–14:2, 105–165.
- ZERTAL A (2004) *The Manasseh Hill Country survey, Volume I: The Shechem syncline*. Brill, Leiden.

Anschrift des Verfassers:

Peter van der Veen, SG Wort und Wissen,

Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn;

E-Mail: peter.v.d.veen@wort-und-wissen.de

Evolution oder Devolution?

Wohin „geht“ die Entwicklung der Arten?

In seinem letzten Buch mit dem Titel „Darwin *Devolves*“ vertritt der Biochemiker und Verfechter von Intelligent Design (ID), Michael BEHE, die These, dass Darwin'sche Evolution „stark überwiegend“ destruktiver Natur ist. Evolution geht langfristig einher mit Verlust bzw. Beschädigung genetischer Information und der dazu gehörenden biologischen Funktionen und könne daher keine wirkliche Innovation in der Biologie bewirken. Dazu hat es viele kritische Stellungnahmen gegeben, auf die Behe wiederholt antwortete. Wessen Argumente sind überzeugender?

Boris Schmidtgall

Einleitung

Unser Selbstverständnis ist in einem hohen Maße davon abhängig, wie wir unsere Geschichte verstehen. Daher ist die Deutungshoheit bezüglich der Narrative über unsere Herkunft und Geschichte stets umkämpft. Das gilt auch für das große Bild der Naturgeschichte, wie verschiedene Debatten seit der Zeit Darwins zeigen. Große Bekanntheit erlangte die Wilberforce-Huxley-Debatte aus dem Jahr 1860 in Oxford. Der Professor für Mathematik und Bischof Samuel Wilberforce argumentierte für Schöpfung, während der Biologe Thomas Henry Huxley für Evolution eintrat. Huxley verwendete in dieser Debatte das Argument der ewig lebenden Affen, die durch Tippen auf einem unendlichen Vorrat an Papier irgendwann auch zufällig den 23. Psalm zustande brächten. Auf diese Weise wollte Huxley seine Behauptung untermauern, dass selbst komplexe Lebewesen ohne Schöpfer entstehen könnten. Da Wilberforce das Argument nicht überzeugend entkräften konnte, folgte das Publikum der Logik von Huxley. Die Inhalte der Debatte wurden weit verbreitet und dies trug dazu bei, dass die biblische Schöpfungslehre in akademischen Kreisen als überholt galt.

Im Rahmen der „Huxley Memorial Lecture“ (1986) fand eine Debatte mit vier Diskutanten statt. Edgar Andrews und Arthur E. Wilder-Smith vertraten die Schöpfungslehre, während John Maynard Smith und Richard Dawkins die Evolutionslehre befürworteten. Diskutiert wurde die These, dass „[d]ie Doktrin der Schöpfung wissenschaftlich besser begründet sei als die Theorie der Evolution“. Am Ende der Debatte erhielten Andrews und Wilder-Smith 115 von 300 Stimmen – was angesichts des durchweg

naturalistisch gesonnenen Publikums eine große Überraschung war. Laut Wilder-Smith gab es anschließend jedoch keine Medienberichte über die Diskussion und die Protokolle der Veranstaltung waren aus dem Archiv der Oxford-Universität verschwunden (WILDER-SMITH & WILDER-SMITH 2000). Wilder-Smith kommentierte dies mit den Worten: „So vollkommen ist die heutige Zensur von jeglicher effektiven Kritik an neodarwinistischer Wissenschaft und von jeder dargebotenen echten Alternative“ (WILDER-SMITH & WILDER-SMITH 2000). Im Unterschied zu der Wilberforce-Huxley-Debatte wurden die Verbreitung der Debatte und die sachliche Aufarbeitung der Argumente unterdrückt.

Die Feststellung von Wilder-Smith bezog sich auf eine Zeit, als die Befürworter der Schöpfungslehre* bereits eine kleine Minderheit in Europa waren. Damals blieb die Empörung aus, als die Debatte verschwiegen wurde. Inzwischen sind Meldungen aus Europa zur Frage nach Schöpfung oder Evolution eher selten geworden. Wenn zuletzt in den Medien über die Schöpfungslehre berichtet wurde, dann ausschließlich in ausgesprochen negativem Licht. Eine sachliche Auseinandersetzung mit den Argumenten findet in der Öffentlichkeit fast gar nicht mehr statt. Anders verhält es sich dagegen in den USA. Laut letzter Gallup-Umfrage aus dem Jahr 2019 stimmten 40 % der befragten US-Amerikaner der Aussage zu, dass der Mensch in der jetzigen Form von Gott erschaffen worden sei, während etwa 20 % die Darwin'sche Evolutionslehre befürworteten (BRENAN 2019). Ein Ignorieren der Schöpfungslehre ist demnach nicht möglich. Öffentlich geführte Debatten um Schöpfung und Evolution sind dort daher unvermeidbar.

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

Zuletzt entzündete sich eine argumentative Auseinandersetzung um das jüngste Buch des Biochemikers Michael Behe mit dem Titel „Darwin Devolves“ (BEHE 2019a). Unter „Devolution“ ist im Kontext des Buches eine Degeneration zu verstehen: ein zerstörerischer Vorgang, der den Verlust oder die Beschädigung von Erbinformation und den dazu gehörenden biologischen Funktionen zur Folge hat. Laut Behe, der seit über 30 Jahren an der Lehigh-Universität (Pennsylvania) als Wissenschaftler tätig ist, sind die zentralen Evolutionsfaktoren Mutation und natürliche Selektion im Wesentlichen *destruktiver* Natur, weswegen sie keine komplexen biologischen Funktionseinheiten hervorbringen können. Evolution geschieht demnach nicht durch Aufbau neuer genetischer Information, sondern durch deren Verlust. Der Autor bringt in der „ersten Regel der adaptiven Evolution“ zum Ausdruck, welche Vorgänge auf der Ebene der DNA für den Fitnessgewinn von Lebewesen ursächlich sind (BEHE 2019a, S. 185):

„Das Zerstören oder Beschädigen eines funktionellen codierten Elements, dessen Verlust einen Fitnessgewinn nach sich zieht.“

Es liegt nahe, dass das im Gefolge Darwins allgemein akzeptierte Bild der Naturgeschichte – eine unmerklich langsame Höherentwicklung durch Mutation und Selektion und andere Faktoren vom Bakterium bis zum Blauwal im Verlauf von vier Milliarden Jahren unter erheblicher Zunahme an genetischer Information – mit der in „Darwin Devolves“ dargelegten Sicht nicht kompatibel ist. Das gilt auch für neuere Vorstellungen sprunghafter Evolution.

Die in „Darwin Devolves“ dargelegte Sicht einer stark überwiegend destruktiven Mikroevolution ist mit der allgemein akzeptierten Höherentwicklung der Organismen nicht kompatibel.

Bereits in früheren Veröffentlichungen wie „Darwin’s Black Box“ (BEHE 1996) und „The Edge of Evolution“ (BEHE 2007) wurde überzeugend dargelegt, warum ungesteuerte evolutive Vorgänge als Erklärung für das Phänomen der nichtreduzierbaren Komplexität* (NK) in der Biologie *unzureichend* sind. In seinem zuletzt veröffentlichten Buch jedoch verschärfte der Autor seine Argumentation weiter, indem er die natürlichen Evolutionsfaktoren zur Erzeugung funktionaler Information* nicht nur für ungenügend, sondern für überwiegend *zerstörerisch* erklärte. Damit änderte sich auch seine Einschätzung der Reichweite der Darwin’schen Evolution. Während er in seinen früheren Werken noch davon ausging, dass intelligente

Kompakt

Die Auffassung, dass die gesamte Naturgeschichte ausgehend von den ersten Organismen bis zur heutigen Artenvielfalt eine Höherentwicklung im Verlauf von vier Milliarden Jahren durchlaufen hat, stellt immer noch die vorherrschende Überzeugung bei Naturwissenschaftlern dar. Der Biochemiker Michael BEHE stellte diese Denkweise in seinem jüngsten Buch „Darwin Devolves“ in Frage, indem er darlegte, warum die Evolutionsfaktoren Mutation und Selektion im Wesentlichen destruktiver Natur sind. Andere Evolutionsfaktoren, die im Rahmen jüngerer Hypothesen wie u. a. der „extended evolutionary synthesis“ (EES) angeführt werden, beurteilte Behe im Vergleich zur klassischen Theorie als noch weniger erklärungsstark. Darauf reagierten zahlreiche naturalistisch gesonnene Naturwissenschaftler mit zum Teil vehementer Kritik. Im Rahmen einer philosophischen Kritik wurde die Terminologie von Behe und anderen ID-Befürwortern für unangemessen erklärt, während die naturwissenschaftlichen Kritikpunkte sich auf Beispiele aus der Biologie fokussierten, die die Argumente der ID-Befürworter entkräften sollen. Auf der Ebene der Philosophie werden suggestive Argumente angeführt und von ID-Befürwortern Unmöglichkeitsbeweise gefordert. Auf der naturwissenschaftlichen Ebene wird behauptet, dass wesentliche Argumente der ID-Verfechter längst widerlegt seien und dass degenerative Evolution überbewertet würde. Es zeigt sich jedoch, dass die Einwände der Evolutionsbefürworter mangelhaft begründet sind und sich anhand einer genauen Betrachtung der Daten entkräften lassen.

Schöpfung für Phänomene wie die Feinabstimmung der Naturkonstanten, die Entstehung biochemischer Maschinen der Zelle sowie Tierklassen erforderlich sei, zog Behe diese Grenze nunmehr auf der Ebene von Tierfamilien (BEHE 2019a, S. 156). Dies stellt inhaltlich eine starke Annäherung an die biblische Schöpfungslehre bzw. Grundtypenbiologie* dar, obwohl dies nirgends ausdrücklich kommuniziert worden ist.

Aufgrund der ausgewiesenen Expertise des Autors, seiner argumentativen Kraft und der weiten Verbreitung seiner Werke konnte die Fachwelt seine Publikationen nicht ignorieren. Es ist daher nicht überraschend, dass eine breite Front an naturalistisch gesonnenen Wissenschaftlern mit zum Teil harscher Kritik auf die Veröffentlichung von „Darwin Devolves“ reagierte, worauf Behe wiederholt antwortete. Im Unterschied zu den zuvor erwähnten öffentlichen Debatten wurde diese ausschließlich in Form schriftlicher Veröffentlichungen geführt. Die Relevanz der Auseinandersetzung zeigt sich darin, dass sogar in der renommierten Zeitschrift *Science* eine kritische Rezension von „Darwin Devolves“ veröffentlicht wurde (LENTS et al. 2019). Eine Analyse des argumentativen Austauschs bietet nicht nur eine Übersicht über die vorgetragenen Argumente und den Stand der Debatte, sondern offenbart auch einiges über die Haltung und Vorgehensweise der Befürworter der jeweiligen Sichtweise.

Kritik an Behes jüngstem Werk „Darwin Devolves“ und Erwiderung

Wenn man die Kritik an BEHEs Werken allgemein beschreiben wollte, so wären Begriffe wie

„allumfassend“ oder „breit angelegt“ zutreffend. Auch wenn der Kern der Debatte eine naturwissenschaftliche Fragestellung ist, beschränken die Kritiker ihre Äußerungen keineswegs auf diesen Bereich.

Kritik auf sprachlicher Ebene: die verwendeten Begriffe

Ein nicht unerheblicher Teil der Auseinandersetzung ist auf der sprachlichen Meta-Ebene verortet: Der Kampf um die Deutungshoheit setzt bei der Wahl von Schlüsselbegriffen ein, weil sie für das Denken richtungweisend sind. Der Biologe Nathan H. Lents von der Universität New York bezeichnete in einem seiner Blogbeiträge die Wahl des Begriffs „Devolution“ als „sinnlos“ und einen „puren Beheismus“ (LENTS 2019). Er begründete das damit, dass angeblich niemand in der Wissenschaft diesen Begriff gebrauche noch *verstehe*. Lents fügte dem noch hinzu, Behe würde die Natur *fundamental* falsch verstehen, indem er mit dem Begriff „Evolution“ eine Richtung verbinde – eine Anhäufung von Komplexität bzw. eine Entwicklung zur Vollkommenheit hin. Vielmehr sei Evolution ziellos und würde oftmals sowohl zu plumpen als auch zu eleganten Lösungen führen.

Lents Argumentation ist in mehrerer Hinsicht irreführend. Abgesehen davon, dass Mehrheitsargumente *per se* nicht überzeugend sind, zeigt Lents in seinem Beitrag, dass er selbst sehr wohl verstanden hat, was der Begriff „Devolution“ bedeutet. Er werde begrifflich der Evolution gegenübergestellt – ebenso wie Degeneration durch Genverlust das genaue Gegenteil von der Höherentwicklung durch Gewinn an genetischer Information und den dazugehörigen Funktionen ist. Es ist unbezweifelbar, dass Darwin die winzigen mikroevolutiven Veränderungen als *konstruktiv* auffasste und in der Summe als Ursache von Makroevolution, d. h. Höherentwicklung, sah – eine Vorstellung, die bis heute für das Denken der Biologen prägend ist. Behe dagegen äußerte sich nicht ausführlich zu Makroevolution, sondern beschränkte seine Darlegungen auf mikroevolutive Vorgänge, die ihm zufolge genetische Information langfristig zerstören und folglich keine Erklärung für den Ursprung und die Entstehung der Arten sein können. Insofern ist Devolution als konzeptionell zu Evolution entgegengesetzter Begriff sprachlich angemessen. Außerdem hätte eine einfache Stichwortsuche im Internet genügt, um auf wissenschaftliche Veröffentlichungen zu stoßen, die den Begriff „Devolution“ bzw. „devolvieren“ in genau der Bedeutung verwenden, wie es auch BEHE tat (MACLEAN & DICKERSON 2019; BENNER 2017): *Verlust* von Information bzw. Funktionen.

Kritisiert wurde auch der Gebrauch von Metaphern, die als Hinweis auf intelligente Schöpfung in der Natur aufgefasst werden können. Zwei ebenfalls an der Lehigh-Universität tätige Kollegen stellten in ihrer Buchrezension zu „Darwin Devolves“ den Realitätsbezug einiger gängiger Sprachbilder in Abrede (LANG & RICE 2019). Sie unterstellen BEHE die Absicht, seine Leser durch effektiven Gebrauch von Metaphern von der biologischen Realität abzulenken, um für Design zu argumentieren. Dabei seien Proteine keine Maschinen und das Flagellum kein Außenbordmotor, so die Kritiker. Behe selbst antwortete auf diesen Einwand, indem er darauf verwies, dass Proteine – und erst recht Proteinkomplexe – tatsächlich Maschinen *sind*, die sich nur durch ihr Material von menschengemachten Maschinen unterscheiden (BEHE 2019). Auch wenn sie nicht aus Stahl, Holz oder Plastik bestehen, sind sie in gleicher Weise wie technische Maschinen aus einzelnen zweckdienlichen Komponenten zusammengesetzt und verrichten mechanische Arbeit. Das beschreiben auch des Kreationismus völlig unverdächtige Buchautoren entsprechend (STEVEN et al. 2016):

„Insgesamt betrachten wir eine Klasse – makromolekulare Maschinen, die als *Konstruktionen* betrachtet werden, deren biologische Aktivitäten einen starken mechanischen Aspekt haben und die, *wie makroskopische Maschinen, mechanische Arbeit verrichten.*“ (Hervorhebung B. S.)

Ein grundsätzliches Ablehnen von Sprachbildern und Analogien, die intelligente Schöpfung in der Natur implizieren, würde eine unzumutbare Beschränkung des Denkens und der Sprache bedeuten.

Es fällt schwer zu verstehen, weshalb LANG & RICE (2019) zu einer derart offenkundig widerlegbaren Argumentation greifen. Und auch ihre Kritik an der Analogie von Flagellum und Außenbordmotor ist in keiner Weise gerechtfertigt. Wenn Behe und andere Befürworter der intelligenten Schöpfung davon sprachen, dass ein Flagellum ein Außenbordmotor „ist“, dann im Sinne eines plausiblen Analogieschlusses, der stets aufgrund der augenfälligen Ähnlichkeit der baulichen Komponenten der beiden verglichenen Gegenstände (Rotationsachse, Ringe, Stator, Kühlung etc.) und ihrer Funktion erfolgte.

Lehnt man solche naheliegenden und treffenden Vergleiche ab, müsste konsequenterweise auf sehr viele hilfreiche Analogien verzichtet werden, selbst wenn sie sich allen Betrachtern aufdrängen. Das wäre eine unzumutbare Be-

	Artefakte Technik	Organismen
Eigenschaften des Materials	bekannt	teilweise bekannt
Handlungsweise des Schöpfers	meist bekannt; spielt beim Vergleich aber keine Rolle	unbekannt; man könnte versuchen, es nachzumachen
Erwerb der Komplexität	zwingend in einer Generation	eventuell in vielen Generationen
Information für Bildung	von außen (Hersteller)	ursprünglich; unbekannt
vergleichbare Eigenschaften	nicht reduzierbare Komplexität; funktionelle Interdependenz, auf ein Ziel hin organisiert	nicht reduzierbare Komplexität; funktionelle Interdependenz, auf ein Ziel hin organisiert
Entstehungsweise	durch einen Urheber	ursprünglich; Analogieschluss: Urheber

Abb. 1 Vergleich von Organismen und technischen Gegenständen zur Begründung von Analogieschlüssen auf intelligente Verursachung in Lebewesen. (Aus JUNKER & SCHERER 2013, S. 334 bearbeitet)

schränkung der Sprache und des Denkens, die sicherlich kaum jemand konsequent einhalten könnte. Beispiele für solche Analogien in der wissenschaftlichen bzw. explizit evolutionsbiologischen Literatur sind *Legion* (JUNKER 2021). Selbst Richard Dawkins griff bei der Beschreibung des Erbgutes zu einer Sprache, die nicht anders klingt als bei ID-Befürwortern (DAWKINS 1996):

„Was sich im Kern jedes lebenden Dings befindet, ist nicht ein Feuer, nicht warmer Atem, nicht ein ‚Funken Leben‘. Es sind Informationen, Wörter, Anweisungen. [...] Denken wir stattdessen an eine Milliarde besondere, digitale Zeichen. [...] Wenn wir das Leben verstehen wollen, [müssen wir] an Informationstechniken [denken].“

Kritik auf naturwissenschaftlicher Ebene

Nichtreduzierbare Komplexität (NK). Viele der Kritiker beginnen ihre Ausführungen mit der Behauptung, dass das Argument der NK als zentrales Konzept von ID längst widerlegt sei. LENTS et al. (2019) sprechen in ihrer Rezension dem Argument seine Gültigkeit ohne jegliche Begründung ab. Stattdessen verweisen sie auf das Urteil im Prozess *Kitzmiller v. Dover* im Jahr 2005, der mit einer Niederlage der ID-Befürworter endete – als ob ein juristisches Urteil maßgeblich für den Ausgang einer naturwissenschaftlichen Debatte sein könnte.

Aufgrund der Wichtigkeit dieses Arguments sei es hier erneut aufgegriffen. Behe selbst definiert NK wie folgt (BEHE 2019a, S. 230):

„Unter *nichtreduzierbar komplex* verstehe ich ein einzelnes System, das aus mehreren gut aufeinander abgestimmten, interagierenden Bauteilen zusammengesetzt ist, die zur Grundfunktion dergestalt beitragen, dass das Entfernen eines dieser Bauteile zum Verlust der Funktion führen würde.“

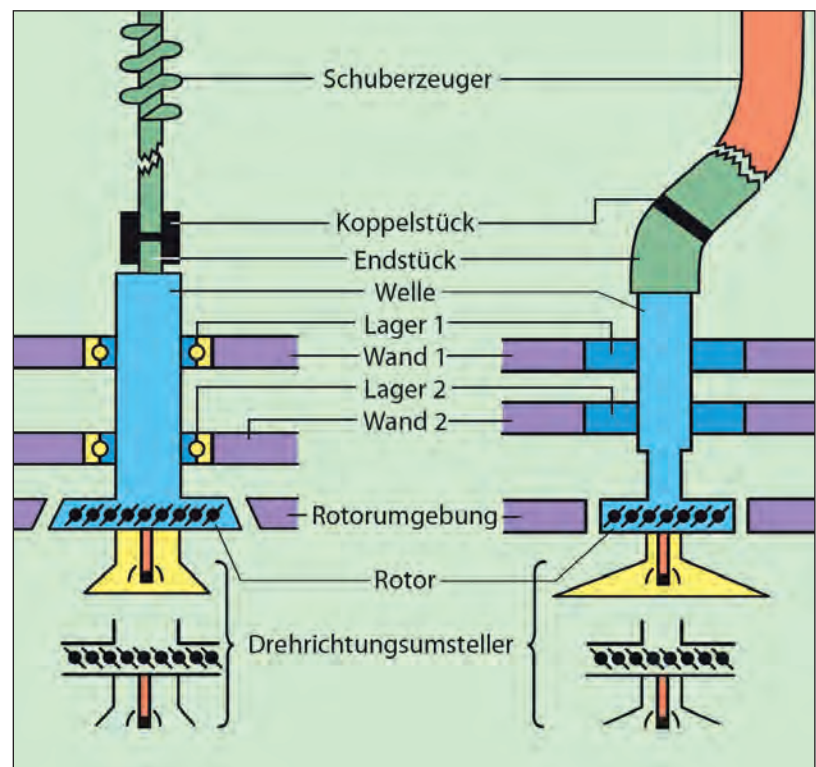


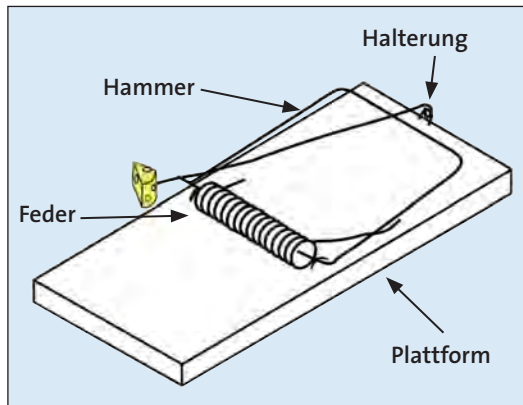
Abb. 2 Veranschaulichung der Analogie zwischen einer technischen Konstruktion und einer Entsprechung in einem Organismus. Links ist das Schema eines technischen Rotationsmotors dargestellt und rechts das Schema des Flagellums eines *E. coli*-Bakteriums. (Aus JUNKER & SCHERER 2013, S. 331)

Zur Veranschaulichung des Arguments dient dabei stets die Mausefalle, die nur bei vollständigem Vorliegen und der richtigen Anordnung der Bauteile ihre Funktion als Falle erfüllt. Da bisher kein positiver Beleg für die Möglichkeit eines schrittweisen evolutiven Zustandekommens nichtreduzierbar komplexer Systeme vorliegt, ist intelligenter Input die einzig plausible Erklärung.

Nachdem schon auf vielerlei Weise versucht worden ist, das Argument der NK zu widerlegen, sahen sich auch LANG & RICE (2019) zu einem neuen Versuch veranlasst. Sie bemängeln, dass das Argument lediglich den gegenwärtigen Zustand des jeweiligen Systems in Betracht ziehe und davon ausgehe, dass die komplexe Interaktion immer bestanden habe:

„Die Tatsache, dass ein System in seiner jetzigen Form nichtreduzierbar komplex ist, ist

Abb. 3 Die funktionalen Bestandteile einer nicht-reduzierbar komplexen Mausefalle (aus JUNKER 2008, Abb. 4 nach McDonald)



kein Beweis dafür, dass es sich nicht durch zufällige Mutation und natürliche Selektion entwickelt hat“ (LANG & RICE 2019).

Weiter heißt es in derselben Veröffentlichung, dass multifunktionale Proteine dafür sprächen, dass unerwartete Entwicklungswege über verschiedene Funktionen möglich seien, die bei bloßer Betrachtung einer einzelnen Funktion nicht berücksichtigt worden sein könnten.

Das angeführte Argument ist keineswegs neu. Im Grunde rekapituliert es ein gedankliches Motiv, das schon CHARLES DARWIN in Bezug auf die hypothetische Evolution des Linsenauges angeführt hat:

„Jemand, der so weit gehen wird, [...], sollte nicht zögern, weiter zu gehen und zuzugeben, dass eine Struktur auch so perfekt wie das Auge eines Adlers durch natürliche Selektion entstanden sein könnte, obwohl er in diesem Fall die Übergangsformen nicht kennt. Seine Vernunft sollte die Überhand über seine Vorstellungskraft gewinnen“ (DARWIN 1859).

Hier handelt es sich in keiner Weise um einen tatsächlich erbrachten Beweis in Form eines beobachteten natürlichen Vorgangs, sondern um einen *Appell an die Vorstellungskraft*. So wie DARWIN forderte, sich nicht erwiesene evolutive Wege zum Linsenauge *vorzustellen*, for-

Abb. 4 Der Weißkopfseeadler verfügt über Augen, die ihm eine äußerst präzise Sicht auf ca. 1 km Abstand ermöglichen. Darwin forderte seine Leser auf, sich Zwischenstufen der Entwicklung ausgehend von primitiven Vorstufen vorzustellen. Dieser Denktradition folgend fordern Biochemiker, sich Zwischenstufen der Entwicklung von Proteinkomplexen vorzustellen. (Pixabay)



dern LANG & RICE, dass man sich bisher nicht gezeigte, rein hypothetische Entwicklungswege von Proteinen *vorstellt*. Behe selbst antwortete auf den Einwand seiner Kollegen, dass das Argument der nichtreduzierbaren Komplexität nirgends fordert, dass Proteine nur eine einzige Funktion haben dürfen (BEHE 2019b). Tatsächlich liegt die Beweislast hier auf Seiten der Befürworter der Evolutionslehre. Sie müssten konkret zeigen, wie ein nichtreduzierbar komplexes System durch schrittweise Mutationen und Selektion entstehen kann – unabhängig davon, ob im Ausgangszustand Multifunktionalität der einzelnen Bestandteile bereits vorliegt oder nicht. Ein solcher positiver Nachweis steht aber noch immer aus. Stattdessen fordern Befürworter der Evolutionslehre das Erbringen eines *Unmöglichkeitbeweises*: ID-Befürworter sollen zeigen, dass die evolutive Entstehung nichtreduzierbar komplexer Systeme unmöglich sei. Diese Forderung ist im o. g. Zitat von LANG und RICE implizit enthalten. Das ist eine wissenschaftstheoretisch nicht berechnete Forderung bzw. eine unzulässige Verlagerung der Beweislast.

Die Einwände gegen das Argument der NK beruhen auf Appellen, sich nichtexistente Zwischenstufen vorzustellen, oder auf fehlenden Unmöglichkeitbeweisen einer evolutiven Entstehung von NK.

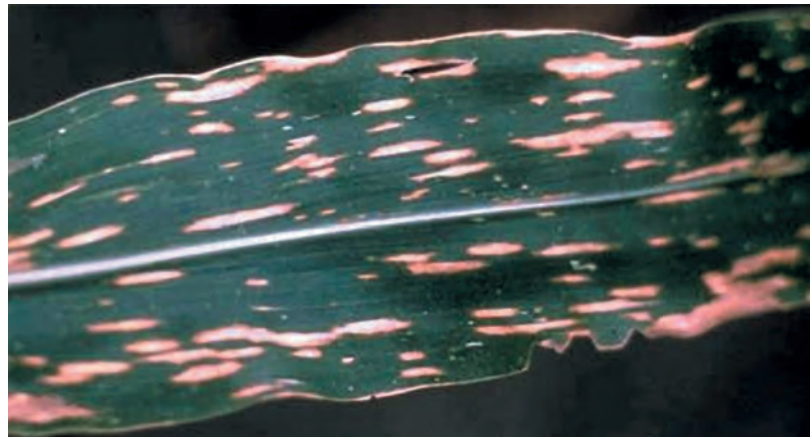
Den bisher letzten bekannten Versuch, einen *positiven* Beweis für die Möglichkeit einer evolutiven Entstehung von NK zu erbringen, unternahm ARTHUR HUNT (2007; revidierte Fassung 2019). Er führte das in Maispflanzen vorkommende mitochondriale Gen *T-urf13* an, das für ein Transmembran-Protein (ein Proteinkomplex) codiert, welches als gesteuerter Ionenkanal fungiert. *T-urf13* wurde bei Maispflanzen nachgewiesen, die auf Sterilität ihrer männlichen Blüten hin gezüchtet worden waren. Diese Züchtungsvariante erwies sich allerdings als sehr anfällig für den Pilz *Cochliobolus heterostrophus*, dessen Giftstoff bei den Maispflanzen eine Krankheit auslöst, da er durch Binden an den Ionenkanal dessen Öffnung verursacht (TURGEON & BAKER 2007). Dies hat zur Folge, dass für die Funktionsweise des Mitochondriums unverzichtbare Ionengradienten abgebaut werden. Es konnte gezeigt werden, dass sowohl die Sterilität männlicher Maisblüten als auch die Anfälligkeit für die Pilzerkrankung mit der besagten Genvariante in Verbindung stehen.

Die Ergebnisse des Genomvergleichs zwischen der für den Pilz anfälligen Maisvariante

und der normalen Pflanze wurden unter Voraussetzung von Evolution so interpretiert, dass *T-urf13* durch eine Reihe von Umstrukturierungen des genetischen Materials wie Duplikationen und Rekombinationen entstanden sein soll (HUNT 2007). Euphorisch kommentierte HUNT dazu:

„Mit anderen Worten: Eine nichtreduzierbar komplexe Struktur ist auf einen Schlag entstanden, ausgehend von DNA-Sequenzen, die nicht für Proteine codieren. Im Grunde ist dies ein Fall von *de novo* entstandener nichtreduzierbarer Komplexität“ (HUNT 2007, revidierte Fassung 2019).

Allerdings fehlen die konkreten Belege dafür, dass *T-urf13* tatsächlich durch die angesprochenen genetischen Umstrukturierungen entstanden ist. Der bloße Genomvergleich ist keine hinreichende Bestätigung für den angenommenen Mechanismus. Nirgends in seiner Veröffentlichung hat HUNT den schrittweisen evolutiven Aufbau von *T-urf13* im Detail beschrieben. Auch ist nirgends in seinen Ausführungen die Rede von einem Selektionsvorteil, den der Erwerb von *T-urf13* nach sich ziehen könnte. Das ist angesichts des doppelten selektiven Nachteils durch Sterilität männlicher Blüten und Anfälligkeit für eine Pilzkrankung nicht überraschend. Plausibler erscheint daher die Annahme, dass das Gen *T-urf13* bereits vorher vollständig vorlag und durch eine Änderung der Genregulierung aberrant* wurde (McLATCHIE 2019). Dies wird dadurch bestätigt, dass das Protein *Rf2*, welches *T-urf13* reguliert und ausgehend von der Kern-DNA exprimiert* wird, bereits vor einiger Zeit identifiziert werden konnte (CUI et al. 1996). Es spricht also einiges dafür, dass es sich bei diesem Beispiel um eine Genveränderung handelt, die einen Funktionsverlust nach sich zieht und damit besser durch *Devolution* zu beschreiben wäre (McLATCHIE 2019). Jedenfalls scheinen weitere Untersuchungen erforderlich zu sein, um eindeutig zeigen zu können, ob *T-urf13* durch eine Reihe von Umstrukturierungen des Genoms neu zustande kommen kann. Klar ist aber auch,



Als Beweis für die Möglichkeit eines evolutiven Zustandekommens von NK wurde ein genetisches Merkmal in Maispflanzen angeführt, dessen Träger aus dem Evolutionsprozess ausscheiden.

Abb. 5 Befallenes Blatt einer Maispflanze mit *Cochliobolus heterostrophus*. (Wikimedia: David B. Langston - <http://www.forestryimages.org/browse/detail.cfm?imgnum=5076079>, CC BY 3.0)

dass es sich hier nicht um Höherentwicklung im eigentlichen Sinne handelt, da Träger dieser Genvariante aus dem Evolutionsprozess ausscheiden.

Beurteilung von Mutationen. Ein weiterer Einwand, den alle Kritiker wiederholt gegen Behes Schriften vorbringen, ist eine angeblich selektive Datenauswertung, die dazu diene, die Darwin'sche Evolution als insgesamt destruktiv darzustellen. Es sei zwar richtig, geben die Befürworter der Evolutionslehre zu, dass adaptive Evolution oft von Genveränderungen herühre, die als „Funktionsverlust-Mutationen“ beschrieben werden können. Dennoch würde Behe destruktive Veränderungen des Erbguts überbewerten und angeblich nachgewiesene evolutive Innovationsmechanismen ignorieren (LANG & RICE 2019). Besonders im Fokus standen dabei Genvarianten im Erbgut von Eisbären und die Beurteilung der Ergebnisse des Langzeitexperiments von Richard LENSKI.

Eisbären sind mit Braunbären verwandt. Kreuzungen zwischen den beiden Bärenarten sind möglich und geschehen in freier Wildbahn



Abb. 6 Braunbär und Eisbär. Die Tiere unterscheiden sich insbesondere durch ihre Fellfarbe und den Fettstoffwechsel. Es deutet vieles darauf hin, dass sowohl die weiße Fellfarbe als auch der an die fettreiche Kost angepasste Fettstoffwechsel der Eisbären Folgen schädigender Mutationen sind. (Pixabay)

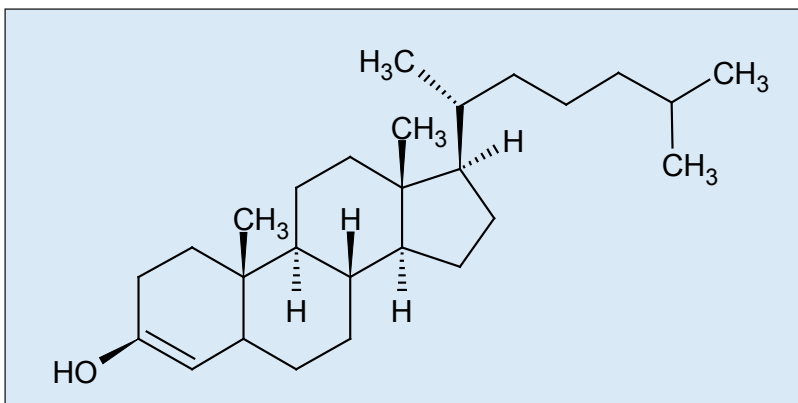
(„Capuccino-Bären“). Im Vergleich zu Braunbären weisen Eisbären ein weißes Fell auf und einen Fettstoffwechsel, der ihnen eine wesentlich fettreichere Kost ermöglicht, ohne dass es dadurch zu einer stark erhöhten Sterblichkeit durch Herzkrankungen kommt. LIU et al. (2014) beschrieben die genetischen Veränderungen, die den genannten Anpassungen bei Eisbären zugrunde liegen. Während es hinsichtlich des Verlusts der braunen Fellfarbe klar zu sein scheint, dass eine destruktive Veränderung des *LYST*-Gens ursächlich ist, wurde eine längere Auseinandersetzung darüber geführt, ob das auch für den veränderten Fettstoffwechsel der Eisbären gelte. LIU et al. konnten nachweisen, dass das *APOB*-Gen, welches die Synthese des Apolipoproteins B (*apoB*) codiert, sich bei Eisbären und Braunbären unterscheidet. Das Protein *apoB* ist zuständig für das Binden von Cholesterin im Blut und dessen Aufnahme in die Zellen. Mutationen im *APOB*-Gen sind bei einigen Säugetieren und dem Menschen bereits als Ursache von Arterienverkalkung (Arteriosklerose) und Erkrankungen des Herzmuskels (Cardiomyopathie) ausgemacht worden. LIU et al. halten sich mit einer exakten Beurteilung der genetischen Veränderungen im *APOB*-Gen von Eisbären zurück, schreiben jedoch, dass „für einen großen Anteil (ca. 50 %) der Mutationen eine funktionell schädigende Wirkung vorhergesagt wurde“ – wobei die Vorhersage von der Software PolyPhen-2 stammt, die Mutationen entweder als „schädigend“ oder „gutartig“, d. h. nicht schädigend, einordnen kann.

In „Darwin Devolves“ wurde die Veränderung des Erbguts der Eisbären der Terminologie des Artikels von LIU et al. folgend als destruktiv eingeordnet. Kritiker wandten dagegen ein, dass gerade die Funktion des *APOB*-Gens, den Cholesterin-Gehalt im Blut zu reduzieren, dagegen spräche, dass destruktive Mutationen ein schnelleres Entfernen von Cholesterin ermöglichen könnten, wie es bei Eisbären der Fall ist. Dementsprechend müsste es sich um eine konstruktive Mutation handeln, die zu einer Optimierung der Proteinfunktion beigetragen habe. Außerdem könne, so die Kritiker, die von LIU

et al. verwendete Software gar nicht beurteilen, ob eine Mutation konstruktiv sei, da sie nur zwischen „schädigend“ oder „nicht schädigend“ unterscheidet.

Die Einwände der Kritiker hören sich zunächst nachvollziehbar an. Doch konnte gezeigt werden, dass das *APOB*-Gen nicht nur für das Entfernen, sondern auch für das Einführen des Cholesterins ins Blut zuständig ist. Das Gen codiert nämlich für die zwei isoformen* Proteine *apoB-48* und *apoB-100*, von denen die kleinere Variante das Cholesterin aus den Zellen ins Blut befördert. Ist die Funktion des Letzteren beschädigt, wirkt sich das im Sinne einer Senkung des Cholesterinspiegels aus (WHITFIELD et al. 2004). Diese Fragen sind bisher nicht im Detail geklärt. Doch liegt es nahe, dass eine *destruktive* Veränderung des *APOB*-Gens die plausible Interpretation der Anpassung des Eisbären an seine fettreiche Kost ist. In einer Antwort auf die Einwände der Kritiker listet LUSKIN (2019) eine Reihe von Quellen auf, die bestätigen, dass schädliche Mutationen im *APOB*-Gen bei Menschen für einen niedrigen Cholesterinspiegel ursächlich sind. Ob dieser Sachverhalt auch auf Eisbären zutrifft, wird die künftige Forschung zeigen müssen. Es ist jedoch allgemein bekannt, dass Genfunktionen bei allen Säugetieren und dem Menschen in sehr vielen Fällen übereinstimmen. Auf das zuletzt genannte Argument ging LENTS, einer der schärfsten Kritiker Behes, auch in seinen letzten Veröffentlichungen nicht ein (2021 und 2023).

Kontrovers diskutiert wurde auch das Langzeitexperiment von Richard LENSKI (long term evolutionary experiment, LTEE). Bei dem Experiment wurde das Wachstum von *E.-coli*-Bakterien unter Laborbedingungen beobachtet, mit dem Ziel, deren Evolution nachvollziehen zu können. Inzwischen sind über 75.000 Bakteriengenerationen durchlaufen (LENSKI 2023), wobei regelmäßig repräsentative Proben tiefgefroren werden, um sie für Untersuchungen von Veränderungen im Verlauf der Generationenfolge verfügbar zu haben. BEHE (2019a) sieht in den Resultaten des LTEE als „überwältigend wichtige und fast komplett übersehene Lektion“ eine weitere Bestätigung der konstanten Degeneration von genetischem Material. Tatsächlich ging die große Mehrheit der Mutationen bei den *E.-coli*-Bakterien im LTEE mit Funktionsverlusten einher – das gaben auch LENTS et al. (2019) in ihrer kritischen Rezension zu.

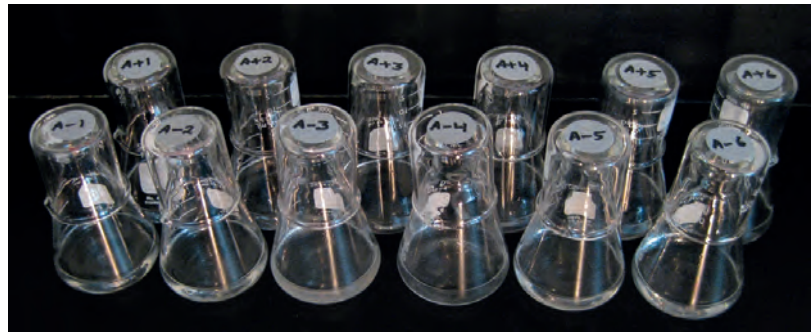


Das Langzeitexperiment von LENSKI ist eine weitere eindrucksvolle Bestätigung der konstanten Degeneration des genetischen Materials von Lebewesen.

Lediglich eine einzige Veränderung durch eine Reihe an Mutationen wurde von Lenski als evolutionäre Innovation eingestuft: Diese ermöglichte den *E.-coli*-Bakterien den Konsum von Zitrat in Gegenwart von Sauerstoff (BLOUNT et al. 2008). Normalerweise sind *E.-coli*-Bakterien nur in Abwesenheit von Sauerstoff dazu in der Lage, Zitrat zu konsumieren. Da Zitrat im verwendeten Nährmedium aus technischen Gründen reichlich vorlag, konnte die mutierte Variante (C^+) sehr viel schneller wachsen als die anderen. Auch wenn es sich bei C^+ nur um eine Reorganisation eines bereits vorhandenen Genabschnitts handelt, wurde zunächst optimistisch darüber berichtet (BLOUNT et al. 2008; PENNISI 2013). In einem neueren Artikel hieß es jedoch, dass die vorzeitige Mortalität der C^+ -Variante nach ca. 50.000 Generationen auf 40 % gestiegen war (BLOUNT et al. 2008). Dies führte bei diesen Zelllinien sogar vermehrt zu einer Art Aasfresserei – die *E.-coli*-Bakterien verzehrten tote Artgenossen. Es liegt nahe, dass die stark erhöhte Mortalität der C^+ -Variante eine Folge der Anhäufung degenerativer Mutationen war – ein weiterer offensichtlicher Fall von Devolution (BEHE 2020).

Außer den angeführten Beispielen für Devolution gibt es noch viele andere. In dieser Ausgabe von *Studium Integrale Journal* wird die inzwischen bestätigte Degeneration von Mammuts diskutiert (SCHMIDTGALL 2023). Darüber hinaus können noch die Sichelzellanämie (BEHE 2019a, S. 182), die Variation der Pigmentierung des menschlichen Auges (BRILLIANT 2001) oder auch Verlustmutationen bei der Hefe *Saccharomyces cerevisiae* (SALES-LEE 2021) genannt werden. Für konstruktive Veränderungen durch die Wirkung von Evolutionsfaktoren fehlen nach wie vor die Belege.

Manche Kritiker warfen Behe überdies vor, viele andere Evolutionsfaktoren wie Plastizität* oder Evo-Devo* nicht gebührend berücksichtigt zu haben. Insbesondere im Rahmen jüngerer Varianten der Evolutionslehre wie der „Extended Evolutionary Synthesis“ (EES) sind einige andere Vermutungen über Quellen für biologische Innovation vorgebracht worden. Das Ignorieren dieser Faktoren sei, so der Einwand, möglicherweise auch ein Grund für Behes Gesamteinschätzung der Evolution. Allerdings widmete Behe ganze zwei Kapitel in „*Darwin Devolves*“ neueren Erklärungsversuchen für die Quelle der Innovation in der Biologie und konstatierte, dass keiner dieser neuen Ansätze in der Lage ist, aufzuzeigen, wie komplexe biochemische Maschinen entstanden sein könnten. In seinen Worten: „Meiner Meinung nach gewinnt Darwin den Wettbewerb um den besten der völlig unzureichenden Mechanismen“ (BEHE 2019a, S. 252).



Beurteilung der Debatte

Eine Gesamtschau des argumentativen Austauschs um das Buch „*Darwin Devolves*“ zeigt relativ klar, dass die daran geäußerte Kritik nicht überzeugend ist. Sie erweist sich oft als mangelhaft begründet, unsachlich oder leicht widerlegbar. Behauptungen, das Argument der nichtreduzierbaren Komplexität sei widerlegt, erweisen sich als unhaltbar oder gar irreführend. Es ist bezeichnend, dass als einziges Beispiel für die angebliche Entstehung einer nicht-reduzierbar komplexen Funktionseinheit das bei Maispflanzen vorkommende Gen *T-urf13* angeführt wird, welches dessen Träger aus der Evolution ausmerzt. Auch die Verweise auf angeblich konstruktive Mutationen, die zu evolutiven Innovationen führen sollen, erweisen sich bei näherer Betrachtung als degenerative Veränderungen (oder bestenfalls Reorganisationen). „Devolution“ scheint nach aktuellem Wissensstand tatsächlich die treffendere Beschreibung für die Wirkung mikroevolutiver Prozesse zu sein und ist bereits vielfach bestätigt worden. Die beständige Abwehrhaltung der Befürworter der Darwin’schen Evolution gegen diese Erkenntnis scheint jedenfalls nicht durch eine plausible Interpretation naturwissenschaftlicher Daten begründet zu sein.

Interessant ist in diesem Zusammenhang, dass Behes Argumente keineswegs neu sind. Einige Befürworter der biblischen Schöpfungslehre haben schon deutlich früher thematisiert, dass die Evolution „in die falsche Richtung geht“ (SPETNER 1996) bzw. gemäß der „genetischen Entropie“ degeneriert (SANFORD 2014). Dass selbst Behe diese Bücher in „*Darwin Devolves*“ nicht zitiert, ist sachlich nicht nachvollziehbar, denn diese Literatur dürfte ihm wohl kaum entgangen sein. Es sieht danach aus, dass selbst er jeglichen Bezug zu biblisch begründeten Überzeugungen meidet, um von der Fachwelt wahrgenommen zu werden.

Während Darwins spekulative Schlussfolgerungen bezüglich einer Höherentwicklung der Lebewesen trotz systematischer Ungereimtheiten mehrheitlich für wahr gehalten und verteidigt werden, finden wissenschaftlich solide geschriebene Bücher auch ohne Bezug zur Bibel

Abb. 8 Aufnahme der von LENSKI et al. angesetzten Bakterienkulturen für das Langzeitexperiment. (Wikipedia: Brian Baer and Neeraja Hajela - <http://myxo.css.msu.edu/ecoli/citrateflasks-photos.html>, CC BY-SA 1.0, CC BY-SA 1.0)

Glossar

aberrant: Hinsichtlich seiner Funktion abweichend.

exprimieren: Übersetzen der Information von der DNA in ein Protein.

Evo-Devo: Jüngere Hypothese im Rahmen der Evolutionstheorie, die sprunghafte Evolution durch Mutationen in Master-Kontrollgenen (wichtige regulatorische Gene) erklärt.

funktionale Information: Gemeint sind sinnvolle Zeichensätze, die eine Funktionseinheit codieren. So wie in einem Computer jede funktionierende Software in ganz spezifischer Weise codiert sein muss, bedarf es einer spezifischen Anordnung von Bausteinen im Erbgut, damit ein Protein codiert wird. Durch ungesteuerte natürliche Vorgänge kommt so etwas nach aktuellem Wissensstand nicht zustande.

Grundtypenbiologie: Eine Lehre, die davon ausgeht, dass es von Gott geschaffene Schöpfungseinheiten gibt, die auf der Ebene der Systematik der Lebewesen (Taxonomie) in etwa den Tierfamilien entsprechen. Innerhalb der Grundtypen kann es zur Artaufspaltung kommen, die ein Ausschöpfen vielfältig angelegter genetischer Information ist.

isoforme Proteine: verschiedene Proteine, die anhand der Information von

demselben Genabschnitt synthetisiert werden. Die Unterschiede resultieren aus verschiedenen Spleißvorgängen (alternatives Spleißen).

naturalistische Weltsicht: Ausschließlich auf physikalischen, d. h. natürlichen Dingen beruhendes Weltverständnis, das die Existenz übernatürlicher Dinge oder Personen prinzipiell ausschließt.

nichtreduzierbare Komplexität: Ein System, das aus mehreren gut aufeinander abgestimmten, interagierenden Bauteilen zusammengesetzt ist, die zur Grundfunktion dergestalt beitragen, dass das Entfernen eines dieser Bauteile zum Verlust der Funktion führen würde.

Plastizität: Die Fähigkeit bestimmter Organismen, unter unterschiedlichen ökologischen Bedingungen recht verschiedene Phänotypen (äußere Erscheinung) auszuprägen. Dies beruht auf vorhandenen Genmodulen, die bei Bedarf aktiviert werden können.

Schöpfungslehre: Hier ist die allgemeine Überzeugung gemeint, dass ein übernatürlicher Schöpfer für den Ursprung des Lebens verantwortlich ist. Eingeschlossen sind also sowohl die biblische Schöpfungslehre als auch das „Intelligent Design“.

keine breite Akzeptanz, wenn die Schlussfolgerungen der naturalistischen Weltsicht* widersprechen.

Quellen

BEHE MJ (1996) Darwin's black box: The biochemical challenge to evolution. Free Press, New York.

BEHE MJ (2007) The edge of evolution. The search for the limits of Darwinism. Free Press, New York.

BEHE MJ (2019a) Darwin Devolves. The new science about DNA that challenges evolution. HarperOne, New York.

BEHE MJ (2019b) A response to my Lehigh Colleagues. <https://evolutionnews.org/2019/03/a-response-to-my-lehigh-colleagues-part-3/>.

BEHE MJ (2020) The citrate death spiral. Evolution News, <https://evolutionnews.org/2020/06/citrate-death-spiral/>.

BENNER (2017) Detecting Darwinism from Molecules in the Enceladus Plumes, Jupiter's Moons, and Other Planetary Water Lagoons. *Astrobiology*, 17, 840–851.

BLOUNT ZD et al. (2008) Historical contingency and the evolution of a keyinnovation in an experimental population of *Escherichia coli*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 105 (23), 7899–7906.

BRENAN M (2019) 40 % of Americans Believe in Creationism, <https://news.gallup.com/poll/261680/americans-believe-creationism.aspx>.

BRIILLANT MH (2001) The Mouse p (pink-eyed dilution) and Human P Genes, Oculocutaneous Albinism Type 2 (OCA2), and Melanosomal pH. *Pigment Cell Res.* 14, 86–93.

CUI X, WISE RP & SCHNABLE PS (1996) The rf2 Nuclear Restorer Gene of Male-Sterile T-Cytoplasm Maize. *Science* 272, 1334–1336.

DARWIN C (1859) On the Origin of Species. Faksimile-Ausgabe, Harvard Univ. Press, S. 188.

DAWKINS R (1996) Der blinde Uhrmacher. München, 2. Auflage, S. 134.

HUNT A (2007) On the evolution of Irreducible Complexity. The Panda's Thumb blog (revidiert am 23.01.2019).

JUNKER R (2008) Nichtreduzierbare Komplexität, https://www.genesisnet.info/pdfs/Irreduzible_Komplexitaet.pdf

JUNKER R (2021) „Baumeisterin Natur.“ Sind teleologische Begriffe in der Biologie nur Metaphern? In: JUNKER R & WIDENMEYER M (2021) Schöpfung ohne Schöpfer? Studium Integrale. Holzgerlingen.

JUNKER R & SCHERER S (2013) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Weyel-Verlag.

LANG GI & RICE AM (2019) Evolution Unscathed: Darwin Devolves argues on weak reasoning that unguided evolution is a destructive force, incapable of innovation. *Evolution* 73, 862–868.

LENSKI RE (2023) Revisiting the Design of the Long-Term Evolution Experiment with *Escherichia coli*. *J. Mol. Evol.* 91, 241–253.

LENTS NH (2019) Darwin Devolves: Devolution is not a thing. <https://thehumanevolutionblog.com/2019/02/19/devolution-not-a-thing/>.

LENTS NH (2021) Behe, Bias, and Bears (Oh My!), <https://skepticalinquirer.org/2021/03/behe-bias-and-bears-oh-my/> und (2023) <https://thehumanevolutionblog.com/2023/01/11/behe-bias-and-bears-oh-my/>.

LENTS NH, SWAMIDASS SJ & LENSKI RE (2019) The end of evolution? *Science* 363, 590.

LIU et al. (2014) Population Genomics Reveal Recent Speciation and Rapid Evolutionary Adaptation in Polar Bears. *Cell* 157, 785–794.

LUSKIN C (2019) Polar Bear Seminar: New Evidence That Michael Behe Is Right. *Evolutionnews*, <https://evolutionnews.org/2019/05/polar-bear-seminar-new-evidence-that-behe-is-right/>.

MACLEAN KFE, DICKERSON CR (2019) Kinematic and EMG analysis of horizontal bimanual climbing in humans. *Journal of Biomechanics*, 92, 11–18.

McLATCHIE J (2019) Does T-urf13 Refute Irreducible Complexity? A Response to Arthur Hunt. <https://evolutionnews.org/2019/04/does-t-urf13-refute-irreducible-complexity-a-response-to-arthur-hunt/>.

PENNISI E. (2013). The man who bottled evolution. *Science* 342, 790–793.

SANFORD JC (2014) Genetic Entropy. Feed my sheep found inc.

SCHMIDTGALL B (2023) Mammuts: degenerierte Elefanten? *Stud. Integr. J.* 30, 126–127.

SPETNER L (1996) Not by Chance! Shattering the Modern Theory of Evolution. Thrift Books, Chicago.

STEVEN AC et al. (2016) Molecular biology of assemblies and machines. Taylor & Francis Group.

TURGEON BG & BAKER SE (2007) Genetic and genomic dissection of the *Cochliobolus heterostrophus* Tox1 locus controlling biosynthesis of the polyketide virulence factor T-toxin. *Advances in Genetics* 57, 219–261.

WHITFIELD AJ et al. (2004) Lipid Disorders and Mutations in the APOB Gene. *Clinical Chemistry*, 50, 10, 1725–1732.

WILDER SMITH AE & WILDER SMITH B (2000) Es war ein reiches Leben. SCM Hänssler.

Anschrift des Verfassers:

Boris Schmidtgall, SG Wort und Wissen,

Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn;

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



Schwarz- und Weißstorch-Paar zieht Junge in freier Wildbahn auf

Ein erster Grundtypen-Überblick über die Störche

Störche sind allen Kindern bekannt – nicht nur wegen ihrer angeblichen Arbeit als „Baby-Bringer“, sondern auch wegen ihres typischen Aussehens mit den staksigen Beinen und dem langen Schnabel, den sie zum Klappern in der Kommunikation einsetzen können. Die ungewöhnliche Beobachtung eines Storchenpaares von Weiß- und Schwarzstorch in der Lüneburger Heide und auch weitere Kreuzungen verschiedener Storchenarten geben Anlass, die Störche einmal aus der Perspektive erschaffener Grundtypen zu analysieren.

Benjamin Scholl

Die Familie der Störche (Ciconiidae) besteht heute aus sechs Gattungen und 19 Arten, wozu noch mehrere ausgestorbene Gattungen¹ und Arten kommen (s. RODRÍGUEZ-RODRÍGUEZ & NEGRO 2021; vgl. BOLES 2005; SANTOS et al. 2018). Störche besiedeln alle Kontinente außer der Antarktis (ebd.). „Die Störche bilden eine klar abgegrenzte Gruppe, die sich durch mehrere Merkmale sowohl im Verhalten als auch in der Morphologie auszeichnet“ (SANTOS et al. 2018, 575). Typische Merkmale dieser fleischfressenden Vögel sind der lange Hals, die langen Beine mit relativ kurzen Füßen und natürlich der lange Schnabel, der aber nur bei der Gattung *Ciconia* (Eigentliche Störche) besonders schlank ist (RODRÍGUEZ-RODRÍGUEZ & NEGRO

2021; SANTOS et al. 2018). Bei Störchen der Gattung *Leptoptilos* (Marabus) sind die Schnäbel hingegen ziemlich massiv ausgebildet. Nur drei paläarktische Arten (Weißstorch, Schwarzstorch und Schwarzschnabelstorch) überwinden als Zugvögel große Distanzen (RODRÍGUEZ-RODRÍGUEZ & NEGRO 2021).

Während die in Abb. 2 blau dargestellten Hybriden (Mischlinge) bereits aus dem Buch *Handbook of Avian Hybrids of the World* (MCCARTHY 2006, 194) bekannt waren, meldete *National Geographic* (PIATSCHEK 2023) vor kurzem, dass in der Lüneburger Heide ein Weißstorch (*Ciconia ciconia*) und ein Schwarzstorch (*Ciconia nigra*) auch in der freien Wildbahn gemeinsam zwei Junge ausgebrütet haben.

Abb. 1 Schwarzstorch und Weißstorch im ungefähren Größenvergleich. Ein solches ungleiches Paar brütet erstmalig gemeinsam in der Lüneburger Heide. (Fotomontage nach Pixabay)

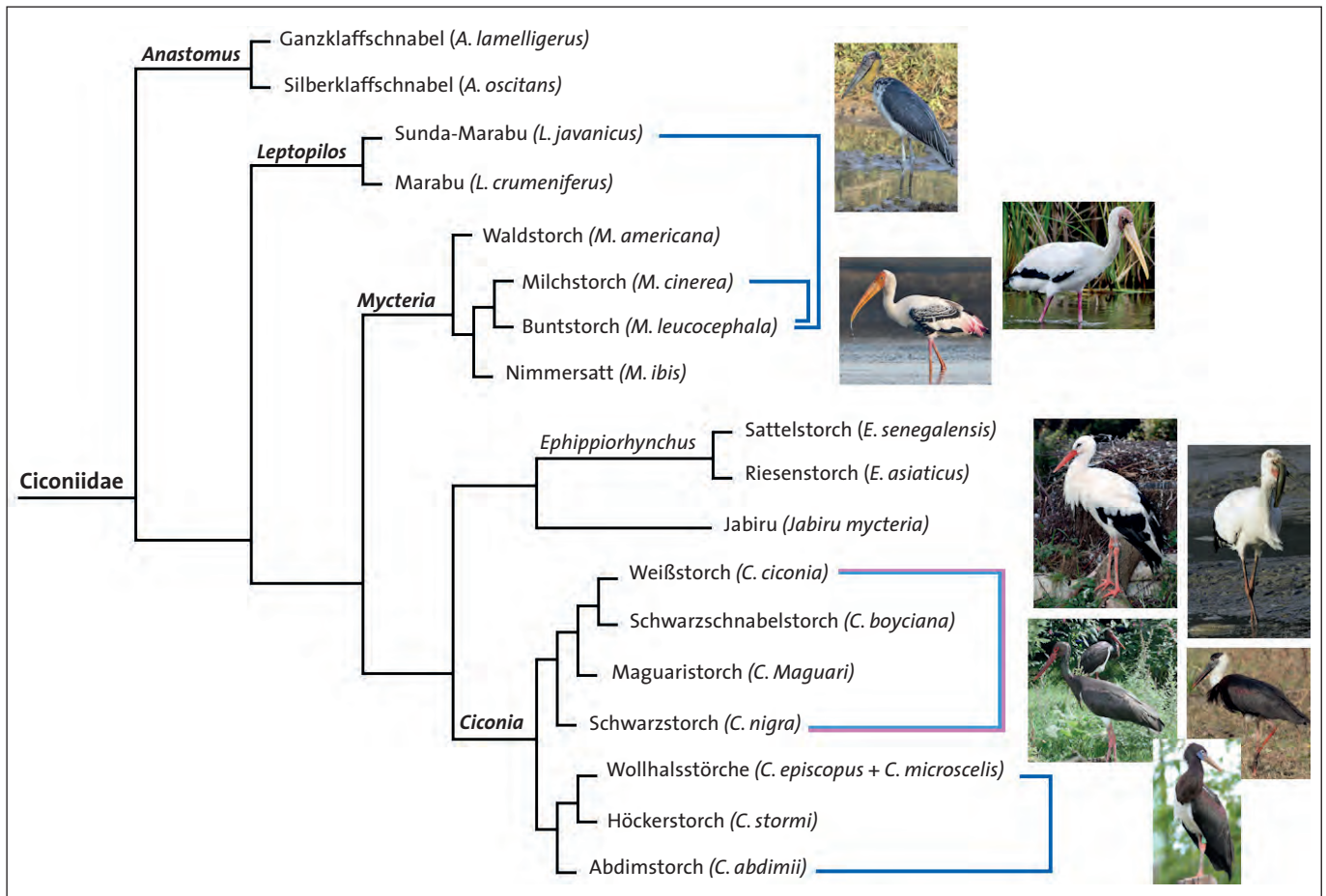


Abb. 2 Die blau markierten Hybriden innerhalb der Familie der Störche waren bereits länger bekannt und basieren auf Angaben aus McCARTHY (2006, 198) und BAVEJA et al. (2019). Nun wurden aber erstmals auch in freier Wildbahn Hybriden aus Schwarzstorch und Weißstorch beobachtet (pink markiert). Das Cladogramm (Verzweigungsschema) basiert auf den Ergebnissen der vergleichenden Chromosomenanalysen von DE SOUSA et al. (2023, Fig. 4; die Abstände der Aufzweigungen entsprechen aber nicht dem Original von DE SOUSA et al.). Die Fotos der Störche beziehen sich nur auf jene Arten, die miteinander Hybriden hervorgerufen haben. (Wikimedia: Cladogramm: <https://de.wikipedia.org/w/index.php?title=St%C3%B6rche&oldid=235140978>; Charles J. Sharp, CC BY-SA 4.0; DChai21, CC BY 2.0; JJ Harrison (<https://www.jjharrison.com.au/>), CC BY 3.0; André Karwath aka Aka, CC BY-SA 2.5; spaceaero2, CC BY 3.0; Hans Kadereit --ka, GFDL 1.3; Dr. Raju Kasambe, CC BY-SA 4.0; Gediminas - Picasa Web Albums, CC BY-SA 3.0)

Weißstörche besitzen 68 bis 72 Chromosomen und Schwarzstörche 52 Chromosomen – ihre Chromosomenanzahlen sind somit fast gegensätzliche Extreme unter den Störchen, da Störche insgesamt zwischen 52 und 78 Chromosomen im diploiden (doppelten) Chromosomensatz besitzen können (DE SOUSA et al. 2023, Fig. 4). Dennoch stellt dies offenbar kein Hindernis für eine Kreuzung der beiden Arten dar.² Weiterhin scheint es kein Hindernis für eine Kreuzung zu sein, dass Weiß- und Schwarzstorch bedeutende verhaltensbiologische Unterschiede mitbringen (vgl. PIATSCHECK 2023; vgl. ALDERTON 2011, 50f; SIXT et al. 2008, 158–160): So sind Weißstörche *Kulturfolger* und halten sich häufig in der Nähe des Menschen auf Wiesen und Weiden auf. Die etwas kleineren Schwarzstörche hingegen sind normalerweise sehr scheue *Kulturflüchter* und leben vor allem in großen, sumpfigen Waldgebieten.

Bei dem beobachteten Störchen-Pärchen zeigten sich verschiedene Vorlieben auch beim Nestbau: Die Schwarzstorchmutter verwendete Moos, welches vom Weißstorchenvater entfernt und durch Gras ersetzt wurde (PI-

ATSCHECK 2023; KREUZER 2023). Schließlich konnte das Nest aber doch vollendet werden, und aus drei Eiern schlüpften immerhin zwei Mischlinge – eine Sensation und bisherige Neuheit in der freien Wildbahn (ebd.). Bei der Fütterung der Jungen tendiert der Weißstorchvater entsprechend seiner Art eher zu Mäusen und Insekten, während bei der Schwarzstorchmutter wohl häufiger Fisch auf dem Speiseplan steht (ebd.).

Während Naturschützer sich berechtigterweise Sorgen darüber machen, dass diese ungewohnte Familienbildung darin begründet sein könnte, dass zu wenig Schwarzstörche in Niedersachsen leben (PIATSCHECK 2023; KREUZER 2023), ist dieses Ereignis auch aus Sicht der Grundtypenbiologie interessant. Es belegt wieder einmal, dass gegenwärtige Art-Definitionen unscharf sind, denn entgegen der biologischen Art-Definition kommt es in der Natur eben doch hin und wieder zu Kreuzungen von verschiedenen Arten. Nach dem Grundtyp-Modell gehören alle Arten, die direkt oder indirekt durch Kreuzungen verbunden sind, zum selben erschaffenen *Grundtyp* (hebr. *mín* in Genesis 1).

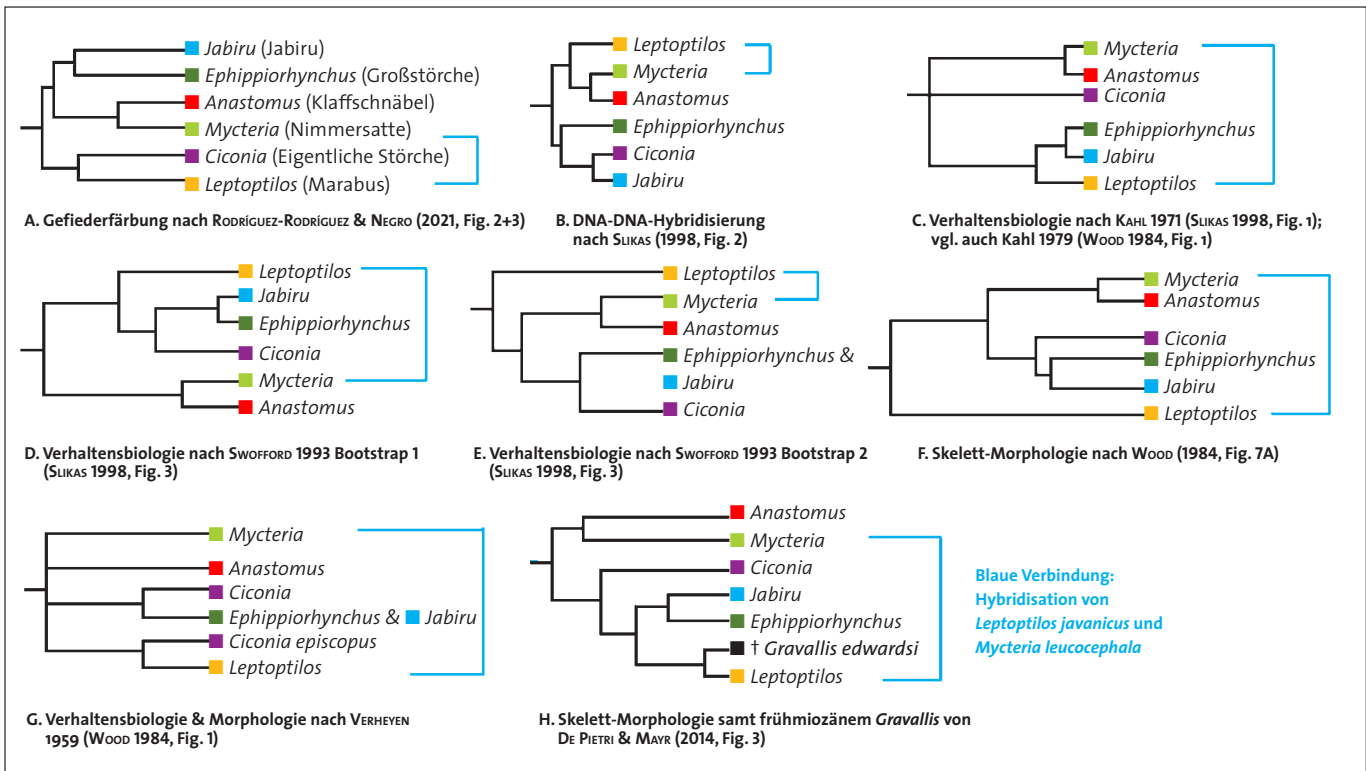


Abb. 3 Verschiedene Cladogramme basieren auf verschiedenen Merkmalen. Diese wurden der Übersichtlichkeit halber hier auf der Ebene der heutigen Gattungen dargestellt (in den Originalen wurde immer auf Artebene gearbeitet; Gattungsnamen waren z. T. anders als heute). Die gelungene Hybridisierung zwischen *Leptoptilos javanicus* und *Mycteria leucocephala* (s. o.) in **blau** legt in allen Cladogrammen außer B. und E. eine Zugehörigkeit aller Störche zu demselben Grundtyp nahe. **A.** Gefieder-Farbmuster der Störche nach RODRIGUEZ-RODRIGUEZ & NEGRO (2021, Fig. 2+3); **B.** DNA-DNA-Hybridisierung (SUKAS 1998, Fig. 2); **C.** Verhaltensbiologie nach KAHL 1971 (SUKAS 1998, Fig. 1; vgl. auch WOOD 1984, Fig. 1; Kahl 1979 – Kahl 1972 ist aber leicht anders); **D.** und **E.** zwei Bootstrap-Analysen nach Swofford 1993 (SUKAS 1998, Fig. 3); **F.** Skelettmorphologie insgesamt nach WOOD (1984, Fig. 1); **G.** Verhaltensbiologie & Morphologie nach VERHEYEN 1959 (WOOD 1984, Fig. 1); **H.** Skelett-Morphologie samt untermiozänem *Gravallis edwardsi* (23–16 Mio. radiometrische Jahre) nach DE PIETRI & MAYR (2014, Fig. 3). (Eigene Darstellung)

Leider wird aus Abb. 2 nicht ersichtlich, ob alle Störche zu einem Grundtyp gehören oder ob es verschiedene Grundtypen sein könnten. Daher wurden in Abb. 3 weitere Cladogramme einbezogen, die auf verschiedenen morphologischen (gestaltlichen), biochemischen (DNA-DNA-Hybridisierung) oder verhaltensbiologischen Analysen basieren.

Unter den vorgestellten unterschiedlichen Cladogrammen der Störche gleicht kein einziges auf Gattungsebene dem anderen.

Es fällt erst einmal auf, dass *kein einziges* Cladogramm aus Abb. 3 dem Cladogramm aus Abb. 2 entspricht. Dies spricht gegen eine einfache stammbaumartige Entwicklung innerhalb der Störche. Von den insgesamt neun in Abb. 2 und Abb. 3 dargestellten Cladogrammen unterstützen sechs den Befund, dass die Störche einen gemeinsamen Grundtyp bilden (Abb. 3A+C+D+F+G+H), während drei diesen Befund nicht so eindeutig ergeben (Abb. 2, Abb. 3B+E) – hier könnten es auch mehrere Grundtypen sein. Geht man von den sechs gerade genannten Cladogrammen aus, so entstammen die Gattungen Nimmersatte (*Mycteria*) und Marabus (*Leptoptilos*) den zwei am weitesten

auseinander liegenden Großgruppen der Störche, und sind doch durch eine Hybridisierung von *Leptoptilos javanicus* mit *Mycteria leucocephala* miteinander verbunden (vgl. MCCARTHY 2006, 194). Hierfür sprechen auch Gefieder-Musterrung und Morphologie stark³, während verhaltensbiologische Ergebnisse diesen Befund tendenziell ebenfalls unterstützen (vgl. auch den Grundtypen-Überblick über Vögel bei LIGHTNER 2013, 415). Lediglich molekulargenetische Untersuchungen lassen diesen Schluss nicht so klar zu.

Darüber hinaus sind die mutmaßlichen evolutionären Verwandtschaftsverhältnisse der Wasservögel inklusive der Störche gar nicht einfach zu rekonstruieren (s. Abb. 4). KURAMOTO et al. (2015, Fig. 1+3) führen fünf verschiedene Cladogramme auf, die sich massiv widersprechen: Diese basieren auf A. Morphologie, B. mitochondrialem Genom, C. und D. Kern-Genen mit unterschiedlich vielen Genorten (Loci) sowie E. Retrotransposon-Insertionen⁴. So sind auch die Störche in keinem einzigen dieser Cladogramme mit jeweils derselben Gruppe am nächsten verwandt: Die nächste Verwandtschaft besteht mit A. Phoenicopteridae (Flamingos), B. Ardeidae (Reiher), C. Gaviiformes (See-taucher), D. Procellariiformes (Röhrennasen) und Spheniscidae (Pinguinen) oder E. Sulidae (Tölpel aus der Ordnung der Suliformes). Bei

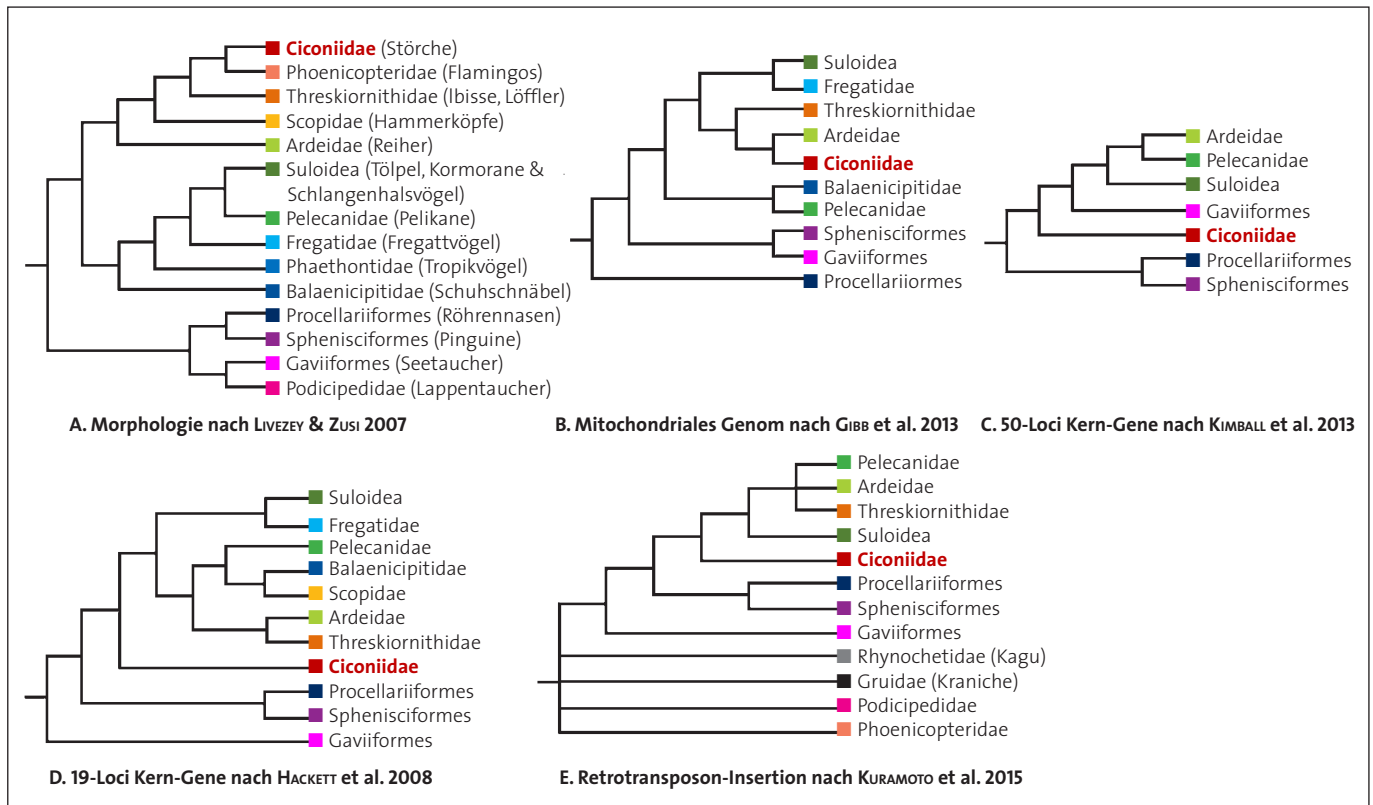


Abb. 4 Verschiedene Cladogramme zu den Verwandtschaftsbeziehungen der Wasservögel nach KURAMOTO et al. (2015, Fig. 1+3): **A** Morphologie nach LIVEZEY & ZUSI 2007; **B** mitochondriales Genom nach GIBB et al. 2013; **C** 50-Loci Kern-Gene nach KIMBALL et al. 2013; **D** 19-Loci Kern-Gene nach HACKETT et al. 2008; **E** Retrotransposon-Insertion nach KURAMOTO et al. 2015. Die Position der Störche (Ciconiidae; **fett dunkelrot**) sowie die Positionen fast aller anderen Wasservögel sind total widersprüchlich. (Eigene Darstellung)

molekulargenetischen Analysen von ERICSON et al. (2006, Fig. 1), HACKETT et al. (2008, Fig. 2) sowie PRUM et al. (2015, Fig. 1) sind wiederum die Fregattvögel (Fregatidae; ebenfalls aus der Ordnung Suliformes) die nächsten Verwandten der Störche. Bei KUHL (2020, Fig. 2+3) sowie BRAUN & KIMBALL (2021, z. B. Fig. 1) besteht die nächste Verwandtschaft zu der Clade (Gruppe) Suliformes und Pelecaniformes (Pelikanverwandte). Die sich häufig widersprechenden Systematiken sprechen eher für ein Baukastensystem eines Schöpfers, in dem der Grundtyp (bzw. die Grundtypen) der Störche frei zuteilbar morphologische und genetische Ähnlichkeiten mit anderen Vögeln bekommen haben. Evolutionstheoretisch sind solche widersprüchlichen Konstellationen nicht zu erwarten und wurden auch nicht vorhergesagt.

Nicht nur die Störche, sondern so gut wie alle Großgruppen von Wasservögeln haben in verschiedenen Cladogramm-Analysen massiv widersprüchliche evolutionäre Positionen.

Fasst man die Befunde zusammen, gibt es aus Morphologie (Gefiederfärbung und Skelettmerkmale) sowie Verhaltensbiologie und aufgrund verschiedener Hybriden gute Hinweise darauf, dass Störche einen gemeinsamen Grundtyp bilden. Molekulargenetische Ver-

gleiche wecken daran allerdings noch Zweifel und machen weitere Forschung erforderlich. Für Evolutionsbiologen ist es aber ein großes Problem, dass die Störche in Bezug auf die Wasservögel keine einheitliche systematische Position besitzen, da sich morphologische und verschiedene molekulargenetische Cladogramme massiv widersprechen. Dies spricht eher für ein Baukastensystem mit getrennt erschaffenen Grundtypen als für Makroevolution.

Im Gegensatz zur Molekulargenetik gibt es aus Morphologie und Verhaltensbiologie gute Hinweise darauf, dass Störche einen gemeinsamen Grundtyp bilden.

Anmerkungen

- ¹ In der Paleobio Database finden sich mehrere ausgestorbene Gattungen von Störchen: https://paleobio.org/classic/basicTaxonInfo?taxon_no=39634, aufgerufen am 05.08.2023. MAYR (2009, 84) nennt möglicherweise *Eociconia* (mittleres Eozän; 48–38 Millionen radiometrische Jahre (Mrj)) und *Palaeoephippiorhynchus* (unteres Oligozän; 34–28 Mrj) als Ciconiidae; und DE PIETRI & MAYR (2014) beschreiben *Grallavis* (unteres Miozän; 23–16 Mrj) als Schwestergruppe der Gattung *Leptoptilos*.
- ² Es zeigt sich aber erst in ca. drei Jahren, ob der Nachwuchs fruchtbar ist (PIATSCHECK 2023).
- ³ Allerdings sind die morphologischen Analysen von WOOD (1984, Fig. 5–9) je nach ausgewähltem Ske-

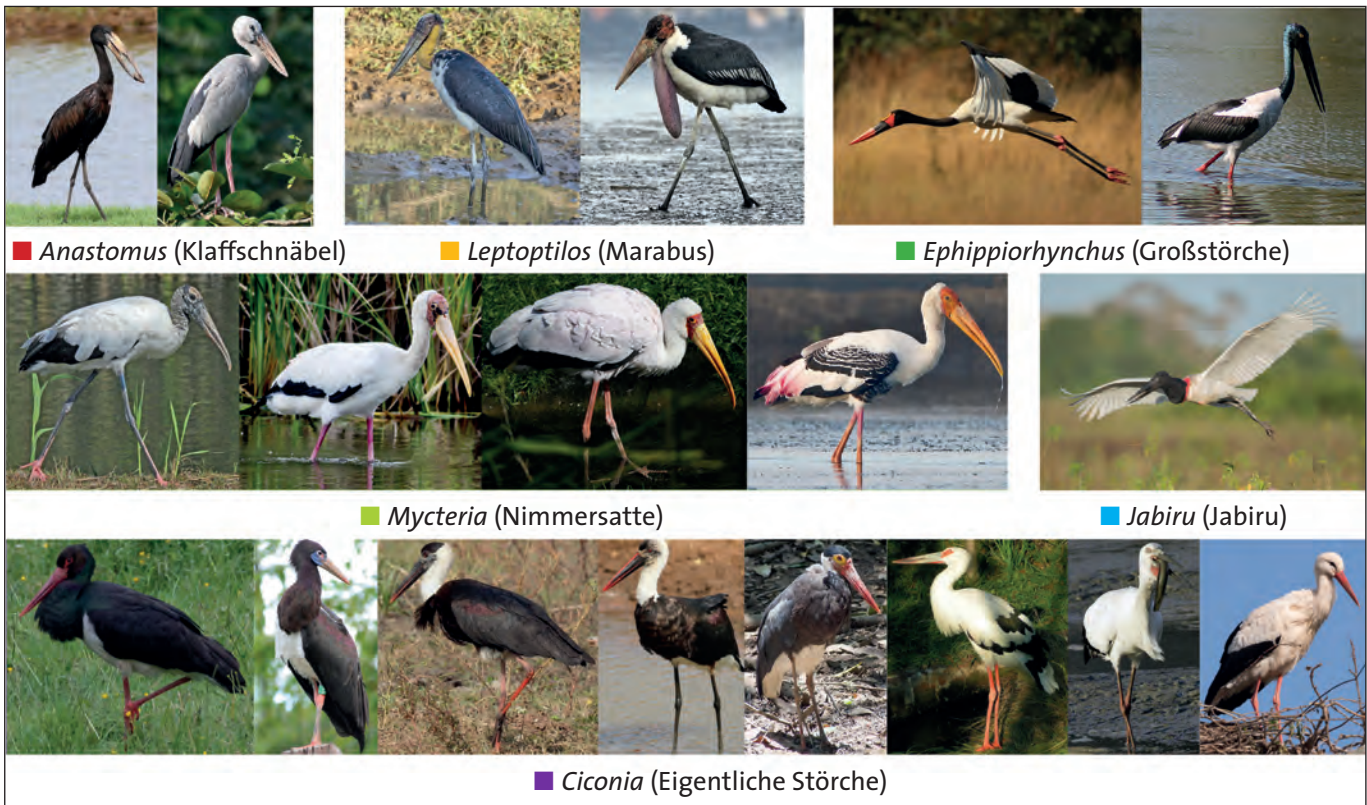


Abb. 5 Die Familie der Störche bildet wahrscheinlich einen Grundtyp, wobei aus molekulargenetischer Hinsicht noch Forschungsbedarf besteht. (© Winfried Borlinghaus; Wikimedia: CC BY 2.0: DChai21 / Derek / Derek Keats / Mike Prince; CC BY-SA 2.0: Lip Kee Yap, flickr; CC BY-SA 2.5 ar: © 2006 Carla; Antonini; CC BY 3.0: JJ Harrison (<https://www.jjharrison.com.au/>) / spaceaero2 / Sea1109; CC BY-SA 3.0: Gediminas - Picasa Web Albums / DickDaniels (<http://theworldbirds.org/>) / © Hans Hillewaert; CC BY-SA 4.0: Charles J. Sharp / Dr. Raju Kasambe / Andreas Trepte)

lettabschnitt oder Merkmalen (z. B. Winkel) sehr widersprüchlich und zeigen häufig keine klare Abgrenzbarkeit der Gattungen (keine *Monophylien*). Lediglich die Analyse mit allen Merkmalen lässt annähernd eine Abgrenzung auf Gattungsebene zu (ebd., Fig. 7A; vgl. aber Fig. 9 mit engeren Beziehungen zwischen manchen Arten von *Ehippiorhynchus* und *Ciconia* zueinander als zu Gattungsgenossen).

⁴ Retrotransposons sind DNA-Sequenzen, die sich im Genom über einen Copy-Paste-Mechanismus vermehren.

Literatur

ALDERTON D (2011) Vögel. Die wichtigsten Arten und ihre Verbreitung in Europa. Parragon Books Ltd. Queen Street House.

BAVEJA P, TANG Q, LEE JGH & RHEINDT FE (2019) Impact of genomic leakage on the conservation of the endangered Milky Stork. *Biological Conservation* 229, 59–66.

BRAUN EL & KIMBALL RT (2021) Data Types and the Phylogeny of Neoaves. *Birds* 2, 1–22.

DE SOUSA RPC et al. (2023) Cytotaxonomy and Molecular Analyses of *Mycteria americana* (Ciconiidae: Ciconiiformes): Insights on Stork Phylogeny. *Genes* 14, 816.

ERICSON PGP et al. (2006) Diversification of Neoaves: integration of molecular sequence data and fossils. *Biol. Lett.* 2, 543–547.

HACKETT SJ et al. (2008) A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. *Science* 320, 1763–1768.

KREUZER B (2023) Seltener Nachwuchs: Weißstorch hat Küken mit Schwarzstörchin, vom 18.07.2023, <https://www.ndr.de/nachrichten/niedersachsen/>

lueneburg_heide_unterelbe/Seltener-Nachwuchs-Weissstorch-hat-Kueken-mit-Schwarzstoerchin, storchenpaar122.html.

KURAMOTO T, NISHIHARA H, WATANABE M & OKADA N (2015) Determining the Position of Storks on the Phylogenetic Tree of Waterbirds by Retroposon Insertion Analysis. *Genome Biol. Evol.* 7, 3180–3189.

LIGHTNER JK (2013) An Initial Estimate of Avian Ark Kinds. *Answers Research Journal* 6, 409–466.

MAYR G (2009) *Paleogene Fossil Birds*. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.

MCCARTHY EM (2006) *Handbook of Avian Hybrids of the World*. Oxford University Press, New York.

PIATSCHECK N (2023) Einzigartiges Paar: Schwarz- und Weißstorch gründen Familie, vom 28.07.2023, <https://www.nationalgeographic.de/tiere/2023/07/einzigartiges-paar-schwarz-und-weissstorch-gruenden-familie>.

PRUM R et al. (2015) A comprehensive phylogeny of birds (Aves) using targeted next-generation DNA sequencing. *Nature* 526, 569–573.

RODRÍGUEZ-RODRÍGUEZ EJ & NEGRO JJ (2021) Integumentary Colour Allocation in the Stork Family (Ciconiidae) Reveals Short-Range Visual Cues for Species Recognition. *Birds* 2, 138–146.

SANTOS SS et al. (2018) Phylogeny of the species of *Ciconia* (Aves, Ciconiidae) based on cranial osteological characteristics. *Comun. Sci.* 9, 575–589.

SIXT E, KAMPHUIS A & KOTHE HW (Übersetzung) (2008) Vögel. Die große Bild-Enzyklopädie mit über 1200 Arten und 5000 Abbildungen. Dorling Kindersley Verlag GmbH, München.

SLIKAS B (1998) Recognizing and Testing Homology of Courtship Displays in Storks (Aves: Ciconiiformes: Ciconiidae). *Evolution* 52, 884–893.

WOOD DS (1984) Concordance between classifications of the Ciconiidae based on behavioral and morphological data. *J. Ornithol.* 125, 25–37.



Das Monster, das in kein Schema passt

Es sieht aus wie ein Phantasiewesen und seine Merkmalskombination hat es in sich: Das Tully-Monster (*Tullimonstrum gregarium*) lässt sich bis heute nicht schlüssig in das System der Lebewesen einfügen – nach einer neuen Studie gilt dies mehr denn je. Es ist ein Paradebeispiel für eine freie Kombinierbarkeit von tierklassen- und sogar tierstammübergreifenden Merkmalen. Eine solche Freiheit besitzt allerdings nur ein Schöpfer.

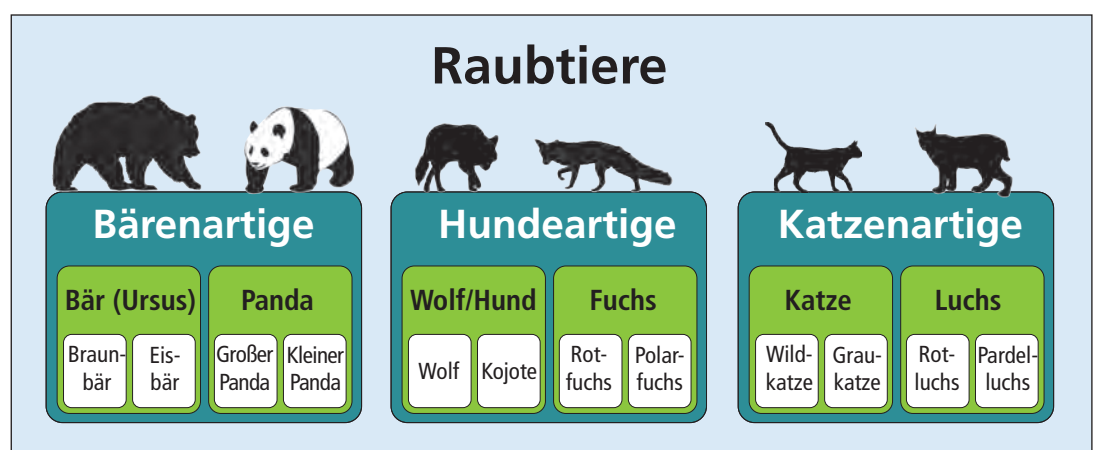
Reinhard Junker

Introbild Rekonstruktionen von *Tullimonstrum*. (Adobe-Stock)

Zu den vielzitierten Belegen für Evolution gehört das eingeschachtelte System der Lebewesen. Verschiedene Arten lassen sich auf der Basis von Merkmalsübereinstimmungen zu Gattungen zusammenfassen (z. B. Katzen), Gattungen zu Familien (z. B. Katzenartige), Familien zu Ordnungen (z. B. Raubtiere), Ordnungen zu Klassen (z. B. Säugetiere) und Klassen zu Stämmen (z. B. Chordatiere; vgl. Abb. 1). Ein eingeschachteltes System lässt sich problemlos in eine Baumdarstellung übersetzen, die sich evolutionstheoretisch wiederum im Sinne der gemeinsamen Abstammung aller Lebewesen interpretieren lässt. Bei manchen Tiergruppen

funktioniert das tatsächlich recht gut. Aber mit zunehmenden Kenntnissen über die Verteilung von Merkmalen bei verschiedenen Arten und höheren Taxa (umfassenderen Gruppen) wuchs die Anzahl von Merkmalswidersprüchen, insbesondere unter fossil bekannten Formen, aber auch bei heute lebenden Gruppen. In solchen Fällen erweisen sich netzartige Darstellungen von Merkmalsbeziehungen als deutlich widerspruchärmer als die allgemein üblichen Baumdiagramme. Das aber widerspricht dem genannten Evolutionsbeweis und evolutionstheoretischen Vorhersagen. Die Folge ist aber in der Regel nicht, dass deshalb Evolution als

Abb. 1 Eingeschachteltes System an einem einfachen Beispiel – nur vom Niveau Art bis zum Niveau Ordnung. Entsprechend kann man umfassendere Einschachtelungen vornehmen.



Rahmentheorie in Frage gestellt wird. Vielmehr sucht man nach neuen, unbekanntem Mechanismen, die zur unerwarteten Merkmalsverteilung geführt haben sollen. Evolution als Rahmentheorie steht nicht zur Disposition, eine Falsifizierungsmöglichkeit wird gar nicht erst in Betracht gezogen. Nicht zu vermeiden ist aber die Schlussfolgerung, dass damit ein wissenschaftlicher Beleg für Evolution – das eingeschachtelte System – geschwächt wird.

Netzartige Merkmalsbeziehungen widersprechen dem „Ähnlichkeitsbeweis“ der Evolution.

Tullimonstrum gregarium – das „Tully-Monster“

Ein extremes Beispiel dafür, dass die Merkmalskombination einer Art in kein evolutionäres Schema passt, ist das Tully-Monster (*Tullimonstrum gregarium*). Seinen Namen hat dieses nur fossil erhaltene Tier nicht umsonst. Man könnte es leicht für ein Phantasiewesen halten, wenn man eine der zahlreichen Rekonstruktionen betrachtet (Abb. 2). Tatsächlich aber wurden Tausende von Exemplaren entdeckt – ausschließlich in der oberkarbonischen Mazon-Creek-Formation (Illinois/USA; auf ca. 290 Millionen radiometrische Jahre datiert). Das Tier hatte einen spindelförmigen Körper und war ca. 30–35 cm lang, manche Individuen waren aber deutlich kleiner. Es besaß ein Paar vertikaler Bauchflossen am Schwanzende seines Körpers, einen langen Rüssel (Proboscis), der in einer Art Maul endete, das bis zu je acht kleine scharfe Zähne an jedem „Kiefer“ trug, was auf eine räuberische Lebensweise hinweist. Sehr ungewöhnlich sind auch die dünn gestielten Augen. Entlang des Körpers ist eine Segmentierung zu erkennen – auch in der Kopfregion vor den Augen, was ebenfalls ungewöhnlich ist. Hartteile wurden nicht nachgewiesen.

Es wundert nicht, dass die Einordnung des im Jahr 1966 erstmals beschriebenen Tieres ins System der Tiere Probleme bereitet und bis heute kontrovers diskutiert wird. Sein Körperbau unterscheidet sich von allen anderen bekannten Tierbauplänen. *Tullimonstrum* wurde mit Schnecken (Gastropoda), mit der ebenfalls ungewöhnlichen kambrischen Gattung *Opabinia* mit unklarer systematischer Stellung, mit fossilen Conodonten („Kegelzähler“), Vielborstern (Polychaeta-Würmer), Schnurwürmern (Nemertea) und Nektocariden (Gruppe der Kopffüßer) verglichen (MIKAMI et al. 2023, 1).

Ein Wissenschaftlerteam glaubte, eine Chorda (langer, dünner und biegsamer Stab im Rü-

ckenbereich), ein dreiteiliges Gehirn, Kiementaschen, Muskelsegmente wie bei Neunaugen und anderen Chordatieren sowie Zähne, die denen von Neunaugen und Schleimaalen ähneln, nachgewiesen zu haben (McCoy et al. 2016). Dieses Team schlug vor, *Tullimonstrum* als ursprüngliches Wirbeltier zu klassifizieren. Daran wurde postwendend Kritik geäußert (SALLAN et al. 2017). Wichtige wirbeltiertypische Merkmale wie Ohrkapseln und Körperpigmentierung würden fehlen; es sei bekannt, dass viele Merkmale konvergent (evolutionär unabhängig) auftreten und daher phylogenetisch (in Bezug auf die Stammesgeschichte) nicht aussagekräftig seien. Durch eine chemische Analyse der Fossilien wurden dann allerdings Überreste von Proteinen gefunden, aus denen das Keratin und Kollagen von Wirbeltieren besteht (McCoy et al. 2020), was die Forscher wiederum als Hinweis auf eine Wirbeltierverwandtschaft werteten.

Eine aktuelle Untersuchung von MIKAMI et al. (2023) erbrachte nun neue Befunde, die eine Entscheidung in dieser Kontroverse herbeiführen könnten. MIKAMI und sein Team analysierten 153 fossile Exemplare des Tully-Monsters mithilfe eines hochauflösenden 3D-Laserscanners und mittels Mikro-Röntgentomografie. Dabei stellte sich heraus, dass sich die von McCoy et al. (2016) beschriebenen, vermeintlich wirbeltierähnlichen Merkmale (dreigeteiltes Gehirn, segmentierte Muskeln und Strahlenflossen) deutlich von Wirbeltieren unterscheiden. „Unsere Analysen [...] deuten auf das Vorhandensein von Segmenten in der präoptischen Region und das Fehlen von Tektalknorpeln [Knorpel im Bereich des Gehirns], wirbeltierähnlichen Gehirnen, Kiemendeckeln und Flossenstrahlen hin, was Zweifel an der Wirbeltierzugehörigkeit von *Tullimonstrum* aufkommen lässt“¹ (MIKAMI et al. 2023, 7). Die vordere Körperregion zeigte auch im Kopf

Abb. 2 Rekonstruktionen von *Tullimonstrum*. (Nobu Tamura, CC BY-SA 4,0)



und im langen Mundfortsatz (Proboscis) eine Segmentierung, was untypisch für Wirbeltiere, dagegen typisch für Wirbellose ist. Zudem unterscheiden sich die schmalen, scharfen Zähne des Rüssels von den Hornzähnen von Neunaugen und Schleimaalen, zu deren Verwandtschaft *Tullimonstrum* von McCoy et al. (2016) gestellt worden war. Die Forscher kommen zum Schluss, dass *Tullimonstrum* weder ein Wirbeltier war noch mit ihnen enger verwandt ist. Stattdessen schlagen sie vor, *Tullimonstrum* entweder zu den nicht-wirbeltierartigen Chordatieren oder zu den Urmundtieren (Protostomier) zu stellen. In letzterem Fall müsste man allerdings einen radikal veränderten Bauplan mit einzigartigen Merkmalen annehmen (Mikami et al. 2023, 10) und damit eine isolierte Stellung im System der Lebewesen.

Die Autoren diskutieren die Merkmalsbeziehungen von *Tullimonstrum* zu unterschiedlichen Tiergruppen. Der Einordnung als Stammchordat mit Segmentierung auch im Kopfbereich vor den Augen steht allerdings das Fehlen eines Nachweises einer mit den Pharyngealbögen (Schlundbögen) verbundenen Struktur in *Tullimonstrum* entgegen.² *Tullimonstrum* könnte diese Struktur allenfalls sekundär verloren haben (Mikami et al. 2023, 10).

Die neuen Untersuchungen unterstreichen die Einzigartigkeit von *Tullimonstrum*.

Die Autoren halten auch eine Nähe von *Tullimonstrum* zum weiteren Verwandtschaftsbereich der Gliederfüßer (Panarthropoden) für unwahrscheinlich, denn die Körpersegmentierung ist anders als die sklerotisierten (ausgehärteten) Segmente der Gliederfüßer-Fossilien aus Mazon Creek. Die Körpersegmentierung von *Tullimonstrum* unterscheidet sich auch von der eines untersuchten Stummelfüßers (Onychophora) aus Mazon Creek. Eine nähere Verwandtschaft von *Tullimonstrum* komme daher nur außerhalb der Panarthropoda in Frage. Doch auch eine Verwandtschaft mit Ringelwürmern (Anneliden), Weichtieren (Mollusken) und Schnurwürmern (Nemertea) sei unwahrscheinlich, da ihnen eine vergleichbare Körpersegmentierung wie bei *Tullimonstrum* fehlt. Zwar besitzen Anneliden und Nemerteen sich wiederholende Strukturen im Rumpf, sie erstrecken sich aber nicht wie bei *Tullimonstrum*

auf die Kopffregion. Außerdem unterscheiden sich die Rüssel von Anneliden und Nemerteen von denen von *Tullimonstrum* dadurch, dass sie einklappbar oder einziehbar sind. Darüber hinaus haben Mollusken im Allgemeinen keine segmentale Wiederholung in ihren Körpern – und soweit das doch der Fall ist (bei den Polylacophora und Monoplacophora), sind sie nicht mit denen von *Tullimonstrum* vergleichbar, da ihnen klare Grenzen fehlen (Mikami et al. 2023, 11).

Fazit

Es bleibt nach Mikami et al. (2023, 12) dabei: Der einzigartige Körperbau von *Tullimonstrum* ist kaum mit dem eines anderen bekannten Tieres vergleichbar. Eine eindeutige systematische bzw. phylogenetische Zuordnung des Tully-Monsters ist weiterhin unklar. Die neuen Untersuchungen, die bisher nicht bekannte Details sichtbar gemacht haben, unterstreichen die Einzigartigkeit von *Tullimonstrum*. Die Merkmalskombination dieses merkwürdigen Tieres ist ein Paradebeispiel für eine freie Kombinierbarkeit von tierklassen- und sogar tierstammübergreifenden Merkmalen. Eine solche Freiheit besitzt aber nur ein Schöpfer.

Anmerkungen

- ¹ „Our analyses of various structures in *Tullimonstrum* suggest the presence of segmentation in the preoptic region and an absence of tectal cartilages, vertebrate-like brains, gill pouches and fin rays, casting doubt on the vertebrate affinities of *Tullimonstrum*“ (Mikami et al. 2023, 7).
- ² „Still, the lack of evidence for pharyngeal arch-associated structure in *Tullimonstrum* remains incompatible with the hypothesis assuming non-vertebrate chordate affinity“ (Mikami et al. 2023, 10).

Quellen

- McCoy VE, Saupe EE et al. (2016) The ‘Tully monster’ is a vertebrate. *Nature* 532, 496–499.
- McCoy VE, Wiemann J et al. (2020) Chemical signatures of soft tissues distinguish between vertebrates and invertebrates from the Carboniferous Mazon Creek Lagerstätte of Illinois. *Gebiology* 18, 560–565.
- Mikami T, Ikeda T et al. (2023) Three-dimensional anatomy of the Tully monster casts doubt on its presumed vertebrate affinities. *Palaeontology* 62, e12646; doi:10.1111/pala.12646.
- Sallan L, Giles S et al. (2017) The ‘Tully Monster’ is not a vertebrate: characters, convergence and taphonomy in Palaeozoic problematic animals. *Palaeontology* 60, 149–157.

Tintenfische – erstaunliche Tiere mit auffälligem Genom

Tintenfische mit ihrem speziellen Aussehen und besonderen Verhalten wecken immer wieder das Interesse von Forschern. Vor allem das umfangreiche und komplexe Genom (Erbgut) steht in diesem Zusammenhang im Fokus. Dabei stellt sich heraus, dass das Erbgut von Tintenfischen auffällige Abweichungen von anderen Genomen in Aufbau und Organisation aufweist.

Harald Binder

Tintenfische sind nicht nur für Freunde der mediterranen Küche als geschätztes Nahrungsmittel von Bedeutung, sie haben mit ihren Nervenzellen, den Riesenaxonen, auch in der Forschungsgeschichte der Neurologie eine grundlegende Rolle gespielt. In jüngerer Zeit wurden verschiedentlich auffällige Verhaltensweisen von Tintenfischen untersucht und einer breiteren Öffentlichkeit bekannt wie z. B. die Fähigkeit, sich rasch unter farblicher Anpassung in wechselnder Umgebung zu tarnen oder auch durch ihren Einsatz als „Orakel“ für Fußballspiele.

Tintenfische (Coleoidea) werden taxonomisch als Unterklasse der Kopffüßer (Cephalopoda) geführt und gehören zum Stamm der Weichtiere (Mollusca). Zu den Tintenfischen gehören neben den ausgestorbenen Belemniten die achtarmigen (Vampyropoda) und die zehnamigen Tintenfische (Decabrachia). Zu Letzteren zählen u. a. Sepien (Sepiida), deren Lebensraum v. a. am Meeresboden ist, und Kalmare

(Teuthida), die im freien Meerwasser zuhause sind. Zu den achtarmigen Tintenfischen gehören beispielsweise Kraken (Octopoda) (vgl. Abb. 1).

Das Interesse vieler Forscher gilt den genetischen Grundlagen der auffälligen Merkmale und Fähigkeiten von Lebewesen und deren Verknüpfung. So wurden auch bereits Untersuchungen zum Erbgut von Tintenfischen veröffentlicht. Die dabei gewonnenen Daten wurden so interpretiert, dass das Tintenfischgenom in der Vergangenheit im großen Stil umorganisiert worden ist, d. h. die Gene wurden im Laufe der mutmaßlichen Evolutionsgeschichte auf den Chromosomen neu angeordnet und damit in eine neue Umgebung gebracht. Dies ist bemerkenswert angesichts der Beobachtungen, dass die lokale Anordnung vieler Gene im Genom bei vielzelligen Tieren (Metazoa) typischerweise ähnliche Module (*Mikrosyntanie*) aufweist (BINDER 2023). Um diese weitgehende Umorganisation des Tintenfischgenoms und die damit verknüpfte

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.



Abb. 1 Beispiele für die Vielfalt der Tintenfische (von links oben): Ausgestorbener Belemnit *Clarkeiteuthis conocauda* aus dem Unterjura in Holzmaden (Baden-Württemberg), der achtarmige Vampirtintenfisch (*Vampyroteuthis infernalis*), der achtarmige Gewöhnliche Krake (*Octopus vulgaris*) und der zehnamige Gewöhnliche Tintenfisch (*Sepia officinalis*). (Wikimedia: Ghedoghedo, CC BY-SA 3.0; Internet Archive Book Images, CCo; Beckmannjan, CC BY-SA 3.0; © Hans Hillewaert, CC BY-SA 4.0)



Abb. 2 Ein erwachsener zehnnarmer Zwergtintenfisch *Euprymna scolopes* (engl. „Hawaiian bobtail squid“). Wissenschaftler haben die 3-D-Struktur seines Genoms untersucht. (Wikimedia: Margaret McFall-Ngai, CC BY 4.0)

Veränderung der Biologie dieser Cephalopoden besser zu verstehen, haben SCHMIDBAUR et al. (2022) das Genom des Zwergtintenfisches (*Euprymna scolopes*, Abb. 2) mit verschiedenen Methoden untersucht. Diese Untersuchungen ermöglichen, auch die 3-dimensionale Organisation des Genombereichs im Chromosom zu erkennen. Aus den erhaltenen Daten konnten 46 Chromosomengerüste von *E. scolopes* rekonstruiert werden. Die Verknüpfung der Gene darauf verglichen die Autoren mit derjenigen von 24 anderen Tierarten (von Schwämmen bis zu Wirbeltieren).

Mikrosyntänie-Blöcke bestehen nach der von SCHMIDBAUR et al. getroffenen Definition aus mindestens drei gemeinsam vorkommenden *orthologen** Genen; sie können bis zu fünf weitere Gene in beliebiger Reihenfolge enthalten. Die Autoren fanden 505 Mikrosyntänien, die nur in *E. scolopes* und mindestens einem Oktopus, aber nicht bei anderen Tieren vorkamen. Nur 48 von insgesamt 2290 Genen in diesen 505 Blöcken betrachten sie als sogenannte Waisengene („orphan-genes“), d. h. man findet außerhalb der Cephalopoden keine ähnlichen (*homologen*) Gene, sie tauchen neu auf; alle anderen weisen *orthologe* Gene in anderen Tieren auf. Die Anzahl von *hochkonservierten* Mikrosyntänien versuchten die Autoren abzuleiten, indem sie Mikrosyntänien zwischen *E. scolopes* und mindestens sechs taxonomisch weiter entfernten Metazoen (mehrzellige Tiere) rekonstruierten (aus 23 Arten). Dabei erhielten sie 275 Mikrosyntänien unter den gewählten Metazoen. Daraus ergibt sich eine große Zu-

Abb. 3 Auch das Erbgut dieser beiden Tintenfische wurde untersucht: Links der Kalmar *Doryteuthis pealeii* (engl. „longfin inshore squid“) und rechts der Kalifornische Zweipunktkrake (*Octopus bimaculoides*). (Wikimedia SEFSC Pasca-goula Laboratory, CCo; Jeremyse transferred from JohnnyMrNinja, CCo)



nahme an Mikrosyntänien bei Tintenfischen im Vergleich mit anderen Tieren, was eine auffällige Besonderheit darstellt.

Die unter Metazoa verbreiteten Mikrosyntänien enthalten viele Gene, die die Signalübertragung betreffen. Die für Tintenfische spezifischen Mikrosyntänien dagegen betreffen die Translation*, Redoxprozesse*, Regulation des Zuflusses von Calcium-Ionen in Zellen, mRNA-Trennungen, Transport und die Organisation des Chromatins. Weiter stellten die Autoren fest, dass im Genom des Zwergtintenfisches die Entfernungen zwischen Genbereichen (Domänen), die sich gegenseitig beeinflussen (Regulation), im Vergleich zu Wirbeltieren größer sind. Das bedeutet, dass sie leichter und von unterschiedlichen Faktoren für ihre Regulation zugänglich sein könnten.

Das Genom der Tintenfische weist im Vergleich zu anderen Tieren massive Änderungen in der Organisation auf.

In ihrer Untersuchung konnten SCHMIDBAUR et al. (2022) detailliert dokumentieren, dass das Genom der Tintenfische im Vergleich zu anderen Tieren massive Änderungen in der Organisation aufweist. Dies betrifft sowohl die Anordnung auf den Chromosomen als auch die dadurch beeinflusste Regulation der Gene. Die vermuteten regulatorischen Sequenzbereiche befinden sich oft in den *Introns** innerhalb derselben Mikrosyntänie-Blöcke. Die Resultate weisen darauf hin, dass die neuen Mikrosyntänien bei den Tintenfischen vor allem mit ihrem Nervengewebe und den Tintenfisch-spezifischen Organen in Verbindung stehen. Die Autoren konnten damit einen Zusammenhang zwischen der Bedeutung der Mikrosyntänien und den für Tintenfische spezifischen Besonderheiten nachweisen.

In einer weiteren Veröffentlichung dokumentierten ALBERTIN et al. (2022) ihre Untersuchung des Genoms von Tintenfischen, wobei sie aufgrund von bekannten Erkenntnissen ein Augenmerk auf die Modifikationen der RNA



(RNA-editing) legten. Dazu sequenzierten sie das Erbgut eines Kalmars (*Doryteuthis pealeii*, Abb. 3) und ermittelten die entsprechenden Transkriptionsdaten* (RNA-Sequenzen) aus 25 verschiedenen Gewebetypen eines Individuums, um die RNA-Editierung dokumentieren zu können. Für eine bessere Interpretation stellten die Autoren auch die chromosomale Verteilung des Genoms des Kalifornischen Zweipunktkraken (*Octopus bimaculoides*) und des Zwergtintenfisches (*Euprymna scolopes*) zusammen.

Die Chromosomen und die darauf verteilten Gene entsprechen sich auffällig unter den Tintenfischen, während sich gravierende Unterschiede zum Genom anderer Tiere zeigen.

Aus dem umfangreichen Genom von *D. pealeii* von 4,6 Gb (Giga Basen; = 4,6 Milliarden Basenpaare; vgl. das Humangenom: 3,2 Gb) prognostizierten ALBERTIN et al. 24.911 Gene, wovon 1597 nur Sequenzähnlichkeiten zu solchen aus anderen Cephalopoden aufweisen. Auch in dieser Arbeit betonen die Autoren die auffällige Entsprechung der Chromosomen und der darauf verteilten Gene (Syntanie) unter den Tintenfischen und ihren gravierenden Unterschied zum Genom anderer Tiere. Es ist bekannt, dass Cephalopoden in großem Umfang RNA-Sequenzen editieren (RNA-editing), indem von Adenosin (A) eine Aminogruppe entfernt wird und A somit zu Inosin (I) desaminiert wird (Abb. 4). I wird bei der Translation* als Guanin (G) interpretiert und damit wird das entsprechende Gen umcodiert. Eine solche A-in-I-Editierung ist auch bei anderen Tieren beschrieben, aber bei Tintenfischen tritt sie um mehrere Größenordnungen häufiger auf.

Die Untersuchung ergab schwerpunktmäßig zwei Bereiche, in denen RNA-Editierung stattfindet. Der allergrößte Teil ist in nichtcodierenden* Genombereichen lokalisiert. Möglicherweise beeinflussen sie dort mobile Genabschnitte – das legen zumindest bisherige Erkenntnisse aus Genomuntersuchungen an Wirbeltieren nahe. Des Weiteren findet A-in-I-Editierung in neuronalem Gewebe statt, auch wenn dort nicht ausschließlich spezifische neuronale Funktionen betroffen sind, sondern auch viele allgemeine Gene.

Schlussfolgerungen

Die hier vorgestellten Studien erweitern die Erkenntnisse über die auffälligen Besonderheiten in der Organisation und Funktion des Erbguts bei Tintenfischen und bestätigen die bisherigen Befunde. Sie unterstreichen, dass der typische

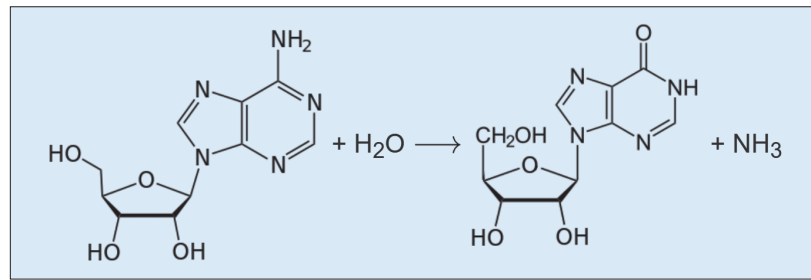


Abb. 4 Die Desaminierung von Adenosin (unter Zugabe von Wasser) führt zur Bildung von Inosin, indem eine Aminogruppe entfernt wird. Inosin in der mRNA wird bei der Proteinherstellung (Translation) als Guanin interpretiert, was eine andere Aminosäuresequenz bei Proteinen zur Folge haben kann. Die A-in-I-Editierung erfolgt durch Enzyme (Adenosin-Desaminasen). Tintenfische betreiben diese Form der RNA-Editierung häufiger als andere Tiere. (Nach Wikipedia, <https://de.wikipedia.org/w/index.php?title=Adenosin-Desaminase&oldid=21247207>)

und spezifische Körperbau und die besonderen Verhaltensweisen und Fähigkeiten dieser Tiere sich auch im Aufbau ihres Genoms widerspiegeln. Die Bemühungen der Autoren, diese auffälligen Unterschiede zu anderen Tieren evolutionär zu erklären, überzeugen nicht. Die markanten und umfangreichen Unterschiede sind nicht durch bekannte Evolutionsmechanismen plausibel zu machen. Die verschiedenen Vertreter der Coleoidea weisen untereinander ein ähnlich aufgebautes Genom auf, das sich jedoch deutlich von dem aller anderen Lebewesen unterscheidet. Diese Befunde passen gut zu einer Vorstellung, dass Lebewesen „nach ihrer Art“ von einem Schöpfer unabhängig voneinander ins Dasein gerufen wurden.

Literatur

- ALBERTIN CB et al. (2022) Genome and transcriptome mechanisms driving cephalopod evolution. *Nat. Commun.* 13, 2472, doi.org/10.1038/s41467-022-29748-w.
 BINDER H (2023) Auffällig ähnliche Muster in Chromosomen verschiedener Lebewesen. *Stud. Int. J.* 30, 51–53.
 SCHMIDBAUR H et al. (2022) Emergence of cephalopod gene regulation and expression through large-scale genome reorganization. *Nat. Commun.* 13, 2172, doi.org/10.1038/s41467-022-29694-7.

Glossar

Codierend/nicht codierend: Bereiche der DNA-Sequenz, die via RNA in Proteinsequenzen übersetzt werden; oder eben nicht übersetzt werden.

hochkonserviert: Weisen bei der DNA-Sequenzierung entsprechender Gene von verschiedenen Organismen die Nukleotidabfolgen auffallend wenige Unterschiede auf, dann werden diese Gene als hochkonserviert bezeichnet (bzw. eigentlich: interpretiert).

Intron: Nicht codierende DNA-Sequenz innerhalb eines codierenden Bereichs. Sie wird auf dem Weg zur „reifen“ mRNA, die dann in eine entsprechende Abfolge von Aminosäuren übersetzt wird (→ Translation), herausgeschnitten.

Orthologe Gene: Gene, die in verschiedenen Organismen vorkommen und

eine hohe Ähnlichkeit in der Nukleotidsequenz aufweisen (evolutionär werden sie als → „konserviert“ und als Hinweis auf einen gemeinsamen Vorfahren interpretiert).

Redoxprozesse: Reaktionen, in deren Verlauf Elektronen übertragen werden, es finden also Reduktionen und Oxidationen statt.

Transkription: Biochemische Umschreibung der DNA-Sequenz im Zellkern in eine entsprechende RNA-Sequenz, die im Zellplasma für die Ribosomen als Matrize dient.

Translation: Biochemische Übersetzung der mRNA-Sequenz entsprechend dem genetischen Code in die Abfolge der Aminosäure des codierten Proteins.

Mosaik an der Basis der Tiere: Ist das Nervensystem zweimal entstanden?

Neue Untersuchungen an Rippenquallen brachten überraschende Befunde zutage. Zum einen besitzen sie ein spezialisiertes Nervennetz, in dem die Zellen zu einem Syncytium, einer Art „Riesenzelle“, verwachsen sind, statt – wie bei Tieren üblich – über Synapsen verbunden zu sein. Zum anderen zeigen sie in der Anordnung von Genen deutlichere Verbindungen zu Einzellern als zu Schwämmen, Nesseltieren und anderen Tieren. Eine Konsequenz daraus ist, dass evolutionstheoretisch eine zweimalige unabhängige Entstehung des Nervensystems angenommen werden muss – oder dessen Verlust bei den Schwämmen. Beide Szenarien sind jedoch unwahrscheinlich und sprechen gegen eine evolutionstheoretische Deutung der Befunde.

Reinhard Junker

Wenn die unterschiedlichen Baupläne der Lebewesen auf evolutivem Wege entstanden wären, sollte man erwarten, dass mit zunehmender Kenntnis über die Details der Baupläne die evolutionären Zusammenhänge immer klarer werden. Dies wird oft so behauptet. Aber trifft es auch zu? In vielen Fällen verkomplizieren neue Daten das Bild. Ein Beispiel dafür sind die Rippenquallen (Ctenophora, vgl. Abb. 1). Es ist naheliegend, sie mit den Nesseltieren (Cnida-

ria; dazu gehören Schirm- und Würfelquallen, Seeanemonen und andere Tiere; Abb. 2) zu einer Gruppe zusammenzufassen, da sie auffällige Gemeinsamkeiten haben: Ihre Körper sind vergleichsweise einfach gebaut, geleeartig und transparent. Außerdem besitzen sie ein charakteristisches Nervennetz: Die Nervenzellen sind im Körper verteilt und netzartig miteinander verbunden. Daher wurden die beiden Gruppen traditionell zu den Hohltieren (Coelenterata) zusammengefasst. Noch einfacher gebaut sind die Schwämme, die kein Nervensystem und keine Muskeln besitzen; sie werden daher traditionell an die Basis der Tiere gestellt. Demnach wäre – evolutionstheoretisch gesehen – das Nervensystem an der Basis der Hohltiere entstanden, und zwar ein einziges Mal.

Trotz dieser augenscheinlich klaren Verhältnisse ist die systematische Stellung der Rippenquallen schon lange umstritten. Der Grund dafür sind genetische Vergleichsstudien. Sie haben nicht nur Indizien für die Monophylie der Hohltiere erbracht (was bedeutet, dass diese von einem gemeinsamen Vorfahren abstammen), sondern auch dagegen (z. B. HERVÉ et al. 2009, FEUDA et al. 2017, WHELAN et al. 2017, LI et al. 2021). Demnach wären die Rippenquallen zuerst entstanden, während sich die Schwämme erst später abgespalten haben und die Nesseltiere unabhängig von den Rippenquallen entstanden wären (vgl. Abb. 3). Das allerdings würde bedeuten, dass Schwämme frühe Komponenten eines Nervensystems wieder verloren haben oder dass das Nervensystem zweimal unabhängig entstanden ist (s. u.). Angesichts der Komplexität des Nervensystems sind beide Szenarien ausgesprochen unwahrscheinlich. Dennoch deuten zwei neuere Untersuchungen darauf hin, dass doch eines der beiden Szenarien zutreffen müsste, wenn diese Tiergruppen evolutiv entstanden wären.

Abb. 1 Rippenqualle *Bathocyroe fosteri*. Am oberen, mundabgewandten Ende sind Kammlättchen in der Seitenansicht erkennbar. (CCO)

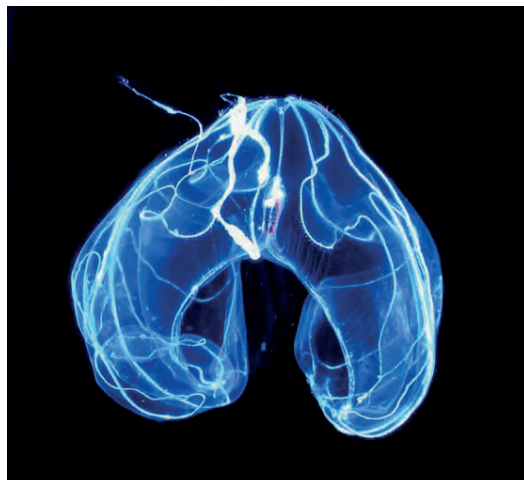


Abb. 2 Die Ohrenqualle (*Aurelia aurita*) wäre nach neueren genetischen Studien zur evolutionären Abstammung nicht näher mit den Rippenquallen verwandt – trotz offenkundiger Ähnlichkeiten im Körperbau. (CCO)



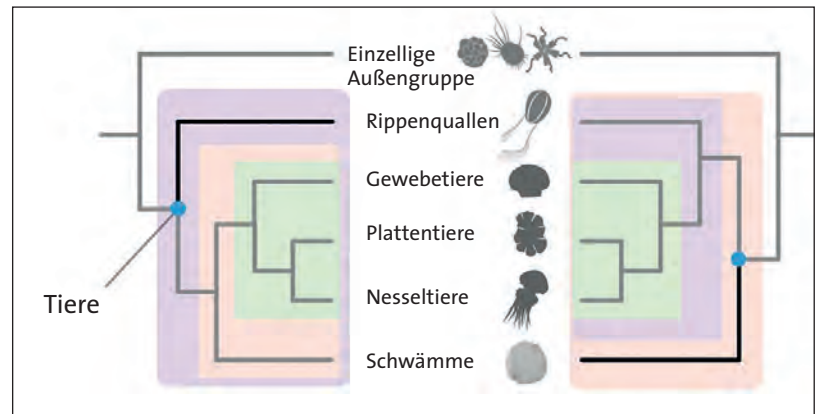
Sowohl der Verlust des Nervensystems als auch dessen zweimalige unabhängige evolutive Entstehung sind ausgesprochen unwahrscheinlich.

Anordnung von Genen

Eine Forschergruppe der Universität Wien (SCHULTZ et al. 2023) hat nicht wie in bisherigen Studien die Gene der betreffenden Tiergruppen miteinander verglichen, sondern untersucht, *in welcher Reihenfolge* die Gene auf den Chromosomen angeordnet und wie sie miteinander gekoppelt sind (man spricht von *Syntämie*). Diese Anordnungen gelten als sehr stabil; sie sind auch bei entfernt verwandten Tiergruppen trotz mutmaßlich langer evolutionärer Divergenzzeit sehr ähnlich. Untersucht wurden zwei Arten von Schwämmen, eine Art der Rippenquallen und drei Arten einzelliger Lebewesen, die nicht zum Tierreich gerechnet werden. Dabei zeigte sich, dass die Rippenquallen in ihrem Muster der Genverteilung am stärksten mit den einzelligen Vergleichsgruppen übereinstimmen. Andererseits wurden einige Umlagerungen entdeckt, die die Schwämme mit allen anderen Tieren außer den Rippenquallen gemeinsam haben. Es gibt sieben Fusionen von Chromosomenstücken und Gengruppen bei den Schwämmen, Nesseltieren und Bilateria (Zweiseitentiere), die bei den Rippenquallen fehlen. Dieser Befund spricht deutlich dafür, dass sich die Rippenquallen abgezweigt haben, bevor die Umstrukturierungen erfolgten. Damit stehen die Rippenquallen an der Basis der Tiere, und die Schwämme spalteten sich erst als zweite Gruppe ab (Abb. 3, links).

Nervennetz bei Rippenquallen

Ein zweiter jüngst entdeckter Befund betrifft den Aufbau des Nervensystems der Rippenquallen. Eine genaue Untersuchung mittels hochauflösender dreidimensionaler Elektronenmikroskopie zeigte, dass es einzigartig gebaut ist und ein einzigartig verschmolzenes Nervennetz bildet (BURKHARDT et al. 2023). Ein größerer Teil ihres Nervensystems besteht nicht wie bei anderen Tieren aus einzelnen Zellen (Neuronen), die über Synapsen miteinander kommunizieren. Stattdessen sind die Neuronen des Nervennetzes durch kontinuierliche Neuriten-Plasmamembranen ohne Anzeichen von Synapsen miteinander verbunden und bilden keine separaten Einheiten. Die Neuronen besitzen also eine durchgehende Plasmamembran und bilden somit ein sogenanntes *Syncytium*, eine Art Riesenzelle. Mit diesem syncytialen Nervennetz sind mehrere Typen von Sinnes-



und Nervenzellen über Synapsen verbunden, die nicht zum Netz selbst gehören. Der Unterschied des Nervennetzes der Rippenquallen zu demjenigen der Nesseltiere ist so grundlegend, dass die Forscher dies als Indiz dafür sehen, dass beide Nervensysteme unabhängig voneinander entstanden sind.

Kommentar

DUNN (2023) kommentiert: Nach langjähriger Lehrmeinung ist das Nervensystem nur einmal in der Evolutiongeschichte entstanden und ging nie wieder verloren. In den letzten Jahren sei dieses klare Bild jedoch „auf überraschende Weise“ in Frage gestellt worden. Mit anderen Worten: Es wurden Befunde gemacht, die bisherigen evolutionstheoretischen Hypothesen widersprechen. Die Merkmale unter den Schwämmen, Rippenquallen und Nesseltieren ergeben kein klares Bild und sind nicht widerspruchsfrei verteilt, wie man es bei einer evolutionen Entstehung erwarten würde. DUNN (2023) meint dazu, dass sich ein „faszinierendes und komplexeres Verständnis der Evolution des Nervensystems“ abzeichne. Doch diese Formulierung kaschiert nur, dass die Daten nicht gut zu Evolution passen: Früher war das Bild „klar“, heute ist es stattdessen „komplex“.

Die Merkmale unter den Schwämmen, Rippenquallen und Nesseltieren ergeben kein klares Bild und sind nicht widerspruchsfrei verteilt.

Einmal mehr passen Morphologie und Moleküle nicht zusammen. Damit ist gemeint: Gibt man dem Körperbau Priorität, müsste man Nesseltiere und Rippenquallen zusammenfassen, was klassischerweise mit dem Taxon „Hohl-tiere“ (Coelenterata) so gemacht wurde. Gibt man dagegen den molekularen Ähnlichkeiten Vorrang (was evolutionstheoretisch naheliegender ist und meist so praktiziert wird), muss man die Hohltiere auseinanderreißen (Abb. 3, links). SCHULTZ et al. (2023) schlagen als neu-

Abb. 3 Zwei alternative Stammbaumhypothesen für die vielzelligen Tiere (Metazoa), wobei entweder Rippenquallen (links) oder Schwämme (rechts) als Schwestergruppe zu allen anderen Tieren gelten. (Aus SCHULTZ et al. 2023, CC BY 4.0, <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>, in deutscher Übersetzung)

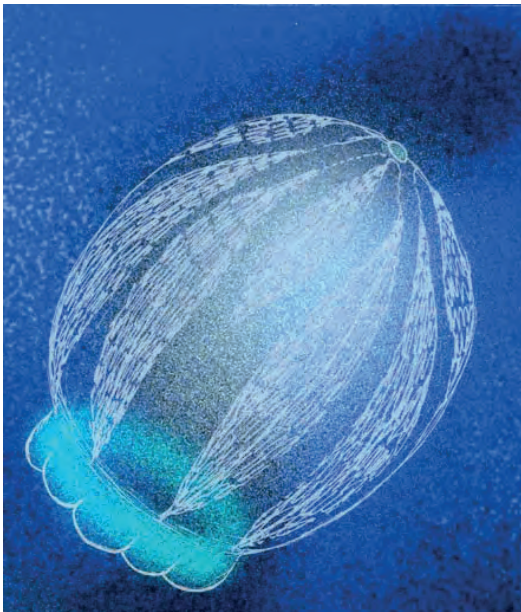


Abb. 4 Rekonstruktion der fossil überlieferten Rippenqualle *Xanioascus canadensis* aus dem kanadischen Burgess-Schiefer des Mittelkambriums. (Apokryltaros, CC BY-SA 3.0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/>)

es Taxon „Myriazoa“ vor (was „sehr viele Lebewesen“ bedeutet), um Schwämme, Nesseltiere, Placozoa und Zweiseitentiere (Bilateria) zusammenzufassen, denen die Rippenquallen gegenüberstehen. Sie stellen dazu allerdings fest: „Während das Taxon Myriazoa durch gemeinsame abgeleitete Chromosomenfusionen unterstützt wird, gibt es derzeit keine offensichtlichen morphologischen Merkmale, die sie vereinen“ (S. 115). Ein größerer Gegensatz von Morphologie und Molekülen lässt sich kaum denken.

Allerdings hat auch die Deutung, dass sich Rippenquallen als erste Gruppe im Tierstammbaum abgespalten haben, mit schweren Problemen zu kämpfen. Entweder müssten die Schwämme das Nervensystem verloren haben. Aber welchen Selektionsvorteil sollte das gehabt haben; warum sollte ein solches Komplexmerkmal aufgegeben worden sein? Und wie soll das im Einzelnen funktioniert haben? Oder es muss eine zweimal unabhängige Entstehung des Nervensystems angenommen werden. Diese Alternative erscheint aber ebenso wenig glaubwürdig. Es ist nicht einmal bekannt, wie das Nervensystem überhaupt ein einziges Mal entstanden ist. Eine zweimalige unabhängige Entstehung ist noch viel unwahrscheinlicher, wenn man sich klarmacht, welche Details in ähnlicher Weise entstehen mussten, und wenn man versucht, Mechanismen dafür zu beschreiben.

Wenn bereits ein funktionales Nervensystem vorhanden gewesen wäre, warum sollte ein zweites dazu evolvieren?

SCHULTZ et al. (2023, 116) weisen allerdings darauf hin, dass die ausgefeilten und unterschiedlichen Nervensysteme der heute lebenden Rippenquallen, Zweiseitentiere und Nesseltiere nicht die Stammvorfahren dieser Gruppen repräsentieren müssen und dass die Nervensysteme der lebenden Formen jeweils einzigartige Eigenschaften aufweisen. Die Vorfahrenformen könnten einfachere Nervensysteme besessen haben. Das ist natürlich möglich, aber eine nicht sehr plausible *ad-hoc*-Annahme – angesichts einer grundsätzlich ähnlichen Anatomie fossiler Formen, die bis ins Kamb-

rium zurückgehen (CONWAY MORRIS & COLLINS 1996; vgl. Abb. 4). Das ungewöhnliche Nervennetz bei den Rippenquallen lässt auch eine Frage aufkommen: Wie erwähnt besitzen Rippenquallen – wie andere Tiere – auch einige Nervenzellen mit Synapsen; darüber hinaus haben sie als Spezifikum das nun nachgewiesene Syncytium aus netzartig verbundenen Riesenzellen. Wenn somit bereits ein funktionales Nervensystem vorhanden gewesen wäre, warum sollte ein zweites dazu evolvieren?

Ein letzter Aspekt: Wenn man die Nesseltiere und Rippenquallen auf verschiedene Äste des hypothetischen Stammbaums setzt, wären ihre Ähnlichkeiten, die zur Aufstellung des Taxons „Hohltiere“ geführt haben, *konvergent* (unabhängig) entstanden. Komplexe Merkmale, die einst als *homolog* im Sinne von abstammungsverwandt interpretiert wurden, wären somit doch nicht homolog; man spricht nun von „oberflächlichen Ähnlichkeiten“. Hier zeigt sich wie in vielen Fällen: Objektive Kriterien für „Homologie“ im Sinne einer Abstammungsverwandtschaft gibt es zumindest bei morphologischen Merkmalen nicht, und somit auch keine „Evolutionbeweise“ aufgrund von Ähnlichkeiten.

Insgesamt können die Befunde aus der Sichtweise der Schöpfungslehre so interpretiert werden, dass die Schwämme, Rippenquallen und Nesseltiere klar abgrenzbare Gruppen darstellen, deren Merkmale bei ihrer Erschaffung frei kombiniert wurden.

Quellen

BUEHLER J (2023) Comb jellies have a bizarre nervous system unlike any other animal. *Science News*, vom 20.04.2023, <https://www.sciencenews.org/article/jellyfish-nervous-system-animal>.

BURKHARDT P et al. (2023) Syncytial nerve net in a ctenophore adds insights on the evolution of nervous systems. *Science* 380, 293–297.

CONWAY MORRIS S & COLLINS DH (1996) Middle Cambrian ctenophores from the Stephen Formation, British Columbia, Canada. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B* 351, 279–308.

DUNN C (2023) Neurons that connect without synapses. *Science* 380, 241–242, doi:10.1126/science.adh0542.

FEUDA R, DOHRMANN M, PETT W et al. (2017) Improved modeling of compositional heterogeneity supports sponges as sister to all other animals. *Curr. Biol.* 27, 3864–3870, doi:10.1016/j.cub.2017.11.008.

HERVÉ P, DERELLE R, LOPEZ P et al. (2009) Phylogenomics revives traditional views on deep animal relationships. *Curr. Biol.* 19, P706–P712, doi:10.1016/j.cub.2009.02.052.

LI Y, SHEN XX, EVANS B, DUNN CW & ROKAS A (2021) Rooting the animal tree of life. *Mol. Biol. Evol.* 38, 4322–4333.

SCHULTZ DT, HADDOCK SHD, BREDESON JV et al. (2023) Ancient gene linkages support ctenophores as sister to other animals. *Nature* 618, 110–117, doi:10.1038/s41586-023-05936-6.

WHELAN NV, KOCOT KM et al. (2017) Ctenophore relationships and their placement as the sister group to all other animals. *Nat. Ecol. Evol.* 1, 1737–1746.



Zusätzliche Super-Erde würde Sonnensystem instabil machen

Wir nehmen es als selbstverständlich hin, dass unser Sonnensystem stabil ist und unsere Erde konstant um die Sonne kreist. Tatsächlich wäre es auf lange Sicht anders, wenn sich zwischen Mars und Jupiter nicht die Asteroiden befänden, sondern eine sogenannte Super-Erde von der Größe zwischen der Erde und dem Planeten Uranus bzw. Neptun.

Albrecht Ehrmann

Wäre das Sonnensystem stabil, wenn es einen weiteren Planeten zwischen Mars und Jupiter gäbe? Diese Frage stellte sich Stephen R. Kane, Professor für Astronomie und planetare Astrophysik an der University of California, Riverside (KANE 2023). Als hypothetischen Planeten wählte er einen vom Typ Super-Erde: Planeten dieser Größe sind schwerer und größer als die Erde, aber kleiner als die Eisriesen Uranus und Neptun (vgl. Abb. 1). Im Exoplanetenzen-sus stellen sie sich als sehr häufiger, wenn nicht häufigster Planetentyp heraus.

Bedingungen für Stabilität des Planetensystems

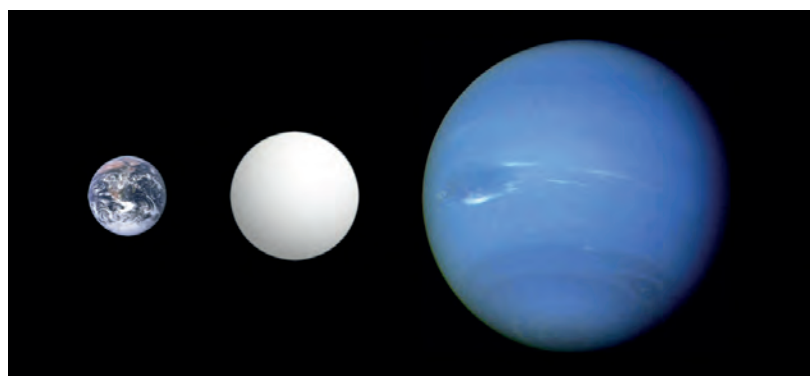
Ob ein Planetensystem stabil ist, hängt davon ab, wie sehr sich die Planeten gegenseitig stören können. Zwei einzelne Körper umkreisen sich auf Ellipsenbahnen um den gemeinsamen Schwerpunkt und sind dynamisch stabil (sog. „Keplerbahn“). Kommen weitere Körper hinzu, stören sie sich gegenseitig und die Bahnen sind keine perfekten Ellipsenbahnen mehr. Die Bahnabstände und Massenverhältnisse im Son-

nensystem sind jedoch so, dass ein einzelner Planet näherungsweise eine Keplerbahn um die Sonne beschreibt, da die Anziehungskräfte der anderen Planeten auf den betrachteten Planeten im Vergleich zur Anziehungskraft der Sonne gering sind und deshalb die Bahnparameter nur wenig beeinflussen. Über viele Umläufe kumuliert kann es aber prinzipiell zu massiven Änderungen kommen. Dies ist bei Bahnresonanzen* der Fall, wenn Umlaufzeiten von Planeten ganzzahlige Verhältnisse bilden: Die Exzentrizität* einzelner Bahnen kann dadurch so stark zunehmen, dass sie andere Bahnen kreuzen können. Dadurch kann es zu nahen Begegnungen von

Introbild Unser Sonnensystem mit den acht Planeten und ihren größten Monden. Abstände stark verkürzt. Eine Super-Erde zwischen Mars und Jupiter würde das System instabil machen (CactiStacingCrane, CC BY-SA 4.0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>)

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

Abb. 1 Super-Erde (Mitte) in einer Größe zwischen Erde und Neptun. (Aldaron, CC BY-SA 3.0)



Glossar

Astronomische Einheit (AE): 1 AE ist der Abstand zwischen Erde und Sonne, genauer gesagt die große Halbachse der Erdbahn.

Exzentrizität: Verhältnis der Entfernung zwischen Brennpunkten einer Ellipse und dem Zweifachen der großen Halbachse einer Ellipsenbahn. Je exzentrischer, desto weniger kreisförmig.

Bahnresonanz: Wenn die Umlaufzeiten von Planetenbahnen in einem ganz-

zahligen Verhältnis stehen, überholt der innere den äußeren Planeten immer an derselben Stelle der Bahn; diese bei jedem Umlauf an derselben Stelle der Bahn angreifenden Störkräfte sorgen dafür, dass sich die Exzentrizitäten der Bahnen verstärken.

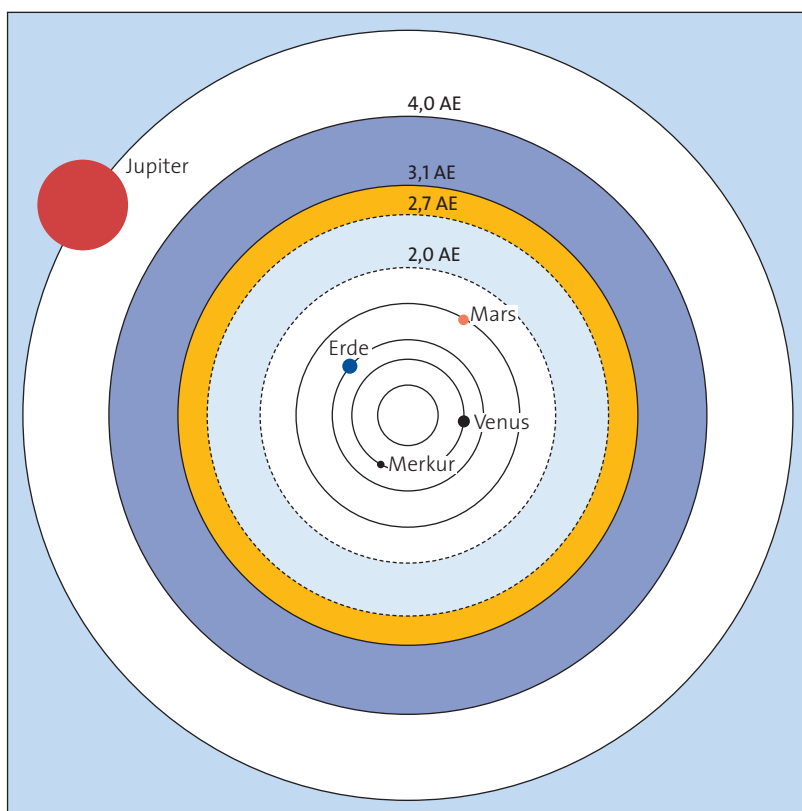
Eislinie: Abstand vom Zentralgestirn, jenseits dessen Wassermoleküle nicht mehr gasförmig sind, sondern ausfrieren und verklumpen können.

Simulationsrechnung kompakt

Super-Erde	1 bis 10 Erdmassen
Anfangsbedingungen	Kreisbahnen mit Radius zwischen 2,0 bis 4,0 AE in Schritten von 0,01 AE
simulierter Zeitraum	10 Mio. Jahre

Planeten mit anschließendem Auswurf aus dem Planetensystem oder zu Kollisionen kommen. Mit Hilfe von Rechnungen haben verschiedene Autoren von LASKAR (1994) bis HOANG (2022) herausgefunden, dass das Sonnensystem, so wie es ist, langzeitstabil ist. Simulationen ergaben Stabilitätszeiten von fünf Milliarden Jahren und länger, einzig für Merkur gibt es ein geringes Risiko von Instabilität. Stattdessen kommt es lediglich zu Bahnparameter-Oszillationen mit geringer Amplitude. Bezogen auf die Erde wurden diese Oszillationen von MILANKOVIC (1941) untersucht. Neben anderen Para-

Abb. 2 Planetenbahnen von Merkur, Venus, Erde, Mars und Jupiter mit den in ihrer Auswirkung unterschiedlichen Bereichen der simulierten Super-Erde zwischen 2,0 AE und 4,0 AE (Planetengrößen nicht ganz maßstäblich).



metern schwankt die Exzentrizität der Erdbahn über die Jahrhunderttausende zwischen 0,0006 und 0,058; derzeit ist sie 0,0167.

Simulation mit zusätzlicher Super-Erde

Was würde nun passieren, wenn sich eine Super-Erde im Bereich des Asteroidengürtels befände, der zwischen Mars und Jupiter liegt? In der Simulation platziert KANE statt der Masse des Asteroidengürtels von 0,0006 Erdmassen dort einen Planeten mit bis zu zehn Erdmassen.

Als Startpunkt für die Positionierung im Sonnensystem wählte KANE für seinen Planeten eine Kreisbahn, die in derselben Ebene liegt wie die Erdbahn. Mit Tausenden Simulationsläufen ließ er bis 10 Millionen Jahre in die Zukunft rechnen.

Im Auswertungskapitel seiner Veröffentlichung präsentiert er zunächst Fälle, in denen Planeten innerhalb des Simulationszeitraums aus dem Sonnensystem ausgeworfen werden: einmal alle vier inneren Planeten, ein anderes Mal Uranus, Mars und die Super-Erde selbst. Neben diesen spektakulären Fällen lässt sich feststellen, dass es drei Bereiche gibt, die sich in ihrem Verhalten unterscheiden (Abb. 2). Mit der Super-Erde im Bereich von 2,0 bis 2,7 AE* erhöht sich die Exzentrizität der Marsbahn stark. Der mittlere Bereich mit der Super-Erde zwischen 2,7 und 3,1 AE ist hingegen im betrachteten Zeitraum ziemlich stabil. Im Bereich von 3,1 AE bis 4,0 AE kommt es zu Störungen sowohl der äußeren als auch der inneren Planeten. Die Super-Erde wechselt auf Bahnen höherer Exzentrizität, und vermittelt durch Erde und Venus wird vor allem die Merkurbahn gestört. Nach außen hin, vermittelt durch Bahnstörungen von Jupiter und Saturn, die selbst nicht so stark sind, kommt es zu starken Störungen für Uranus und Neptun.

Die Architektur des Sonnensystems ist nicht beliebig, sondern erfordert für ihre Stabilität wie für viele andere Dinge eine Feinabstimmung.

Stephen KANES Interesse gilt nicht nur dem Verständnis des Sonnensystems, sondern von Planetensystemen generell. Nach neuesten Untersuchungen besitzen nur ca. 10 % der Exoplanetensysteme Gasriesen wie Jupiter und Saturn jenseits der Eislinie* (WITTENMYER 2020; FULTON 2021). Seine hier durchgeführte Simulation hatte auch den Zweck, herauszufinden, ob durch Hinzufügen einer Super-Erde ein System, das Gasriesen enthält, stabil bleibt oder

nicht. Kane erwähnt auch, dass MULDERs et al. (2021) Planetenbildung simulierten und dabei herausgefunden haben, dass die Häufigkeit von Super-Erden nah an ihrem Stern antikorreliert ist mit der Häufigkeit von Gasriesen weiter außen, d. h. dass die Bildung von Super-Erden unterdrückt wird, wenn sich Gasriesen bilden.

Fazit

Zusammengefasst lässt sich sagen, dass die Anwesenheit dieses hypothetischen zusätzlichen Planeten die Planetenbahnen im Sonnensystem in weiten Bereichen des abgetasteten Parameterbereichs früher oder später instabil machen würde. Die Architektur des Sonnensystems ist nicht beliebig, sondern erfordert für ihre Stabilität wie für viele andere Dinge eine *Feinabstimmung*. Das gilt auch für die Exzentrizität: Die Lebensfreundlichkeit der Erde würde einen starken Anstieg vermutlich nicht verkraften; er hätte verheerende Auswirkungen. Die dämpfende Wirkung der Atmosphäre auf Strahlungsunterschiede im Jahresverlauf ist nur für die tatsächlich vorhandene Exzentrizität ausreichend.

Schon vor einigen Jahren war eine ähnliche Untersuchung mit Variationen von Bahn und Größe des Planeten Saturn durchgeführt wor-

den, in der sich ebenfalls gezeigt hatte, dass die tatsächlichen Verhältnisse für eine Langzeitstabilität notwendig sind (KOREVAAR 2012).

Literatur

- FULTON BJ, ROSENTHAL LJ et al. (2021) California legacy survey. II. Occurrence of giant planets beyond the Ice Line. *Astrophys. J.* 255, 14.
- HOANG NH, MOGAVERO F & LASKAR J (2022) Long-term instability of the inner Solar system: numerical experiments. *Monthly Notices of the Royal Astronomical Society* 514, 1342–1350.
- KANE SR (2023) The dynamical consequences of a super-earth in the solar system. *Planet. Sci. J.* 4, 38.
- KOREVAAR P (2012) Die Stabilität der Erdbahn. *Stud. Integr. J.* 19, 34–37.
- LASKAR J (1994) Large-scale chaos in the solar system. *Astron. Astrophys.* 287, L9–L12.
- MOGAVERO F, HOANG NH & LASKAR J (2023) Timescales of chaos in the inner Solar System: Lyapunov spectrum and quasi-integrals of motion. *Phys. Rev. X* 13, 021018.
- MULDERs GD, DRAŽKOWSKA J, VAN DER MAREL N, CIESLA FJ & PASCUCCI I (2021) Why do M dwarfs have more transiting planets? *Astrophys. J. Lett.* 920, L1.
- WITTENMYER RA, WANG S, HORNER J et al. (2020) Cool Jupiters greatly outnumber their toasty siblings: occurrence rates from the Anglo-Australian Planet Search. *Monthly Not. R. Astron. Soc.* 492, 377–383.
- MILANKOVIC M (1941) Kanon der Erdbestrahlung und seine Anwendung auf das Eiszeitenproblem. *Académie royale Serbe. Éditionsspeciales*; 132 [vielm. 133]: XX, 633, Belgrad 1941.

„Parasitäre DNA“ stabilisiert Multigen-Familien

Der größte Teil des Genoms eines Organismus codiert nicht für Proteine. Seine Funktion war lange Zeit unklar, und die Sequenzen wurden oft als „Junk-DNA“, „egoistische“ oder „parasitäre DNA“ bezeichnet. Diese Bezeichnungen luden nicht gerade dazu ein, diesen noch unbekanntem Teil des Genoms genauer unter die Lupe zu nehmen, aber vor Kurzem begannen Wissenschaftler, sich damit zu befassen. Je mehr sie ihn untersuchen, desto mehr – oft unerwartete – Funktionen finden sie. Eine neue Studie beschreibt, wie solche DNA-Sequenzen Multigen-Familien stabilisieren.

Peter Borger

In der Biologie steht der Begriff „Gen“ für eine Einheit der genetischen Information im Erbgut. Im Hinblick auf die funktionale Information, die ein Gen enthält, können wir zwei Arten von Genen unterscheiden: RNA*-codierende Gene und Protein-codierende Gene (kurz: RNA-Gene und Protein-Gene). Die in RNA-codierenden Genen enthaltene Information wird nur tran-

skribiert (von DNA in RNA umgeschrieben), und nach der Verarbeitung ist das funktionelle Produkt fertig: ein regulatorisches oder strukturelles RNA-Molekül. Protein-codierende Gene werden hingegen nicht nur transkribiert, sondern auch weiterverarbeitet (z. B. durch Splicing*) und dann entschlüsselt und in funktionelle Aminosäuresequenzen (Proteine) übersetzt (Translation).

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

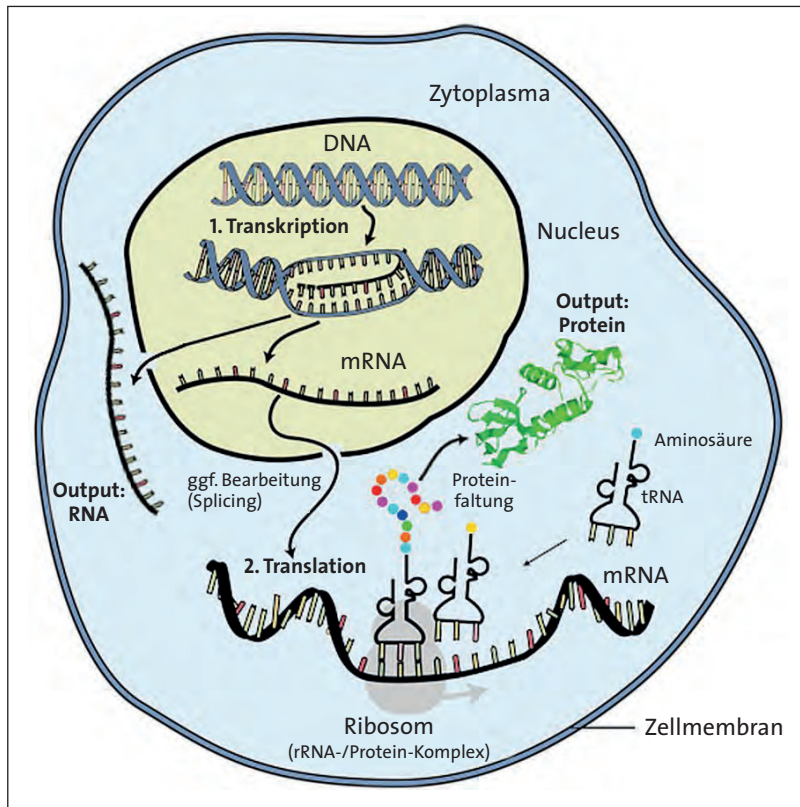


Abb. 1 RNA-codierende Gene werden durch Transkription in RNA-Gene als Output (1.) umgeschrieben. Protein-codierende Gene werden durch Transkription (1.) in mRNA umgeschrieben, diese wird ggf. bearbeitet (Splicing). Anschließend wird die (bearbeitete) RNA durch Translation (2.) mittels tRNAs in eine Aminosäure-Kette übersetzt. Diese Kette wird zum finalen Protein (Output) gefaltet. (B. Scholl nach Wikimedia: Gemeinfrei sowie Pinguin.tk using PDB structure 1EFN and RasMol., CC BY-SA 3.0)

Die Output-Menge beider Arten von Genen, das ist die Menge an transkribierter RNA bzw. weiterverarbeiteter Produkte, ist immer begrenzt. Dies liegt daran, dass der RNA-Menge bzw. der Proteinmenge, die pro Zeiteinheit erzeugt werden kann, biophysikalische Grenzen gesetzt sind. Bei RNA-Genen setzen die Transkription und die Verarbeitung die physikalischen Grenzen. Bei Protein-Genen ist es etwas komplizierter. Auch hier ist der erste Schritt die Transkription eines RNA-Moleküls, das nun aber als Zwischeninformationsmolekül fungiert: die *messenger-RNA* (mRNA). Zur Herstellung eines Proteins wird die mRNA von einer extrem komplexen molekularen Maschinerie entschlüsselt und übersetzt (bei der *Translation*). Wie viel von einem solchen Protein schließlich hergestellt wird, hängt wiederum von anderen Informationen ab, die in der mRNA enthalten sind. Die Vorgänge bei der Transkription und Translation begrenzen also die Menge, die hergestellt werden kann. Aufgrund dieser biophysikalischen Beschränkungen kann ein Proteincodierendes Gen nur eine begrenzte Menge an Protein pro Zeiteinheit produzieren.

Aufgrund der biophysikalischen Beschränkungen kann ein Proteincodierendes Gen nur eine begrenzte Menge an Protein pro Zeiteinheit produzieren.

Wie werden große Mengen von Protein erzeugt?

Bestimmte Proteine werden jedoch in sehr großen Mengen benötigt, viel mehr, als es die biophysikalischen Gegebenheiten bei der Transkription und Translation erlauben; zum Beispiel bei Zellteilungen: Der Bedarf an bestimmten RNA-Molekülen und Proteinen ist dann so groß, dass ein Gen bei Weitem nicht ausreichen würde. Wie können Zellen mit einer solchen Situation fertig werden? Es stellte sich heraus, dass das Genom (= das gesamte Erbgut) sehr viele Kopien von solchen Genen enthält. Diese Gene werden als „high abundance genes“ (Gene mit hoher Anzahl von Kopien) bezeichnet. Wie ihr Name schon sagt, kommen sie in sehr großen Mengen (Abundanz) vor. Die beeindruckendste Abundanz von Genen findet sich bei den sogenannten Ein-Schritt-Output-Genen, die strukturelle RNA-Moleküle wie ribosomale RNA (die rRNA bildet Ribosomen zur Eiweißherstellung), Transfer-RNA (tRNA transportiert Aminosäuren) und heteronukleare RNA (unbearbeitete RNA) codieren. Diese funktionalen Endprodukte sorgen dafür, dass der biologische Informationsfluss von der DNA zu funktionalen Proteinen einwandfrei verläuft. Mit anderen Worten: Sie übersetzen die genetische Information in Proteine. Sie werden in großen Mengen benötigt, um den Bedarf des Organismus an der Synthese von Proteinen zu decken. Das menschliche Genom hat zum Beispiel 500 identische ribosomale RNA-Gene. Noch beeindruckender sind die etwa 20.000 identischen ribosomalen RNA-Gene im Genom des Krallenfroschs *Xenopus laevis* (WATSON et al. 1987).

Denken wir einmal über diese Beobachtungen nach. Wie können Tausende von Kopien desselben Gens über viele Generationen stabil im Genom verbleiben? Es ist nicht schwer zu verstehen, warum Mutationen (Erbgutfehler) in einzigartigen Genen, die nur *einmal* im Genom vorkommen, zu beeinträchtigten Nachkommen führen könnten – insbesondere, wenn sie ein Produkt codieren, das eine wichtige Funktion erfüllt. Mutationen, die wesentliche Funktionen beeinträchtigen, führen zum Tod oder würden den Organismus wenigstens in der Fortpflanzung benachteiligen. Aber kann eine schädliche Mutation in *einer* von 500 oder gar 20.000 identischen Kopien zu einem Fortpflanzungsnachteil führen?

Es ist schwer vorstellbar, dass der Verlust einer oder mehrerer dieser vielen Kopien den Organismus benachteiligen oder behindern würde. Unsere biologische Intuition widerspricht der Vorstellung, dass ein Defekt in einer einzigen von 20.000 gleichen Kopien überhaupt irgendeine Auswirkung auf die Fitness

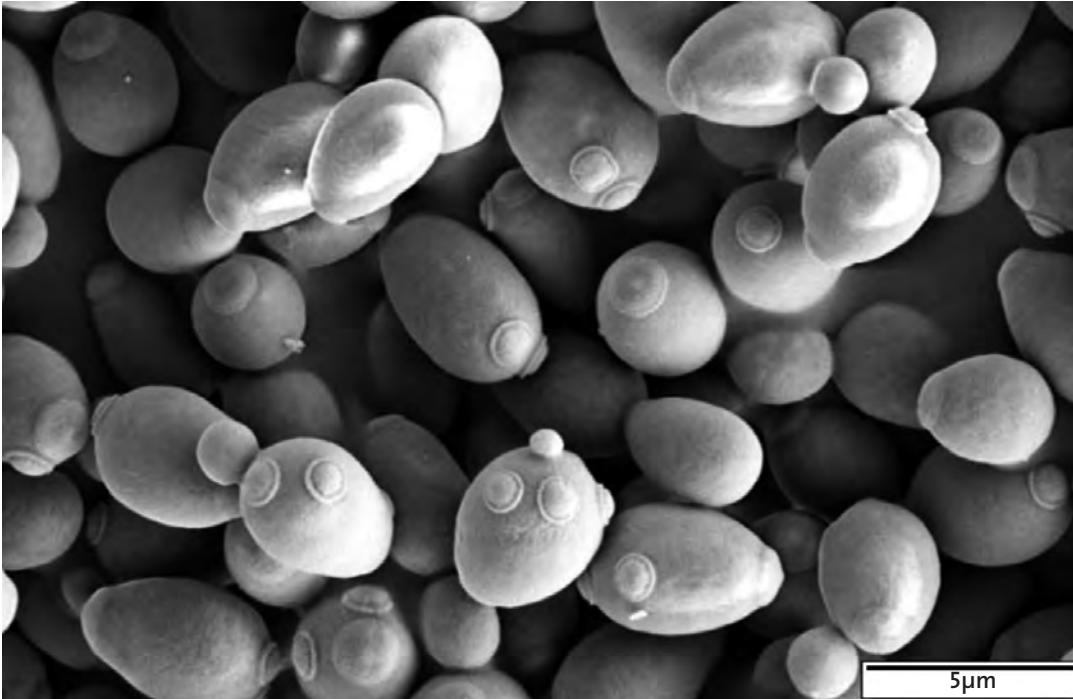


Abb. 2 Bäckerhefe (*Saccharomyces cerevisiae*) unter dem Rasterelektronenmikroskop: Hefezellen mit Sprossungsnarben. Die intergenen Sequenzen im Erbgut der Bäckerhefe liefern funktionelle Sequenzen, die den Verlust von Genen verhindern. (Wikimedia: Mogana Das Murtey and Patchamuthu Ramasamy, CC BY-SA 3.0).

des Organismus haben könnte. Eine Kopie mehr oder weniger scheint doch keine Rolle zu spielen. Es sind immer noch mehr als genug funktionale Kopien vorhanden, um den normalen Betrieb aufrechtzuerhalten. Wenn der Verlust einer Kopie harmlos ist, warum sollte es der Verlust von 20 sein? Oder von 1000, wenn dann noch 19.000 übrigbleiben?

Multigen-Familien als evolutionstheoretisches Problem

Die Tatsache, dass wir in den Organismen verbreitet solche *Multigen-Familien** mit Kopien vieler Gene finden, stellt ein großes Problem für die Evolutionstheorie dar, denn die Selektion (Auslese) kann in solchen Fällen einzelne Kopien nicht vor der Anhäufung von Mutationen und dem Zerfall bewahren. Ebenso wenig kann die Selektion verhindern, dass Kopien verloren gehen. Das liegt daran, dass es so viele Kopien gibt, dass auf einzelne Kopien praktisch kein Selektionsdruck* ausgeübt werden kann. Mit der Zeit gehen also Kopien durch Mutationen verloren. Geschieht dies in Keimzellen – Zellen, aus denen Ei- und Samenzellen hervorgehen – kann dies zu Unfruchtbarkeit und damit zu einem schnellen Aussterben führen.

In Multigen-Familien sollten also wegen des Fehlens des Selektionsdrucks Mutationen überall zu beobachten sein, insbesondere über Millionen von Jahren evolutionärer Zeit. Aberrante (abweichende) und degenerierte Gene müssten überall in den Genomen der Lebewesen zuhauf zu finden sein. Im Gegensatz zu diesen Erwartungen sind die einzelnen Kopien von Multigen-Familien aber in der Regel *iden-*

tisch. So finden wir beispielsweise bei den fünfhundert Kopien der ribosomalen RNA-Gene des Menschen praktisch keine Mutationen (bzw. Abweichungen voneinander). Es besteht also eine deutliche Diskrepanz zwischen der evolutionären Erwartung und der empirischen Beobachtung. Diese Diskrepanz ist als das *Paradoxon der Multigen-Familie* bekannt (WATSON et al. 1987).

Überraschenderweise unterscheiden sich die etwa 500 Kopien der ribosomalen RNA-Gene des Menschen fast nicht voneinander.

Es wurde daher vermutet, dass es einen molekularen Mechanismus in der DNA geben muss, der dieses Paradoxon irgendwie auflöst. Bei *Saccharomyces cerevisiae*, auch als Bäckerhefe bekannt, wurde angenommen, dass die Sequenzen zwischen den repetitiven (sich wiederholenden) Genen Regionen für gezielte chromosomale Rekombinationen* enthalten, die zu Genumwandlungen und/oder ungleichen Chromatid*-Austauschen führen. Infolgedessen werden Kopien der Multigen-Familie ausgetauscht oder hinzugefügt, wodurch die Multigen-Familien stabilisiert werden. Die *intergenen* Sequenzen (zwischen den Genen auf der DNA) liefern somit funktionale Sequenzen, die den Verlust von Genen verhindern (KEIL & ROEDER 1984).

Neue Forschungsarbeiten, die von Mitgliedern des Whitehead Institute (USA) an *Drosophila melanogaster* (Fruchtfliege) durchgeführt wurden, enthüllten den molekulargenetischen Mechanismus, der für diese Stabilisierung sorgt:

die Wirkung von *Retrotransposons** (NELSON et al. 2023). Für die Forscher war dies eine große Überraschung, denn „vor dieser Entdeckung wurden Retrotransposons überwiegend als genetische Parasiten betrachtet, da sie nur zu existieren schienen, um sich selbst zu replizieren“ (FRIAR 2023). Aus diesem Grund werden sie gewöhnlich als *endogene Retroviren** bezeichnet. Der Name rührt von der evolutionär geprägten Vorstellung her, es handle sich um Überbleibsel von früheren Invasionen von Retroviren. Im Schöpfungs-Paradigma werden Retrotransposons in der Regel als funktionelle regulatorische und strukturelle Elemente betrachtet, daher liegen die neuen Forschungsergebnisse im Rahmen der Erwartungen (BORGER 2018; 2023). Die neuen Erkenntnisse stellen die evolutionäre Vorstellung, dass diese Elemente parasitäre endogene Retroviren seien, verstärkt in Frage.

Die neuen Erkenntnisse stellen die evolutionäre Vorstellung, dass es parasitäre endogene Retroviren gebe, verstärkt in Frage.

Im Erbgut von *Drosophila* gibt es zwei multigene Cluster von ribosomalen RNA-Genen, die zusammen etwa 500 identische Kopien enthalten (TARTOF 1971; TAUTZ et al. 1988). Die Forschung hat nun herausgefunden, dass diese ribosomalen Gene mit Hilfe eines Retrotransposons, genannt R2, nach Beschädigung wiederhergestellt werden (NELSON et al. 2023).

Wie alle sich sexuell fortpflanzenden Organismen haben Fruchtfliegen ein *diploides* Genom, was bedeutet, dass sie alle genetischen Informationen zweifach besitzen. Das liegt daran, dass die Individuen je einen Chromosomensatz

von beiden Elternteilen vererbt bekommen. Die Forscher fanden heraus, dass R2-Retrotransposons, welche sich in sich teilenden Zellen der Fruchtfliege befinden, beide Chromosomen aufschneiden, die die ribosomalen *DNA-Cluster** enthalten. Wenn die Zelle beginnt, diese Brüche zu reparieren, verliert sie aufgrund der repetitiven Natur der Gene Teile der DNA-Sequenz und heftet stattdessen einen Abschnitt der ribosomalen DNA-Wiederholungen aus einer Kopie des Chromosoms an die andere Kopie des Chromosoms. Dies führt dazu, dass eine der Tochterzellen am Ende mehr Wiederholungen in ihrer ribosomalen DNA hat als die ursprüngliche Zelle, während die andere Tochterzelle weniger Wiederholungen hat (Abb. 4). Die Keimzellen können somit ihr Weiterbestehen schützen, indem sie dafür sorgen, dass die Zelle mit mehr ribosomalen RNA-Genen diejenige ist, welche in der Keimbahn am Leben erhalten wird (FRIAR 2023).

Der von den Evolutionstheoretikern geprägte Begriff „parasitäre DNA“ (auch als „egoistische DNA“ oder „Junk-DNA“ bezeichnet) für repetitive DNA-Sequenzen mit unbekannter Funktion stellt sich somit erneut als Fehlbezeichnung heraus. Schon das ENCODE-Projekt hatte gezeigt, dass die DNA um Größenordnungen mehr funktionale Bereiche aufweist, als es aufgrund evolutionärer Annahmen zu erwarten war (BORGER 2021).

Der von den Evolutionstheoretikern geprägte Begriff „parasitäre DNA“ für repetitive DNA-Sequenzen mit unbekannter Funktion stellt sich als eine Fehlbezeichnung heraus.

Fazit

Vielfältige und äußerst komplexe Mechanismen zur Reparatur und Harmonisierung von Genen zeigen, wie wichtig es ist, viele Kopien identischer Gene zu besitzen. Sie verhindern nicht nur den Tod und das Aussterben von Organismen, sondern auch die Anhäufung von Mutationen bei duplizierten Genen. So bleiben die Gene unverändert – und zwar aufgrund bereits existenter genetischer Programme im Erbgut und nicht aufgrund einer stabilisierenden (d. h. den ursprünglichen Zustand erhaltenden) Selektion. Harmonisierungsmechanismen in den Zellen verhindern somit auch genau das, was für die darwinistische Höherentwicklung eigentlich erforderlich ist: das Entstehen neuer genetischer Information. Und das vor allem in duplizierten Genen – obwohl Susumu OHNO in seinem berühmten Werk *Evolution by Gene*

Abb. 3 Im Erbgut der Fruchtfliege (*Drosophila*) können die ribosomalen Gene mit Hilfe eines Retrotransposons (R2) nach Beschädigungen wiederhergestellt werden. (Wikimedia: André Karwath aka Aka, CC BY-SA 2.5)



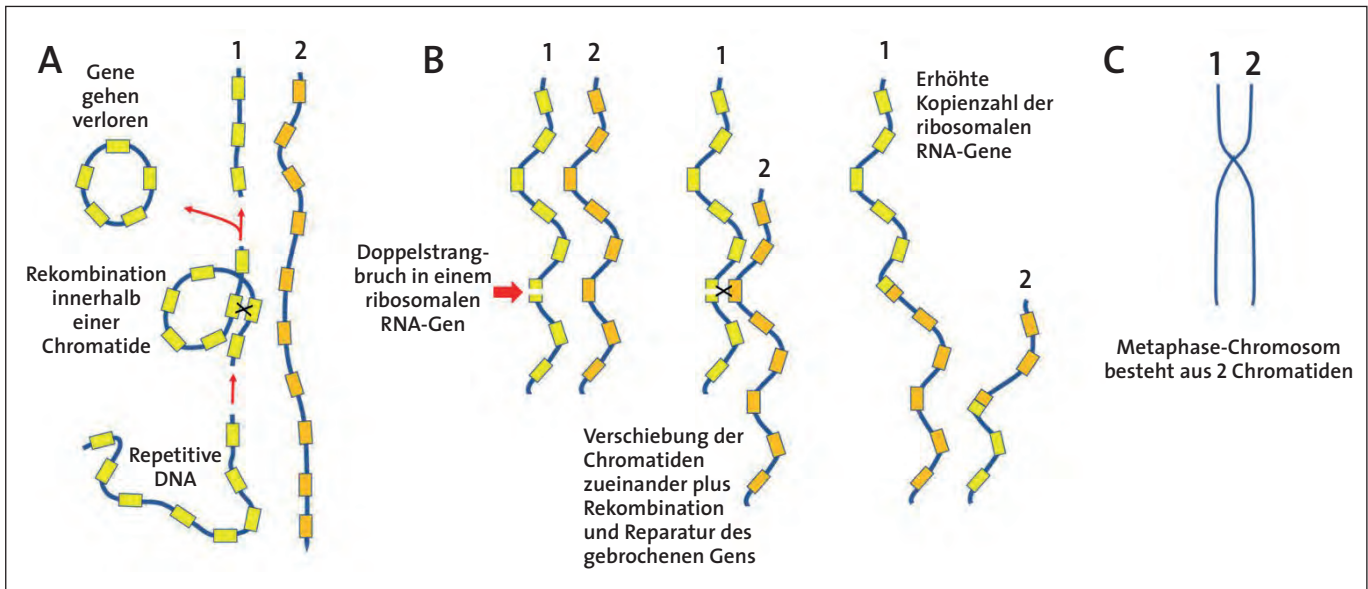


Abb. 4 **A** Modell der Instabilität von repetitiver DNA. Durch Überkreuzungen verschwinden Teile des Chromatids und die Anzahl der Gene verringert sich mit der Zeit. **B** Schema der Erweiterung der ribosomalen DNA-Kopienzahl durch ungleichen Austausch von Schwesterchromatiden bei Doppelstrangbrüchen in ribosomalen RNA-Genen. Durch Rekombination zwischen verschobenen Kopien entsteht ein ungleicher Austausch von Schwesterchromatiden, der die Anzahl der Kopien auf einem Chromatid erhöht. Dies wird durch das Retrotransposon R2 in *Drosophila* vermittelt. **C** In der Metaphase (also während der Zellteilung) bestehen die Chromosomen aus 2 Chromatiden, die hier mit den Zahlen 1 und 2 gekennzeichnet sind. Auch in A und B bezeichnen die Zahlen 1 und 2 die beiden Chromatiden. (A und B nach NELSON et al. 2023)

Duplication ja gerade die Anhäufung von Mutationen in duplizierten Genen, welche keinem erhöhtem Selektionsdruck unterliegen, als Evolutionsmechanismus postuliert hat (OHNO 1970). Einmal mehr zeigt sich: Je mehr das Erbgut der Zelle erforscht wird, desto offensichtlicher ist es, dass wir es mit genial ausgeklügelten Mechanismen zu tun haben, die auf einen Schöpfer hinweisen.

Harmonisierungsmechanismen in den Zellen verhindern letztlich darwinistische Höherentwicklung.

Literatur

- BORGER P (2018) Darwin Revisted – How to understand biology in the 21st century. Scholars' Press. <https://www.amazon.de/-/en/Peter-Borger/dp/6202315113>.
- BORGER P (2021) Wenn ENCODE richtig liegt, dann ist Evolution falsch. Stud. Integr. J. 28, 30–37.
- BORGER P (2023) Über den Entwurf des Lebens: Mobile genetische Elemente. Genetische Quellen der Anpassungsfähigkeit. Stud. Integr. J. 30, 22–31.
- FRIAR G (2023) A „Genetic Parasite“ – The Secret Protector of Fertility. Science Daily, 21.06.2023, <https://scitechdaily.com/a-genetic-parasite-the-secret-protector-of-fertility/>.
- KEIL RL & ROEDER GS (1984) Cis-acting, recombination-stimulating activity in a fragment of the ribosomal DNA of *S. cerevisiae*. Cell 39, 377–386.
- NELSON JO et al. (2023) The retrotransposon R2 maintains *Drosophila* ribosomal DNA repeats. Proc. Natl. Acad. Sci. 120 (23), e2221613120, <https://doi.org/10.1073/pnas.2221613120>.

- OHNO S (1970) Evolution by Gene Duplication. Springer Verlag. <https://link.springer.com/book/10.1007/978-3-642-86659-3>.
- TARTOF KD (1971) Increasing the multiplicity of ribosomal RNA genes in *Drosophila melanogaster*. Science 171, 294–297.
- TAUTZ D et al. (1988) Complete sequences of the rRNA genes of *Drosophila melanogaster*. Mol. Biol. Evol. 5, 366–376.
- WATSON J et al. (1987) Molecular biology of the gene. The Benjamin/Cummings Publishing Company, Inc., California.

Glossar

Chromatid: Halbes Chromosom bestehend aus einem langen DNA-Faden.

Chromosomale Rekombination: Teile von Chromosomen können bei der Keimzellbildung (Meiose) innerhalb desselben Chromosoms oder zwischen verschiedenen Chromosomen ausgetauscht werden; dies erhöht die Vielfalt.

DNA-Cluster: Bestehen aus mindestens zwei Genen der gleichen Genfamilie, die häufig nahe beieinander auf der DNA angesiedelt sind.

Endogener Retrovirus: → Retrotransposon; genetisches Element eukaryontischer Genome, das sich durch einen Copy-Paste-Mechanismus vermehrt. Evolutionstheoretiker interpretieren sie als die Überbleibsel von uralten integrierten Retroviren.

Multigen-Familie: Gruppe von Genen

mit ähnlicher bzw. identischer DNA-Sequenz, deren Genprodukte ähnliche Funktionen besitzen; es wird daher ein gemeinsamer Ursprung dieser Gene vermutet.

Retrotransposon: Eine DNA-Sequenz, die sich im Genom über einen Copy-Paste-Mechanismus vermehrt.

RNA: Ribonukleinsäure, kurze, einsträngige Kopie der DNA (mit Uracil statt Thymin).

Selektionsdruck: Wirkung der Selektion auf eine Population. Eine solche Wirkung ist nur gegeben, wenn genetische Merkmale eine positive oder negative Auswirkung auf den Fortpflanzungserfolg eines Lebewesens haben.

Splicing: Komplexe Weiterverarbeitung der mRNA zur reifen mRNA bei Eukaryonten (Lebewesen mit echtem Zellkern).

Streiflichter

■ Zahnvogel *Janavis* mit überraschendem Merkmalsmosaik

Passen neue Fossilfunde in den bisherigen evolutionären Stammbaum? Beispielsweise sollen sich Dinosaurier mit Federn als Übergangsformen zwischen nicht befiederten Formen und Vögeln eignen. Im Detail stellt sich die Situation jedoch als so kompliziert dar, dass hinsichtlich der konkreten Merkmale und des geostratigraphischen Alters bei diesen Fossilien kaum von einer Passung gesprochen werden kann; das gilt auch für zahlreiche andere Merkmale (JUNKER 2019). Neue Funde passen oft nicht zu bisherigen evolutionären Erwartungen, sondern erfordern neue Abstammungshypothesen. Das gilt auch für den Zahnvogel *Janavis finalidens* aus der oberen Oberkreide (auf 67 Millionen radiometrische Jahre [MrJ] datiert). Dessen fossile Überreste wurden kürzlich neu untersucht. *Janavis* war geschätzt 1,5 kg schwer und war in flachen Gewässern unterwegs. Im gesamten Körperbau ähnelte er sehr stark der bekannten Gattung *Ichthyornis* (Abb. 1) und wird daher zur Gruppe der Ichthyornithes gestellt. Er ist aber knapp 20 MrJ jünger als Letztere – evolutionstheoretisch wäre das ein Beispiel für Stasis („Stehenbleiben“). *Janavis* war allerdings viel größer und wies einen wesentlich höheren



Abb. 1 Rekonstruktion von *Ichthyornis*, einer Gattung, die zur selben Familie wie der neu entdeckte *Janavis* gestellt wird. (El fosilmaniaco, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/deed.en>)

Grad an Pneumatizität der Knochen (hohle Knochen) des Rumpfes auf (BENITO et al. 2022, 103).

Die Neuuntersuchung von *Janavis* hat ein drastisches Beispiel eines Merkmalswiderspruchs innerhalb der Vögel aufgedeckt (BENITO et al. 2022). Möglich wurde dies durch den Einsatz von Computertomographie, die es erlaubt, Fossilien sehr viel genauer als bisher zu untersuchen. Dabei stellte sich heraus, dass ein Knochen, der bisher als Teil eines Schulterknochens interpretiert worden war, in Wirklichkeit ein Gaumenknochen (das Pterygoid = Flügelbein) war. Dies kam durch den Vergleich mit dem entsprechenden Knochen eines Truthahns ans Licht. Dabei zeigte sich eine große Überraschung: Das Pterygoid von *Janavis* war nicht mit dem Palatinum (Gaumenbein) verschmolzen und ermöglichte einen beweglichen Schnabel, wie er typischerweise bei fast allen heutigen Vögeln ausgebildet ist. Diese werden als Neognathae („Neukiefer“) klassifiziert. Ihnen gegenüber stehen die Palaeognathae („Altkiefer“; z. B. Strauße), bei denen Flügelbein und Gaumenbein verschmolzen sind, was zu einem starren Kiefer führt. Da *Janavis* als Vogel mit einem bezahnten Kiefer und mit großen Ähnlichkeiten zu *Ichthyornis* zu den Vorfahren der Palaeognathae gestellt wird, hätte man einen unbeweglichen Kiefer wie bei den Palaeognathae erwartet.

Die Unterteilung der Vögel auf der Grundlage der Gaumenstruktur gehört „zu den frühesten und nachhaltigsten Erkenntnissen über die stammesgeschichtlichen Beziehungen“, stellen BENITO et al. (2022, 100) fest. Diese Unterteilung wurde schon vor fast 200 Jahren vorgenommen (VOGEL 2022). Die Annahme lag nahe, dass der starre Kiefer ursprünglich war – und damit ein Erbe der Dinosaurier – und dass sich ein beweglicher Kiefer erst innerhalb der Neognathae entwickelt hat. Mit dem Nachweis eines beweglichen Kiefers bei einem kreidezeitlichen Vogel wurde damit eine der

ältesten Hypothesen zum Ursprung moderner Vögel widerlegt. *Janavis* ist evolutionstheoretisch ein Querschläger.

Die für die Neognathae typischen „modernen“ Kiefer sind damit deutlich älter als die Gruppe der Palaeognathae, deren potenziell ältester fossiler Vertreter (*Galligenanoides boriensis*) nach WIDRIG & FIELD (2022) ein Alter von 56–51 MrJ aufweist. Der aktuelle Fossilbefund bedeutet evolutionstheoretisch, dass verschmolzene Gaumenknochen bei den Palaeognathae nicht ursprünglich sind, sondern erst nachträglich verschmolzen, als die „modernen“ Vögel schon etabliert waren. Das ist jedoch recht unverständlich, da die Beweglichkeit des Kiefers als bedeutender evolutionärer Fortschritt gewertet wird. Es erscheint rätselhaft, warum dieser Vorteil wieder aufgegeben wurde (G. MAYR in LEWIS 2022). Die mit den Vögeln nächstverwandten Dinosaurier besaßen wie erwähnt ebenfalls einen verschmolzenen Gaumen. Alternativ wäre auch denkbar, dass sich der bewegliche Kiefer zweimal unabhängig entwickelt hat – womit ein Schlüsselmerkmal der heutigen Vögel seinen Status verlieren würde. So oder so: Ein Merkmalswiderspruch ist unvermeidlich, es muss in jedem Fall eine Konvergenz, also unabhängige Entstehung gleichartiger Merkmale ohne gemeinsame Vorfahren, angenommen werden – gleichgültig, ob es sich um eine Rückentwicklung zu einem starren Kiefer oder um eine zweimalige unabhängige Entstehung eines beweglichen Kiefers handelt. Einmal mehr wären Bauplanähnlichkeiten kein sicherer Wegweiser für Abstammungsverhältnisse und einmal mehr spricht die Merkmalsverteilung der Lebewesen für freie Kombinierbarkeit von Merkmalen (vgl. SCHOLL 2022), was evolutionstheoretisch nicht zu erwarten ist.

[BENITO J, KUO PC, WIDRIG KE et al. (2022) Cretaceous ornithurine supports a neognathous

crown bird ancestor. *Nature* 612, 100–105, <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05445-y> • JUNKER R (2019) Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde. *W+W Special Paper B-19-4*, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4_dinos-voegel.pdf • LEWIS D (2022) 67-million-year-old fossil upends bird evolutionary tree. *Nature*, doi:10.1038/d41586-022-04181-7 • SCHOLL B (2022) Widersprüchliche Zahnevolution. Ausgestorbene Reptilien und Säugetiere widersetzen sich Stammbaumrekonstruktionen. *Stud. Integr. J* 29, 72–79 • VOGEL G (2022) New look at ancient jaw fossil rewrites centuries-old bird history. *Science* 378, 939 • WIDRIG K & FIELD DJ (2022) The Evolution and Fossil Record of Palaeognathous Birds (Neornithes: Palaeognathae). *Diversity*, <https://doi.org/10.3390/d14020105> R. Junker

■ Geologisch älteste Fledermaus mit „modernem“ Aussehen

Die Fledertiere (Chiroptera) umfassen die Fledermäuse (Microchiroptera) und die Flughunde (Megachiroptera), sie sind die einzigen Säugetiere, die aktiv fliegen können. Die Mittelhand- und die Fingerknochen außer dem Daumen sind verlängert und dienen als Gerüst für die Flughaut. Diese verläuft nach vorne von den ebenfalls verlängerten Armknochen weiter zum Hals und erstreckt sich weiter an der Körperseite entlang bis zu den Beinen und zwischen den Beinen. Die über 1.400 beschriebenen Arten bilden mit ca. 1/5 aller Säugetierarten die zweitgrößte Säuger-Ordnung, nur übertroffen von den Nagetieren. Sie sind fast weltweit verbreitet und ökologisch sehr vielseitig.

Die Fledermäuse sind sehr klar unterschieden von allen anderen Säugetiergruppen. Evolutionstheoretisch sollte man daher erwarten, dass der Weg ihrer Entstehung über viele Schritte erfolgen musste und dass der Fossilbericht davon Zeugnis gibt. Fledermäuse sind jedoch seit Beginn ihrer Fossildokumentation voll flugfähig und mit dem typischen Fledermausbauplan ausgestattet.

Unterschiede zu heutigen Formen betreffen nur untergeordnete Merkmale (JUNKER 2011). So besaß die 2008 entdeckte Art *Onychonycteris finneyi* („Krallen-Fledermaus“) im Unterschied zu anderen Fleder-



mäusen Klauen an allen fünf Fingern sowie relativ kurze Vorderarme und relativ lange Hinterfüße (SIMMONS et al. 2008). In der Ypresium-Stufe des Eozän (zweite Serie des Tertiärs) ist eine ganze Reihe fossiler Fledermausarten in fast weltweiter Verbreitung fossil nachgewiesen worden, unter anderem in der berühmten Grube Messel bei Darmstadt. Die auf ca. 52 Millionen radiometrische Jahre datierten geologisch ältesten Formen stammen aus der Green-River-Formation in Wyoming/USA. Dazu gehören die oben genannte Art *Onychonycteris finneyi* sowie *Icaronycteris index*.

Im Jahr 2017 entdeckten Paläontologen in der Green-River-Formation eine weitere Art der Gattung *Icaronycteris*, die erst jetzt beschrieben wurde (RIETBERGEN et al. 2023). Wegen einiger Unterschiede zu den bisher gemachten Funden wurde eine neue Art, *Icaronycteris gunnelli*, aufgestellt (Abb. 1). *I. gunnelli* ist kleiner als *I. index*, besaß an den ersten beiden Flügelgliedern Krallen und an den Flügelgliedern drei bis fünf ein winziges verknöchertes drittes Fingerglied. Die Flügel waren breit und die Hinterbeine kurz und robust. Diese Merkmalskombination war zuvor nicht beobachtet worden. Auch das Gebiss wies Besonderheiten auf, z. B. ist der untere Eckzahn groß und lanzettlich (RIETBERGEN et al. (2023, 6) mit weiteren Details). Insgesamt, so stellen die

Abb. 1 Skelett des Paratyps von *Icaronycteris gunnelli* aus der Green-River-Formation. (AUS RIETBERGEN et al. 2023, CC0)

Forscher fest, weisen die Fossilien von *I. gunnelli* weniger primitive Merkmale auf als die anderen Arten von Wyoming. Da eines der Exemplare in etwas tieferen Schichten als die bisher bekannten Arten gefunden wurde, gilt nun *I. gunnelli* als geologisch älteste Fledermausart. Einmal mehr erweist sich damit die geologisch älteste Art einer Gruppe nach derzeitigem Kenntnisstand nicht als die primitivste.

Der neue Fund bestätigt das Bild vom plötzlichen fossilen Erscheinen voll ausgebildeter Fledermäuse. Die von RIETBERGEN et al. (2023) durchgeführten vergleichenden Analysen ergaben, dass *Icaronycteris? menui* aus Frankreich und *I. sigei* aus Indien nicht zur Klade (Gruppe) der Icaronycteridae gehören. Die Autoren fassen zusammen: „Insgesamt deuten unsere Ergebnisse darauf hin, dass die Green-River-Fledermäuse eine eigenständige Chiroptera-Radiation basaler Fledermäuse darstellen und die Hypothese einer raschen Radiation von Fledermäusen auf mehreren Kontinenten während des frühen Eozäns zusätzlich unterstützen.“ Der Paläontologe Brock FENTON wird in *Science News* zitiert, dass wir nicht näher daran seien, zu wissen, aus welcher Art von Lebewesen sich Fledermäuse entwi-

ckelt haben, weil die neuen Funde so sehr den Skeletten heutiger Fledermäuse ähneln (PERKINS 2023).

[JUNKER R (2011) Der Ursprung der Fledermäuse. Teil 1: Fossilien und der Flugapparat. Stud. Integr. J. 18, 17–25 • PERKINS S (2023) Newfoundland bat skeletons are the oldest on record, <https://www.sciencenews.org/article/new-bat-skeletons-oldest-fossils> • RIETBERGEN TB et al. (2023) The oldest known bat skeletons and their implications for Eocene chiropteran diversification. PLoS ONE 18(4): e0283505 • SIMMONS NB, SEYMOUR KL, HABERSETZER J & GUNNELL GF (2008) Primitive Early Eocene bat from Wyoming and the evolution of flight and echolocation. Nature 451, 818–822] R. Junker

■ Mammuts: Degenerierte Elefanten?

Dinosaurier und Mammuts sind nicht nur interessanter Stoff für Kinofilme und Trivalliteratur – in der naturwissenschaftlichen Forschung nimmt das Interesse an Lebewesen früherer Epochen dank neuer molekularbiologischer Methoden weiter zu. Mittlerweile ist es möglich geworden, aus Fragmenten biologisch relevanter Moleküle wie DNA oder Proteinen aufschlussreiche Informationen über Organismen früherer Zeiten zu gewinnen. Aus Unterschieden im Erbgut prähistorischer und aktuell lebender Organismen hofft man, vergangene Abläufe wie Artenwandel und Aussterben in der

Biologie besser rekonstruieren zu können, weil Veränderungen der DNA sowohl als Motor als auch als Marker der Evolution gelten. Bei bloßer morphologischer Untersuchung von Fossilien erschließen sich diese Aspekte nicht.

Da DNA-Moleküle unter natürlichen Bedingungen langsam zerfallen, können in vielen Fällen nur kleine Fragmente aus Fossilien gewonnen werden. Es ist daher naheliegend, dass vor allem aus Permafrostböden geborgene Tierarten sich für solche Studien als günstig erweisen – die Chancen auf gut erhaltene Erbgutmoleküle sind in solchen Fällen vergleichsweise gut.

Es ist daher nicht überraschend, dass zuletzt einige paläobiologische Studien zu Wollhaarmammuts (*Mammuthus primigenius*, Abb. 1) veröffentlicht wurden. Die Erbgutmoleküle konnten vor allem aus Zahnmaterial erhalten werden – durch Anbohren und anschließendes Extrahieren des erhaltenen Zahnmineral-Pulvers. Das genetische Material wurde sequenziert und mit demjenigen verschiedener heute lebender Elefantenarten verglichen, um Aufschluss über die Anpassung der Wollhaarmammuts an das unwirtliche Klima Sibiriens zu erhalten.

ROGERS und SLATKIN (2017) analysierten zwei vollständige und

gut erhaltene Mammut-Genome, die auf 45.000 radiometrische Jahre (rJ) (Oimjakon, Sibirisches Festland) bzw. 4.300 rJ (Wrangel-Insel) datiert wurden. Die Autoren kamen zu dem Ergebnis, dass vor allem im zweiten, jüngeren Exemplar sich sehr viele schädliche Mutationen angehäuft hatten. Darunter waren Punktmutationen, größere Verluste und Retrogene (aus messenger-RNA umgewandelte DNA-Moleküle, die anschließend ins Erbgut eingeführt wurden). Die daraus resultierenden schädlichen Veränderungen führten unter anderem wohl zu Defekten im Geruchssinn der Tiere und brachten vermutlich eine Population mit Seidenfell hervor. Die Autoren begründeten dies damit, dass das Exemplar von der Wrangel-Insel aus einer sehr kleinen Population stammte, deren Erbgut durch längere Inzucht stark an Qualität verloren hatte.

In einer jüngeren Arbeit (VAN DER VALK et al. 2022) wurden zwei weitere Mammut-Genome aus Sibirien sequenziert und mit mehreren früher analysierten Exemplaren verglichen sowie mit dem Erbgut der beiden Afrikanischen Elefantenarten und dem des Asiatischen Elefanten, der als nächster Verwandter der Wollhaarmammuts gilt. Als häufigste Art der genetischen Veränderung wurde dabei die *Deletion* ermittelt, also der Verlust bestimmter genetischer Abschnitte. Die verlorengegangene genetische Information umfasste ungefähr drei Millionen Basenpaare – ca. 0,1 % des gesamten Mammut-Genoms. Dabei waren z. T. recht große Deletionen von über 10.000 Basenpaaren keine Seltenheit. *Insertionen*, d. h. Einfügungen genetischen Materials, waren wesentlich seltener. Es wurden 44.078 davon identifiziert – die meisten sind relativ kurz. Die Veränderungen betrafen besonders häufig genetische Abschnitte, die nicht für Proteine codierten, sondern regulatorisch fungierten. Allerdings waren auch 87 für Proteine codierende Gene von solchen Veränderungen betroffen.

Laut VAN DER VALK et al. betrafen die Mutationen insbesondere den Fettstoffwechsel, das Fellwachstum,



Abb. 1 Nachbildung eines Wollhaarmammuts im Royal British Columbia Museum in Victoria. (CCO)

die Größe und Form von Haarfollikeln, die Beschaffenheit des Skeletts und der Ohren und die Regulierung der Körpertemperatur. Auch wenn diese Rückschlüsse auf Daten aus Maus-Modellen beruhen, sind sie mit Blick auf einen Wechsel des Habitats von einem subtropischen Klima zu den kalten Bedingungen Sibiriens schlüssig. Zudem ist die Mehrheit der proteincodierenden Gene bei allen Säugetieren sehr ähnlich – sie haben also häufig vergleichbare Funktionen.

Auffällig ist hierbei, dass alle erwähnten Anpassungen aus *Verlust* genetischer Information resultierten. Das deutlich häufigere Vorkommen von Deletionen im Vergleich zu Insertionen zeugt davon, dass das Genom insgesamt *schrumpft*. Diese Tendenz beschränkt sich allerdings in keiner Weise auf Wollhaarmammut. Die Autoren schreiben (VAN DER VALK et al. 2022): „[...] Es gibt viele Fallstudien zu Schicksalen von Varianten, die Assoziationen zwischen Genverlust und unter positiver Selektion befindlichen Phänotypen von Säugetieren aufdeckten.“

Anders ausgedrückt: Die Degeneration ist eine gut belegte Tendenz in der Biologie. Eine allgemeine Höherentwicklung der Lebewesen dagegen, wie sie von Befürwortern der Evolutionslehre behauptet wird, lässt sich aus den Daten der Genetik nicht schlüssig ableiten.

[ROGERS RL & SLATKIN M (2017) Excess of genomic defects in a woolly mammoth on Wrangel island. PLoS Genet 13 (3): e1006601 • VAN DER VALK T et al. (2022) Evolutionary consequences of genomic deletions and insertions in the woolly mammoth genome. iScience 25, 104826] B. Schmidtgal

■ Hakenblatt: Fleischfresser „on demand“

Eine der faszinierendsten Fähigkeiten von Lebewesen ist ihre *Plastizität*: Lebewesen sind aufgrund ihres vorprogrammierten Erbguts in der Lage, auf verschiedenste Umweltreize passend zu reagieren. Unsere eigene Hornhaut wird bei mechanischer Beanspruchung z. B. an Fingern und Füßen dicker; in dünnerer Luft wird die Anzahl der roten Blut-

körperchen im Blut hochgefahren; viele Pflanzen können ihre Blüten je nach Wetter öffnen und schließen oder dem Lauf der Sonne folgen. Dies ist jedoch keine Kleinigkeit! Jede plastische Reaktion erfordert einen Regelkreis, dessen Komponenten allesamt anspruchsvoll sind: Messen, vergleichen, nachführen und Vorgabe des Soll-Zustandes. 1. Ein Umweltreiz muss gemessen werden (z. B. Luftfeuchtigkeit oder Lufttemperatur). 2. Der Istzustand muss mit dem gerade passenden Sollzustand verglichen werden (passt z. B. die Blütenstellung zu den aktuellen Wetterbedingungen?). 3. Wenn der Istzustand vom Sollzustand abweicht, müssen Prozesse in Gang gesetzt werden, die das Einstellen des Sollzustands bewirken (z. B. die passende Blütenstellung). 4. Es muss vorgegeben sein, was unter welchen Bedingungen ein jeweils passender Sollzustand ist. Regelkreise können nur funktionieren, wenn alle Komponenten vorhanden sind. Daher sprechen sie sehr deutlich für Planung und können mit guten Gründen als Schöpfungsindizien betrachtet werden.

Ein ungewöhnliches Beispiel von Plastizität zeigt das in den Tropen Westafrikas lebende Hakenblatt (*Triphyophyllum peltatum*). Diese Lianenart ist medizinisch von besonderem Interesse, da sie Inhaltsstoffe produziert, die unter anderem gegen Bauchspeicheldrüsenkrebs und Leukämiezellen sowie gegen die Erreger von Malaria und anderen Krankheiten eingesetzt werden (VON MÜNCHHAUSEN 2023). Da die Pflanze drei verschiedene Blattpen ausbilden kann, wird sie auch „Dreifaltigblatt“ genannt. Die Bezeichnung „Hakenblatt“ ist der Fähigkeit der Pflanze zu verdanken, Haken an den Blättern auszubilden, wenn sie in ein lianenartiges Wachstum übergeht (Abb. 1). Diese Haken unterstützen das Kletterwachstum der reifen Triebe. Die anderen beiden Blattformen sind zum einen lanzettlich-schmale Blätter der jungen Triebe und zum anderen spezielle Drüsenblätter mit gestielten und sitzenden Drüsen, die eine zähe Flüssigkeit absondern. Die Drüsen enthalten verschiedene Ver-



Abb. 1 Ein Blatt von *Triphyophyllum peltatum*, das beim Wechsel ins Lianenstadium Haken ausgebildet. (© Traud Winkelmann, LUH)

dauungsenzyme (Proteasen, Peroxidasen, Esterasen und Phosphatasen) und fungieren somit als Fallenblätter (Klebfallen) (Abb. 2). Viele Käfer und andere Insekten bleiben an den „Tröpfchen“ hängen und werden aufgelöst und verdaut. Wir haben es also mit einer fleischfressenden Pflanze zu tun.

Die Fallenblätter werden aber nicht immer ausgebildet, sondern nur bei Bedarf (*on demand*) unter bestimmten Umweltbedingungen. Dies ist ein typischer Fall von Plastizität (genetisch vorprogrammierter Anpassungsfähigkeit) und das einzige bisher bekannte Beispiel für eine *fakultative* Karnivorie bei Pflanzen. Das karnivore (fleischfressende) Stadium kann unter Umständen komplett ausfallen und zu verschiedenen Zeitpunkten abgerufen werden, abhängig von den Gegebenheiten des Lebensraums der Pflanze. Die fleischfressenden Blätter werden am häufigsten – aber nicht ausschließlich – in der Zeit von März bis Juni, also kurz vor Beginn der Regenzeit, gebildet.

Schon länger wurde vermutet, dass Nährstoffmangel der auslösende Faktor für die Ausbildung der spezialisierten Drüsenblätter ist. Allerdings war der Auslöser bis vor Kurzem unbekannt und wegen der Schwierigkeiten, die Pflanzen zu kultivieren, schwer herauszufinden. Nun hat eine Forschergruppe aus Würzburg und Hannover den auslösenden Faktor aufgeklärt (WINKELMANN et al. 2023). Den Forschern gelang es, die Pflanzen in Kulturgefäßen auf wohldefinierten Nährmedien in großer Stückzahl zu kultivieren. Die Pflanzen wurden



Abb. 2 Ein karnivores Blatt von *Triphyophyllum peltatum* mit Drüsen, die zum Fang von Insekten eine klebrige Flüssigkeit absondern. (© Traud Winkelmann, LUH)

verschiedenen Stressfaktoren ausgesetzt, darunter einem Mangel an den Hauptnährstoffen Stickstoff, Kalium und Phosphor. Von allen getesteten Stressoren wurde nur bei Phosphormangel die Bildung von fleischfressenden Blättern beobachtet. Weitere Faktoren spielten keine nennenswerte Rolle. Die Fallenblätter ähnelten vollständig denen, die unter natürlichen Wachstumsbedingungen zu finden sind. Damit war das auslösende Signal erkannt. Phosphor ist nicht nur ein Nährstoff, sondern dient auch als Signal (WINKELMANN et al. 2023, 11). Dieser Zustand entspricht der ersten oben genannten Komponente eines Regelkreises (das zu erfassende Signal ist die zur Verfügung stehende Phosphormenge). *Triphyophyllum peltatum* kann somit in seinem natürlichen Lebensraum einer saisonal drohenden Mangelernährung durch Bildung der Fallenblätter begegnen und durch Verdauung der erbeuteten Insekten an das wichtige Nährelement Phosphor gelangen.

Jenseits der Biologie. Das Beispiel des Hakenblatts zeigt, dass bei Lebewesen beträchtliche Optionen schlummernd in ihrem Erbgut vorliegen können. Komplexe Konstruktionselemente können so komplett angelegt sein und durch

einen bloßen auslösenden Reiz verfügbar gemacht werden. In den ersten Kapiteln der Bibel wird angedeutet, dass die Schöpfung durch die Sünde der ersten Menschen teilweise umgewandelt wurde, sodass es unter anderem zur fleischfressenden Lebensweise kam. Wie kann man sich eine solche Umwandlung vorstellen? Man wird hier zwar nur spekulieren können, aber die fakultative Karnivorie bei *Triphyophyllum* könnte immerhin als Modell dafür betrachtet werden, dass ein solcher Übergang grundsätzlich relativ einfach möglich ist. Dies ist der Fall, wenn entsprechend vorgeplant wurde und Bauplanmodule für die fleischfressende Lebensweise bereits von Anfang an im Erbgut angelegt waren.

[VON MÜNCHHAUSEN MF (2023) Mangel weckt den Appetit auf Fleisch. Informationsdienst Wissenschaft vom 16.05.2023, <https://idw-online.de/de/news814428> • WINKELMANN T, BRINGMANN G, HERWIG A & HEDRICH R (2023) Carnivory on demand: phosphorus deficiency induces glandular leaves in the African liana *Triphyophyllum peltatum*. *New Phytologist*, doi:10.1111/nph.18960] R. Junker

■ Flügelmuster bei Schmetterlingen: sehr „alte“ genetische Module

Schmetterlinge gehören sicherlich zu den bemerkenswertesten Insektenarten. Nicht nur ihre Metamorphose, sondern auch die vielen faszinierend schönen Flügelmuster veranlassen jeden Beobachter zum Staunen und Nachsinnen. Einigen Schmetterlingen dienen die Flügelmuster zur Abschreckung von Fressfeinden. Kürzlich haben Forschungsarbeiten an fünf verschiedenen Arten von Schmetterlingen aus der Familie der Edelfalter (*Nymphalidae*) ergeben, dass die Variationen ihrer Flügelmuster, die zwischen verschiedenen Arten stark übereinstimmen, auf nichtcodierenden genetischen Elementen beruhen (MAZO-VARGAS et al. 2022); diese waren früher fälschlicherweise oft als genetischer „Schrott“ bezeichnet worden. Die Autoren beschreiben die Fragestellung ihrer Arbeit wie folgt: „Es ist bisher kaum verstanden, wie

regulatorische genetische Architekturen zugleich tiefe Homologien [abstammungsbedingte Ähnlichkeiten] und der Anpassung dienende Veränderungen beinhalten können“ (Ergänzung B. S.). Es ging ihnen also darum zu verstehen, weshalb eine überraschend vielfältige äußerliche Variation ermöglicht wird, obwohl die zugrundeliegenden genetischen Strukturen sich kaum ändern. Welche Ursachen der Veränderung der Flügelmuster haben die Wissenschaftler herausgefunden?

Neben vergleichenden Analysen des Erbguts der fünf Falterarten wurden von MAZO-VARGAS et al. systematische *Knockout*-Experimente an sogenannten *cis*-regulatorischen Bereichen des Gens *WntA* durchgeführt, d. h. es wurde nicht das Protein-codierende Gen an sich ausgeschaltet, sondern Bereiche, die die Aktivität des besagten Gens regulieren. *WntA* codiert für die Synthese eines Signalproteins, das die Ausbildung der Flügelmuster der Falter steuert. Ein Ausschalten des Gens führt dementsprechend dazu, dass die Flügelmuster nicht ausgebildet werden. Veränderungen der regulatorischen Bereiche des Gens wurden durch Entfernen von Teilen des genetischen Materials (Deletionen) mittels des Gentechnikwerkzeugs „CRISPR-Cas9 shotgun deletion“ erreicht. Das ist vergleichbar mit Schüssen aus einem Schrotgewehr auf ein Bild: Bei jedem Schuss entsteht ein anderes Muster an Löchern.

Je nachdem, welches Mutationsmuster entstand, resultierte daraus entweder der stellenweise Verlust an schwarzem Pigment oder eine Zunahme. Das führte zu einer Veränderung des Pigmentmusters auf den Flügeln im Sinne eines stellenweisen Erbleichens oder einer Ausweitung der farbigen Bereiche. Dabei hatten Mutationen Auswirkungen am ganzen Körper, sowohl in den vorderen als auch in den hinteren Flügeln. Zudem zeigten sich bei allen Arten ähnliche Auswirkungen der Mutationen auf die Flügelmuster. Unter den fünf gewählten Arten waren zwei, die sich von den anderen hinsichtlich bestimmter Eigenschaften stärker unterschieden: *Heliconius himera* (Abb. 1, links) und der Mon-



archfalter (Abb. 1, rechts). *Heliconius himera* hebt sich von den anderen durch sein dunkles Erscheinungsbild ab, während der Monarchfalter sich auf genetischer Ebene stärker von allen anderen unterscheidet. Die Flügelmuster von *Heliconius himera* weisen einen deutlich höheren Anteil an schwarzem Pigment auf als diejenigen der anderen vier Arten, obwohl es auf genetischer Ebene nur geringe Unterschiede zu drei von fünf Arten gibt. Der Monarchfalter dagegen gehört zwar zu den vier äußerlich einigermaßen ähnlich aussehenden Arten, unterscheidet sich jedoch auf der genetischen Ebene hinsichtlich der Sequenz der regulatorischen Bereiche des *WntA*-Gens von den anderen vier Arten.

Die Autoren der Arbeit schlussfolgern ausgehend von der Evolutionslehre, dass „viele tief konservierte regulatorische Elemente“ bei allen betrachteten Edelfaltern vorhanden sind. Mit „tief konserviert“ ist hier gemeint, dass es diese Elemente bereits in einem ursprünglich vorhandenen Grundbauplan der Schmetterlinge vor ungefähr hundert Millionen Jahren gegeben haben soll. Seither sollen sie sich nicht mehr nennenswert verändert haben. Die Autoren fügen hinzu, dass die Evolution nicht so sehr durch Verlust oder Gewinn genetischer Elemente zustande kommen soll, sondern vielmehr durch „nuancierte Veränderung dieser alten multifunktionalen Grundbaupläne“ (Hervorhebung B. S.).

Es kann also festgehalten werden, dass die Variation der Flügelmuster der Edelfalter durch Mutationen in den regulatorischen Bereichen

des Gens *WntA* verursacht werden kann. Die Autoren bezeichnen diese genetischen Elemente *zugleich* als sehr alt und multifunktional. Aus den Ausführungen geht jedoch nirgends hervor, wie diese genetischen Elemente entstanden sein sollen. Zudem weisen die genetischen Elemente ein hohes Maß an Funktionsdichte auf (Multifunktionalität). Gemäß der Evolutionslehre sollten komplexe biologische Strukturen jedoch eine eher späte Erscheinung sein – das Resultat eines langen Entwicklungsvorgangs. Darüber hinaus können „kleine nuancierte Veränderungen“ genetischer Elemente zwar variierende Muster erklären, nicht jedoch die Entstehung eines hochkomplexen und multifunktionalen genetischen Elements.

Langzeitlich konservierte, *multifunktionale* genetische Grundbaupläne sind aus Sicht der Evolutionslehre erstaunlich und unerwartet – nicht jedoch aus Sicht der Schöpfungslehre. Aus letzterer Perspektive ist es naheliegend zu erwarten, dass die Variation der Flügelmuster im Sinne eines Ausschöpfens von intelligent angelegten genetischen Programmen resultiert. Vor diesem Hintergrund ist es auch schlüssig, dass solche genetischen Module aufgrund ihrer Perfektion keiner ausgeprägten Veränderung bedürfen. Da vergleichbare Entdeckungen auch aus anderen Bereichen der Biologie bekannt sind, handelt es sich offenbar um ein regelhaftes Phänomen der Biologie.

[MAZO-VARGAS A et al. (2022) Deep cis-regulatory homology of the butterfly wing pattern ground plan. *Science* 378, 304–308] B. Schmidtgall

Abb. 1 Links: *Heliconius himera*; rechts Monarchfalter (*Danaus plexippus*). (Links: Adobe-Stock; rechts: Wikimedia, gemeinfrei)

■ Kapitalistische Kapuzineraffen?

Eine spannende wirtschaftswissenschaftliche Studie von CHEN et al. (2006) zeigt: Gehaubte Kapuzineraffen (*Cebus apella*) verstehen prinzipiell, wie Geld funktioniert. Sechs in Gefangenschaft lebende Kapuzineraffen bekamen Aluminiummünzen ausgeteilt und lernten über einen längeren Zeitraum, dass sie in zwei ans Gehege angeschlossenen Boxen Münzen gegen leckere Nahrungsmittel tauschen konnten.

In **Experiment I** bekam jeder Kapuzineraffe 12 Münzen, die er bei *Händler 1* gegen ein Stück Apfel oder bei *Händler 2* gegen süße Nahrungsmittel (Traube/Fruchtgummi) eintauschen konnte. Im Laufe einer Woche hatte sich für jeden Kapuzineraffen ein bestimmtes durchschnittliches Mischungsverhältnis eingestellt.

Anschließend halbierte *Händler 1* den Apfelpreis: 1 Münze war nun 2 Apfelstücke wert (s. Abb. 1). Da die Affen nun mit 12 Münzen doppelt so viele Apfelstücke wie vorher kaufen könnten, wurden ihnen jeweils so viele Münzen abgezogen, dass sie trotz des neuen Preises noch dasselbe Mischungsverhältnis wie vorher konsumieren konnten (die „Vermögenssituation“ bleibt also gleich). Kaufte beispielsweise ein Affe vorher 6 Süßigkeiten und 6 Apfelstücke mit 12 Münzen, wurden ihm nur noch 9 Münzen gegeben, die nun wieder

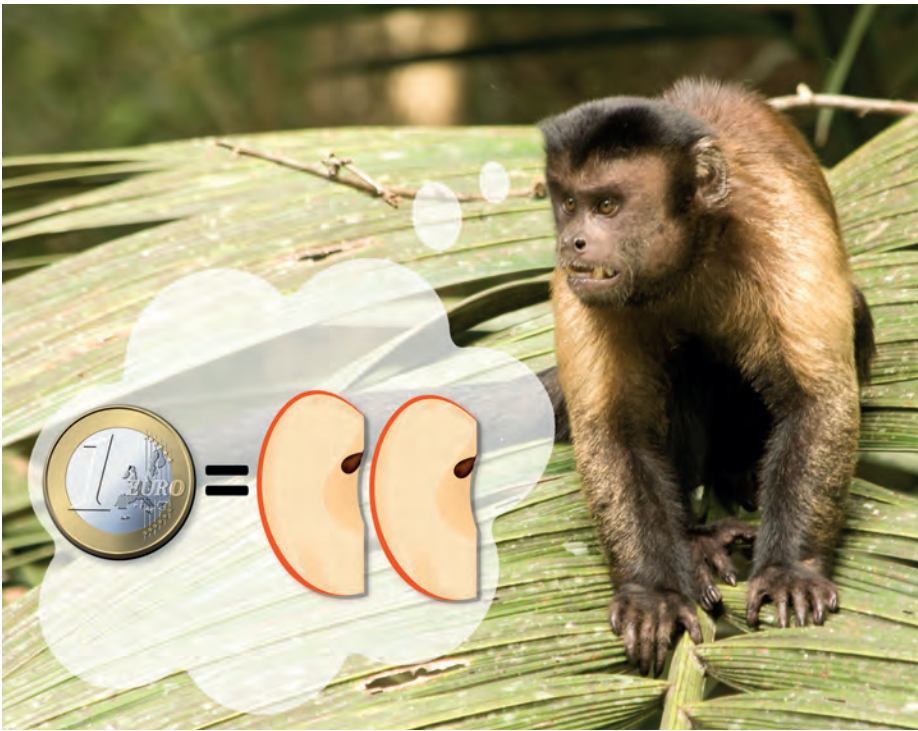


Abb. 1 Gehaubte Kapuzineraffen können lernen, Münzen als Zahlungsmittel einzusetzen. (Wikimedia: Sean McCann, CC BY-SA 2)

für 6 Süßigkeiten und 6 Apfelstücke reichten. Es stellte sich heraus, dass die Kapuzineraffen ihr Kaufverhalten umstellten: Sie kauften nun deutlich mehr von den günstigeren Äpfeln und ersetzten damit einen Teil der bisher bevorzugten Süßigkeiten (z. B. vorher: 12 Münzen für 6 Äpfel + 6 Süßigkeiten; danach 9 Münzen für 10 Äpfel und 4 Süßigkeiten). Ihr Verhalten ähnelte damit dem von Menschen, bei welchen Ökonomen (im Rahmen der „Revealed Preference Theory“) davon ausgehen, dass Menschen stabile Präferenzen besitzen, die sie durch ihr Kaufverhalten offenbaren.

In **Experiment II** verkauften beide Händler nur noch Äpfel. *Händler 1* bot nun immer ein Apfelstück an, gab aber in 50 % der Fälle noch ein Apfelstück „gratis“ dazu. *Händler 2* bot immer zwei Apfelstücke an, gab aber in 50 % der Fälle nur ein Apfelstück ab statt der „versprochenen“ zwei. Damit war der durchschnittliche Preis bei beiden Händlern gleich: durchschnittlich bekamen die Affen 1,5 Apfelstücke je Münze. Dennoch kauften die Affen in ca. 71 Prozent aller Tauschaktionen bei *Händler 1*. Dies entspricht dem Verhalten von Menschen, die Entscheidungsalternativen nicht nur rein ökonomisch,

sondern in aller Regel auch in Bezug zu einem Referenzpunkt bewerten (*Referenzpunktabhängigkeit der Präferenzen*). Zum Beispiel wird eine Gehaltserhöhung von 3 % freudig angenommen, wenn man gar keine erwartet hatte, aber mit Enttäuschung zur Kenntnis genommen, wenn man 6 % erwartet hatte. Ebenso wie im Affenexperiment wird hier eine Abweichung von der Erwartung (dem *Referenzpunkt*) nach unten als Verlust wahrgenommen und möglichst vermieden, während eine Abweichung nach oben als Gewinn gesehen wird – obwohl die Alternativen ökonomisch identisch sind.

In **Experiment III** gab jeder Händler immer nur ein Apfelstück ab. *Händler 1* war „ehrlich“ und zeigte auch vorher nur ein Apfelstück zum Tauschen, während *Händler 2* immer „unehrlich“ war und zwei Apfelstücke zeigte, aber nur eines abgab. Die Kapuziner wählten in ca. 79 % der Fälle den „ehrlichen“ *Händler 1*. CHEN et al. gehen davon aus, dass die Affen mit der Zeit gemerkt haben dürften, dass das Ergebnis bei beiden Händlern gleich ist. Daher zeige sich, dass „Kapuzineraffen nicht nur referenzpunktabhängig, sondern auch verlustavers sind“ (S. 532). Die Angst vor Verlust

von vorhandenen oder fest erwarteten Gütern (*Verlustaversion*) ist bei Menschen als starkes Handlungsmotiv bekannt und im Rahmen der *Prospect-Theorie* erforscht worden: In der Regel ist bei Menschen die Angst, etwas sicher Geglauhtes zu verlieren, stärker als das Streben, den eigenen Gewinn zu maximieren.

Die Autoren schlussfolgern: „Insgesamt deuten unsere Ergebnisse darauf hin, dass Kapuzineraffen bei ihren Entscheidungen sehr empfindlich auf Veränderungen bei Preisen, Budgets und erwarteten Gewinnen reagieren“ (S. 534). Dies bestätigte ihre anfängliche These, dass „die Wahl der Kapuzineraffen im Großen und Ganzen rational ist und der Standardpreistheorie entspricht“ (S. 526f).

DUBNER & LEVITT (2005) berichten außerdem, dass M. Keith Chen während des Experiments beobachtete, wie ein Kapuzineraffe Geschlechtsverkehr gegen eine Münze tauschte und sich dafür eine Traube kaufte. Also sind sogar Kapuzineraffen zu „Prostitution“ fähig. Auch bei wildlebenden Schimpansen wird Fleisch über längere Zeit gegen Geschlechtsverkehr eingetauscht (GOMES & BOESCH 2009).

CHEN et al. (2006) leiten aus ihren Beobachtungen ab, dass die Mechanismen im Umgang mit Geld „evolutionär alt“ sein müssen, weil sie sich bei Kapuzineraffen und Menschen ähneln (S. 520). Allerdings trifft es gar nicht zu, dass Kapuzineraffen und Menschen „nahe evolutionäre Verwandte“ sind (S. 521). Kapuzineraffen sind schließlich Neuweltaffen, die nach evolutionärer Vorstellung immerhin ca. 45 MrJ (Millionen radiometrische Jahre) von Menschenaffen und Menschen trennen (FINSTERMEIER et al. 2013). Noch erstaunlicher ist aber, dass auch „das Verhalten von Ratten und Tauben den Gesetzen der Nachfrage zu gehorchen scheint“ (CHEN et al. 2006), obwohl diese 78 MrJ bzw. 300 MrJ Evolutionsgeschichte von Kapuzineraffen und Menschen trennen (FOLEY et al. 2016, Fig. 1). Wenn solche Tiere erstaunliche menschenähnliche Verhaltensweisen an den Tag legen, zeigt dies einmal mehr, dass ähnliche Verhaltensweisen von Menschen und Schimpansen keine

guten Argumente für eine gemeinsame evolutionäre Abstammung darstellen.

[CHEN MK, LAKSHMINARAYANAN V & SANTOS LR (2006) How Basic Are Behavioral Biases? Evidence from Capuchin Monkey Trading Behavior. *J. Polit. Econ.* 114, 3 • DUBNER SJ & LEVITT SD (2005) Monkey Business. vom 05.06.2005, <https://www.nytimes.com/2005/06/05/magazine/monkey-business.html> • FINSTERMEIER K et al. (2013) A Mitogenomic Phylogeny of Living Primates. *PLOS ONE* 8(7):e69504 • FOLEY NM, SPRINGER MS & TEELING EC (2016) Mammal madness: is the mammal tree of life not yet resolved? *Phil. Trans. R. Soc. B* 371: 20150140 • GOMES CM & BOESCH C (2009) Wild Chimpanzees Exchange Meat for Sex on a Long-Term Basis. *PLOS ONE* 4(4): e5116 • KAGEL JH et al. (1975) Experimental Studies of Consumer Demand Behavior Using Laboratory Animals. *Econ. Inquiry* 13, 22–38] B. Scholl

■ Wirbeln Langschwanzmakaken die Steinwerkzeuge-Geschichte durcheinander?

Im Frühjahr 2023 gab es in der populärwissenschaftlichen Presse Aufregung über die Frage, ob die neuesten Entdeckungen über Steinabschläge von Langschwanzmakaken (*Macaca fascicularis*) in Thailand dazu führen könnten, dass bisher als sicher klassifizierte Steinwerkzeuge in Frage gestellt werden müssen (vgl. PODBREGAR 2023). Aber sind heutige Tieraffen aus der Meerkatzenverwandtschaft tatsächlich in der Lage, Steinwerkzeuge ähnlich denen des Oldowans herzustellen, die wahrscheinlich Frühmenschen produziert haben (dass Australomorphen dazu wahrscheinlich nicht in der Lage waren, erläutert BRANDT 2023, v. a. S. 118–203)?

Diese Fragestellung wurde schon einmal in ähnlicher Weise diskutiert, als PROFFITT et al. (2016) berichtet haben, dass Kapuzineraffen im Serra da Capivara National Park in Brasilien Steinsplitter herstellen. Allerdings hatte BRANDT (2023, 177–182) aufgezeigt, dass diese bei der *Steinperkussion* (dem Aufeinandererschlagen von Steinen) zufällig entstandenen Ansammlungen von Bruchstücken frühen archäologischen Artefakt-Inventaren nicht ähneln.

PROFFITT und Kollegen (2023) berichteten nun aber, dass Langschwanzmakaken in der Bucht von



Abb. 1 Langschwanzmakaken (a–c) knacken mit Steinen (s. Mitte) Nüsse bzw. hartschalige Tiere (d–f). (Wikimedia: Haslam M et al. (2013) *PLoS ONE* 8(8): e72872, CC BY 2.5)

Phang Nga in Thailand mit Steinen routinemäßig Nüsse im Rahmen ihres täglichen Nahrungserwerbs aufschlagen. Dabei entstehen zufällig nicht fragmentierte Splitter, die 11,9 % des von PROFFITT et al. (2023) untersuchten Inventars ausmachten. Am häufigsten entstanden bei Perkussion eckige Trümmer mit und ohne Schlagschäden (58,7 %). Die Abschlagprodukte wurden von den Langschwanzmakaken später nicht als Werkzeuge verwendet. Die bei der Perkussion entstandenen Steinabsplitterungen zeigen nach PROFFITT et al. (2023) zwar einige messtechnisch-statistische Unterschiede zu zielgerichteten Abschlägen von frühen archäologischen Fundplätzen, sind diesen aber teilweise zum Verwechseln ähnlich. Bei Zugrundelegung von Messungen und Merkmalen, die üblicherweise mit einer intentionalen (absichtlichen) Abschlagsproduktion assoziiert werden, könnten deshalb etwa 20 bis 30 % der Oldowan-Abschläge auch unbeabsichtigt hergestellt worden sein, schreiben PROFFITT et al. (2023). Diese Aussage ist provozierend in Anbetracht unseres bisherigen Wissens über die Entstehung von intentionalen Abschlägen und ihren Merkmalen, das auf vielen Studien und weit über 100 Jahren

Erfahrung beruht. Wichtig wäre deshalb eine Bestätigung dieser Einschätzung durch andere mit altpaläolithischen Artefakten gut vertrauten Forschergruppen.

Allerdings wären aus einem bestimmten Grund Merkmale des intentionalen Abschlags an Splintern der Makaken nicht außergewöhnlich: Die Splitter der Makaken sind durch Perkussion mit hoher Geschwindigkeit erzeugt worden. Splitterungen in der Natur laufen dagegen in der Regel mit geringer Geschwindigkeit ab (BRANDT 2019). Die Perkussion mit hoher Geschwindigkeit ist eine Voraussetzung für die Entstehung von Merkmalen des intentionalen Abschlags. Unter den Splintern der Makaken sind deshalb auch häufiger Merkmale des intentionalen Abschlags (z. B. *Bulbus* = Schlaghügel) zu erwarten im Gegensatz zu den Splintern, die durch natürliche Prozesse entstanden sind (vgl. BRANDT 2019).

Beim Vergleich der lithischen Hinterlassenschaften der Makaken mit dem Steinmaterial früher archäologischer Fundplätze ist jedoch ein anderer Sachverhalt bedeutsamer: Makaken hinterlassen mit Ausnahme von Abschlägen keine typischen frühpaläolithischen Steinwerkzeuge (vgl. BRANDT 2023, 118–203), wie

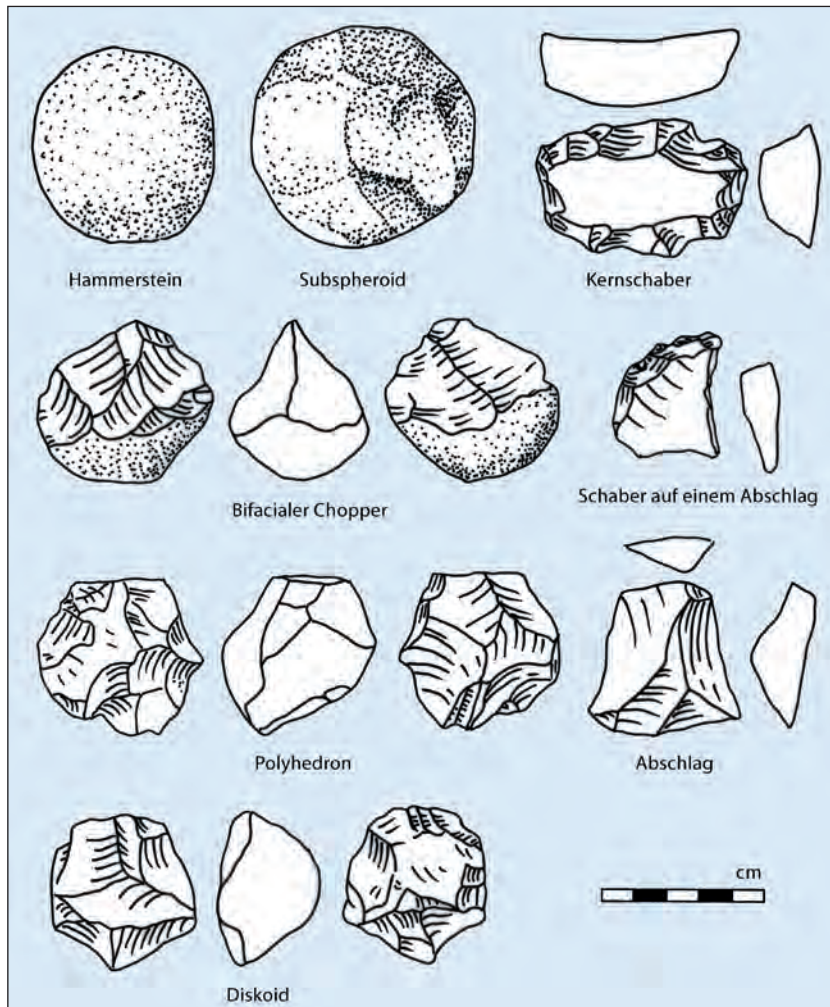


Abb. 2 Typische Artefakte der frühen Altsteinzeit (Oldowan). (Nach KLEIN 2000, Fig. 2; aus BRANDT 2023)

sie in Abb. 2 dargestellt sind. Solche Art von Steinwerkzeugen führt z. B. LEAKEY (1971) für die Fundplätze DK, FLK Zinsj, FLK Nord und HWKE der Olduvai-Schlucht auf: verschiedene Chopperarten, Polyeder, Diskoide, Subspheroide, leichte und schwere Schaber, Stichel und weitere Werkzeugarten. Allerdings waren nur Abschläge dieser Fundorte in die Analyse von PROFFITT et al. (2023) einbezogen worden. Im Gegensatz zu der Makaken-Steinkollektion, die zum überwiegenden Teil aus eckigen Trümmern mit und ohne Schlagschäden besteht (s. o.), sind Steinfragmente solcher Art (entsprechende Trümmer) unter den Oldowan-Produkten bei LEAKEY (1971) gar nicht erst aufgeführt. Ein weiterer wichtiger Unterschied zwischen den Makaken und den frühpaläolithischen Steinwerkzeugherstellern ist die Fähigkeit Letzterer, Steinkanten zu bearbeiten.

Es bleibt also dabei: Unser Wissen über das technische Verhalten und Steinschlagen an den frühen

archäologischen Plätzen hat ein solides Fundament. Es besteht aus Jahrzehnten kontinuierlicher Forschung, die Hunderte von Steininventaren mit einem Alter von bis zu 3,3 Millionen Jahren untersucht hat. Diese Einschätzung trifft unverändert auch auf die Ergebnisse von PROFFITT et al. (2023) zu. Hinterlassenschaften von modifizierten Steinen durch Aktivitäten von nichtmenschlichen Primaten sind deutlich von frühpaläolithischen Artefakt-Inventaren verschieden.

[BRANDT M (2019) Vergessene Archäologie. Steinwerkzeuge fast so alt wie Dinosaurier. 2. erw. Aufl., Holzgerlingen • BRANDT M (2023) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. Studium Integrale Special. 2. erw. Auflage. Holzgerlingen • PODBREGAR N (2023) Stammen die ältesten Steinwerkzeuge wirklich von Menschen?, <https://www.scinexx.de/news/archaeologie/stammen-die-aeltesten-steinwerkzeuge-wirklich-von-menschen/> • PROFFITT T et al. (2016) Wild monkeys flake stone tools. Nature 539, 85–88 • PROFFITT T et al. (2023) Wild macaques challenge the origin of intentional tool production. Sci. Adv. 9, eade8159] M. Brandt & B. Scholl

■ JUICE auf dem Weg zu den Eismonden des Jupiters

Die Raummission JUICE. Die Raumfahrt bringt immer wieder faszinierende Entdeckungen und Erkenntnisse über unser Sonnensystem. Neben der amerikanischen Weltraumbehörde NASA spielt die europäische Weltraumbehörde ESA dabei eine wichtige Rolle. Die ESA hat bereits viele erfolgreiche Missionen durchgeführt und beispielsweise mit *Rosetta* einen Kometen und zwei Asteroiden besucht und mit *Huygens* den Planeten Saturn und seine Monde erforscht.

Und nun ist mit *JUICE* (Jupiter Icy Moons Explorer) die 1,6 Milliarden Euro teure und 5200 kg schwere ESA-Raumsonde zum Planeten Jupiter aufgebrochen. Nach 10 Jahren Vorbereitung wurde *JUICE* am 14. April 2023 mit einer Ariane-5-ECA-Rakete vom europäischen Weltraumbahnhof bei Kourou in Französisch-Guayana in eine Umlaufbahn um die Sonne gebracht. Ende Mai waren die Solarpaneele erfolgreich ausgefahren und alle Bordsysteme funktionsfähigen fehlerfrei.

Die Reise führt *JUICE* zunächst quer durch das Sonnensystem an Mond, Venus und mehrmals an der Erde vorbei, um Schwung zu gewinnen. *JUICE* soll voraussichtlich im Juli 2031 in eine Umlaufbahn um den Jupiter einschwenken. Ende Dezember 2034 wird die Raumsonde in eine Umlaufbahn um den Jupitermond Ganymed manövriert und ein Jahr später planmäßig auf Ganymed zum Absturz gebracht. Auf Wikipedia sind Animationen der geplanten Anreise nach Jupiter, des Umlaufs um Jupiter und des Umlaufs um Ganymed zu sehen ([https://de.wikipedia.org/wiki/JUICE_\(Raumsonde\)](https://de.wikipedia.org/wiki/JUICE_(Raumsonde))).

JUICE und die Suche nach außerirdischem Leben. *JUICE* hat das Ziel, den Planeten Jupiter und besonders drei seiner Monde, nämlich die Eismonde Ganymed, Europa und Kallisto zu erforschen. Diese Monde sind mit einem dicken Eispanzer bedeckt und gelten als *habitable* Welten, d. h. man vermutet, dass auf ihnen Leben existieren



Abb. 1 JUICE mit dem Planeten Jupiter in der Mitte und von links nach rechts den Jupitermonden Ganymed, Io, Europa und Kallisto. (Wikimedia: ESA, CC BY-SA IGO 3.0)

könnte – vorausgesetzt, unter dem Eis befindet sich flüssiges Wasser und es existieren dort keine lebensfeindlichen Substanzen.

Diese Hoffnung, möglicherweise Lebewesen zu finden, beruht auf der Grundidee: „Wo Wasser ist, kann sich Leben spontan entwickeln.“ Trotz jahrzehntelanger intensivster Forschung konnte die Wissenschaft auch nicht annähernd nachweisen, dass die ersten Lebewesen spontan entstanden sein könnten. Im Gegenteil, je mehr die Forschung über die Komplexität des Lebens in Erfahrung bringt, desto ferner rücken Erklärungen der spontanen Entstehung von Leben (vgl. SCHMIDTGALL 2020).

Dennoch sind viele Wissenschaftler der festen Überzeugung, dass Leben in wasserreichen Umgebungen spontan entstehen kann. Die Begründung: Das Leben auf der Erde sei auf diese Weise entstanden. Diese Überzeugung beruht jedoch nicht auf wissenschaftlichen Tatsachen, sondern ist eine zwangsläufige Schlussfolgerung einer naturalistischen Weltanschauung, nach der außer Materie und Energie nichts weiter existiert. Insbesondere wird dabei Gott als Schöpfer des Universums und des Lebens ausgeschlossen.

Die JUICE-Forschungsziele. JUICE wird die Oberflächen der Eismonde kartieren, um nach Anzeichen von flüssigem Wasser zu suchen, geologische Aktivitäten zu messen und die atmosphärischen Bedingungen in Erfahrung zu brin-

gen. Dazu ist JUICE mit einer Fülle von Instrumenten ausgestattet.

Außer dem geplanten Absturz am Ende der Mission ist jedoch keine Landung vorgesehen, um vor Ort nach Spuren von Leben zu suchen. Vielmehr geht es darum, künftige Missionen gezielt auf eine solche Suche vorzubereiten. Wie wichtig dieses Ziel den Wissenschaftlern ist, kann daran erkannt werden, dass die NASA gleichzeitig eine Raumsonde namens *Europa Clipper* in Richtung Jupiter schickt. Während JUICE den Eismond Ganymed unter die Lupe nimmt, macht *Europa Clipper* dasselbe mit dem Eismond Europa.

Neben der Suche nach Wasser soll JUICE auch durch die Erforschung des Planeten Jupiter neue Erkenntnisse über das Sonnensystem allgemein erlangen.

Fazit. Auch wenn die Suche nach flüssigem Wasser und nach Leben auf den Eismonden erfolglos bleibt, wird unser Verständnis des Sonnensystems am Ende der JUICE-Mission ein anderes sein und wir werden viel Grund zum Staunen über die unglaubliche Schönheit der majestätischen Schöpfung haben.

[HATTENBACH J (2023) Reise zu Jupiter. JUICE und die Frage, ob es Leben gibt auf Jupiters Eismonden, <https://www.spektrum.de/news/juice-und-die-frage-ob-es-leben-gibt-auf-jupiters-eismonden/2128107> • SCHMIDTGALL B (2020) Leben aus Nichtleben – was sagen die wissenschaftlichen Befunde? W+W Special Paper B-20-3, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-20-3_Lebensentstehung.pdf] P. Korevaar

■ Zwischen Quantenmechanik und klassischer Physik

Kaum eine Theorie fordert unser Verständnis mehr heraus als die Quantenmechanik. Ein entscheidender Unterschied zur klassischen Physik besteht darin, dass sich ein Teilchen, solange es nicht gemessen wird, in einer Überlagerung aller physikalisch möglichen Zustände befindet. Man kann nur angeben, mit welcher Wahrscheinlichkeit das Teilchen einen bestimmten Zustand einnimmt (s. auch GÖCKING 2023). Da die Quantenmechanik jedoch das Verhalten auf der Ebene der kleinsten Teilchen beschreibt und dieses Verhalten im makroskopischen Bereich nicht beobachtet werden kann, stellt sich die Frage, wie es zu diesen Unterschieden kommt. Der Übergang zwischen der quantenmechanischen und der makroskopischen Welt wird als *Dekohärenz* bezeichnet und ist nicht eindeutig verstanden. Bei der Erforschung dieses Übergangs gelingt es, Quanteneffekte auf immer höheren Skalen zu beobachten. So berichtet FISCHER (2023), dass es einer Arbeitsgruppe um Matteo Fadel von der ETH Zürich gelungen ist, einen 16 g schweren Saphir in einen solchen Überlagerungszustand zu versetzen. 16 g klingt wenig, ein Saphir mit dieser Masse enthält aber 10^{17} Atome, also mindestens hundert Milliarden.

Zur Veranschaulichung des Überlagerungsprinzips wird das Gedankenexperiment von Schrödingers Katze verwendet (Abb. 1). In diesem Experiment wird eine Katze in eine Kiste gesperrt, in der sich ein Tötungsmechanismus befindet, der durch radioaktiven Zerfall ausgelöst wird. Sobald der Zerfall (der den Gesetzen der Quantenmechanik folgt) stattgefunden hat und der Mechanismus ausgelöst wird, wird die Katze getötet. Bis der Zustand des Systems gemessen wird, befindet sich das radioaktive Element jedoch in einem Überlagerungszustand von Zerfallen und nicht Zerfallen. Dieser überträgt sich auf die Katze und bewirkt, dass sich die Katze bis zu einer Messung in einem Überlagerungszustand von tot und

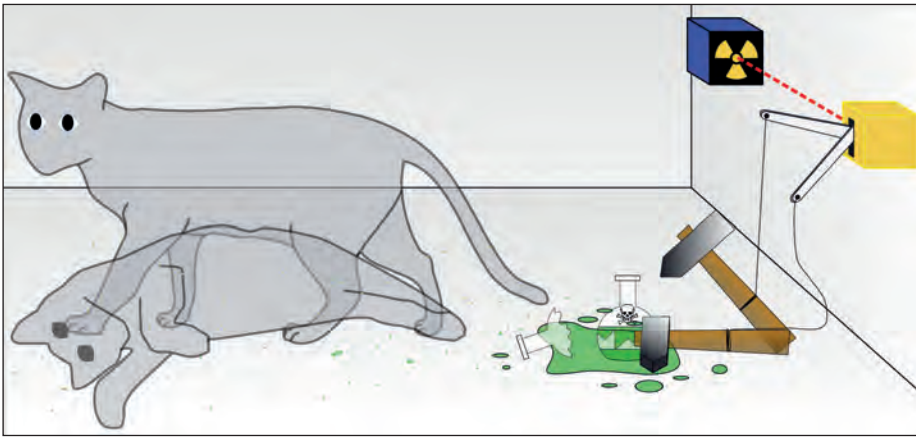


Abb. 1 Solange die Box geschlossen bleibt, ist unklar, ob *Schrödingers Katze* tot oder lebendig ist: s. Text. (Nach Wikimedia: Dhatfield, CC BY-SA 3.0)

lebendig befindet. Sowohl im *Spektrum*-Artikel von FISCHER (2023) als auch im Fachartikel der Arbeitsgruppe (FADEL et al. 2023) wird dies so formuliert, dass die Katze gleichzeitig tot und lebendig ist. Diese Wortwahl wird in der Physik üblicherweise vermieden, da sie nicht zutreffend ist. Es ist vielmehr so, dass erst durch die Messung festgestellt wird, ob die Katze tot oder lebendig ist. Vorher kann nur eine Wahrscheinlichkeit angegeben werden, welcher der beiden Zustände bei der Messung eingenommen wird. Das Problem hierbei ist, dass die gängige *Kopenhagener Deutung* nur in Bezug auf eine erfolgte Messung eindeutige Aussagen machen kann.

Ein weiteres Problem ist die Beschreibung der oben erwähnten Dekohärenz. Jede der vielen Interpretationen der Quantenmechanik hat darauf eine eigene Antwort gefunden. In der Kopenhagener Deutung spricht man von einem *Kollaps der Wellenfunktion*. Die durch die Schrödingergleichung gegebene Wellenfunktion beschreibt, mit welcher Wahrscheinlichkeit ein Teilchen zu einem bestimmten Zeitpunkt in einem bestimmten Zustand gemessen wird. Bei einer Messung kollabiert die Wellenfunktion in einen konkreten Zustand. Dieser unstetige Prozess (*Zustandsreduktion*) ist jedoch keine wirklich zufriedenstellende Antwort.

Eine Interpretation, die beide genannten Probleme (Dekohärenz und Zustandsreduktion) zu lösen vermag, ist die *Konsistente-Historien-Interpretation* (GRIFFITHS 2006). Während die Kopenhagener Deutung

beschreibt, wie das Ergebnis einer Messung durch Wahrscheinlichkeiten beschrieben werden kann, erklärt die Konsistente-Historien-Interpretation das Auftreten von Wahrscheinlichkeiten als *inhärenten* (notwendig innewohnenden) Zustand der Quantenmechanik. Damit können Prozesse, die der Messung nicht zugänglich sind (z. B. Kernfusionsprozesse in der Sonne), konsistent beschrieben werden. Durch ein klares Regelwerk, welche *Historien* (Abfolge von quantenmechanischen Ereignissen) miteinander konsistent sind, kann eine schlüssige Interpretation der Quantenmechanik gewonnen werden. Paradoxien, die in der Quantenmechanik auftreten, können umgangen werden, da sie sich auf *inkompatible Historienfamilien* beziehen. Am Beispiel von Schrödingers Katze besteht eine konsistente Historienfamilie aus der Überlagerung der Zustände, dass die Katze tot oder lebendig ist. Dies ergibt sich aus der zeitlichen Entwicklung des Systems. Eine weitere konsistente Historienfamilie ist die der Historien, dass die Katze tot oder lebendig ist (GHEORGHIU 2007). Nach der Konsistente-Historien-Interpretation sind diese beiden Historienfamilien untereinander jedoch inkompatibel. Die Frage, ob die Katze zu einem bestimmten Zeitpunkt tot oder lebendig ist, wenn man die Situation durch eine Überlagerung der Zustände beschreibt, ist deshalb unsinnig, weil sie zwei inkompatible Sichtweisen kombiniert. Während die Kopenhagener Deutung die Beantwortung dieser Frage auf die Messung verschiebt, schließt die

Konsistente-Historien-Interpretation die Frage a priori (von vorneherein) als auf falschen Prämissen beruhend aus. Dies ist vergleichbar mit den Paradoxien der Relativitätstheorie, die sich dadurch auflösen lassen, dass in der Fragestellung Raum oder Zeit als absolut angenommen werden, was in der Relativitätstheorie nicht der Fall ist.

Welche Interpretation der Quantenmechanik die richtige ist, bleibt aber weiterhin offen. Dies wiederum zeigt, wie komplex es für uns Menschen sein kann, die Realität eines genialen Schöpfers zu verstehen und zu beschreiben. Eine bessere Erforschung des Übergangs zwischen Quantenmechanik und klassischer Physik soll unter anderem diese Frage beantworten.

[FADEL M et al. (2023) Schrödinger cat states of a 16-microgram mechanical oscillator. *Science* 380, 274–278 • FISCHER L (2023) Schrödingers Katze wiegt jetzt 16 Mikrogramm, <https://www.spektrum.de/news/schroedingers-katze-wiegt-jetzt-16-mikrogramm/2134377> • GHEORGHIU V (2007) Consistent Histories: Questions and Answers. <https://quantum.phys.cm.u.edu/CHS/quest.html> • GÖCKING J (2023) Multiversum, verborgene Variablen oder Zufall? Welche Interpretation der Quantenmechanik beschreibt die Wirklichkeit? *Stud. Integr. J.* 30, 31–37 • GRIFFITHS R (2006) Quantum mechanics without measurements. *arXiv:quant-ph/0612065*] J. Göcking

■ Harnstoff und der Ursprung des Lebens

Ein internationales Forscherteam von schweizerischen und deutschen Forschungseinrichtungen hat von einer neuentwickelten Methode berichtet (YIN et al. 2023), die es erlaubt, sehr schnelle chemische Reaktionsprozesse in wässriger Lösung zu verfolgen. Dazu bestrahlten sie einen sehr dünnen Flüssigkeitsfilm (Flat Jet: ca. 0,5 μm) aus hochkonzentrierter Harnstofflösung (10 molar (m) und 5 m) zunächst mit einem ultrakurzen harten Laserstrahl (Puls von ca. 30 Femtosekunden Dauer, Wellenlänge: 400 nm; Intensität: $1 \times 10^{14} \text{ W/cm}^2$). Dann nahmen sie das Absorptionsspektrum eines weichen gepulsten Röntgenstrahls auf (Breitband-Röntgenstrahlung).

Der erste harte Röntgenpuls bewirkt, dass einige Harnstoffmoleküle

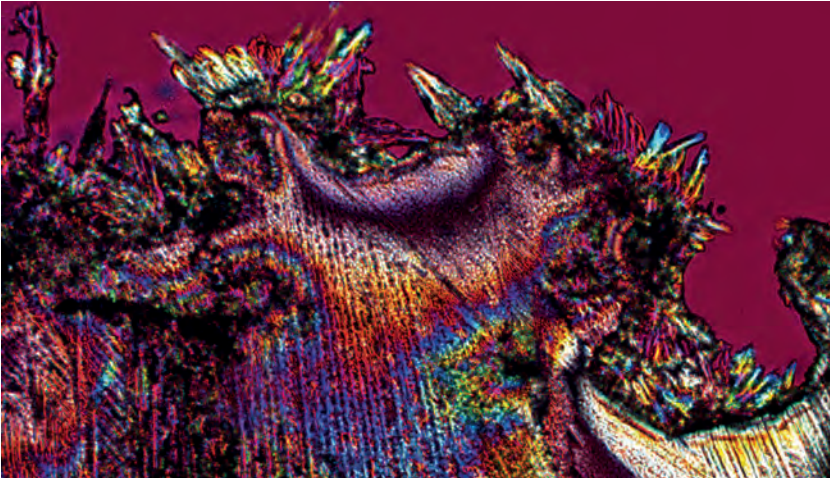


Abb. 1 Mikroskopische Aufnahme von Harnstoffkristallen. (Wikimedia: Photon 400 750, CC BY-SA 4.0, Ausschnitt)

ein Elektron verlieren und dadurch ionisiert werden. In der Folge bilden ein ionisiertes und ein ungestörtes Harnstoffmolekül einen Dimerkomplex, bei dem über eine Art Wasserstoffbrücke ein Proton vom ionisierten auf das andere Harnstoffmolekül übertragen wird. Dank der hohen Zeitauflösung konnte gezeigt werden, dass der Vorgang der Protonenübertragung bereits nach 150 fs abgeschlossen ist (1 Femtosekunde: 10^{-15} , d. h. also eine Billiardstel Sekunde), also sehr rasch abläuft. Durch den initiierten Protonentransfer entstehen ein Harnstoff-Radikal und ein weiteres positiv geladenes Harnstoffmolekül. Radikale sind hochreaktive Spezies, die unmittelbar Folgereaktionen mit weiteren Molekülen eingehen. In der hier angeführten Arbeit untersuchten die Autoren die Übertragung von Protonen zwischen Harnstoffmolekülen. Die Resultate dieser Studie, deren Interpretation durch theoretische Berechnungen (Quantenmechanik und Molekülorbitale) unterstützt wurde, machen verständlich, dass durch die sehr schnelle Protonenübertragung zwischen Harnstoffmolekülen (bei den gewählten hohen Konzentrationen) andere Reaktionen (z. B. Wechselwirkung mit Wasser) keine Rolle zu spielen scheinen.

Die Bedeutung der von YIN et al. (2023) vorgestellten Methode liegt darin, dass mit dieser experimentellen Anordnung die Röntgen-Spektrometrie, mit der bisher Reaktionen in der Gasphase untersucht wurden, jetzt auch auf wässrige Lösungen angewendet werden kann. Damit

werden auch biochemische Reaktionen in wässrigem Medium, also sehr naturnah, für analytische Untersuchungen zugänglich. Die Autoren machen abschließend deutlich, dass die von ihnen vorgestellte Methode jetzt noch weiter in Richtung einer noch höheren Zeitauflösung (Attosekunden (as): 10^{-18} Sekunden) entwickelt werden kann. Dadurch können grundlegende biochemische Reaktionen, die durch einen Protonentransfer ausgelöst werden, genauer analysiert werden, was das Verständnis von Reaktionsmechanismen in der Biochemie künftig deutlich verbessern wird.

Die Bedeutung der Studie hinsichtlich der präbiotischen Chemie, also der ungesteuerten und unspezifischen Synthese von Stoffen, die zum Aufbau erster zellähnlicher Gebilde notwendig sind, soll hier noch kritisch bedacht werden. Die Wahl von Harnstoff als Untersuchungssubstanz hat neben verschiedenen chemischen Gründen auch den, dass eine Verknüpfung mit Fragen der Lebensentstehung die Aufmerksamkeit vieler Leser weckt. YIN et al. nutzen diesen Effekt und erwähnen den Zusammenhang zwischen Harnstoff und der Chemie der Lebensentstehung gleich in der Einleitung ihres Artikels. Sie tun das aber deutlich zurückhaltender als das dann in populären Medien kommuniziert worden ist; dort wird z. B. getitelt: „Wie Harnstoff das Leben in Gang brachte“ (PODBREGAR 2023).

Die Verwendung von hochreinem Harnstoff, der in sehr hoher Konzentration in hochreinem

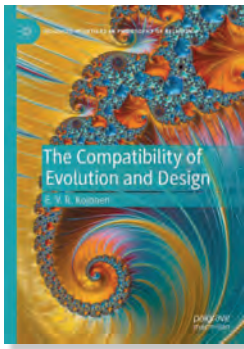
Wasser gelöst ist, erweist sich zwar im Sinne der Planung eines experimentellen Set-ups als nachvollziehbar, ist aber präbiotisch nicht plausibel. Bei sehr viel geringeren Konzentrationen und in Gegenwart weiterer Stoffe – was unter unspezifischen Bedingungen für die Modelle der präbiotischen Chemie plausibel ist – sind komplexere und deutlich weniger einheitliche Reaktionsverläufe zu erwarten.

Harnstoff ist in der Geschichte der Chemie im Zusammenhang mit Leben bereits bekannt geworden. Als Friederich Wöhler 1928 aus anorganischem Cyanat Harnstoff synthetisierte, demonstrierte er, dass diese aus Lebewesen bekannte Substanz im Labor aus anorganischen Stoffen herstellbar ist. Damit leistete er einen wichtigen Beitrag zur Etablierung der Organischen Chemie. Auch wenn es Publikationen gibt, in deren präbiotischen Szenarien Harnstoff mit hohen Erwartungen aufgeladen wird (SALVÁN et al. 2020), so soll hier daran erinnert werden, dass in der uns vertrauten Biochemie Harnstoff von Organismen genutzt wird, um Aminogruppen von Aminosäuren über die Niere zu entsorgen, also eher ein Abfallprodukt darstellt. Daraus kann man ebenso wenig Schlüsse auf die präbiotische Bedeutung von Harnstoff ziehen wie aus der Erfahrung, dass Harnstoff einen sehr potenten Stickstoffdünger darstellt.

YIN et al. (2023) eröffnen mit ihrer Studie neue Untersuchungsmöglichkeiten von biochemischen Reaktionsmechanismen in wässriger Lösung und damit in Situationen, die nahe an Verhältnissen in Organismen sind. Inwiefern ihre bisherigen Erkenntnisse aber für eine plausible Chemie der Lebensentstehung relevant sein könnten, ist bisher nicht erkennbar.

[PODBREGAR N (2023) Wie Harnstoff das Leben in Gang brachte, <https://www.scinexx.de/news/technik/wie-harnstoff-das-leben-in-gang-brachte/> • SALVÁN CM et al. (2020) Prebiotic origin of pre-RNA building blocks in a urea „warm-little-pond“ scenario. *ChemBioChem*. 21, 3504-3510 • YIN Z et al. (2023) Femtosecond proton transfer in urea solutions probed by X-ray spectroscopy. *Nature*, <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06182-6>] H. Binder

Rezeption



Erkki Vesa Rope Kojonen:
The Compatibility of
Evolution and Design.
Springer International
Publishing, 2021,
223 Seiten.

Schließen sich das zielorientierte Wirken eines Schöpfers („Design“) bei der Entstehung der Lebewesen und eine rein natürliche evolutive Entstehungsweise an? Charles Darwin jedenfalls hatte seine eigene Selektionstheorie genau so verstanden und so sehen es heute die meisten Biologen. Auch wenn teilweise eingeräumt wird, dass nicht geklärt ist, wie *innovative Evolution* abläuft, geht die biologische Fachwelt fast unangefochten davon aus, dass eine Erklärung *möglich* und jegliche Bezugnahme auf einen Schöpfer überflüssig ist.

Auch die Befürworter des Design-Ansatzes („Intelligent Design“) sehen einen direkten Gegensatz zwischen „rein natürlicher evolutiver Entstehung“ (kurz: „Evolution“) und „Entstehung durch kreative Verursachung“ (kurz: „Design“). Nach WIDENMEYER & JUNKER (2021) kann man „Design“ an Naturgegenständen daran erkennen, dass diese ein oder mehrere Kennzeichen aufweisen, die zum einen typisch sind für eine kreative Verursachung und zum anderen durch die Wirkung ausschließlich natürlicher Prozesse bislang nicht erklärt werden können („Design-Indizien“). Solche Design-Indizien sind z. B. bei technischen Konstruktionen, menschlicher Sprache oder Kunstwerken anzutreffen, in besonderem Maße aber auch bei Lebewesen. Dazu gehören z. B. *funktionale Komplexität*, *Plastizität (individuelle Anpassungsfähigkeit eines Lebewesens)*, *Redundanz (eingebaute „Ersatzteile“)*, *Robustheit*, *Modularität* und andere.

Entsprechend beruht das biologische *Design-Argument* darauf, dass zum einen Design-Indizien nachweisbar sind, und dass zum anderen natürliche Prozesse (nach allem, was wir nach jahrzehntelanger intensiver Forschungsarbeit wissen) diese Kennzeichen nicht hervorbringen. Das Design-Argument kann in konkreten Fällen durch neue Befunde gestärkt werden oder aber seine Kraft verlieren und u. U. sogar widerlegt werden. Letzteres ist der Fall, wenn rein natürliche Prozesse nachweislich bestimmte biologische Strukturen hervorbringen.

Natürliche Evolution und Intelligent Design – doch kein Widerspruch?

An dieser Stelle hakt E.V. Rope Kojonen mit seinem Buch „The Compatibility of Evolution and Design“ ein. Er ist der Auffassung, dass auch unter der (fiktiven)

Annahme einer vollständigen Aufklärung einer rein natürlichen Entstehung biologischer Konstruktionen ein spezifisch biologisches Design-Argument vertreten werden kann. Natürliche Evolution und „Design“ sind für ihn keine Gegensätze, sondern miteinander kompatibel. Demnach schließen sich eine ausschließlich natürlich verlaufende Evolution einerseits und biologische *Teleologie* (Zielgerichtetheit, hier: im Sinne von Schöpfung) nicht aus. Für seine Argumentation setzt er voraus, dass der Darwin'sche Mechanismus, also das Zusammenspiel von Mutation und Selektion (ggf. im Zusammenwirken mit weiteren natürlichen Faktoren) alle biologischen Design-Kennzeichen der Lebewesen hervorbringen kann (S. 7, 26, 98). Damit werde ein wie auch immer gearteter schöpferischer *Eingriff* in diesen Prozess *nicht* benötigt (S. 133). Gleichzeitig ist er der Auffassung, dass die Merkmale der Lebewesen dennoch auf das vergangene Wirken eines Schöpfers hinweisen, dass man also biologisches Design an konkreten biologischen Indizien *erkennen* kann. Ein biologisches Design-Argument könne aufrechterhalten werden. Nur hängt für Kojonen der Nachweis von „Design“ nicht davon ab, dass Mechanismen für innovative Evolution fehlen. Vielmehr verortet er das Design in etwas, das er „*Randbedingungen*“ des evolutionären Prozesses nennt. Dabei vertritt er die Auffassung, dass es spezifische *Formgesetze* gebe, die über die *physikalischen* Randbedingungen des Lebens hinausgehen, die innovative Evolution erst ermöglichen.

Wo steckt das „Design“ und wie wird es erkannt?

Kojonen ist der Auffassung, dass spezielle Randbedingungen erfüllt sein müssen, die spezifische Auswirkungen auf die Entstehung und Entwicklung der Lebewesen haben. Man kann diese Randbedingungen *meta-biologisch* nennen, weil sie bestimmte *Voraussetzungen* für die Biologie darstellen. Kojonen verwendet auch die Ausdrücke „*Formgesetze*“ („laws of form“) oder „*Konstruktionszwänge*“ („constraints“) – ohne dies jedoch genauer zu definieren –, die es ermöglichen, dass Evolution in Bahnen verläuft, die zu den ausgefeilten Designs der Lebewesen führen. Dieser Ansatz soll gleichsam zur „*Behauptung*“ des biologischen Design-Arguments beitragen (S. 109, 133): *Design trotz Darwin*.

Die evolutionären Mechanismen für sich genommen liefern nach Kojonen also keine vollständige Erklärung für die zweckmäßigen Konstruktionen der Organismen. Es müssen von Gott eingerichtete geeignete Randbedingungen (Formgesetze, Konstruktionszwänge) dazu kommen, sonst würde innovative Evolution nicht ablaufen. Diese *Bedingungen* für die Evolvierbarkeit müssten sehr anspruchsvoll sein. Evolution erfordere daher in diesem Sinne ein großes Maß dieser mutmaßlichen *meta-biologischen Feinabstimmung* (S. 119). „Wenn diese Voraussetzungen das Ergebnis von Design sind, dann wäre es nicht mehr wahr, dass die Evolution ohne Design abläuft“ (104).

Liegt das biologische Design in den Randbedingungen der Evolution?

Kojonen weist auf Indizien aus mehreren Gebieten hin, die seiner Einschätzung zufolge die genannten Voraussetzungen erfüllen. Er nennt Simulationen von Evolution durch geeignete genetische Algorithmen, die innovative Evolution ermöglichen, wenn bestimmte konkrete Bedingungen vorgegeben werden. Weiter spekuliert er, anknüpfend an Andreas Wagners Buch „The arrival of the fittest“, dass Proteinevolution entlang einer Art „Proteinbibliothek“ vieler sehr ähnlicher Proteinsequenzen verlaufe; diese Bibliothek sei eine durch Design eingerichtete Randbedingung für Evolution: Die „Landschaft“ möglicher biologischer Formen weise einige ziemlich günstige Eigenschaften auf, so dass es möglich sei, von einer Konstruktion A zu einer Konstruktion B zu gelangen. Kojonen verweist außerdem auf das sehr häufige Vorkommen von Konvergenzen (S. 132) als ein Indiz für Steuerung in den Randbedingungen für Evolution. Konvergenzen sind Ähnlichkeiten in den Merkmalen der Lebewesen, die nicht auf gemeinsame Abstammung zurückgeführt werden können. Passend eingerichtete Formgesetze würden bevorzugt bestimmte Richtungen des Evolutionsverlaufs ermöglichen und damit zu Konvergenzen führen.

Kritik. Kojonens Ansatz halte ich aus zwei Gründen für nicht überzeugend: 1. Der Schluss auf die Existenz geeigneter Randbedingungen, in denen Kojonen das biologische Design verortet, ist formal davon abhängig, dass *innovative* Evolution (Makroevolution) rein naturgesetzmäßig verläuft. Der Fortschritt der Evolutionsforschung hat aber gerade nicht gezeigt, wie ein rein natürlicher Prozess die Designs der Lebewesen hervorbringt. Denn Faktoren wie Epigenetik, Plastizität und Nischenbildung, auf die in neueren evolutionären Erklärungskonzepten Bezug genommen wird, weisen *keine* innovative Kraft auf (JUNKER & WIDENMEYER 2021). Vielmehr stellen diese Faktoren noch größere Ansprüche an evolutionstheoretische Erklärungen, weil sich das Leben als immer noch komplexer und informationsreicher erweist als bisher schon bekannt war. So ist es noch weit anspruchsvoller, verschachtelte Regulationsebenen (Epigenetik) zu erschaffen (oder zu evolvieren) als fixe Merkmale. Auch Nischenkonstruktion, der Einfluss von Lebewesen auf Evolution, trägt nur zu den Randbedingungen bei, erklärt aber nicht konkret, wie dadurch evolutionäre Neuheiten entstehen.

Wie sollen „Formgesetze“ und Zwänge evolutionär innovativ wirken?

2. Es ist vollkommen unklar, was „Randbedingungen“ und „Formgesetze“ konkret sind und wie sie kausal wirken. Die Formgesetze haben wohl keine Ähnlichkeit mit den uns bekannten Naturgesetzen, denn sonst wäre klar, was auf der Ebene der Materie passieren würde, wenn man sie (fiktiv) gleichsam ausschalten könnte.

Wir wissen z.B. sehr gut, welche Folgen es hätte, wenn es kein Gravitationsgesetz mehr gäbe. Aber welchen Verlauf würden hypothetische evolutive Prozesse nehmen, wenn solche Formgesetze nicht existieren würden? Das müsste Kojonen wenigstens im Ansatz klar machen können. Zudem sollen diese Gesetze, wie Kojonen sie sich vorstellt, spezifisch nur in der belebten Welt gelten, nicht aber in der un belebten Physik und Chemie, was völlig untypisch für Naturgesetze ist.

Wie könnten solche Formgesetze darüber hinaus innovative Evolution bewirken? Betrachten wir als Beispiel genetische Algorithmen, die Kojonen erwähnt. Im technischen Bereich starten Algorithmen mit einer eingebaute Zielvorgabe und mit einer schon vorhandenen funktionalen Struktur, die durch Versuch und Irrtum gemessen an der vorgegebenen Zielvorgabe *optimiert* wird. Ziele und eine anfängliche Funktion können für eine rein natürlich verlaufende innovative Evolution nicht vorausgesetzt werden, denn eine solche Funktion bzw. solche Zielstrukturen liegen erst *nach* erfolgtem Evolutionsprozess vor. Unabhängige Belege dafür, dass solche „Randbedingungen“ tatsächlich steuernd wirken, existieren bisher nicht. Ihre Existenz wird gleichsam in einem Zirkelschluss indirekt erschlossen unter der nicht bewiesenen Annahme, dass Evolution auf rein natürlichem Wege innovativ wirken kann, und aufgrund starker Argumente dafür, dass es biologische Design-Indizien gibt. Randbedingungen, Proteinbibliotheken und Formgesetze sind funktionale Aspekte komplexer biologischer Konstruktionen, *erschaffen* diese aber nicht. Und die uns bekannten Evolutionsmechanismen machen das Auftreten von Konvergenzen unwahrscheinlich. Wenn Kojonen argumentiert, dass eine verborgene Lenkung in den „Randbedingungen“ die eigentlich unwahrscheinlichen Konvergenzen häufig hervorbringen, während die evolutionären Mechanismen selber keine Lenkung und Zielorientierung beinhalten, ist dies erneut zirkelschlüssig, solange die kausale Wirkung dieser „Randbedingungen“ nicht aufgezeigt wird.

Auch wenn man mit guten Gründen annehmen kann, dass es Konstruktionszwänge und Formgesetze gibt, liefert dies keinerlei Antwort auf die Frage, wie diese die Konstruktionen der Lebewesen in Raum und Zeit hervorbringen – sie begrenzen hingegen nur das, was biochemisch und physisch möglich ist. Wo also das Design tatsächlich steckt und wie es auf dem Wege ungerichteter Evolutionsmechanismen die Konstruktionen der Lebewesen hervorbringt, bleibt trotz Kojonens Gedankenexperimenten völlig unklar.

Reinhard Junker

Literatur

- JUNKER R & WIDENMEYER M (2021) Gibt es eine naturwissenschaftliche Evolutionstheorie? In: JUNKER R & WIDENMEYER M (2021; Hg) Schöpfung ohne Schöpfer? Holzgerlingen, S. 35–64.
- WIDENMEYER M & JUNKER R (2021) Der Kern des Design-Arguments in der Biologie und warum die Kritiker daran scheitern. In: JUNKER R & WIDENMEYER M (2021; Hg) Schöpfung ohne Schöpfer? Holzgerlingen, S. 201–218.

