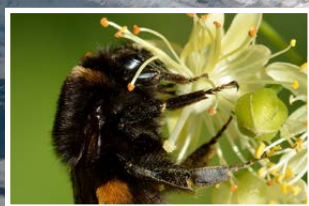


JOURNAL **STUDIUM** **INTEGRALE**

Delfine – ein sportlicher Grundtyp?



Gottesverehrung
im Sinai?



Gibt es eine
Hummel-Kultur?



Von der Schuppe
zur Feder



„Alles Leben ist Problemlösen“ – so lautet der Titel eines Buches des einflussreichen Philosophen Karl Popper. Es geht darin um Erkenntnis, Geschichte und Politik. Aber hat das auch etwas mit der Biologie, der naturwissenschaftlichen Erforschung von Leben zu tun?

Die Autoren um Steven S. ANDREWS (BioEssays 2024, 46, e2300188) wählten in einem kürzlich veröffentlichten wissenschaftlichen Artikel einen recht ungewöhnlichen Ansatz – zumindest wenn man vom mehrheitlich akzeptierten Verständnis der Biologie bzw. Naturwissenschaft im Allgemeinen ausgeht. Sie betrachteten sämtliche biochemische Einrichtungen einer biologischen Zelle im Sinne von Problemlösungen, die erlangt werden müssen, damit eine Zelle leben kann. Diese final orientierte Analyse der Biochemie eines *E.-coli*-Bakteriums steht im Kontrast zum naturalistischen Konsens, solche Fragen ausschließlich kausal zu betrachten: Eine Zelle existiert, weil bestimmte natürliche Vorgänge zu ihrer Entstehung geführt haben sollen. Überraschend sind auch der Titel der Arbeit „Design-Muster biologischer Zellen“ und entsprechende Vergleiche der biologischen Zelle mit Phänomenen aus der Computerwissenschaft wie etwa Datenverarbeitungssystemen. Dieser Gedankengang ist für Befürworter der intelligenten Schöpfung längst ein alter Hut, stellt aber in naturalistisch orientierter wissenschaftlicher Literatur im Jahr 2024 offenbar eine „neue Perspektive“ dar. Die Autoren schreiben selbst, dass dieser Gedankengang eigentlich nicht ihre Erfindung ist (wobei die Originalquellen der Intelligent-Design-Befürworter unerwähnt gelassen werden) und betonen wiederholt, dass diese Herangehensweise wichtige Erkenntnisse fördert, die auch in der Medizin hilfreich wären. Diese einfache und einleuchtende Analyse hätte völlig ausgereicht, doch die Autoren setzten am Ende noch dazu, dass es sich um „evolviertes Design“ handelt, was ein Oxymoron darstellt – wie etwa „falsche Wahrheit“ oder „lebende Tote“ – und tatsächlich keine Erkenntnis hervorbringt, sondern im Widerspruch mit dem gesamten Inhalt des Artikels ist.

Die weltanschauliche Positionierung von ANDREWS et al. ist nicht überraschend. Dagegen ist es seltsam, dass sie eines der größten Design-Probleme der zellulären Biochemie unerwähnt lassen: die Notwendigkeit, beschädigte Makromoleküle zu reparieren (Nukleinsäuren, Proteine, Lipide). Nahezu alle Sorten von Molekülen in der Zelle sind von einer Zerfallstendenz betroffen, sodass in jeder Zelle ständig abrufbare und hocheffiziente Reparaturmechanismen zur Verfügung stehen müssen, damit die Organismen zumindest einige Zeit überleben können. Von der „Zerbrechlichkeit“ unseres Erbguts, den Nukleinsäuren, und den zellulären Mechanismen, die die Reparatur bewerkstelligen, berichtet Boris SCHMIDTGALL in dieser Ausgabe des *Studium Integrale Journal* in der ersten Folge einer Serie zu „Reparaturmechanismen in der Zelle“ und der Frage nach ihrem Ursprung.

Ein weiterer Beitrag zu einem neuen Befund aus der Biochemie der Zelle wurde von Peter BORGER verfasst. Er weist darauf hin, dass diese Entdeckung die lange für unbezweifelbar gehaltene Behauptung „die Natur macht keine Sprünge“ gründlich in Frage stellt. Das Vorhandensein von Genen ohne nachweisbare Geschichte erfordert eine andere Erklärung als kleinschrittige Evolution über lange Zeiten. Gibt es für dieses Problem eine Lösung?

Entwicklungssprünge scheinen – entgegen bisheriger Lehrmeinung – ebenso nötig zu sein, um die Entstehung eines einzigartigen Merkmals der Säugetiere durch Evolution zu erklären: die drei säugertypischen Mittelohrknöchelchen. Henrik ULLRICH zeigt in seinem Artikel, dass die Annahme einer evolutiven Entstehung von Gehörknöchelchen bei Säugetieren viele Konvergenzen (unabhängige Entstehung gleichartiger Strukturen) erfordert – ein Erklärungsmuster, das lange Zeit bei Befürwortern der Evolutionslehre als problematisch galt.

Ein weiteres schwerwiegendes Problem für die etablierten Vorstellungen betrifft die Geschichte der Menschheit. Geht man von der allgemein akzeptierten evolutiven Lesart der Menschheitsgeschichte aus, müssten die Menschen fast über die gesamte Zeit ihrer Geschichte vom Aussterben bedroht gewesen sein. Michael BRANDT bietet dazu eine Lösung an, die sich bei Ablegen weltanschaulicher Vorurteile als sehr plausibel erweist.

Nicht nur Menschen müssen Probleme lösen, sondern auch Tiere. Eine unverzichtbare Voraussetzung für diese Kompetenz ist die „kulturelle“ Lernfähigkeit, die bisher bei Primaten als Argument für eine gemeinsame Abstammungsgeschichte mit Menschen verwendet worden ist. Benjamin SCHOLL berichtet in dieser Ausgabe über Hummeln, die nicht nur Probleme lösen können, wie etwa an verdeckte Zuckerlösungen zu gelangen, sondern auch noch fähig sind, das Erlernte an Artgenossen weiterzugeben.

Weitere Herausforderungen für das naturalistische Weltbild betreffen das Gebiet der Kosmologie. Neue Daten vom James-Webb-Teleskop haben ergeben, dass die Beschaffenheit ferner Galaxien sich nicht so einfach mit den Erwartungen aus dem kosmologischen Standard-Modell harmonisieren lassen. Ob eine Auflösung dieser Spannung möglich ist, thematisiert Peter TRÜB in einem ausführlichen Beitrag.

Mit weiteren spannenden Themen aus biblischer Archäologie, Biologie und Paläobiologie wünschen wir Ihnen eine aufschlussreiche Lektüre.

Herausgeber

Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V.,
Peter-Stein-Str. 4, D-72250 Freudenstadt,
Tel. (0 74 41) 520 2705
E-Mail: sg@wort-und-wissen.de

Redaktion

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

Design / Gestaltung

Regine Tholen AGD, Langgöns
Johannes Weiss, SG Wort und Wissen

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 Herausge-
ber. Das Abonnement kann zum Jahres-
ende gekündigt werden. Die Kündigung
muss schriftlich erfolgen.

Alle Rechte vorbehalten.

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

■ TITELBILD

Ein Kurzschnauzendelfin (*Lagenorhynchus*)
springt aus dem Wasser. Als sportliche und
intelligente Meeressäuger sind Delfine
sehr beliebt. Neue Kreuzungsstudien
legen nahe, dass die gesamte Familie der
Delfine nur einen einzigen Grundtyp
(Schöpfungseinheit) bildet. (Webitect,
Adobe Stock)

Quelle kleines Bild Dunkle Erdhummel
(*Bombus terrestris*): Wikimedia: Vera Buhl,
CC BY-SA 3.0.

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

P. Trüb	Kaum Zeit für die Entstehung ferner Galaxien. James-Webb-Teleskop liefert unerwartete Beobachtungen	4
B. Scholl & R. Junker	Der „bizarre Frankenstein-Dinosaurier“ <i>Chilesaurus</i> . Wie ein Fossil den Dinosaurier-Stammbaum durcheinanderwirbelt	13
P. van der Veen	Wurde der Gott Israels auf der Sinai-Halbinsel verehrt? Auf den Spuren der Israeliten und der verwandten Völker	22
B. Schmidtgall	Reparaturmechanismen in der Zelle. 1. Nukleinsäuren – ein fragiler Informationsspeicher	29



■ KURZBEITRÄGE

B. Scholl	Delfine – ein sportlicher Grundtyp?	39
B. Scholl	Gibt es eine Hummel-Kultur? Hummeln bestehen Lerntest für Schimpansen	43
R. Junker	Pflanzenbaupläne bilden deutlich abgegrenzte Gruppen	48
H. Ullrich	Modernes Mittelohr bei alten Säugetieren	51
M. Brandt	Frühe Menschheit fast ausgestorben?	55
P. Borger	Neue micro-RNA-Gene bei Menschen widerlegen lang gehegte evolutionäre Überzeugung	58

■ STREIFLICHTER

Waldsänger: ein bunter und artenreicher Vogel-Grundtyp?	62
Umfassende Konvergenzen bei Delfinen	63
Von der Schuppe zur Feder – nur ein kleiner Schritt?	64
„WAIR“ – Steilwandklettern scheidet als Vorstufe für den Vogelflug aus	65
Eneute Bestätigung: „ <i>Homo</i> “ <i>habilis</i> war kein Mensch	66
Nesseltiere – weiterer Zuwachs bei der „kambrischen Explosion“	67
„Moderne“ Manteltiere im Kambrium	68
Anpassungen im Fischgenom als Reaktion auf eine wärmere Umwelt	69
Die Orchideenmantis – Ein Insekt der Superlative	71
Energieeffiziente und blitzschnelle Abfallbeseitigung bei Zwergzikaden	72

Kaum Zeit für die Entstehung ferner Galaxien

James-Webb-Teleskop liefert unerwartete Beobachtungen

Mit dem James-Webb-Teleskop (JWST) können Forscher seit Kurzem Galaxien in weit entfernten, bislang unzugänglichen Bereichen des Universums untersuchen. Nach dem kosmologischen Standardmodell sollten sich diese in einem viel früheren Entwicklungsstadium befinden als nahe gelegene Exemplare. Die neu entdeckten Galaxien besitzen aber überraschend gut ausgebildete Strukturen und sind sehr leuchtkräftig. Ob das Standardmodell an die neuen Daten angepasst werden kann, erscheint fraglich.

Peter Trüb

Introbild Dieses vom James-Webb-Teleskop aufgenommene Bild zeigt die Galaxiengruppe *Stephans Quintett*. (NASA, ESA, CSA, STScI)

Einleitung

Die riesigen Distanzen im Universum wirken wie eine Zeitmaschine. Das Licht, welches heute bei uns eintrifft, hat zum Teil Distanzen von mehreren Milliarden Lichtjahren zurückgelegt. Als dieses Licht in weit entfernten Galaxien entstand, war das Universum nach dem Urknallmodell viel jünger als heute. Durch die Beobachtung extrem weit entfernter Objekte sehen Kosmologen deshalb die einzigartige Möglichkeit, zu untersuchen, wie das Universum kurz nach dem angenommenen Urknall gestaltet war. Aufgrund der Rückblickzeit erwarten sie, weit entfernte Galaxien in einem viel früheren, ursprünglicheren Stadium anzutreffen. Für deren Untersuchung haben die NASA, die ESA und die CSA das *James-Webb-Teleskop* (JWST) als Nachfolger des *Hubble-Space-Teleskops* (HST)

entwickelt (Abb. 3). Bereits die ersten Beobachtungen, die im Juli 2022 veröffentlicht wurden, lieferten einige Überraschungen (TRÜB 2022).

Aus Schöpfungssicht müssen weit entfernte Galaxien nicht zwingend jünger erscheinen. Nach einem Vorschlag von Jason Lisle könnte der Schöpfungsbericht eine andere Gleichzeitigkeitskonvention verwenden als die übliche Einstein-Konvention (LISLE 2010). Vor dem Start des JWST sagte Lisle deshalb voraus, dass er auch in großen Entfernungen voll ausgebildete Galaxien erwartet (LISLE 2022). Nach einem anderen Schöpfungsmodell (FAULKNER 2013) könnten weit entfernte Galaxien jedoch wie im kosmologischen Standardmodell jünger erscheinen als nahe gelegene. Sowohl gleich alt als auch jünger erscheinende weit entfernte Galaxien sind also grundsätzlich mit einer Schöpfungssicht verträglich.

Sowohl gleich alt als auch jünger erscheinende weit entfernte Galaxien sind grundsätzlich mit einer Schöpfungssicht verträglich.

Da sich das Universum immer weiter ausdehnt, trifft das Licht auf der Erde mit einer Wellenlänge ein, die größer ist als zum Zeitpunkt der Entstehung. Wegen dieses Effekts ist das JWST auf Beobachtungen im Infrarotbereich ausgelegt, sodass es untersuchen kann, wie sehr weit entfernte Galaxien in ihrem Ruhesystem im optischen Bereich aussehen. Die *Rotverschiebung* z eines Objekts gibt an, um welchen Faktor das Licht gestreckt wurde, und nimmt mit dessen Entfernung zu. Das kosmologische Standardmodell beschreibt quantitativ, wie sich das Universum seit dem Urknall ausgedehnt hat und beinhaltet deshalb eine eindeutige Beziehung zwischen Entfernung, Rotverschiebung und Alter des Universums (Abb. 1).

In diesem Artikel steht die Frage im Zentrum, wie gut die Ergebnisse des JWST zum kosmologischen Standardmodell passen und ob dieses allenfalls revidiert werden muss. Für diese Konsistenzprüfung werden viele Elemente des Standardmodells als korrekt vorausgesetzt, wie zum Beispiel die Anteile der Dunklen Energie und der Dunklen Materie an der Energiedichte des

Universums oder die Art und Weise, wie Sterne entstehen und sich im Laufe der Zeit verändern. Sollte sich dieses Modell nicht bewähren, wäre damit nicht automatisch die Vorstellung eines Urknalls widerlegt, da es viele weitere Möglichkeiten gäbe, wie sich das Universum seit dem Urknall ausgedehnt haben könnte.

Räumliche Struktur der Galaxien

Eine grundlegende Eigenschaft von Galaxien ist ihre Morphologie, d. h. ihre räumliche Struktur. Um diese zu bestimmen, werden Aufnahmen mit sehr hoher Winkelauflösung benötigt, die durch Wissenschaftler bzw. automatisierte Algorithmen kategorisiert werden. Die heute gebräuchliche *Hubble-Klassifikation* geht auf eine Publikation von Edwin Hubble im Jahre 1926 zurück, wurde im Laufe der Zeit aber überarbeitet und ergänzt. Dieses Schema ist auch bekannt als sogenannte *Hubble-Sequenz*, die aber nicht als zeitliche Abfolge zu verstehen ist. Gemäß Abb. 2 werden die Galaxien in drei große Gruppen eingeteilt: *Elliptische Galaxien* (links), *Spiralgalaxien* (mittig) und *irreguläre Galaxien* (rechts). Die Gruppe der Spiralgalaxien wird weiter unterteilt in Galaxien mit und ohne Balkenstruktur.

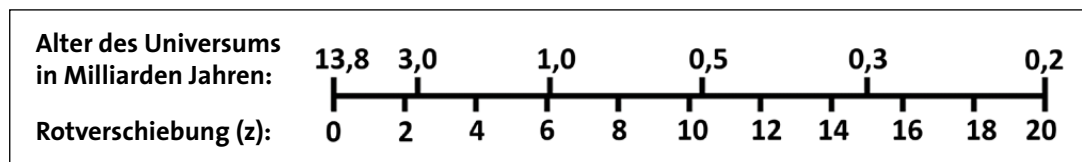


Abb. 1 Zusammenhang zwischen Rotverschiebung z (untere Skala) und Alter des Universums in Milliarden Jahren (obere Skala) gemäß dem kosmologischen Standardmodell ($H_0 = 67,4 \text{ km s}^{-1} \text{ Mpc}^{-1}$, $\Omega_m = 0,315$).

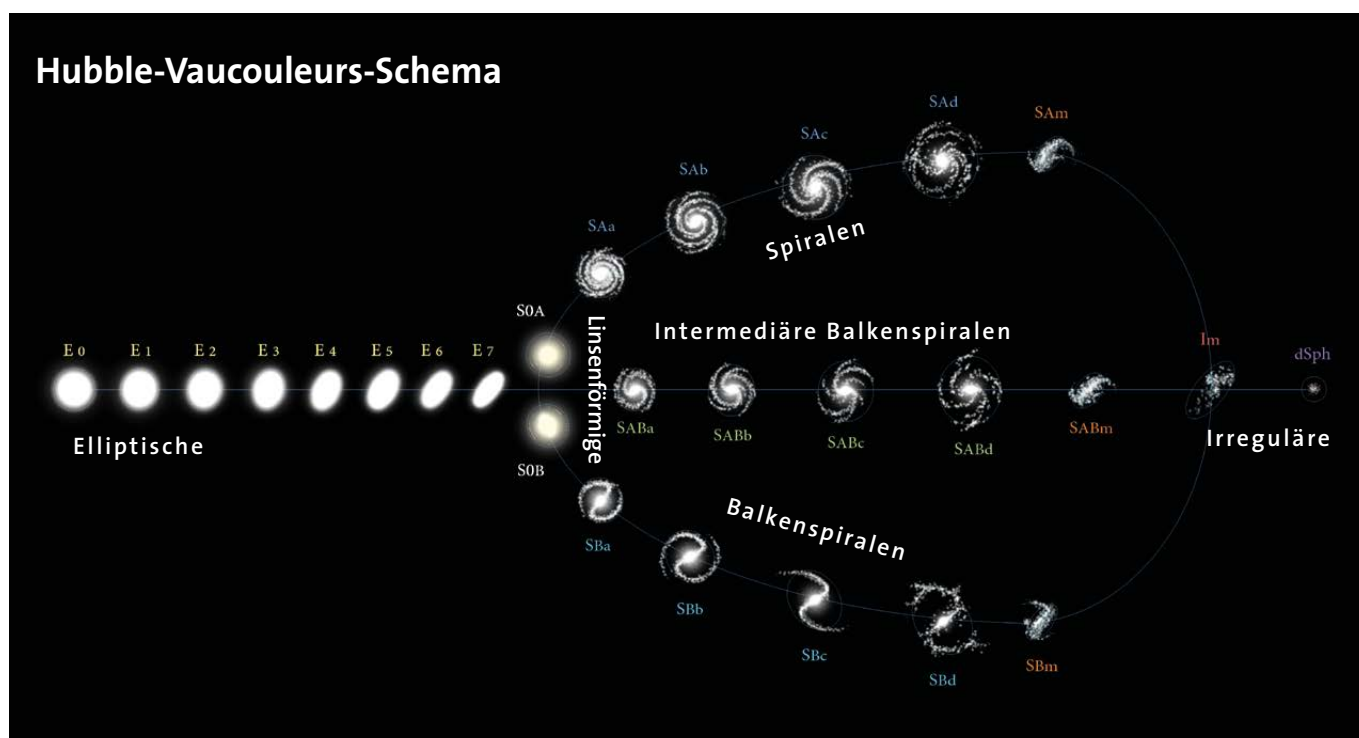


Abb. 2 Klassifikation von Galaxien aufgrund ihrer Morphologie gemäß der Hubble-Sequenz nach DE VAUCOULEURS (1959). (Wikimedia: Cicconorsk, CC-BY-SA-3.0)

Kompakt

Eines der Ziele des James-Webb-Teleskops ist die Erforschung der ersten Galaxien, die sich kurz nach dem angenommenen Urknall gebildet haben sollen. Von diesen sehr weit entfernten Galaxien mit hohen Rotverschiebungen war erwartet worden, dass sie tendenziell klein, leuchtschwach und in ihrer Form irregulär sind. Die unter Voraussetzung des kosmologischen Standardmodells abgeleiteten Größen der neu entdeckten Galaxien entsprechen diesen Erwartungen. Balken- und Spiralstrukturen müssen jedoch viel früher entstanden sein als bisher angenommen. Die größte Überraschung ist jedoch die unerwartet hohe Anzahl sehr leuchtkräftiger Galaxien bei hohen Rotverschiebungen. Um deren Existenz erklären zu können, muss entweder die Sternentstehung kurz nach dem Urknall extrem effizient abgelaufen sein oder das kosmologische Modell muss angepasst werden, damit mehr Zeit für ihre Entstehung zur Verfügung steht. Aus Schöpfungssicht kommt die Entdeckung gut ausgebildeter Galaxien in großen Entfernungen nicht unerwartet.



Abb. 3 Zusammenbau des Hauptspiegels des James-Webb-Teleskops im November 2016. Die Fläche des Hauptspiegels beträgt mehr als 25 m² und ist etwa 5,5 mal größer als beim Hubble-Space-Teleskop. (NASA)

Elliptische Galaxien und Spiralgalaxien unterscheiden sich nicht nur bezüglich ihrer Morphologie. Spiralgalaxien besitzen beispielsweise größere Mengen an kaltem Gas und ihr Licht ist insgesamt blauer. Ein detaillierter Vergleich ihrer Spektren mit Sternentwicklungsmodellen ergibt, dass Spiralgalaxien sowohl aus

jungen, blauen als auch aus alten, roten Sternen bestehen (CIMATTI et al. 2020, 4.1.5). Aufgrund der Existenz junger Sterne und der Präsenz kalter Gase als Voraussetzung für Sternbildung werden Spiralgalaxien als sternbildende Galaxien angesehen. Elliptische Galaxien beinhalten hingegen fast ausschließlich rote, alte und metallreiche Sterne und kaum kaltes Gas (CIMATTI et al. 2020, 5.1.3). Sie gelten deshalb als eher passive Galaxien.

Viele Fragen zur Entstehung der verschiedenen Galaxientypen sind noch offen. Gemäß dem kosmologischen Standardmodell entstehen Galaxien in fast kugelförmigen *Halos* aus Dunkler Materie. Für elliptische Galaxien werden zwei Entstehungsmechanismen diskutiert: Durch den Kollaps von Gas in Halos mit niedrigem Drehimpuls oder durch die Kollision und Verschmelzung mehrerer Scheibengalaxien, welche dabei ihre scheibenförmige Geometrie verlieren. Scheibengalaxien ihrerseits sollen aus dem Kollaps von Halos mit höherem Drehimpuls entstehen. In den dabei entstehenden rotierenden Gasscheiben könnten durch Instabilitäten Balken und Spiralarme entstehen (CIMATTI et al. 2020, Kap. 10). Nach diesem Szenario erwartet man, dass kurz nach dem Urknall der Anteil irregulärer Galaxien sehr hoch war und der Anteil an elliptischen Galaxien und Scheibengalaxien dann allmählich zunahm. Da das Verständnis der Entstehung von Galaxien aber vor allem auf semi-analytischen Modellen und numerischen Simulationen beruht, ist es schwierig, dazu präzise quantitative Vorhersagen zu machen.

Analysen von Daten des HST schienen eine Zunahme von irregulären Galaxien bei hohen Rotverschiebungen zu bestätigen. Mit dem HST konnte allerdings wegen der Rotverschiebung die Morphologie von weit entfernten Galaxien nur im UV-Bereich (bezogen auf ihr Ruhesystem) direkt bestimmt werden. Mit Hilfe einer morphologischen Korrektur hat man versucht, daraus die Morphologie im optischen Bereich abzuleiten (CIMATTI et al. 2020, 3.1.1). Wie die neuen Resultate des JWST nun zeigen, führte unter anderem diese Korrektur dazu, dass man den Anteil irregulärer Galaxien deutlich überschätzt hatte (FERREIRA et al. 2023).

Scheibengalaxien und elliptische Galaxien gibt es in viel größeren Distanzen als bisher erwartet.

Die Aufnahmen des JWST zeigen, dass es Scheibengalaxien und elliptische Galaxien in viel größeren Distanzen gibt als bisher erwartet. Ende Dezember 2023 fassten LEE et al. (2023) die Situation so zusammen, dass die Hubble-Sequenz bereits bei Rotverschiebungen von

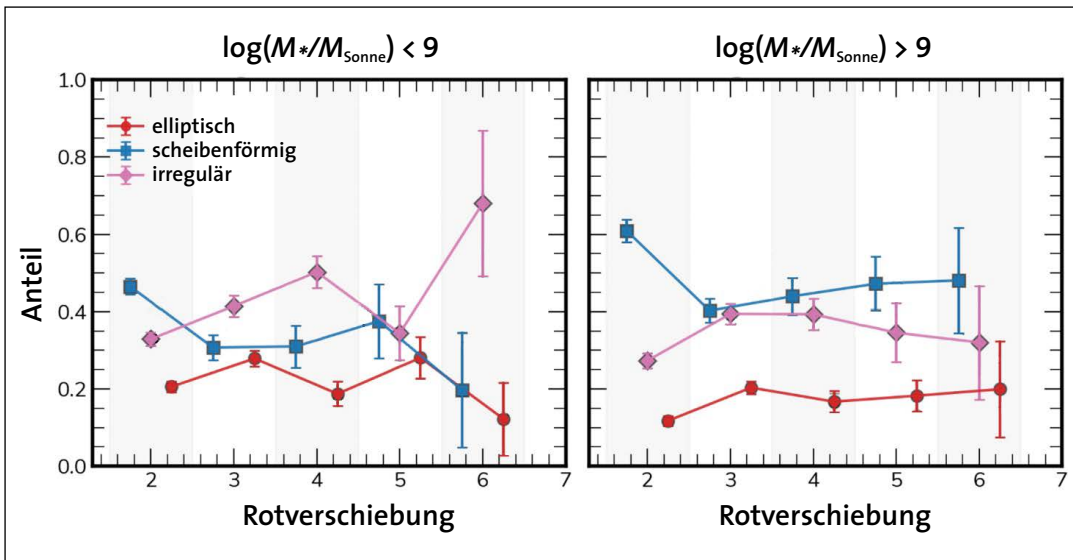


Abb. 4 Anteil der verschiedenen Morphologieklassen in Abhängigkeit der Rotverschiebung für leichte (links) und schwere (rechts) Galaxien. (FERREIRA et al. 2023, CC-BY-4.0)

$z = 8-9$ etabliert gewesen sein muss und nicht erst bei $z = 2$ (CIMATTI et al. 2020, 11.3.1). Damit steht für die Bildung der ersten morphologisch ausgebildeten Galaxien nur noch ein Zeitraum von einigen hundert Millionen Jahren zur Verfügung. Noch keine Einigkeit besteht darüber, wie stark sich die Morphologie der Galaxien über die letzten Milliarden Jahre verändert hat. HUERTAS-COMPANY et al. (2023) stellen eine starke Zunahme von irregulären Galaxien bei Rotverschiebungen $z > 3$ fest. Nach FERREIRA et al. (2023) nimmt der Anteil irregulärer Galaxien auf Kosten der Scheibengalaxien ebenfalls tendenziell zu, allerdings nur bei leichten Galaxien (s. Abb. 4). Nach KARTALTEPE et al. (2023) und LEE et al. (2023) findet keine signifikante Zunahme irregulärer Galaxien bis zu Rotverschiebungen von $z = 7-8$ statt. Eventuell gehen diese Abweichungen auf Unterschiede bezüglich Auswahl der Galaxien, verwendeter Kategorien und Kategorisierungsmethoden zurück.

Trotz einiger Unterschiede sehen KARTALTEPE et al. (2023) ihre Resultate in ermutigender Übereinstimmung mit numerischen Simulationen. Sowohl LEE et al. (2023) als auch FERREIRA et al. (2023) sehen ihre Resultate sogar als Bestätigung von Vorhersagen von Simulationen, obwohl sie zum Teil doch recht unterschiedliche Häufigkeiten für die verschiedenen Galaxientypen angeben. Die kosmologische Simulation *HR5* ergab tatsächlich, dass im Rotverschiebungsbereich $z = 5-7$ Scheibengalaxien die häufigste Art von Galaxien sind (PARK et al. 2022). Dies passt gut zu den Ergebnissen von LEE et al. (2023), aber schlecht zu den Ergebnissen von HUERTAS-COMPANY et al. (2023), welche für $z > 3$ vor allem irreguläre Galaxien finden. Sowohl in Bezug auf die Beobachtungen als auch auf die numerischen Simulationen gibt es also deutliche Unterschiede zwischen den verschiedenen Publikationen.

Während das Auftreten von frühen Scheibengalaxien nicht grundsätzlich im Widerspruch zu Simulationen zu stehen scheint, gibt es in Bezug auf manche Unterstrukturen doch Spannungen. In der Zeitschrift *Nature* berichten COSTANTIN et al. (2023) über die Entdeckung einer Balkengalaxie bei einer Rotverschiebung von $z \approx 3$. Balken-Strukturen erwartet man aber eher nicht so früh im Universum, da Gas-Turbulenzen deren Entstehung unterdrückt haben sollten. Die Autoren fassen die Ergebnisse von Simulationen so zusammen, dass ihre Entstehung in einigen Galaxien zwar schon bei $z \approx 4$ begonnen haben könnte, dass aber Simulationen immer noch Schwierigkeiten hätten, Balkengalaxien vor $z > 1,5$ zu reproduzieren. Dies gilt insbesondere für den Bereich geringer Galaxienmassen, in welchen die beobachtete Galaxie mit einer Sternenmasse von etwa $4 \times 10^9 M_{\text{Sonne}}$ fällt (COSTANTIN et al. 2023). KUHN et al. (2023) berichten, dass es bei $z \approx 3$ auch bereits eine überraschend hohe Anzahl an Galaxien mit Spiralarmen gibt und dass diese ebenfalls früher als bisher angenommen entstanden sein müssen. Noch unklar ist, ob die als scheibenförmig klassifizierten Galaxien tatsächlich eine Scheibenform wie unsere Milchstraße haben oder ob es sich dabei um eher längliche, zigarrenförmige Objekte handelt (PANDYA et al. 2023).

Größe der Galaxien

Während die räumliche Struktur von Galaxien bestimmt werden kann, ohne sich auf ein bestimmtes kosmologisches Modell festzulegen, ist dies für die Ermittlung ihrer Größe nicht möglich. Direkt messbar ist lediglich der Winkel, unter dem eine Galaxie am Himmel erscheint. Um ihre Größe zu berechnen, müssen zusätzlich ihre Entfernung sowie die Raumkrümmung des Universums bekannt sein. Für

das kosmologische Standardmodell ergibt sich wegen der Krümmung des Raumes die merkwürdige Situation, dass ab einer Rotverschiebung von $z \approx 1,6$ Galaxien mit zunehmender Entfernung unter immer größer werdendem Winkel erscheinen (CIMATTI et al. 2020, 2.1.4).

Im kosmologischen Standardmodell wird erwartet, dass weit entfernte Galaxien kleiner sind als nahe gelegene. Für sternbildende Galaxien beobachtet man, dass Sterne in den Außenbereichen blauer leuchten und metallärmer sind als im Zentrum. Beides deutet auf jüngere Sternpopulationen hin, was einem Wachsen der Galaxien von innen nach außen entspricht. Auch durch das Verschmelzen von mehreren Galaxien und durch die Akkretion von neuem Gas sollten Galaxien im Laufe der Zeit größer werden (CIMATTI et al. 2020, 11.3.1). Bisherige Auswertungen mit dem HST passten zu dieser Erwartung und Analysen mit dem JWST bestätigen, dass dieser Trend bis zu einer Rotverschiebung von $z = 5,5$ anhält (WARD et al. 2023). Legt man den Daten hingegen ein statisches Modell des Universums zu Grunde, sind weit entfernte Galaxien genau so groß wie nahe gelegene (LOVYAGIN et al. 2022).

Abb. 5 Die UV-Leuchtkraftfunktion in Abhängigkeit der Rotverschiebung im Bereich $z = 4\text{--}16$. Auf der y-Achse aufgetragen ist die Anzahl Galaxien pro Volumen mit einer bestimmten Leuchtkraft M_{UV} . Entgegen den Erwartungen nimmt bei hohen Rotverschiebungen die Anzahl sehr heller Galaxien (stark negative M_{UV} -Werte) nicht mehr weiter ab. (HARIKANE et al. 2023, CC-BY-4.0)

Leuchtkraft der Galaxien

Für die größten Überraschungen in Bezug auf die Eigenschaften weit entfernter Galaxien sorgte die Entdeckung einer großen Anzahl sehr leuchtkräftiger und massereicher Objekte mit hohen Rotverschiebungen. Bereits wenige Wochen nach der Veröffentlichung der ersten Bilder im Juli 2022 sorgte dies für Erstaunen (z. B. YAN et al. 2022) – und die Diskussion

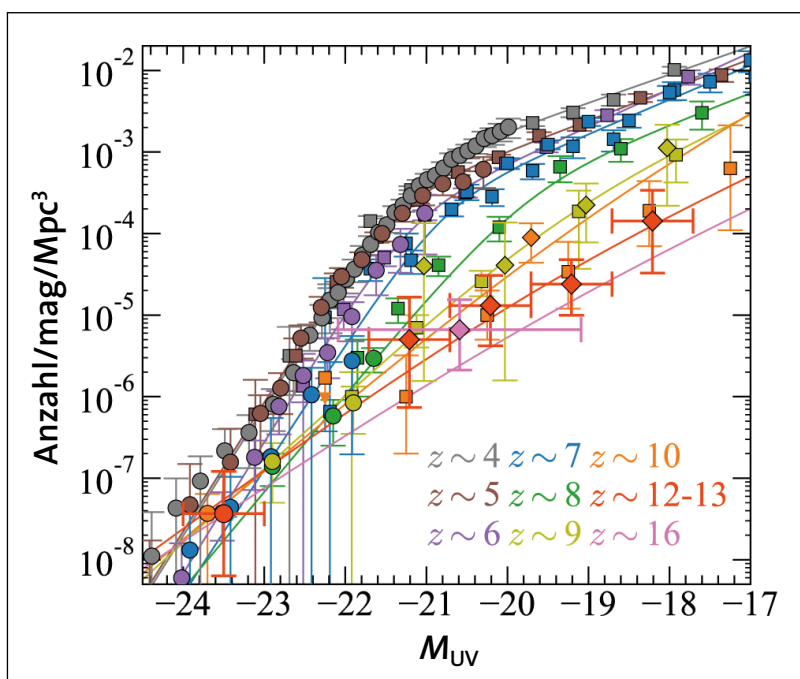
über deren Ursprung dauert nach wie vor an. Aufgrund der Ergebnisse des HST und wegen theoretischer Überlegungen war erwartet worden, dass Galaxien mit einer Rotverschiebung $z > 10$ sehr selten sind. Im Vergleich dazu hat das JWST nun 10–100 mal so viele leuchtkräftige Galaxien bei hohen Rotverschiebungen entdeckt (CHEMERYNSKA et al. 2023). Im kosmologischen Standardmodell stehen für die Entstehung dieser Galaxien nur wenige hundert Millionen Jahre zur Verfügung und es bestehen Zweifel, dass sich massereiche Galaxien derart schnell bilden könnten (MELIA 2023).

Es bestehen Zweifel, dass sich massereiche Galaxien derart schnell bilden könnten.

Die Häufigkeit von Galaxien mit bestimmter Leuchtkraft wird durch die sogenannte *Leuchtkraftfunktion* (engl. *luminosity function*) ausgedrückt. Dabei wird die Anzahl der Galaxien mit einer gegebenen Leuchtkraft innerhalb eines Volumens von 1 Mpc^3 ($1 \text{ pc} \approx 3,26 \text{ Lichtjahre}$) als Funktion der Leuchtkraft aufgetragen (wobei das Volumen an die jeweilige Ausdehnung des Universums bei einer bestimmten Rotverschiebung angepasst wird). Die *Leuchtkraft* oder *absolute Helligkeit* einer Galaxie wird aus der scheinbaren Helligkeit und der aus der Rotverschiebung abgeleiteten Entfernung berechnet. Für weit entfernte Galaxien ist dies nur unter Voraussetzung eines bestimmten kosmologischen Modells möglich.

Vor dem Start des JWST war erwartet worden, dass die Leuchtkraftfunktion im UV-Bereich bis $z \approx 2$ ansteigt, um dann bei noch höheren Rotverschiebungen kontinuierlich abzunehmen (MASON et al. 2015). Der UV-Bereich der Leuchtkraftfunktion ist von besonderem Interesse, da dieser durch kurzlebige blaue Sterne dominiert wird und deshalb als Maß für die aktuelle Sternbildungsrate gilt. Dies entspricht einem Szenario, in dem die Sternbildungsrate während der ersten Jahrmilliarden nach dem Urknall kontinuierlich zunahm, da die Galaxien durch ihre Schwerkraft immer mehr Gas aufnahmen. Nach etwa vier Milliarden Jahren begann die Sternbildungsrate leicht zu sinken, da allmählich immer weniger kaltes Gas für die Entstehung neuer Sterne zur Verfügung stand.

Abb. 5 zeigt die UV-Leuchtkraftfunktion inklusive der neuen JWST-Ergebnisse im Bereich $z > 9$ von HARIKANE et al. (2023). M_{UV} bezeichnet die Leuchtkraft der Galaxien im UV-Bereich, wobei tiefe Werte für eine hohe Leuchtkraft stehen. Die Anzahl leuchtschwacher Galaxien nimmt mit zunehmender Rot-



verschiebung kontinuierlich ab. Bei den wenigen sehr hellen Galaxien (links im Diagramm) geht die Anzahl bei hohen Rotverschiebungen aber kaum – oder zumindest deutlich weniger – zurück. Die Fehlerbalken sind bei den sehr hohen Rotverschiebungen aufgrund der großen Entfernungen und der noch geringen Anzahl gefundener Galaxien naturgemäß recht groß, alle durchgeführten Studien kommen aber qualitativ zu den gleichen Ergebnissen (z. B. BOUWENS et al. 2023; CHEMERYSKA et al. 2023).

Mögliche Erklärungsversuche für die hohe Anzahl leuchtkräftiger Galaxien können in drei Gruppen eingeteilt werden. Die erste Möglichkeit besteht darin, dass es sich bei den gefundenen Objekten (1) gar *nicht um sehr weit entfernte Galaxien* handelt. Zweitens (2) wäre es denkbar, dass sich die *physikalischen Rahmenbedingungen im frühen Universum* stark von denen zu späteren Zeiten unterscheiden. Die weitreichendste Option wäre, dass (3) *das kosmologische Standardmodell revidiert werden muss*.

(1) Anhand der ersten Aufnahmen des JWST bestand die Möglichkeit, dass es sich bei den vermeintlich sehr weit entfernten Galaxienkandidaten tatsächlich um näher gelegene Galaxien handelte, deren Rotverschiebung aufgrund ihres durch Staub geröteten Lichts falsch abgeschätzt wurde. Inzwischen durchgeführte Untersuchungen zeigen aber, dass bei der Mehrheit der Galaxienkandidaten die Rotverschiebungen korrekt sind. BUNKER et al. (2023) konnten beispielsweise für etwa 80 % der Galaxienkandidaten die relativ ungenauen photometrischen Rotverschiebungen durch präzise spektroskopische Messungen bestätigen. Nach wie vor offen ist, wie stark genau Galaxienkerne mit aktiven Schwarzen Löchern zur UV-Helligkeitsfunktion beitragen, ein Anteil, der nicht auf eine erhöhte Sternbildungsrate im frühen Universum zurückzuführen wäre (CHEMERYSKA et al. 2023). HARIKANE et al. (2023) schreiben, dass in ihren Daten wegen der räumlich aufgelösten Morphologie der Galaxienkandidaten der Beitrag aktiver Galaxienkerne kleiner als 10 % sei.

(2) Die meisten Erklärungsversuche der unerwartet hohen UV-Leuchtkraftfunktion gehen von einer physikalischen Ursache aus. Beispielsweise wurde vorgeschlagen, dass die bei einer hohen Sternentstehungsrate auftretende Strahlung Staub aus weit entfernten Galaxien hinausdrängen könnte, sodass sie heller erscheinen (FERRARA 2023). Der Vorteil dieses Lösungsvorschlages ist, dass er sich mit Hilfe der vermehrt verfügbar werdenden spektroskopischen Daten überprüfen lassen sollte. Alternativ könnte es im frühen Universum weniger UV-Strahlung von Galaxien und aktiven Galaxienkernen gegeben

haben, sodass sich das vorhandene Gas weniger aufgeheizt hat und die Sternentstehung deshalb effizienter ablief (DEKEL et al. 2023). Auch wäre es möglich, dass es in der statistischen Variation an Galaxien mit langsamer und schneller Sternentstehung mehr Ausreißer nach oben gibt (MASON et al. 2023). Diese beiden Ideen lassen sich aktuell allenfalls durch theoretische Modellierungen plausibilisieren. Vielleicht war aber auch die erste Generation an Sternen im Durchschnitt etwas schwerer, was zu einer höheren UV-Leuchtkraft pro Sternenmasse führen würde. Damit wären weit entfernte Galaxien zwar sehr hell im UV-Bereich, aber ihre Sternenmasse wäre vereinbar mit bisherigen Modellen zur Entstehung von Galaxien (HARIKANE et al. 2023). Diese Hypothese lässt sich momentan jedoch nicht überprüfen, da es nach wie vor keinen eindeutigen Nachweis für die erste Generation von Sternen gibt, die kurz nach dem Urknall entstanden sein soll.

Masse der Galaxien

(3) Wie bereits angedeutet, ist es weniger die starke Leuchtkraft als vielmehr die hohe Sternenmasse der neu entdeckten Galaxien, die problematisch für das kosmologische Standardmodell ist. Die Gesamtmasse aller Sterne einer Galaxie wird indirekt aus ihrer Leuchtkraft abgeleitet, wodurch sie ebenfalls vom vorausgesetzten kosmologischen Modell abhängig ist (s. o.). Die Leuchtkraft der Galaxie in Abhängigkeit der Wellenlänge wird mit Sternpopulationsmodellen nachgebildet, was eine grobe Abschätzung der Gesamtsternenmasse erlaubt. Dadurch kommen viele systematische Unsicherheiten hinzu, welchen diese Modelle unterliegen. Dazu gehören beispielsweise die initialen Häufigkeiten der Sternmassen oder die Veränderungen des Sternenlichts mit zunehmendem Alter (CIMATTI et al. 2020, 11.1.3).

Den großen Unsicherheiten bezüglich der Sternenmassen von Galaxien stehen die ebenfalls beträchtlichen Ungenauigkeiten der theoretischen und numerischen Vorhersagen bezüglich der Entstehung von Galaxien im kosmologischen Standardmodell gegenüber. Im sogenannten *Dunklen Zeitalter* sollen sich durch den Einfluss der Gravitation die ersten Halos aus Dunkler und baryonischer Materie (aus Atomen aufgebaute Materie) gebildet haben. Etwa 120–180 Millionen Jahre nach dem Urknall könnte sich bei Rotverschiebungen von $z \approx 20$ das Wasserstoffgas genügend abgekühlt haben, sodass aus diesem die erste Generation von Sternen entstehen konnte. Die Strahlung dieser Sterne hätte das Gas allerdings erneut aufgeheizt. Erst nachdem sich

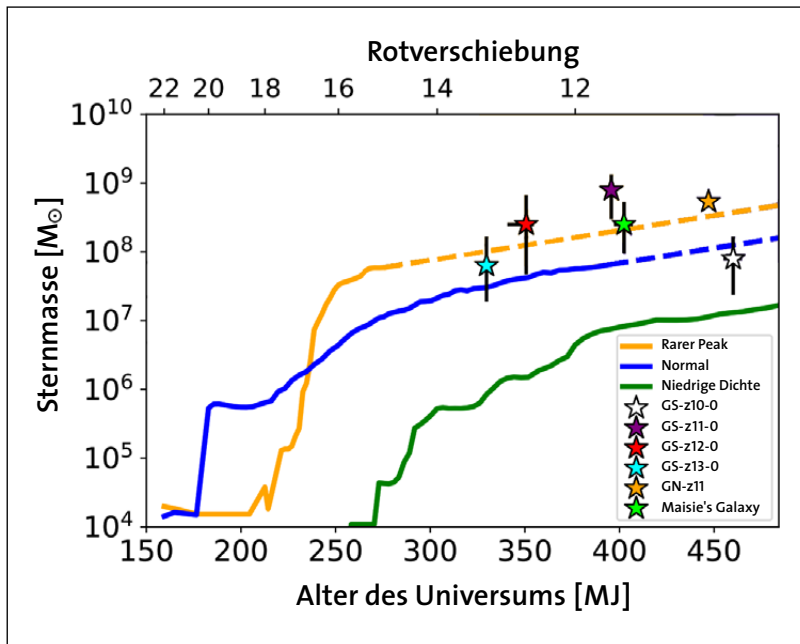


Abb. 6 Entwicklung der massivsten Galaxien in der Renaissance-Simulation in Regionen mit hoher (orange), normaler (blau) und niedriger Dichte (grün). (McCAFFREY et al. (2023), CC-BY-4.0)

das Gas etwa 100 Millionen Jahre später erneut abgekühlt hatte, konnte sich die zweite Generation an Sternen bilden, deren Licht die bisher gefundenen Galaxien dominiert. MELIA (2023) glaubt deshalb, dass die Bestätigung von Galaxienkandidaten mit etwa einer Billion Sonnenmassen bei $z = 16$ – 17 (also bereits 230–250 Millionen Jahre nach dem Urknall) ein signifikantes Problem für das kosmologische Standardmodell wäre.

Das gravitative Wachstum von Materieansammlungen im Universum ist ein nicht-linearer Prozess, der analytisch nicht exakt berechnet werden kann. BOYLAN-KOLCHIN (2023) benutzt eine Näherungsformel, um die maximale Anzahl an Halos mit einer bestimmten Mindestmasse bei gegebener Rotverschiebung abzuschätzen. Im Vergleich zu numerischen Modellen scheint diese Näherung die Anzahl der Halos eher zu überschätzen. Trotzdem kommt er zu dem Schluss, dass die schwersten Galaxienkandidaten im Bereich $z \approx 7$ – 10 nur ganz knapp unterhalb der maximal möglichen Massen liegen. In diesen Galaxien müssten zum Teil mehr als 80% der baryonischen Masse in Form von Sternen vorliegen, wobei dieser Anteil realistischerweise nur 10–20% betragen sollte (CASEY et al. 2023). Eine spektroskopische Bestätigung dieser Galaxien und ihrer Massen könnte deshalb eine ernste Herausforderung für das kosmologische Standardmodell darstellen (BOYLAN-KOLCHIN 2023). Inzwischen hat eine Gruppe unter Führung der Universität Genf tatsächlich mehrere spektroskopisch bestätigte Galaxien mit einer Rotverschiebung von $z \approx 5$ – 6 gefunden, bei der ebenfalls fast die ganze baryonische Materie in Form von Sternen vorliegen müsste, was die Autoren als Herausforderung für die Entstehungsmodelle von

Galaxien ansehen (XIAO et al. 2023). Auch eine Studie, welche die Anzahl schwerer Galaxien mit Hilfe einer Extremwertanalyse untersucht, findet Spannungen zum kosmologischen Standardmodell (LOVELL et al. 2022).

Bei sehr hohen Rotverschiebungen $z > 10$ scheinen die bislang spektroskopisch bestätigten Galaxienmassen kompatibel mit entsprechenden numerischen Simulationen zu sein. Zu diesem Schluss kommt eine Gruppe, die sechs Galaxien mit Ergebnissen der Simulation *Renaissance* verglichen hat (McCAFFREY et al. 2023). In Regionen hoher Dichte könnte es bereits 400 Millionen Jahre nach dem Urknall einige Galaxien im Massenbereich 10^8 – $10^9 M_{\text{Sonne}}$ gegeben haben (s. Abb. 6). Da aber diese Simulationen nicht mit experimentellen Labordaten kalibriert werden können, sind solche Vergleiche nicht sehr aussagekräftig. Selbst wenn manche ihrer Ergebnisse mit Beobachtungen übereinstimmen, ist unklar, wie akkurat sie die realen physikalischen Prozesse abbilden. Wie MELIA (2023) schreibt, sind die Entscheidungen, welche Funktionen und physikalischen Prozesse zusätzlich in Simulationen eingebaut werden, oft dadurch motiviert, Abweichungen zu den Beobachtungen zu minimieren. Deshalb ist es nicht so erstaunlich, wenn Simulationen zunehmend mit einer immer früheren Entstehung von Galaxien kompatibel sind.

Um die sehr massiven Galaxien bei hohen Rotverschiebungen mit dem kosmologischen Standardmodell zu vereinbaren, wurden verschiedene Anpassungen vorgeschlagen. BOYLAN-KOLCHIN (2023) schreibt, dass Modelle mit Früher Dunkler Energie mit der Bildung von Galaxien bei höheren Rotverschiebungen vereinbar wären (KLYPIN et al. 2021). Wenn es neben der Dunklen Energie im kosmologischen Standardmodell im frühen Universum eine zusätzliche zweite Art von Dunkler Energie gegeben hätte, könnte dies auch erklären, wieso Bestimmungen der Hubble-Konstante im lokalen und im fernen Universum zu unterschiedlichen Werten führen (z. B. RIESS et al. 2019). Auf der anderen Seite tendieren diese Modelle dazu, andere kosmologische Schwierigkeiten zu vergrößern (POULIN et al. 2023). Ein weiterer Vorschlag lautet, dass die Größe des Universums linear mit der Zeit zugenommen habe (MELIA 2023). In diesem Modell wäre das Universum bei $z = 15$ bereits 900 Millionen Jahre alt, womit mehr Zeit für die Entwicklung weit entfernter Galaxien zur Verfügung stehen würde. Allerdings passen die vorhergesagten Häufigkeiten der leichten Elemente nach diesem Modell nicht zu den Beobachtungen (LEWIS et al. 2016).

Schlussfolgerungen

In ihrem Lehrbuch schreiben CIMATTI et al. (2020), dass das Studium der Evolution der Galaxien ein relativ junges und sich rasch wandelndes Fachgebiet ist. Erst Mitte der 1990er-Jahre wurde es mit dem HST und anderen Instrumenten möglich, weit entfernte Galaxien zu untersuchen. Viele Forscher scheinen die Gültigkeit der bisherigen Ergebnisse deutlich überschätzt zu haben, sonst wären sie durch die neuen Resultate des JWST nicht so überrascht worden. Für CIMATTI et al. (2020) galt es beispielsweise als eines der robustesten Resultate, dass sich die Hubble-Sequenz bei $z \approx 2$ herauszubilden begann, was sich nun als falsch herausgestellt hat. Zwar war man sich bewusst, dass die für die HST-Daten benötigte morphologische Korrektur Unsicherheiten mit sich bringt, hat deren Ausmaß aber offenbar unterschätzt. Es ist zu hoffen, dass solche Erfahrungen wieder zu etwas mehr Bescheidenheit in Bezug auf die Verlässlichkeit wissenschaftlicher Erkenntnisse führen. Dies ist natürlich auch für diejenigen zu beachten, die in den Ergebnissen des JWST nach Inkonsistenzen zum kosmologischen Standardmodell Ausschau halten.

Die Bestimmung vieler Eigenschaften weit entfernter Galaxien ist vom kosmologischen Modell abhängig.

Beim Studium sehr weit entfernter Galaxien ist es wichtig, sich bewusst zu sein, dass viele ihrer Eigenschaften vom kosmologischen Modell abhängig sind. Die Bestimmung ihrer Leuchtkraft, Masse und Größe setzt voraus, dass das kosmologische Standardmodell die Geometrie und Expansion des Raumes korrekt beschreibt. Dass Galaxien bei hohen Rotverschiebungen viel kleiner sind, ist zwar im Rahmen des Standardmodells korrekt, unter Voraussetzung eines *statischen Modells* kommt man aber zu dem Ergebnis, dass weit entfernte Galaxien genau so groß sind wie nahe gelegene. Untersuchungen, wie sich diese modellabhängigen Größen als Funktion der Rotverschiebung verändern, sind wichtig, um Modelle zu entwickeln und ihre Konsistenz zu validieren, aber geben nicht zwingend die realen physikalischen Trends wieder.

Insgesamt zeigen die Resultate des JWST, dass Galaxien im Standardmodell deutlich früher entstanden sein müssen als bisher angenommen. Die Hubble-Sequenz scheint bereits 600 Millionen Jahre nach dem Urknall bestanden zu haben. Spiralen- und Balkengalaxien hat man bei Rotverschiebungen von $z \approx 3$ gefunden, also 2 Milliarden Jahre nach dem Urknall.

Damit steht zur Entstehung dieser Strukturen recht wenig Zeit zur Verfügung, was eine Herausforderung für entsprechende numerische Simulationen ist. Durch den gezielten Einbau neuer physikalischer Effekte hat man solche Erkenntnisse in der Vergangenheit allerdings immer wieder in bessere Übereinstimmung mit den Beobachtungen bringen können.

Die größte Überraschung ist, dass es bereits 300–400 Millionen Jahre nach dem Urknall relativ viele leuchtkräftige Galaxien mit einer Sternenmasse von bis zu einer Milliarde Sonnenmassen gegeben zu haben scheint. Im Rotverschiebungsbereich $z = 5–10$ wurden zudem Galaxien entdeckt, die so schwer sind, dass fast die ganze verfügbare baryonische Materie in Form von Sternen vorliegen müsste. Um die Existenz dieser Galaxien mit dem kosmologischen Standardmodell zu vereinbaren, müssen die physikalischen Rahmenbedingungen und Prozesse im entfernten Universum deutlich anders gewesen sein als in der lokalen, heutigen Umgebung. Grundsätzlich ist das zwar plausibel, aber dass die Effizienz der Sternentstehung wirklich bei fast hundert Prozent gelegen haben soll, erscheint unrealistisch. Deshalb wird auch eine Anpassung des kosmologischen Standardmodells diskutiert, sodass mehr Zeit für die Entstehung der frühesten Galaxien zur Verfügung steht. Dies ist aber gar nicht so einfach, ohne dabei in Konflikt mit anderen Daten zu kommen. Ob dies tatsächlich nötig ist, wird sich zeigen, wenn in der nächsten Zeit für immer mehr Galaxienkandidaten spektrometrische Daten verfügbar werden und vielleicht sogar massereiche Galaxien mit Rotverschiebungen von $z \approx 16$ bestätigt werden. In einem Schöpfungsmodell wie dem von Lisle wären strukturierte, sehr massereiche Galaxien selbst in diesen Distanzen zu erwarten.

Dank. Herzlichen Dank an Dr. Peter Korrevaar für seine hilfreichen Verbesserungsvorschläge!

Literatur

- BOUWENS R, ILLINGWORTH G et al. (2023) UV luminosity density results at $z > 8$ from the first *JWST* / NIRCam fields: limitations of early data sets and the need for spectroscopy. *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 523, 1009–1035.
- BOYLAN-KOLCHIN M (2023) Stress Testing Λ CDM with High-redshift Galaxy Candidates. *Nature Astronomy* 7, 731–735.
- BUNKER AJ, CAMERON AJ et al. (2023) JADES NIRSpec Initial Data Release for the Hubble Ultra Deep Field: Redshifts and Line Fluxes of Distant Galaxies from the Deepest *JWST* Cycle 1 NIRSpec Multi-Object Spectroscopy (Version 1), arXiv:2306.02467.
- CASEY CM, AKINS HB et al. (2023) COSMOS-Web: Intrinsically Luminous $z \geq 10$ Galaxy Candidates Test Early Stellar Mass Assembly, arXiv:2308.10932.

- CHEMERYNSKA I, ATEK H et al. (2023) JWST UNCOVER: The Overabundance of Ultraviolet-luminous Galaxies at $z > 9$, arXiv:2312.05030.
- CIMATTI A, FRATERNALI F & NIPOTI C (2020) Introduction to galaxy formation and evolution: from primordial gas to present-day galaxies. Cambridge University Press, Cambridge; New York, NY.
- COSTANTIN L, PÉREZ-GONZÁLEZ PG et al. (2023) A Milky Way-like barred spiral galaxy at a redshift of 3. *Nature* 623, 499–501.
- DE VAUCOULEURS G (1959) Classification and Morphology of External Galaxies. In: FLÜGGE S (ed) *Astrophysik IV: Sternsysteme / Astrophysics IV: Stellar Systems* (Bd. 11 / 53, S. 275–310). Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.
- DEKEL A, SARKAR KC et al. (2023) Efficient formation of massive galaxies at cosmic dawn by feedback-free starbursts. *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 523, 3201–3218.
- FAULKNER D (2023) A proposal for a new solution to the light travel time problem. *Answers Research Journal* 6, 279–284.
- FERRARA A (2023) Super-early JWST galaxies, outflows and Lyman alpha visibility in the EoR. arXiv:2310.12197.
- FERREIRA L, CONSELICE CJ et al. (2023) The JWST Hubble Sequence: The Rest-frame Optical Evolution of Galaxy Structure at $1.5 < z < 6.5$. *Astrophys. J.* 955, 94.
- HARIKANE Y, OUCHI M et al. (2023) A Comprehensive Study of Galaxies at $z \approx 9$ –16 Found in the Early JWST Data: Ultraviolet Luminosity Functions and Cosmic Star Formation History at the Pre-reionization Epoch. *Astrophys. J. Supplement Series* 265, 5.
- HUERTAS-COMPANY M, IYER KG et al. (2023) Galaxy Morphology from $z \sim 6$ through the eyes of JWST. arXiv:2305.02478.
- KARTALTEPE JS, ROSE C et al. (2023) CEERS Key Paper III: The Diversity of Galaxy Structure and Morphology at $z=3$ –9 with JWST. *Astrophys. J. Lett.* 946, L15.
- KLYPIN A, POULIN V et al. (2021) Clustering and halo abundances in early dark energy cosmological models. *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 504, 769–781.
- KUHN V, GUO Y et al. (2023) JWST Reveals a Surprisingly High Fraction of Galaxies Being Spiral-like at $0.5 < z < 4$. arXiv:2312.12389.
- LEE JH, PARK C et al. (2023) Morphology of Galaxies in JWST Fields: Initial distribution and Evolution of Galaxy Morphology. arXiv:2312.04899.
- LEWIS GF, BARNES LA, & KAUSHIK R (2016) Primordial Nucleosynthesis in the $R_h = ct$ cosmology: Pouring cold water on the Simmering Universe. *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 460, 291–296.
- LISLE JP (2010) Anisotropic Synchrony Convention – A Solution to the Distant Starlight Problem. *Answers Research Journal* 3, 191–207.
- LISLE JP (2022) The James Webb Space Telescope, <https://biblicalscienceinstitute.com/astronomy/the-james-webb-space-telescope/>.
- LOVELL CC, HARRISON I et al. (2022) Extreme Value Statistics of the Halo and Stellar Mass Distributions at High Redshift: are JWST Results in Tension with Λ CDM? *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 518, 2511–2520.
- LOVYAGIN N, RAIKOV A et al. (2022) Cosmological Model Tests with JWST. *Galaxies* 10, 108.
- MASON CA, TRENTI M, & TREU T (2015) The Galaxy UV Luminosity Function Before the Epoch of Reionization. *Astrophys. J.* 813, 21.
- MASON CA, TRENTI M, & TREU T (2023) The brightest galaxies at cosmic dawn. *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 521, 497–503.
- MCCAFFREY J, HARDIN S et al. (2023) No Tension: JWST Galaxies at $z > 10$ Consistent with Cosmological Simulations. *The Open Journal of Astrophysics* 6, 10.21105/astro.2304.13755.
- MELIA F (2023) The cosmic timeline implied by the JWST high-redshift galaxies. *Mon. Not. R. Astron. Soc. Letters* 521, L85–L89.
- PANDYA V, ZHANG H et al. (2023) Galaxies Going Bananas: Inferring the 3D Geometry of High-Redshift Galaxies with JWST-CEERS (Version 1), arXiv:2310.15232.
- PARK C, LEE J et al. (2022) Formation and Morphology of the First Galaxies in the Cosmic Morning. *Astrophys. J.* 937, 15.
- POULIN V, SMITH TL, & KARWAL T (2023) The Ups and Downs of Early Dark Energy solutions to the Hubble tension: a review of models, hints and constraints circa 2023. arXiv:2302.09032.
- RIESS AG, CASERTANO S et al. (2019) Large Magellanic Cloud Cepheid Standards Provide a 1% Foundation for the Determination of the Hubble Constant and Stronger Evidence for Physics beyond Λ CDM. *Astrophys. J.* 876, 85.
- TRÜB P (2022) Überraschende erste Beobachtungen des James-Webb-Teleskops. *Stud. Integr. J.* 29, 120–121.
- WARD EM, DE LA VEGA A et al. (2023) Evolution of the Size-Mass Relation of Star-forming Galaxies Since $z=5.5$ Revealed by CEERS. arXiv:2311.02162.
- XIAO M, OESCH P et al. (2023) Massive Optically Dark Galaxies Unveiled by JWST Challenge Galaxy Formation Models. arXiv:2309.02492.
- YAN H, MA Z et al. (2022) First Batch of Candidate Galaxies at Redshifts 11 to 20 Revealed by the James Webb Space Telescope Early Release Observations, arXiv:2207.11558.

Anschrift des Verfassers:

Peter Trüb, SG Wort und Wissen,

Peter-Stein-Str. 4, 72250 Freudenstadt;

E-Mail: peter.trueb@wort-und-wissen.de

Der „bizarre Frankenstein-Dinosaurier“ *Chilesaurus*

Wie ein Fossil den Dinosaurier-Stammbaum durcheinanderwirbelt

Die im Jahr 2015 erstmals beschriebene Dinosaurier-Gattung *Chilesaurus* vereinigt eine „bizarre“ Mischung von Merkmalen und wurde daher auch als „Schnabeltier der Dinosaurier“ bezeichnet. *Chilesaurus* wurde mehrfach umgruppiert; doch es bleiben in jedem Fall widersprüchliche Merkmale: Je nachdem, wo man *Chilesaurus* einsortiert, wird der komplette Dinosaurier-Stammbaum in seinen Grundzügen instabil. Einmal mehr entspricht dies nicht evolutionstheoretischen Erwartungen und wirft die Frage auf, inwiefern Merkmale des Körperbaus verlässliche Indizien für Verwandtschaftsverhältnisse sein können.

Benjamin Scholl & Reinhard Junker

Die „eierlegende Wollmilchsau“ gibt es zwar nur sprichwörtlich, aber manche Geschöpfe verbinden durchaus recht unterschiedliche Merkmale zu einem kuriosen Mix. Relativ bekannt ist das heute lebende Schnabeltier, ein Säugetier mit Haarkleid und Milchdrüsen, aber auch mit einer eierlegenden Fortpflanzungsweise, einem eigenartigen Hornschnabel, einem Ruderschwanz und mit Giftspornen an den Hinterbeinen. Das sind Merkmale, die sonst verschiedenen Tiergruppen zugeordnet werden.

Vor einigen Jahren ist bekannt geworden, dass auch die Dinosaurier eine Art „Schnabeltier“ in ihren Reihen haben: Man beschrieb *Chilesaurus* als einen pflanzenfressenden The-

ropoden – eigentlich ein Widerspruch in sich, da es bislang zum Kennzeichen dieser zweibeinigen Dinosaurier gehört, räuberisch zu leben. Sie sind nicht zuletzt durch die Science-Fiction-Filme *Jurassic Park / World* populär geworden.

Die Art, um die es geht, wurde 2004 von einem Jungen namens Diego Suarez in Chile mit seinen Eltern in Schichten des oberen Jura entdeckt. Im Jahr 2015 wurde sie anhand weiterer, gut erhaltener Funde genauer untersucht und zu Ehren des Finders *Chilesaurus diegosuarezi* genannt (Novas et al. 2015). Die Fundschicht aus dem Jura entspricht etwa den Solnhofener Plattenkalken, in denen der „Urvogel“ *Archaeopteryx* gefunden wurde.

Introbild Eine Rekonstruktion von *Chilesaurus* vor dem Hintergrund heutiger Pflanzenarten, deren Großgruppen (Koniferen und Farne) im Jura weit verbreitet waren. (Nach Adobe Stock; Pixabay)



Abb. 1 *Chilesaurus* im Gestein (oben) und als rekonstruiertes Skelett (rechts). (Nach Wikimedia: Evelyn D'Esposito, CC BY-SA 2.0; flickr, ケラトブスユウ, CC BY-SA 4.0)



Kompakt

Chilesaurus wurde von Novas et al. (2015) als erster „pflanzenfressender Theropode“ beschrieben – also als Zweibeiner mit Pflanzenfresser-Gebiss innerhalb der Tetanurae („starre Schwänze“), der größten Gruppe der Theropoden. Allerdings fiel schon den Erstbeschreibern auf, dass viele Körperregionen in unterschiedliche Richtungen weisen: Dazu gehören ein sauropodenartiger Schwanz, ein ceratosaurierartiges Achsenskelett sowie tetanurenartige Extremitäten, die aber zwei stumpfe Finger anstelle von Krallen besaßen. Diese Darstellung als Theropode erfuhr bald Kritik: BARON & BARRETT (2017) schlugen *Chilesaurus* als basalen Ornithischier (Vogelbeckensaurier) vor. Im Zuge dieser Diskussion wurde die generelle Großsystematik der Dinosaurier von BARON et al. (2017) angezweifelt; Ornithischier seien näher mit Theropoden verwandt als die Sauropoden. Dies würde aber das 130 Jahre alte Taxon der Saurischia aus Theropoden und Sauropoden obsolet machen. Daraufhin entbrannte ein heftiger Disput um die Ordnung der Großgruppen der Dinosaurier im Allgemeinen und der Position von *Chilesaurus* im Besonderen (als Theropode, Sauropodomorphe bzw. basaler oder abgeleiteter Ornithischier), der bis heute noch nicht gelöst ist. BARON (2022) hat sich daher die verschiedenen morphologischen Datensätze der Dinosaurier inklusive *Chilesaurus* erneut vorgenommen und daraus zusätzliche phylogenetische Analysen erstellt. Dabei kamen zwei wesentliche Ergebnisse heraus: Erstens ist immer noch ungeklärt, ob *Chilesaurus* ein Theropode, ein basaler oder ein abgeleiteter Ornithischier ist. Und zweitens ist nicht nur die phylogenetische Position von *Chilesaurus* „höchst instabil“, sondern auch die komplette Stammesgeschichte der Dinosaurier-Großgruppen. Insgesamt widerstreben die Merkmalsmosaiken verschiedener „Puzzle-Dinosaurier“ wie *Chilesaurus* der Einpassung in einen widerspruchsfreien evolutionären Stammbaum und lassen sich stattdessen viel besser aus der Perspektive getrennt erschaffener Grundtypen deuten.

Die Erstbeschreibung: *Chilesaurus* als Theropode

Nach der Erstbeschreibung von Novas et al. (2015) handelt es sich bei *Chilesaurus* um einen Zweibeiner, der aufrecht auf den kräftigen Hinterbeinen lief. Ungewöhnlich ist zunächst sein Pflanzenfresser-Gebiss: die Zähne waren klein und spatelförmig. Aber *Chilesaurus* hatte noch weitere Überraschungen parat. Eine phylogenetische Analyse (basierend auf Merkmalsvergleichen) von Novas et al. (2015) ergab, dass *Chilesaurus* an die Basis der Gruppe der Tetanurae zu stellen ist. Zu den Tetanuren (Namensbedeutung „starre Schwänze“) gehören u. a. Spinosaurier, Tyrannosaurier (Tyrannosauroida) und Raptoren (Maniraptoriformes).

Andererseits erscheinen die einzelnen Merkmale von *Chilesaurus* gleichsam aus ganz verschiedenen Gruppen zusammengesetzt. Novas et al. (2015) verglichen einzelne Körperregionen von *Chilesaurus* gesondert mit den entsprechenden Ausprägungen verschiedener Dinosauriergruppen. Dabei stellte sich heraus:

- Die kräftigen Beine samt Fuß und Fußgelenk waren wie bei Sauropoden ausgebildet

(Letztere sind große vierbeinige Dinosaurier mit langem Hals und langem Schwanz, z. B. *Brontosaurus*). Dazu passt auch der relativ kleine Kopf.

- Das Achsenskelett gleicht dem von Ceratosauriern (zweibeinig laufende Fleischfresser, die häufig Kopfformen besaßen). Zu den Ceratosauriern gehörten kleine, aber auch bis zu 10 Meter lange Raubosaurier wie *Ceratosaurus*, *Abelisaurus*, *Carnotaurus* und *Majungasaurus*.
- Die Vorderbeine, der Schultergürtel und Hinterbeine von *Chilesaurus* passen zu den Tetanuren. Die Tetanuren werden als Schwestergruppe der Ceratosaurier betrachtet – beide Gruppen gehören zu den Theropoden (Raubosaurier).
- Der Bau der Wirbel ist generell theropodenartig.
- Das Becken wiederum ist typisch für Coelurosaurier, zu welchen als Untergruppe der Tetanuren die Tyrannosauroiden und kleinere Raubosaurier wie Coeluridae und Maniraptoriformes gehören.¹
- Die Vorderextremitäten wurden als Arme benutzt – allerdings hatte *Chilesaurus* statt der für Theropoden üblichen Klauen nur zwei stumpfe Finger.



Abb. 2 Rekonstruktion des *Chilesaurus* – Körperbedeckung und Färbung sind aber reine Fantasie. Hier wurden die „stumpfen Finger“ allerdings mit Krallen rekonstruiert, wie man dies von Theropoden erwarten würde. (Wikimedia: Arcovenator, CC BY 3.0)

Eine heftige Diskussion: *Chilesaurus* als Mitglied der Ornithischia

BARON & BARRETT (2017) schlugen vor, dass *Chilesaurus* anstelle eines Theropoden auch ein

basaler Ornithischier (Vogelbeckensaurier) gewesen sein könnte (vgl. Abb. 4). Die Ornithischia erhielten ihren Namen, da ihr Becken eine oberflächliche Ähnlichkeit zum Becken heutiger Vögel hat (diese werden aber zu den Saurischia, Echtenbeckensaurier, gestellt). Ornithischia besitzen – neben anderen gemeinsamen Merkmalen – also ein „Vogelbecken“, das im Vergleich mit dem „Echtenbecken“ ein nach hinten „gedrehtes“ Schambein hat (s. Abb. 4).

In manchen neuen phylogenetischen Studien seit dem Jahr 2017 wurde die alte Großsystematik der Dinosaurier, die ca. 130 Jahre Bestand hatte, allerdings gründlich revidiert

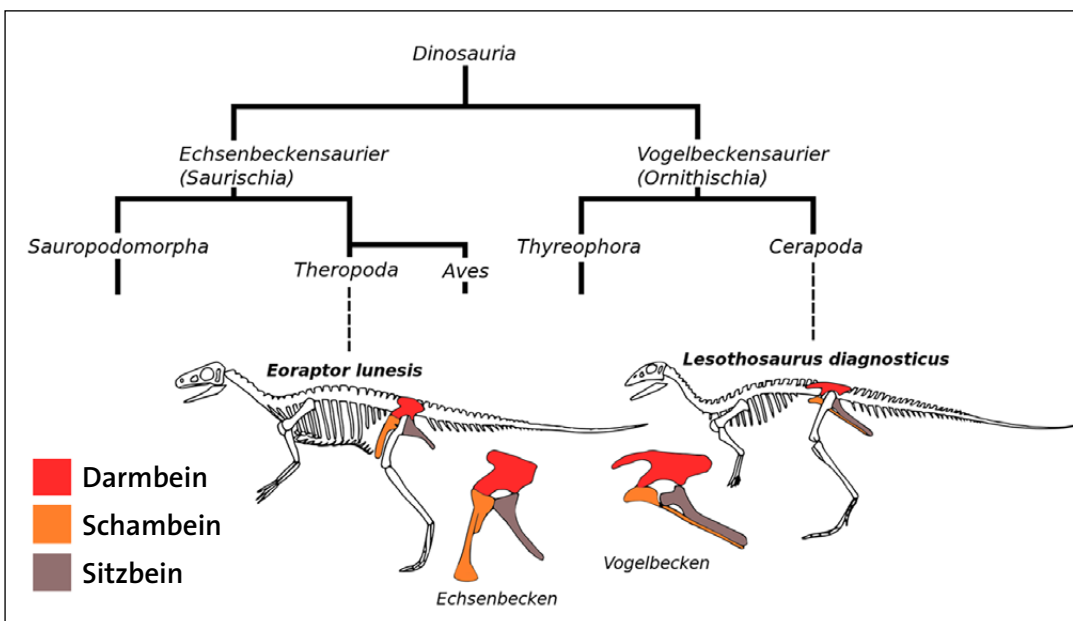


Abb. 3 Zu den folgenden Dinosaurier-Gruppen bestehen Merkmalsähnlichkeiten von *Chilesaurus* (v. l. n. r.): Skelette der Tetanuren (hier *Tyrannosaurus rex*), Ceratosaurier (hier ein junger *Ceratosaurus*), Sauropoden (hier *Diplodocus* im Berliner Hauptbahnhof) und Heterodontosaurier (hier *Heterodontosaurus*), deren Zugehörigkeit zu den Dinosauriern als solchen umstritten ist. (Wikimedia: Richie D., CC BY 2.0; Alexander Hüsing, CC BY 2.0; Billilion, CC BY-SA 3.0; Kyknoord, CC BY 2.0)

Abb. 4 Klassische Systematik der Dinosaurier mit der Einteilung in Echten- und Vogelbeckensaurier anhand des Beckens. (Wikimedia: Autor Kopiersperre, abgeleitet von Andrew Z. Colvin, gemeinfrei)

(BARON et al. 2017, 501; vgl. JUNKER 2017): Die Theropoden sollen mit Ornithischia gemeinsam die *Ornithoscelida* (vgl. Abb. 5C) bilden, statt den Saurischia zugeordnet zu werden.

NORMAN et al. (2022, 1) schreiben über das Problem der Stammbaumrekonstruktionen der Ornithischia: „Der Ursprung und die evolutionären Beziehungen der Ornithischia-Dinosaurier sind Themen, die eine Reihe von erheblichen Revisionen erfahren haben. Gegenwärtig gibt es mehrere konkurrierende Hypothesen über die Beziehung zwischen Ornithischia und den anderen Haupt-Claden der Dinosauria.“ Weiter schreiben sie: „Die internen Beziehungen innerhalb der Ornithischia-Clade sind in den letzten Jahren ebenfalls instabil geworden“ (S. 3).

Gegenwärtig gibt es mehrere konkurrierende Hypothesen über die Beziehung verschiedener Dinosaurier-Gruppen – insbesondere bei den Vogelbeckensauriern.

Die korrekte Einordnung des *Chilesaurus* ist nach NORMAN et al. (2022, 3) für das Verständnis der Evolution der Ornithischia wichtig – mit anderen Worten: Die Rekonstruktion des Dinosaurier-Stammbaums aus evolutionärer Sicht ist an die Frage gekoppelt, wo man *Chilesaurus* einordnen soll. *Chilesaurus* wurde nun aber im Laufe der letzten Jahre schon als 1. fortschrittlicher Theropode, 2. Übergangsform zwischen Ornithischia und Theropoden (bzw. basaler Ornithischer), 3. als Angehöriger der Sauropodomorpha oder 4. als etwas fortschrittlicherer

Neornithischier (in der Nähe der Heterodontosaurier) vorgeschlagen (BARON 2022; NORMAN et al. 2022, 3).³ Doch wie kam es dazu?

In der Erstbeschreibung hatten NOVAS et al. (2015) *Chilesaurus* als Theropoden (1.) präsentiert. Dann schlugen BARON & BARRETT (2017, 4) *Chilesaurus* als eine basale Form als Ornithischier in der Nähe der Abspaltung der Theropoden vor (2.) (vgl. BARON 2022, 2). MÜLLER und Kollegen (2018) hatten *Chilesaurus* als Sauropodomorphen (3.) vorgeschlagen, worauf BARON & BARRETT (2018) wiederum die Position als Ornithischier (2.) verteidigten (nach BARON 2022, 2). Ein anatomisches Datenset, das beide Autorengruppen verwendeten, hatte aber nach BARON (2022, 2) Fehler enthalten. Sowohl BARON & BARRETT (2018, 1) als auch MÜLLER et al. (2018) geben an, dass sie mit dem neuen Datenset auf eine Position für *Chilesaurus* als basaler Ornithischier (2.) kamen – was nach BARON & BARRETT (2018, 1) die Ornithoscelida-Hypothese unterstützt (vgl. Abb. 5C). Dennoch gibt BARON (2022, 2) zu, dass es nach wie vor Belege gibt, die für die Sauropodomorpha (3.) sprechen. CAU (2018, 6+8) sprach sich wiederum für eine Position als Theropode in der Clade der Tetanurae aus (1.) (vgl. BARON 2022, 2).⁴ MÜLLER & DIAS-DA-SILVA (2017, 2f)⁵ setzen sich ihrerseits wieder für eine Position als basaler Ornithischier ein (4.) (vgl. BARON 2022, 2) – was auch die Ornithoscelida-Hypothese unterstützt, auch wenn die Autoren diese noch nicht für „final“ abgesichert halten. Auch BARON (2022, 2) führt einige Belege für *Chilesaurus* als eine Übergangsform zwischen Ornithischia und Theropoden auf (2.), die zu der Ornithoscelida-Hypothese (Abb. 5C) passen würden.⁶

Dieses Hin und Her führte BARON (2022, 2) zu der Vermutung, dass möglicherweise unser Verständnis der Großcladen (-gruppen) der Dinosaurier (Ornithischia, Sauropodomorpha und Theropoda) noch unvollständig ist – leider fehlt aber bisher ein entsprechend umfassender Datensatz. Um diesem Mangel trotz fehlender neuer Daten beizukommen, wiederholte BARON (2022, 3) Analysen auf Grundlage der Daten der vorherigen Studien, indem er deren Daten verwendete und dabei mehr Ornithischia-Arten miteinschloss. So nutzte er dieselben Daten wie NOVAS et al. (2015) (s. Abb. 6: 3A und 3B) und auch die von CAU (2018) (s. Abb. 6: 4A und 4B).⁷

In den folgenden phylogenetischen Analysen zeigt sich, dass *Chilesaurus* je nach Methode, Kriterien und einbezogenen Vergleichsarten wild durch den Stammbaum springt. Übrigens haben MÜLLER & GARCIA (2023,

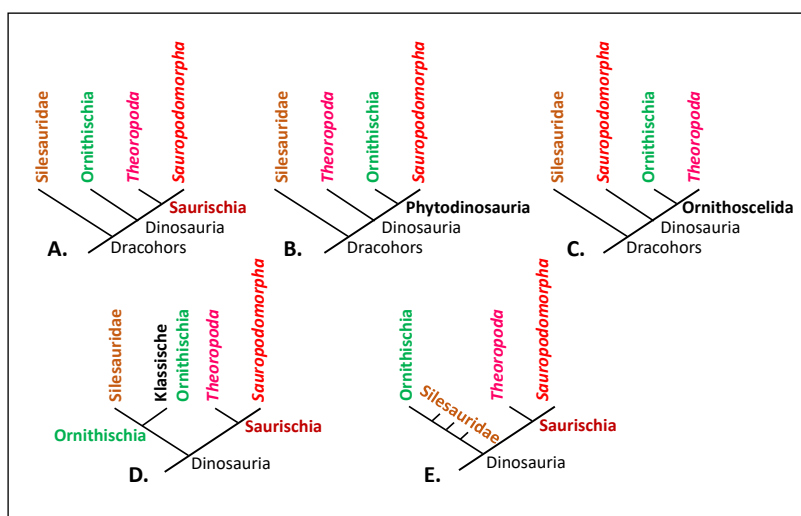
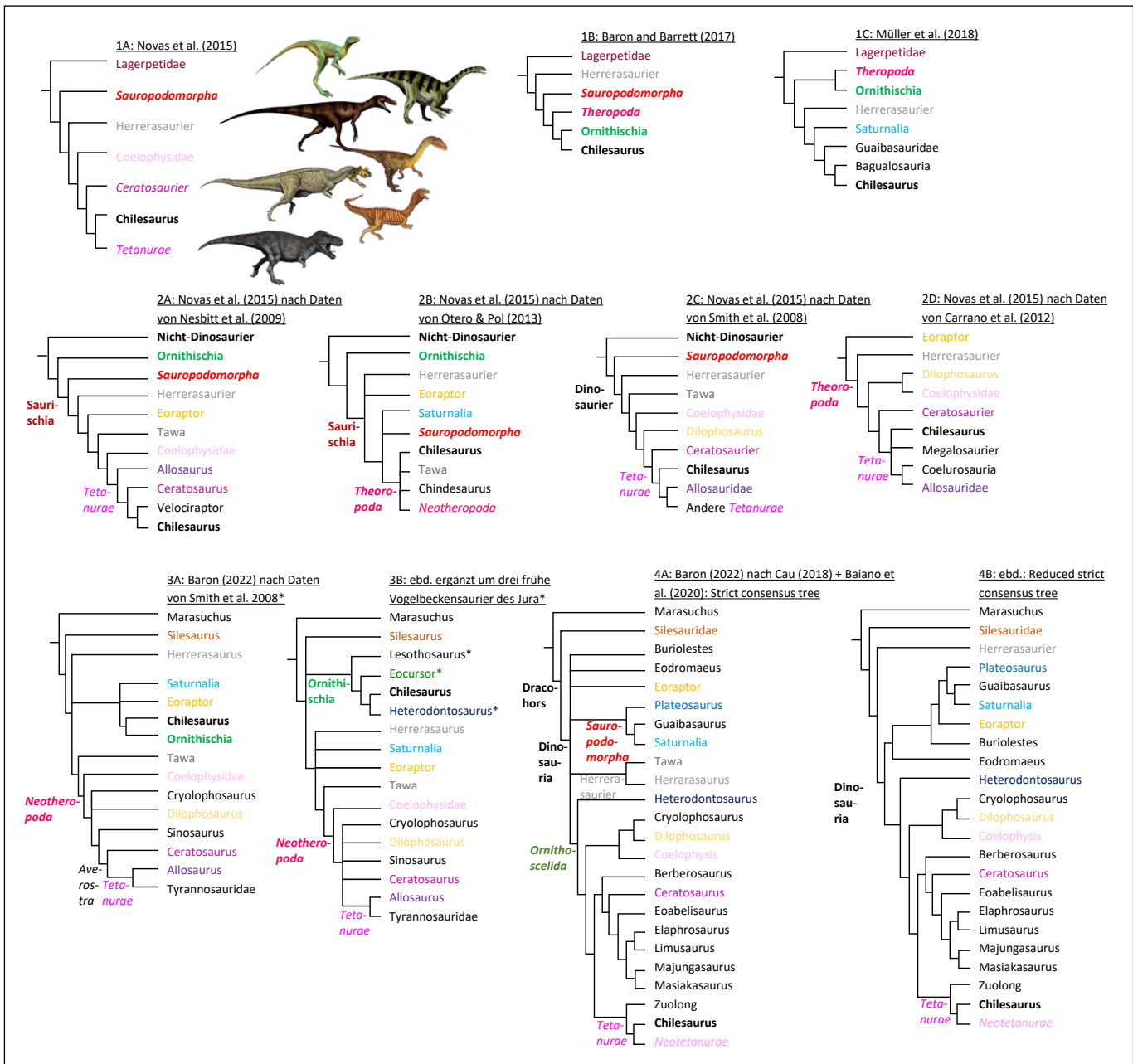


Abb. 5 Ein Vergleich verschiedener phylogenetischer Beziehungen der Groß-Claden (-Gruppen) der Dinosaurier – unter Einbeziehung der Silesauridae (alles nach NORMAN et al. 2022, Fig. 1): **A** Die traditionelle Hypothese (z. B. nach NESBITT 2011; LANGER et al. 2017); **B** die „Phytodinosauria“-Hypothese (z. B. nach PAUL 1984; BAKKER 1996); **C** die „Ornithoscelida“-Hypothese (z. B. BARON et al. 2017a,b; CAU 2018)²; **D** traditionelle Hypothese mit Silesauridae innerhalb der Ornithischia (z. B. LANGER & FERIGOLO 2013; CABREIRA et al. 2016); **E** traditionelle Hypothese mit paraphyletischem (mehrfachen) Ursprung der Silesauridae an der Basis der Ornithischia. (Eigene Darstellung nach NORMAN et al. 2022, Fig. 1)



2) bei ihrer Analyse eines neuen Silesauriden aus Brasilien aus genau diesem Grund *Chilesaurus* sogar komplett ausgeschlossen: „*Chilesaurus diegosuarezi* wurde wegen seiner umstrittenen Verwandtschaft aus der Datenmatrix entfernt.“

In Abb. 6 werden die verschiedenen möglichen Cladogramme (Verzweigungsbäume) der verschiedenen Dinosaurier einschließlich *Chilesaurus* dargestellt. Es zeigt sich, dass kein einheitliches Dinosaurier-Cladogramm in Sicht ist, aus dem man einen evolutionären Stammbaum ableiten könnte.

Im Kasten auf der nächsten Seite wird die methodische Kritik, die BARON (2022) an den vorherigen Studien geübt hat, zusammenfassend dargestellt. Vor allem kritisierte er, dass zu wenig Vergleichsgruppen als sogenannte „Outgroups“ einbezogen waren. Allerdings ist die Kritik von BARON (2022) an den vorherigen Studien

Abb. 6 Verschiedene vereinfachte phylogenetische Analysen zur Einordnung von *Chilesaurus* (**fett** markiert); andere Arten, die häufig wiederkehren, haben zur besseren Identifikation eine eigene Farbe erhalten (alles nach BARON 2022, Fig. 1–4; z. T. vereinfacht). (Eigene Darstellung nach BARON 2022, Fig. 1–4; Bilder: Wikimedia: Nobu Tamura (<http://spinops.blogspot.com/>), CC BY-SA 4.0; Nobu Tamura (<http://spinops.blogspot.com>) edits by FunkMonk, CC BY 2.5; Paleoneolithic, CC BY-SA 4.0; nach Firsfron, CC BY-SA 3.0; DiBgd at, CC BY 2.5; Arcovenator, CC BY 3.0)

manchmal überzogen, da teilweise mehr offene Fragen bestehen, als er zugeben will. Insgesamt bleibt auch in den von BARON (2022) durchgeführten Analysen die systematische Position von *Chilesaurus* „höchst instabil“. Zudem gibt es nach wie vor „anatomische Beweise“ für eine Zugehörigkeit zu den Theropoda (1.) wie auch zu den Ornithischia (2./4.), auch wenn BARON (2022) Ersteres für wahrscheinlicher hält.

„Die Ergebnisse der verschiedenen-phylogenetischen Analysen [...] stützen die Schlussfolgerung, dass die systematische Position von *Chilesaurus* höchst instabil ist.“

Die Methodenkritik von BARON (2022)

Zu den Daten von NOVAS et al. (2015) merkte BARON (2022, 3) kritisch an, dass die Zielgruppe, in der die phylogenetische Position gesucht worden war, zu schnell festgelegt wurde. Weiterhin seien zu wenige Sauropodomorpha eingeschlossen gewesen – wie *Silesaurus*, der gar kein Dinosaurier sei (BARON 2022, 5). Es gibt zwar einige phylogenetische Analysen, die das unterstützen, aber eben nicht alle, da manche Analysen *Silesaurus* doch als Dinosaurier einordnen (s. Abb. 7: 5A, 5D und 5E). Manche der verwendeten Theropoden seien laut BARON (2022, 4f) nach heutigem Verständnis gar keine Theropoden und vielleicht nicht einmal Dinosaurier wie die Herrerasaurier. Auch wenn die Stellung als Theropoden in Bezug auf die Herrerasaurier keine wirkliche Unterstützung in den in Abb. 6 und 7 vorgestellten phylogenetischen Analysen hat, so ordnet eine Vielzahl von cladistischen Analysen sie doch als Dinosaurier ein (1A, 1C, 2A, 2B, 2C, 2D, 3B, 4A, 5B, 5C, 5D und 5E).⁸ Weiterhin sei *Eoraptor* nicht unproblematisch: Er wurde früher als Theropode vorgeschlagen und dann von den meisten Studien als Vertreter der Sauropodomorphen eingeordnet (BARON 2022, 4). Dem widersprechen wiederum KAMMERER et al. (2020, Fig. 2; s. Abb. 7: 6). Weiterhin kritisiert BARON (2022, 4) die nahe Verwandtschaft von *Chilesaurus* zu *Velociraptor*, die bei NOVAS et al. (2015) herauskam (s. Abb. 6: 2A), aus rein evolutionär-spekulativen Gründen: Es seien ja bloß „eine Reihe von Konvergenzen“, da *Velociraptor* aus der Oberkreide stammt und daher zu jung und zu abgeleitet („fortschrittlich“) sei. *Konvergente Evolution* meint den unabhängigen evolutionären Erwerb gleicher oder ähnlicher Merkmale. In einer eigenen Analyse mit entsprechend erweiterten Daten konnte BARON (2022, Fig. 3) schließlich zwei Cladogramme vorlegen (s. Abb. 6: 3A und 3B), in denen *Chilesaurus* an der Basis (2.) bzw. innerhalb der Ornithischia eingeordnet wurde (4.). Doch so berechtigt die Forderung nach mehr Vergleichsarten durch BARON (2022) auch ist, seine Kritik an der Erstbeschreibung von NOVAS et al. (2015) erscheint insgesamt doch etwas überzogen, da BARON einige Fragestellungen (wie z. B. die Einordnung der Herrerasaurier) der Dinosaurier-Forschung schon für geklärt hält, die gar nicht so eindeutig sind.

An der Studie von CAU (2018), die eine Position von *Chilesaurus* als Tetanuren (1.) unterstützte, kritisierte BARON (2022, 3), dass das verwendete Datenset vor allem auf Theropoden fokussiert war und daher alternative Hypothesen schwer zu testen waren. Allerdings gibt es nach wie vor einige, wenn auch „relativ limitierte“ Argumente für die Einordnung als Tetanure (BARON 2022, 3).⁹ BARON (2022, 5) weist dann ja auch selbst darauf hin, dass es „eine lange Liste“ von Merkmalen gibt, die *Chilesaurus* mit den Tetanurae und anderen fortschrittlichen Theropoden verbindet. Um das zu überprüfen, hat BARON (2022, 5f) die Daten von CAU (2018) um zwei diagnostische Merkmale von Ornithischia ergänzt, neue Erkenntnisse zu *Pisanosaurus* eingefügt und damit zwei neue phylogenetische Analysen erstellt (Abb. 6: 4A und 4B): Und immer noch ergab sich – zu BARONS Überraschung –, dass *Chilesaurus* ein Tetanure (1.) ist. BARON (2022, 6) spekuliert aber darüber, dass dieses

Ergebnis „nicht notwendigerweise informativ“ sei, weil ja phylogenetische Analysen aufgrund dieses riesigen Datensatzes mit über 1781 Merkmalen (vgl. CAU 2018, 4) „häufig“ ganz verschiedene Verhältnisse in der Dinosaurier-Verwandtschaft ergeben. Hier erscheint seine Argumentation nicht stringenter.

Aus Schöpfungsperspektive sind widersprüchliche Stammbaum-Rekonstruktionen mithilfe derselben(!) Daten hingegen zu erwarten und daher gar kein Kritikpunkt, mit dem man einen so umfänglichen Datensatz lapidar beiseite wischen könnte. Außerdem gibt BARON (2022, 6) auch zu, dass dieses Ergebnis nicht am Fehlen der Ornithischia-Merkmale gelegen haben kann; BARON & BARETT (2017, 2) hatten nämlich elf Synapomorphien von *Chilesaurus* mit den Ornithischia festgestellt.¹⁰ Und schließlich schlussfolgert BARON (2022, 8): „Mit einer breiteren Stichprobe von Theropoden und mehr anatomischen Merkmalen könnte der Datensatz von CAU (2018) ein stärkeres Argument für die Position von *Chilesaurus* innerhalb der Tetanurae-Linie liefern, was seine seltsame Kombination von ‚Ornithischia-ähnlichen‘ Merkmalen zu einem möglichen Beispiel für Konvergenz macht.“ Dies bedeutet vereinfacht gesagt nichts anderes, als dass der „seltsame“ Merkmalsmix von *Chilesaurus* erhärtet wurde und daher Evolutionsbiologen zur Annahme vielfältiger Konvergenzen zwingt.

Neuere phylogenetische Analysen haben das evolutionäre Dilemma um *Chilesaurus* nicht gelöst, sondern erhärtet.

Weiterhin hält es BARON (2022, 8) für „interessant“, dass der Einschluss von wenigen instabilen basalen Taxa wie *Tawa hallae* und *Daemonosaurus chauliodus* die Beziehungen der Dinosaurier untereinander teilweise deutlich verändern kann (vgl. Abb. 6: 4A+4B). Mit anderen Worten: Nicht nur *Chilesaurus*, sondern auch andere Dinosauriergruppen (BARON 2022, 1+8) haben einen Einfluss auf die Stammbaum-Rekonstruktion, weil sie je nach Analyse den Dinosaurier-Stammbaum durcheinanderwirbeln.

Letztlich kommt BARON (2022, 8) zu dem Schluss: „Die Ergebnisse der verschiedenen phylogenetischen Analysen in dieser Studie stützen die Schlussfolgerung, dass die systematische Position von *Chilesaurus* höchst instabil ist und dass es anatomische Beweise gibt, die seine Einordnung entweder in Theropoda oder Ornithischia unterstützen könnten. Dies deckt sich mit den Ergebnissen anderer aktueller Studien, die sich mit der systematischen Position von *Chilesaurus* befasst haben [...], und unterstreicht den Einfluss von Merkmalsauswahl, Merkmalsbewertung und Taxonstichproben auf das Ergebnis phylogenetischer Analysen“. Insgesamt hält BARON (ebd.) die Hinweise auf die ursprüngliche Position von *Chilesaurus* als Tetanurae (1.) aber für „stärker“.

Ein aktueller Überblick nach NORMAN et al. (2022)

NORMAN und Kollegen (2022), zu denen übrigens auch Matthew Baron gehört, haben sich in einem noch neueren Überblicksartikel den Ornithischia aus phylogenetischer Perspektive gewidmet und dabei *Chilesaurus* kurz besprochen. Außerdem haben sie verschiedene phylogenetische Analysen vorgestellt (s. Abb. 7: 5A bis 5E), die auf der Grundlage von Datensets über frühe Dinosaurier von MÜLLER & GARCIA (2020) erstellt worden waren und um neun Ornithischier ergänzt worden sind.

NORMAN et al. (2022, 3) zufolge passt die Interpretation von *Chilesaurus* als Übergangsform von Ornithischia zu Theropoden (2.) stratigraphisch und evolutionär in Bezug auf die Entstehung des Ornithischia-Bauplans nicht.¹¹ Die Autoren scheinen eher eine Zugehörigkeit zu den Theropoden (1.) zu vermuten und spekulieren aufgrund der „kuriosen“ Anatomie des Beckens von *Chilesaurus*, dass Theropoden das *opisthopubische* Becken (das Schambein zeigt nach unten und hinten, parallel zum Sitzbein; s. Abb. 4) mehrfach erworben haben (also *konvergent*). Alternativ schlagen sie vor, dass es sich um einen *Atavismus* handelt, also um ein wie-



dererlangtes Merkmal, das evolutionär verloren gegangen war. Federico Agnolín bestätigte die Zugehörigkeit zu den Theropoden aufgrund verschiedener Merkmale (NORMAN et al. 2022, 3).¹²

Schlussfolgerungen

Angesichts der völlig unerwarteten Merkmalskombination wundert es nicht, dass NOVAS et al. (2015) *Chilesaurus* als „bizarrr“ bezeichnen. *Chilesaurus* repräsentiere einen extremen Fall einer „Mosaik-Evolution“ unter den Dinosauriern (ebd.)¹³, was dazu führte, dass er häufig analysiert worden ist und auch schon als „Frankenstein-Dinosaurier“ bezeichnet wurde (BARON 2022, 1).

Der Co-Autor der ersten Studie über *Chilesaurus*, Martin Ezcurra von der Universität Birmingham, hält *Chilesaurus* für einen „der interessantesten Fälle von konvergenter Evolution in der gesamten Geschichte des Lebens“.¹⁴ Wörtlich sagte Ezcurra in *Sci News*: „*Chilesaurus diegosuarezi* kann als ‚Schnabeltier‘ betrachtet werden, da verschiedene Teile seines Körpers denen anderer Dinosauriergruppen aufgrund einer mosaikartigen konvergenten Evolution ähneln.“¹⁵

Der bunte Merkmalsmix von *Chilesaurus* erfordert im Rahmen des Evolutionsmodells die Annahme mehrerer Konvergenzen oder Rückentwicklungen (z. B. Letzteres im Bereich des Fußes nach NOVAS et al. 2015, 4). Das heißt: Eine Reihe von Merkmalen müsste sich unab-

Abb. 7 Weitere (vereinfachte) phylogenetische Analysen zur Einordnung von *Chilesaurus* (**fett** markiert) und weiterer schwer einzuordnender Dinosaurier-Arten: 5A–E nach NORMAN et al. (2022, Fig. 2–5). 6 nach KAMMERER et al. (2020, Fig. 2). 6 enthält *Chilesaurus* nicht, weist aber häufig dieselben Arten wie die anderen Cladogramme auf und eignet sich daher als ein von *Chilesaurus* unabhängiges Kontrollergebnis. (Eigene Darstellung)

hängig in verschiedenen Linien evolutionär herausgebildet haben. Dazu gehört beispielsweise die pflanzenfressende Ernährungsweise, wenn *Chilesaurus* ein Theropode war – wofür die aktuelle Forschung am ehesten spricht. Auf [wissenschaft.de](https://www.wissenschaft.de) wird Martin Ezcurra mit dem Satz zitiert, *Chilesaurus* liefere ein gutes Beispiel dafür, wie Evolution funktioniert.¹⁶ Das ist eigentlich ein überraschendes Statement. Denn ein solcher Merkmalsmix war nicht erwartet worden, und zwar gerade deshalb, weil man von einer Evolution der Lebewesen und damit von einem Stammbaum des Lebens ausgeht.¹⁷ Hier wird ohne weitere Begründung der Bock zum Gärtner gemacht. Das Statement von Ezcurra, dass *Chilesaurus* zeige, wie Evolution funktioniert, ist auch aus einem zweiten Grund fragwürdig: Der unerwartete Merkmalsmix mit den anzunehmenden Konvergenzen sagt an sich gar nichts darüber aus, wie Evolution funktioniert. „Konvergenz“ ist nämlich gar keine Erklärung – kein Grund –, sondern nur eine Beschreibung bzw. Benennung oder Zuschreibung. Wie es dazu kommen kann, dass vielfach in einer Art konvergente Merkmalsausprägungen auftreten (vgl. JUNKER 2021), ist nicht Gegenstand der Arbeit von NOVAS et al. (2015), aber für evolutionäre Hypothesen bleibt genau das eine Herausforderung.

Ein solcher Merkmalsmix wie bei *Chilesaurus* war nicht erwartet worden, weil man von einer Evolution der Lebewesen und damit von einem Stammbaum des Lebens ausgeht.

Die Tatsache, dass man Arten und größere Gruppen problemlos in ein hierarchisches, eingeschautes System einordnen kann, war bisher eines der klassischen Argumente für Evolution. Die Erstellung eines solchen Systems scheint, je mehr man über die Lebewesen weiß, desto weniger möglich zu sein, was folglich das Argument für Evolution in Form eines Stammbaums aller Lebewesen schwächt. *Chilesaurus* ist diesbezüglich ein besonders eindrucksvolles Beispiel. Auch neueste phylogenetische Analysen haben an diesem Bild nichts geändert.

So bezeichnet auch BARON (2022, 1+3+8) die evolutionäre Position der „kryptischen“ bzw. „seltsamen“ Taxa wie *Chilesaurus* und *Pisanosaurus* in phylogenetischen Analysen als „instabil“. Diese „Ergebnisse haben gezeigt, wie unbeständig die Position bestimmter fossiler Taxa in groß angelegten phylogenetischen Analysen sein kann“ (BARON 2022, 7).

Insgesamt finden zwei der vier grundlegenden Hypothesen über die Zuordnung von *Chilesaurus* in mehreren phylogenetischen Analysen (s. Abb. 6+7) Unterstützung: *Chilesaurus* wurde den Theropoda (2B, 5B, 5D) bzw. konkret den Tetanurae (1A, 2A, 2C, 2D, 4A, 4B) und den Ornithischia (1B, 3A) bzw. konkret den Heterodontosauridae (3B, 5A, 5E) zugeordnet. Die These, dass *Chilesaurus* direkt an der Basis der neu aufgestellten Groß-Clade „Ornithoscelida“ steht, wird nur von einer einzigen Analyse nahegelegt (5C), ebenso wie die These, er sei ein Sauropodomorpha (1C).

Der aktuelle Trend bewegt sich nach Jahren der Diskussion wieder in Richtung der Ursprungshypothese, dass *Chilesaurus* doch ein „seltsamer“ Theropode sein könnte, der viele Konvergenzen erzwingt. BARON (2022) konstatiert passenderweise, dass „die in einigen Bereichen des Körpers auftretenden Merkmale, wenn sie allein analysiert würden, als sehr starker Beweis für sehr unterschiedliche phylogenetische Zugehörigkeiten gelten würden“.

Doch die Unsicherheit des gesamten Dinosaurier-Stammbaums zeigt sich nicht nur bei *Chilesaurus*. Auch andere Gruppen springen je nach zugrundegelegter Untersuchung wild durch die Stammbäume bzw. lassen diese als „instabil“ erscheinen. Dazu gehören die Herrerasaurier (vgl. Abb. 5+6), deren phylogenetische Position „unsicher“ bleibt (BARON 2022, 3f), aber auch *Tawa*, *Daemonosaurus* und die Silosauriden (= keine Dinosaurier, basale Dinosaurier oder gar Ornithischier?).

Diesem Befund lässt sich evolutionär nur durch entschiedene Methodenkritik an den Stammbaumanalysen oder mit der Behauptung zahlreicher Konvergenzen begegnen. Allerdings stellt der Ansatz, dass Evolution so funktioniert, dass es viele Konvergenzen geben soll, lang vertretene Darwin'sche Überzeugungen auf den Kopf. Und wenn Evolution wirklich so funktionieren würde, wie könnte man dann überhaupt noch auf der Basis von Merkmalsvergleichen Abstammungsverhältnisse ermitteln? Wenn ähnliche Merkmale gleichermaßen durch Abstammung von einem gemeinsamen Vorfahren wie auf unabhängigen Wegen entstehen können (ohne Abstammungsbeziehung) – und das dazu noch die Art wäre, wie Evolution funktioniert –, wie könnten sie dann noch Marker für Abstammungsverwandtschaft sein?¹⁸ Es ist dabei wichtig zu wissen, dass die verschiedenen Stammbaumrekonstruktionen der Taxa (Gruppen) unterschiedlichster Lebewesen aus Evolutionsperspektive ganz systematisch voller Konvergenzen sind (vgl. JUNKER 2021; SCHOLL 2022a, b).

Wenn Evolution wirklich vielfältige Konvergenzen hervorbringt, wie könnte man dann überhaupt noch mittels Merkmalsvergleichen Abstammungsverhältnisse ermitteln?

Das Beispiel *Chilesaurus* mahnt abgesehen von diesen grundsätzlichen Fragen auch zur Vorsicht bei der Deutung von solchen Fossilien, die im Gegensatz zu *Chilesaurus* sehr unvollständig vorliegen: Die Ähnlichkeit verschiedener Arten in einem Teil des Bauplans lässt nicht sicher darauf schließen, dass auch die restlichen Teile bauplanähnlich sind. Nicht nur der gut erhaltene *Chilesaurus* zeigt, dass das nicht so sein muss. Dies ist aus Schöpfungsperspektive auch gar nicht überraschend: Schließlich kann ein Schöpfer Merkmale bei erschaffenen Grundtypen frei zuteilen – egal ob menschliche Forscher das Ergebnis dann als „seltsamen Frankensteinmonster“-Mix ansehen oder nicht. *Chilesaurus* passt insofern gut ins Bild: Insgesamt stellen sich die Ähnlichkeitsbeziehungen der Lebewesen immer mehr als *Netzwerk* statt als Stammbaum dar, weil bei einer Baumdarstellung mit *vielen* Merkmalswidersprüchen gerechnet werden muss.

Dieser Artikel ist eine stark überarbeitete, erweiterte und aktualisierte Version dieses Artikels: JUNKER R (2015) Bunttes Merkmalsmosaik: Ein „Schnabeltier“ unter den Raubdinosauriern. *Genesisnet.info News*, vom 19.05.2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n227.php.

Literatur

- BARON MG (2022) The effect of character and outgroup choice on the phylogenetic position of the Jurassic dinosaur *Chilesaurus diegosaurezi*. Article in Press: *Palaeoworld*, <https://www.researchgate.net/publication/366111173>.
- BARON M, NORMAN D & BARRETT P (2018) A new hypothesis of dinosaur relationships and early dinosaur evolution. *Nature* 543, 494–495, doi:10.1038/nature21700.
- BARON MG & BARRETT PM (2017) A dinosaur missing-link? *Chilesaurus* and the early evolution of ornithischian dinosaurs. *Biol. Lett.* 13, 20170220, <http://dx.doi.org/10.1098/rsbl.2017.0220>.
- BARON MG & BARRETT PM (2018) Support for the placement of *Chilesaurus* within Ornithischia: a reply to Müller *et al.* *Biol. Lett.* 14, 20180002, <http://dx.doi.org/10.1098/rsbl.2018.0002>.
- BEHE MJ (2019) Darwin Devolves. The New Science About DNA That Challenges Evolution. New York. Kindle-Version.
- CAU A (2018) The assembly of the avian body plan: A 160-million-year long process. *Boll. Soc. Paleontol. Ital.* 57, 1–25, doi: 10.4435/BSPI.2018.01.
- JUNKER R (2017) Neuordnung der Dinosaurier? Streiflichter. *Stud. Integr. J.* 24, 123.
- JUNKER R (2021) Evolution „erklärt“ Sachverhalte und ihr Gegenteil. In: JUNKER R & WIDENMEYER M (Hrsg.) *Schöpfung ohne Schöpfer? Eine Verteidigung des Design-Arguments in der Biologie*. SCM Hänssler, Holzgerlingen, 125–138.
- KAMMERER CF *et al.* (2020) A tiny ornithodiran archosaur from the Triassic of Madagascar and the role of miniaturization in dinosaur and pterosaur ancestry. *PNAS* 117, 17932–17936, <https://doi.org/10.1073/pnas.1916631117>.
- MÜLLER RT & DIAS-DA-SILVA S (2017) Taxon sample and character coding deeply impact unstable branches in phylogenetic trees of dinosaurs. *Hist. Biol.* 31, 1089–1092, doi:10.1080/08912963.2017.1418341.
- MÜLLER RT & GARCIA MS (2023) A new silesaurid from Carnian beds of Brazil fills a gap in the radiation of avian line archosaurs. *Sci. Rep.* 13, 4981, <https://doi.org/10.1038/s41598-023-32057-x>.
- MÜLLER RT *et al.* (2018) Comment on ‘A dinosaur missing-link? *Chilesaurus* and the early evolution of ornithischian dinosaurs’. *Biol. Lett.* 14, 20170581, <https://doi.org/10.1098/rsbl.2017.0581>.
- NORMAN DB *et al.* (2022) Taxonomic, palaeobiological and evolutionary implications of a phylogenetic hypothesis for Ornithischia (Archosauria: Dinosauria). *Zool. J. Linn. Soc.* 196 (7651), doi:10.1093/zoolinnean/zlac062.
- NOVAS FE *et al.* (2015) An enigmatic plant-eating theropod from the Late Jurassic period of Chile. *Nature* 522, 331–334, doi:10.1038/nature14307.
- SCHOLL B (2022a) Widersprüchliche Zahnevolution. Ausgestorbene Reptilien und Säugetiere widersetzen sich Stammbaumrekonstruktionen. *Stud. Integr. J.* 29, 72–79.
- SCHOLL B (2022b) Viele Saurier waren „gleichwarm“ – Die völlig unsystematische Verteilung der Endothermie. *Stud. Integr. J.* 29, 127f.
- SHUBIN N (1998) Evolutionary cut and paste. *Nature* 394, 12–13.

Anschrift der Verfasser:

Benjamin Scholl und Reinhard Junker,
SG Wort und Wissen,
Peter-Stein-Str. 4, 72250 Freudenstadt;
E-Mail: b.scholl@wort-und-wissen.de;
r.junker@wort-und-wissen.de

Die Anmerkungen finden sich im Online-Zusatzmaterial:
www-si-journal.de/jg31/heft1/chilesaurus

Wurde der Gott Israels auf der Sinai-Halbinsel verehrt?

Auf den Spuren der Israeliten und der verwandten Völker

Trotz der wiederholten Behauptung, der biblische Berg Sinai dürfte in Saudi-Arabien gelegen haben, gibt es gute Gründe, die frühchristliche Tradition zu akzeptieren, nach der sich der Ort auf der sinaitischen Halbinsel befand. Dort – und nicht in Arabien – ist die Verehrung des Gottes vom Sinai (El/Jahwe) gut belegt, sowohl aus der Zeit des Exodus als auch aus späterer Zeit.

Peter van der Veen

Einleitung

Das Volk Israel überquerte während des Auszugs aus Ägypten sicherlich nicht das Rote Meer östlich der Sinai-Wüste (wie in jüngster Zeit immer wieder behauptet worden ist), sondern das Seengebiet unmittelbar an der Ostgrenze des ägyptischen Nildeltas. So sind die im 2. Buch Moses genannten Ortschaften des Auszugs in ägyptischen Quellen, die das östliche Nildelta beschreiben, gut belegt (VAN DER VEEN 2018). Zudem wurde in *Keine Posaunen vor Jericho?* erörtert, warum auch der biblische Berg Horeb nicht auf der arabischen Halbinsel zu suchen ist (wie wiederholt behauptet wurde), sondern auf der sinaitischen Halbinsel, unmittelbar südöstlich des Niltals. Im genannten Aufsatz wurde aber nicht auf die Frage eingegangen, wo sich der biblische Berg im Sinai befand und ob wir im Sinai Indizien für die Israeliten während ihrer Wüstenwanderung finden. Außerdem wurde nicht dargelegt, ob die mit den Israeliten verwandten Bevölkerungsgrup-

pen dort belegt sind und somit nachgewiesen werden können. In diesem Artikel soll deshalb speziell nach solchen Indizien gesucht werden und auch nach Hinweisen, dass die Menschen im Hochland des südlichen Sinai den Gott *Jahwe* bzw. *El* verehrten.

Der Berg Horeb und die Spuren einer alten Religion

Die Frage nach dem „Wo?“ beim Gottesberg Sinai ist allerdings nicht so einfach zu beantworten, da sich für den Horeb gleich mehrere Kandidaten finden lassen (Abb. 1). So kämen ganz im Süden der Sinai-Halbinsel u. a. der Jebel Serbal, Jebel Musa oder etwa der Ras Safsafa in Frage. Eine kritische Untersuchung aller dieser Berge würde jedoch den Rahmen dieses Beitrags sprengen. Zudem wurde über diese Berge bereits sehr viel geforscht und veröffentlicht. Eine detaillierte Zusammenfassung der relevanten Berge findet sich beispielsweise bei James HOFFMEIER (2005, 112–148), David ROHL (2015, 221–235) und bereits sehr ausführlich bei Georg EBERS (1881, 189–232). Alle drei genannten Berge befinden sich unweit des Wadi Feiran (das noch den alten Namen „Paran“ aus 1. Mose 14, 21 bewahrt hat; s. AVNER 2015, 406) und nahe des Wadi Refayid, das mit dem biblischen Rephidim identisch sein könnte. Hier haben die Israeliten nach biblischer Überlieferung gegen die Amalekiter gekämpft (2. Mose 17,8–16).

Paran wird mehrfach im südlichen Sinai in nabatäischen Inschriften erwähnt, was für die dortige Lokalisation der Wüste und des Berges Parans spricht.

Kompakt

„Wo befand sich der ursprüngliche Berg Horeb?“ Diese Frage wurde in jüngster Zeit erneut kontrovers diskutiert. Dabei war vor allem die Frage zentral, ob der Berg anstatt der traditionellen Lokalisierung in der Wüste Sinai nicht eher weiter östlich auf der nordarabischen Halbinsel zu suchen ist. Wie aber der Autor anderweitig bereits dargelegt hat (VAN DER VEEN 2018), sprechen die in der biblischen Geschichte zur Auszugsroute genannten Ortschaften eher für die traditionelle Lokalisierung. Trotz vieler Jahre Forschungstätigkeit in der Lokalisierung des Horeb wird es schwer sein, den genauen Ort zu bestimmen. Deshalb möchte der Autor hier vordergründig der Frage nachgehen, ob es im Sinai archäologische Hinweise dafür gibt, dass sich Israeliten und verwandte Stämme zur Zeit des Exodus dort aufgehalten und ihren Gott Jahwe/El verehrt haben. Viele ägyptische und westsemitische Inschriften bei den Türkis- und Kupferminen von Serabit el-Chadim aus dem zweiten Jahrtausend v. Chr. mit hebräischen, midianitischen und kenitischen Personennamen scheinen dies tatsächlich zu bestätigen.



Laut dem israelischen Archäologen Uzi AvNER wird im südlichen Sinai (im Feiran-Becken) „Paran“ in nabatäischen Inschriften aus der Römerzeit etwa 46-mal erwähnt, sodass man davon ausgehen darf, dass „dies die geografische Lage der biblischen Wüste Paran und des Berges Paran“ ist (2015, 406).

Gab es ausreichend Wasser, um in der Wüste überleben zu können?

Die Wadi-Feiran-Gegend (samt der Quelle Aynan Feiran) bietet für eine größere Bevölkerungsgruppe wie die Israeliten reichlich Wasser.¹ Dies dürfte jedoch auch auf manche anderen Gegenden auf der Halbinsel zutreffen – ungeachtet der Frage, ob vielleicht das Klima im Sinai (wie am Ende der Mittleren Bronzezeit, LANGGUT et al. 2015) feuchter war, was das Leben der Israeliten in der Wüste zweifellos vereinfacht hätte. Obwohl die Ägypter die Sinai-Halbinsel *bj3* („Land des Erzes“) nannten, dürfte ursprünglich im mittellägyptischen Wort auch das westsemitische *bir*, „Brunnen“, mitgeschwungen haben (MORENZ 2011, 67; KNAUF 1984, 36). Tatsächlich prahlten die ägyptischen Pharaonen wiederholt damit, im Sinai Brunnen gegraben zu haben, um ihre Expeditionen zu den dortigen Türkis- und Kupferminen zu ermöglichen. So schreibt Amenemhat III. (konventionell 1842–1795 v. Chr.) in einer Felsinschrift in Serabit el-Chadim: „Ich fand Wasser“, woraufhin er Gärtner schickte, um die Gegend zu bebauen (MORENZ 2011, 69). Auch schick-

te der König bis zu 500 Esel, die geschätzt bis zu 30.000 Liter Wasser transportieren konnten, um die Minenarbeiter vor Ort zu versorgen (MORENZ 2011, 68–69).² Etwa ein halbes Jahrtausend später wird auf einer Stele aus dem nahegelegenen Wadi Maghara zu Ramses II. (konventionell 1279–1213 v. Chr.) gesagt: „Wenn du gebietest dem Wasser: fließe über den Felsen, so strömt eilends ein Ozean hervor in Folge deines Befehles“ (EBERS 1881, 169).

Kultische Spuren einer alten Religion?

Vor 150 n. Chr. trafen die Nabatäer (aus Idumäa/Edom) laut einer Überlieferung bei Diodor (III, 42–43), die auf Agatharchides von Knikos um 130 v. Chr. zurückzugehen scheint, auf der südlichen Halbinsel auf einen uralten sakralen Ort (dazu GRESSMANN 1917, 153–156). Dies bestätigt, dass die Gegend auch später noch von religiösen Pilgern besucht wurde. Dort ist auch die Rede von einem „quellenreichen Palmenhain“ (ähnlich Strabon: 16.14.18), wo sich eine unbekannte (nichtägyptische) Inschrift und ein Heiligtum befanden und Priester Dienst taten (MAIBERGER 1984, 101).³ Obwohl gewöhnlich vermutet wird, dass der genannte Palmenhain mit der Oase Feiran im Süden der Halbinsel identisch ist, lässt sich dies aber nicht mehr mit Sicherheit feststellen (ebd., 102). So könnte sich der Ort vielleicht auch etwas nördlicher, etwa bei Serabit el-Chadim, befunden haben. Obwohl direkt bei Serabit el-Chadim (ca. 50 km Luftlinie nördlich vom

Abb. 1 Die Karte zeigt einen Ausschnitt des südlichen Teils der Sinai-Halbinsel mit im Artikel genannten Ortschaften. (© P. van der Veen / J. Weiss)

Jebel Musa) bis dato keine Spuren eines quellenreichen Palmenhains entdeckt wurden, gibt es dort viele alte „protosinaitische“ Inschriften, die man zur Zeit der Nabatäer nicht mehr verstanden hätte. Wasser gab es in der Umgebung, denn wie wir oben bereits betonten, legten die Ägypter dort Brunnen an, deren Wasser mit Eseln herbeitransportiert wurde, um die Minenarbeiter zu versorgen.

Alte Inschriften bei Serabit el-Chadim

In und um Serabit el-Chadim gibt es neben ägyptischen Inschriften auch viele protoalphabetische. Diese wurden überwiegend von vorderasiatischen Minenarbeitern im Dienst der ägyptischen Krone während des späten Mittleren Reiches und der Zweiten Zwischenzeit (konventionell 1850–1550 v. Chr.) in den Felswänden nahe der Minen und auf Steintafeln eingeritzt (MORENZ 2019, 54–64, 140–141).⁴ Eine solche zeitliche Eingrenzung der Inschriften⁵ ist hier von besonderer Bedeutung, da laut VAN DER VEEN (2018) die Israeliten zu dieser Zeit in Ägypten lebten und gegen Ende der Periode (Mittlere Bronzezeit III, konventionell um 1550 v. Chr.) Kanaan eroberten (VAN DER VEEN & ZERBST 2022, 147–181). Zeitlich wäre also eine Verbindung zu den Israeliten in Ägypten und dem biblischen Auszug gegeben.

Israelitische und verwandte midianitisch-kenitische Namen

Die ägyptischen und protosinaitischen Inschriften Serabit el-Chadims nennen eine Vielzahl von vorderasiatischen Personennamen (MOURAD 2015, 305–308), die auch teilweise aus den biblischen Geschichten des frühen

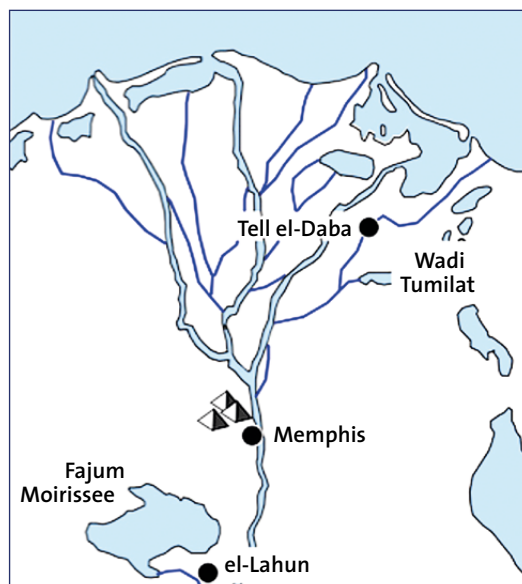
Israels bekannt sind. So ist dort beispielsweise die Rede von zwei fast gleichnamigen Vorderasiaten, nämlich einem Leva (mit dem Beinamen „der Vorderasiat“, ägyptisch *ʿ3m r-w-3*) und einem Levi (*r3wi*; dazu GIVEON 1978, 134). Levi wird zudem als „ehrwürdiger Herr“ bezeichnet (S81). In weiteren Inschriften treffen wir den Namen Schakarum (ägyptisch *Šk3m*, S40; WILSON-WRIGHT 2016, 249) an, der sprachlich mit dem biblischen Namen Issachar (hebräisch für „Tagelöhner“) verwandt sein dürfte. Weiter kommen Namen wie Ben-Sur (protoalphabetisch *bnsr*, S356; MORENZ 2019, 142 und 146), Abimelech (*3b-m[k]*, S359; MORENZ 2019, 139) und Nama (*nm3*, S365) vor (MORENZ 2019, 121). Der Name Abimelech ist sowohl aus dem Buch Genesis (1. Mose 20–21 und 26) als auch aus dem Richterbuch bekannt (Kap. 9). Der Name Sur kommt unter den Fürsten von Midian zur Zeit Moses vor (4. Mose 25,15; 31,8; Josua 13,21). Der Name *nm3* kann vermutlich als Kurzname für Nam’el (mit dem Gotteselement El) gedeutet werden (MORENZ 2019, 121, Anm. 436). Ein Mann aus dem Stamm Ruben mit genau diesem Namen wird in 4. Mose 26,9 als Gegner des Moses genannt. Auf einem kleinen Obelisk aus Serabit el-Chadim (S112) werden zwei Söhne des kanaanitischen Fürsten Irschi erwähnt (VAN DER VEEN & ZERBST 2022, 211; WILSON-WRIGHT 2016, 249), nämlich seine geliebten Söhne Kain bzw. Keni (*kyn* oder *kny*) und Janam (*yhnm*). Während der Name des ersten Sohnes schon früh im Alten Testament mit dem Stammesnamen der „Keniter“ assoziiert wird (4. Mose 24,21), könnte der zweite Name mit einer frühen Verehrung Jahwes in Verbindung stehen (VAN DER VEEN & ZERBST 2022, 211; SCHNEIDER 2003, 132). Sollte dies zutreffen, so wurde Serabit el-Chadim bereits früh (um konventionell 1800 v. Chr.) von Personen frequentiert, die eine gewisse Nähe zur Jahwe-Verehrung hatten.

Die dortigen Inschriften nennen viele vorderasiatische Personennamen, die auch aus dem frühen Israel bekannt sind.

Serabit el-Chadim als sakraler Ort, wo El verehrt wurde

Im Heiligtum von Serabit el-Chadim wurden neben der ägyptischen Kuhgöttin Hathor („Herrin des Türkises“) auch die kriegerischen Gottheiten Thot (Mondgott und Erfinder der Schrift) und der als Vorderasiater gekleidete Sopdu („Herr der Fremdländer“, ägyptisch *nb ḥswt*, und „Herr des Ostlandes“, *nb j3btt*) verehrt (SCHUMACHER 1988, v.a. 70–71, 320–321;

Abb. 2 Die Karte des ägyptischen Nildeltas mit Goschen und dem Wadi Tumilat. (© van der VEEN & ZERBST 2013, 147)



MORENZ 2011, 72–73, 81). Sopdu Haupttempel stand jedoch im ägyptischen Ostdelta, im Wadi Tumilat (Abb. 2), das mit einem Teil des biblischen Goschens identifiziert wird (GIVEON 1978, 118; VAN DER VEEN & ZERBST 2022, 150, 169–170). Obwohl Sopdu als *ägyptische* Gottheit in den Inschriften nicht unmittelbar mit dem levantinischen Gott El identifiziert wird⁶, ist die Gleichsetzung durchaus vertretbar.

Eine Darstellung in Serabit el-Chadim aus der Regierung Amenemhats III. zeigt nämlich Sopdu noch spezifischer als levantinischen Halbnomaden (MORENZ 2019, 210) – mit kurzem Rock und Stirnband, einen Hirtenstab in den Händen haltend (Abb. 3a). Die Abbildung erinnert an Darstellungen des Gottes El der Amoriter (auch Bel-Schade oder Il Amurru genannt) aus der Harran-Balich-Gegend (der Heimat der Erzväter), wo dieser ebenfalls mit knielangem Rock als Halbnomade und mit Hirtenstab in der Hand dargestellt wird (Abb. 3b–c). El selbst wird in Serabit el-Chadim mit Beinamen versehen, die eng an Attribute Els in der Genesis („El der Höchste“, „El, der Ewige ist König“) anknüpfen (s. auch MORENZ 2019, 170–171). Auch später noch in römischer Zeit gibt es in der Region Anzeichen dafür, dass dort Jahwe und El verehrt wurden. So nennt Uzi AVNER (2015, 405–406, Anm. 41) nabatäische Personennamen mit den theophoren Elementen Jahwe (wie in *ʿAbdahywu*) und El/Elohim (wie in *Timalahi* und *Saʿdalahi*), was tatsächlich auf eine Verehrung dieser Gottheiten hindeutet.

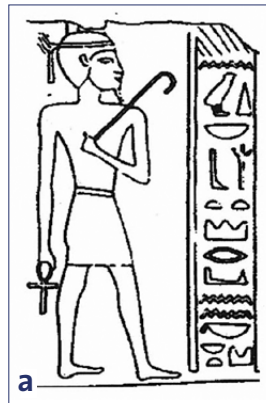
Lag Serabit el-Chadim beim Horeb?

Die Archäologin Lina ECKENSTEIN erkannte bereits früh eine Verbindung zwischen Serabit und dem Horeb:

„Hier befand er [Mose] sich auf heiligem Boden. Das Vorhandensein eines Priesters, eines Gottesberges und eines reservierten Geländes weisen auf ein altes Heiligtum hin, und unsere Gedanken gehen natürlich aus nach dem Ort Serabit, der viele Jahrhunderte lang eine Opferhöhe war, ... ein Heiligtum des semitischen Gottes Sopd[u].“ (ECKENSTEIN 1921, 67)

Ähnlich sah dies auch der renommierte französische Alttestamentler Henri CAZELLES:

„Man kann sich gut vorstellen, dass Moses und seine flüchtigen Gefährten in Serabit blieben, ohne dass man es beweisen kann. Hier könnte der Kult um Jahwe, den Gott El der Vorfahren, den er am Horeb wiedergefunden hatte, begonnen haben.“ (CAZELLES 1979, 97–98)



Für und Wider des Berges Horeb bei Serabit el-Chadim

Für die Nähe des Ortes zum biblischen Geschehen sprächen auch die Berge Jebel Saniyah (Sinai?) und Jebel Ghorabi (Horeb?) unmittelbar östlich von Serabit el-Chadim (Abb. 4; vgl. BAR-RON 2021, 84–86; BAR-RON & VAN DER VEEN 2022). Aber während der Name Saniyeh mit Sinai identisch sein kann, ist die Verbindung von „Ghorabi“ mit „Horeb“ sprachlich schwierig. Ghorabi steht entweder mit dem arabischen Wort *gharaba* (mit *ghayin* geschrieben) in Verbindung, was „Untergehen [der Sonne im Westen]“ bedeutet (also im Sinne eines westlich gelegenen Berges), oder mit *ghurabi* im Sinne von „seltsam sein“.⁷ Hebräisch Horeb dagegen bedeutet „trocken sein, öde“.

Nun könnte es aber sein, dass der arabische Name von einem älteren, ähnlich klingenden Namen abgeleitet wurde und im Laufe der Zeit eine andere Bedeutung bekam. Dies kann jedoch nur eine Vermutung bleiben. Schwerwiegender dürfte der Einwand sein, dass Serabit el-Chadim von Ägypten aus *vor* Rephidim (Wadi Refayid) liegt und nicht danach, was auch im Widerspruch stünde zu der alttestamentlichen Reisebeschreibung, wo der Gottesberg erst *nach* Rephidim lokalisiert wird (2. Mose 19,2). Obwohl es theoretisch möglich wäre, dass Rephidim nördlich von Serabit zu suchen und deshalb *nicht* mit Wadi Refayid identisch ist, so passt dies kaum zu den geschätzten Entfernungen, die die Israeliten während ihrer Tagesmärsche zurücklegten (HOFFMEIER 2005, 118–120).⁸ Demnach müsste Rephidim eher weiter von Ägypten entfernt sein und kann kaum nördlich von Serabit gelegen haben, was näher bei Ägypten wäre. Zudem wird die Gegend um Serabit el-Chadim (und des ca. 10 km südlich davon gelegenen Wadi Maghara, s. HIRKADE 2007, 6) von einigen Wissenschaftlern mit dem biblischen Rastplatz Dofka gleichgesetzt, wo die Israeliten lagerten, nachdem sie Mara und Elim hinter sich gelassen hatten. Erst nach Dofka erreichten sie dann Alusch und Rephi-

Abb. 3 a Der als vorderasiatischer Hirte gekleidete Gott Sopdu in Serabit el-Chadim (S124). b, c Der Gott Il Amurru, so wie er auf Rollsiegeln aus der altbabylonischen Zeit (konventionell um 1800–1600 v. Chr.) zu finden ist. (Bildzeichnung a nach MORENZ 2011, 73; Fotos b und c mit freundlicher Genehmigung der Arbeitsgruppe für Biblische Archäologie ABA und Professor Othmar Keel)



Abb. 4 Die zwei Berge Jebel Saniyah (links) und Jebel Ghorabi (rechts) östlich von Serabit el-Chadim. (© Patterns of Evidence, *Journey to Mount Sinai* Teil I)

dim (4. Mose 33,13–14). Während Mara vermutlich mit Bir el-Mura („bitterer Brunnen“, ROHL 2015, 195) gleichzusetzen ist, passt die Beschreibung von Elim (mit zwölf Quellen und siebenzig Palmbäumen, 2. Mose 15,27; 4. Mose 33,9) gut zu Ayun Musa, wo „zwölf artesische Brunnen, die aus einem unterirdischen Grundwasserleiter entspringen“ nachgewiesen wurden, und wo „Dutzende von Dattelpalmen“ zu finden sind (ROHL 2015, 195; MUMFORD & PARCAK 2003, Abb. 1). Diese Rastplätze befinden sich nördlich der Markha-Ebene, von wo aus die alten Ägypter aufbrachen, nachdem sie am Ostufer des Golfes von Suez zur Expedition auf der Halbinsel angelegt hatten, um dann von dort aus die Bergwerke von Maghara und Serabit el-Chadim zu erreichen (HOFFMEIER 2005, 161–162, 165). Da die Israeliten ebenfalls *nach* Mara und Elim am Meer lagerten, dürfte mit der „Wüste Sin“ (4. Mose 33,11) die Markha-Ebene gemeint sein, von wo aus sie als nächstes den Rastplatz Dofka erreichten (4. Mose 33,12). Die Ägypter nannten die gesamte Gegend *ḏw n mḥkt* („Türkisberg“, s. HANNIG 1995, 332) und *ḥtyw mḥkt* („Türkisterrasse“), da sie dort den kostbaren Schmuckstein Türkis abbauten. Es wird zudem vermutet, dass der biblische Ortsname Dofka vom ägyptischen *ḏw n mḥk3t* abgeleitet wurde (HOFFMEIER 2005, 166; ROHL 2015, 211–215). Erst nachdem sie Dofka hinter sich gelassen hatten und nach drei weiteren Tagesmärschen Rephidim über Alusch erreichten, kamen sie in „die Wüste Sinai“, wo sich der Berg Gottes befand (2. Mose 19,2; 4. Mose 33,15). Wenn aber der Gottesberg östlich von Serabit el-Chadim lag, warum machten sie dann den gewaltigen Umweg gen Süden über das Wadi Refayid? Es wäre also zu überlegen:

Ob nicht die Namensähnlichkeit zwischen Sinai und Saniyeh und Horeb und Ghorabi doch rein zufällig wäre. Wie oben bereits angesprochen wurde, bezieht sich die Ähnlichkeit vermutlich nur auf Sinai und Saniyeh, da Horeb und Ghorabi von verschiedenen (hebräischen und arabischen) Wörtern abgeleitet wurden.

Auch wenn der hebräische Name vielleicht im Laufe der Zeit umgedeutet worden sein könnte, so ist doch auffällig, dass der arabische Name in der gesamten Region häufig vorkommt, da seine Bedeutung „westlich gelegen“ oder „seltsam sein“ als Beschreibung auf viele Berge zutrifft. Ähnlich dürfte es sich aber auch beim Namen Sinai verhalten, der als Landschaftsname schlicht „Brombeerstrauch“ (hebr. *sēneh*) oder „Felsklippe“ (*senneh*) bedeutet (KOEHLER & BAUMGARTNER 1958, 661–662).⁹

Wenn El und Jahwe an mehreren Orten im Süden der Halbinsel und in Serabit el-Chadim verehrt wurden, dürften sich da nicht auch Namen bekannter Kultorte während der langen Überlieferungsgeschichte auf weitere Verehrungsorte übertragen haben?¹⁰ Dies könnte passiert sein, als weidewechselnde Halbnomaden als Pilger diese Orte besuchten.

Mose hat die Israeliten vielleicht *nach* Rephidim wieder in nördlicher Richtung zurückgeführt, dieses Mal jedoch vorbei an dem Jebel Serbal und vermutlich durch das Wadi Feiran, um in die sandige Ebene (Wüste Sinais?) östlich vom Jebel Saniyah und Jebel Ghorabi zu gelangen (2. Mose 19,2–3). Ein direkter Aufstieg über die Markha-Ebene im Südwesten (HIKADE 2007, 12) wäre sonst zu steil gewesen.

Es ist schwer zu sagen, welche Erklärung hier am besten passen würde, weshalb wir auch an dieser Stelle darauf verzichten möchten. Wie am Anfang des Artikels betont wurde, geht es hier nicht primär um die ursprüngliche Lage des Berges, sondern um die Wahrscheinlichkeit, dass El/Jahwe im Sinai überhaupt verehrt wurde. Und darum, dass die Gegend von Menschen mit israelitischen und verwandten Namen frequentiert wurde, die hier gelebt, gewirkt und ihren Gott verehrt haben. Dass dies tatsächlich der Fall ist, darf mit Bestimmtheit festgehalten werden, wo auch immer der Berg Horeb gelegen haben mag.

Es ist wahrscheinlich, dass El/Jahwe im Sinai von Menschen mit israelitischen und verwandten Namen verehrt wurde.

Fazit und Ausblick

Anders als in Saudi-Arabien belegen Inschriften auf der Sinai-Halbinsel aus der Mittleren Bronze- und Römerzeit eine unverwechselbare Nähe zum protoisraelitischen und midianitisch-kenitischen Namensverzeichnis. So treffen wir auf israelitisch- bzw. hebräisch-verwandte Namen wie Levi, Abimelech, Namu und Schakarum, eine Namensform, die sprach-

lich mit Issachar verwandt zu sein scheint. Auch entdecken wir die Namen Ben-Sur und Kain bzw. Keni, die im Alten Testament mit Midianitern und Kenitern in Verbindung gebracht werden. Dies ist schon bemerkenswert, da Vertreter der „arabischen Horeb-Theorie“ wiederholt behauptet haben, dass die Sinai-Halbinsel zu weit entfernt vom Land Midian (das sie nur auf der nördlichen Halbinsel Arabiens vermuten) gewesen sei, als dass Mose mit den Schafen Jitros dorthin gezogen sein sollte, um Gott am Sinai zu begegnen. Wie der Autor anderweitig diskutiert hat, dürften die Bezeichnungen „Wüste Paran“ (aber auch „Midian“ als Bezeichnung eines Stammesgebietes), „Edom“ und „Seir“ viel lockerer verwendet worden sein, als die Vertreter des Horebs in Arabien anerkennen. Denn das gesamte Umland umfasste weitläufiges Weideland, wo sich Nomaden und Halbnomaden aufhielten, die regelmäßig ihr Weideland wechselten (VAN DER VEEN 2018, 175–177; JERICKE 2020). Die Sinai-Wüste war wegen des Handels mit Ägypten, der Verhüttung von Kupfer und des Abbaus des kostbaren Türkises für diese Menschen keineswegs unerreichbares Gebiet. Mit anderen Worten, hier begegneten sich Ägypter, Israeliten und verwandte Bevölkerungsgruppen wie Midianiter und Keniter. Dies dürfte vordergründig während der Zeit gewesen sein, als die Israeliten noch im Ostdelta lebten und für die Ägypter arbeiteten.

Die Verehrung des Gottes Jahwe und vor allem El ist im Sinai belegt. So dürfte der Name des kanaanitischen Prinzen Jana'am den Gottesnamen Jah[we] enthalten. Auch spätere nabatäische Namen belegen, dass Jahwe im Sinai verehrt wurde. Die Nähe der Vorderasiaten von Serabit el-Chadim zu El ist besonders klar. In Serabit befand sich nämlich der Schrein des ägyptischen Gottes Sopdu, dessen Darstellungen denen des El aus dem Heimatland der Erzväter gleichen. Laut den protoalphabetischen Inschriften verehrten die Vorderasiaten El als höchsten Gott und verliehen ihm Beinamen wie „El, der Höchste“ (biblisch „El-Elyon“, s. 1. Mose 14,20–22) und „El, der Ewige“ (biblisch „El-Olam“, s. 1. Mose 21,33). Das sind Gottesnamen, die uns auch aus der Frühgeschichte Israels gut bekannt sind. Auch die späteren Inschriften der Nabatäer nennen El im Sinai. Es ist diese Verehrung, die im Alten Testament mit den Israeliten und ihren Verwandten im Hochland des Sinai – den Kenitern und Midianitern – assoziiert wird, wie auch in 2. Mose 18,1–2 (und V. 27) bei Jitro (Moses Schwiegervater und Priester Midians) vorausgesetzt wird (Midian war übrigens ein Sohn Abrahams, s. 1. Mose 25,2).

Laut den Inschriften verehrten die Vorderasiaten El als höchsten Gott und verliehen ihm Namen, die uns aus der Frühgeschichte Israels bekannt sind.

Es ist durchaus denkbar, dass die Israeliten auch nach dem Auszug aus Ägypten (während ihrer vierzigjährigen Wüstenwanderung) in den Minen bei Serabit el-Chadim gearbeitet und protoalphabetische Inschriften auf Felsklippen und Steintafeln angebracht haben, wie manche Forscher in jüngerer Zeit vermutet haben (M. BAR-RON 2021, 2022; PETROVICH 2017). Eine Weiterführung der Arbeiten in den Minen wäre eine wichtige Einkommensquelle gewesen, während der Abbau von Kupfer für die Herstellung von Kupfer- und Bronzegegenständen für das Bundeszelt (2. Mose 25,1–30) – wie auch Waffen und anderes Gerät – ein weiterer wichtiger Grund gewesen sein dürfte. Während ägyptische Funde aus der Zweiten Zwischenzeit (konventionell zwischen 1650–1550 v. Chr.) in Serabit el-Chadim nur noch spärlich belegt sind (diese könnten aber auch von Israeliten beim Auszug mitgenommen worden sein), ist es wohl eher unwahrscheinlich, dass die Ägypter ihrerseits wirtschaftlich nach all den Plagen und dem Untergang der Kavallerie im Schilfmeer noch in der Lage gewesen wären, ihre Expeditionen in den Sinai fortzusetzen. Vielleicht werfen künftige Studien weiteres Licht auf diese Frage.

Eine ausführliche Version dieses Artikels ist als Online-Artikel erschienen: <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/gott-israels-sinai/>.

Anmerkungen

- ¹ Es befinden sich in der Nähe der er-Raha-Ebene am Jebel Musa etwa zwanzig Brunnen (Rohl, pers. Komm. Juni 2023).
- ² Zur Schätzung dieser Wasserkapazität s. FÖRSTER (2007, 6).
- ³ Eine ausführliche Besprechung der Nabatäer und ihrer Kultorte findet sich in AVNER (2015, 397–429).
- ⁴ Funde aus der 13. Dynastie und der Hyksoszeit (konventionell 1775–1550 v. Chr.) finden sich z. B. bei BOURRIAU (1996, 30–32) und CAELEN (2012–2013).
- ⁵ Zur zeitlichen Einordnung s. auch MORENZ (2011, 2015), SALADINO HANEY (2020, 471–472, nos. 47–48, Pl. XII) und GOLDWASSER (2013, 353–374).
- ⁶ Dagegen wird El in Serabit in seiner Kapazität als Schöpfergott als Ptaḥ von Memphis dargestellt, wie eine dortige Inschrift nahelegt (S351, MORENZ 2019, 129–131).
- ⁷ Johannes Dams, pers. Komm., Juni 2023.
- ⁸ Ähnlich PRISKIN (2004, 57–71), RIEMER & FÖRSTER (2013, 52–53) und RIEMER (2013, 77–106).
- ⁹ Hebräisch Horeb (*horeb*) wurde dagegen von „trocken sein“ abgeleitet (*hareb*) und bedeutet einfach „Trockenheit“ (KOEHLER & BAUMGARTNER 1958, 330).
- ¹⁰ Die Nabatäer verehrten im südlichen Sinai ihre Gottheiten in Berggipfelheiligtümern (AVNER 2015, 405).

und Anm. 32). Nabatäische Inschriften belegen, dass die Gottheiten al-Ba'ali, Walat und Ahyu (d.h. Ba'al, Jahu und Al-Lat/Aschera) verehrt wurden.

Literatur

- AVNER U (2015) Nabateans in Southern Sinai. *Aram* 27:1–2, 397–429.
- BAR-ROH M (2021) The Exodus Inscriptions at Serabit al-Khadim: Five Proto-Sinaitic Inscriptions Provide Unprecedented Historical Context for Ancient Israelite Traditions of the Exodus Inscriptions. Unpublished book chapter, Beth Shemesh.
- BAR-ROH M (2022) Sinai 351 and 360 as “Exodus Inscriptions” par Excellence. Unpublished book chapter, Beth Shemesh.
- BAR-ROH M & VAN DER VEEN PG (2022) Auf der DVD Journey to Mount Sinai: Searching for Mount Sinai's True Location (Patterns of Evidence) von Regisseur Timothy Mahoney.
- BOURRIAU J (1996) Observations on the Pottery from Serabit el-Khadim (Zone Sud). *Cahier de Recherches de l'Institut de Papyrologie et d'Égyptologie de Lille* 18, 19–32.
- CAELEN V (2012–2013) Ceramics from the Mining Site of Serabit el-Khadem, Sinai, Stored at the Harvard Semitic Museum. Unpublished Masters' thesis, KU-Leuven.
- CAZELLES H (1979) *A la recherche de Moïse*. Cerf, Paris.
- EBERS G (1881) *Durch Gosen zum Sinai: Aus dem Wanderbuche und der Bibliothek*. Verlag von Wilhelm Engelmann, Leipzig.
- ECKENSTEIN L (1921) *A History of Sinai*. The MacMillan Co., New York.
- FÖRSTER F (2007) With Donkeys, Jars, and Water Bags into the Libyan Desert: The Abu Ballas Trail in the Late Old Kingdom/First Intermediate Period. *British Museum Studies in Ancient Egypt and Sudan* 7, 1–36.
- GIVEON R (1978) *The Stones of Sinai Speak*. Gakuseisha Publishing Co. Ltd., Tokyo.
- GOLDWASSER O (2013) Out of the Mists of the Alphabet: Redrawing the “Brother of the Ruler of Retenu”. *Ägypten und Levante* 22, 353–374.
- GRESSMANN H (1917) Der Sinaikult in heidnischer Zeit. *Theologische Literaturzeitung* 8/9, 153–156.
- HANNIG R (1995) *Großes Handwörterbuch Ägyptisch – Deutsch*. Philipp von Zabern, Mainz.
- HIKADE T (2007) Crossing the Frontier into the Desert: Egyptian Expeditions to the Sinai Peninsula. *Ancient West & East* 6, 1–22.
- HOFFMEIER JK (2005) *Ancient Israel in Sinai: The Evidence for the Authenticity of the Wilderness Tradition*. Oxford University Press, Oxford.
- JERICKE D (2020) Midian, Midianiter. <https://www.bibelwissenschaft.de/stichwort/27709/>, vom Oktober 2020.
- KNAUF EA (1984) Eine altkanaanäische Inschrift aus Rod el-Air, Sinai 527. *Göttinger Miszellen* 70, 33–36.
- KOEHLER L & BAUMGARTNER W (1958) *Lexicon in Veteris Testamenti Libros*. E.J. Brill, Leiden.
- LANGGUT D et al. (2015) Vegetation and Climate Changes during the Bronze and Iron Ages (~3600–600 BCE) in the Southern Levant Based on Palynological Records. *Radiocarbon* 57:2, 217–235.
- MAIBERGER P (1984) Topographische und historische Untersuchungen zum Sinaiprobem: Worauf beruht die Identifizierung des Ġabal Mūsā mit dem Sinai? *Orbis Biblicus et Orientalis* 54. Universitätsverlag Freiburg Schweiz/Vandenhoeck & Ruprecht, Göttingen.
- MORENZ LD (2011) Die Genese der Alphabetschrift: Ein Markstein ägyptisch-kanaanäischer Kulturkontakte. Wahrnehmungen und Spuren Altägyptens. Kulturgeschichtliche Beiträge zur Ägyptologie 3. Ergon Verlag, Würzburg.
- MORENZ LD (2015) Menschen und Götter, Buchstaben und Bilder: Die frühen alphabetischen Schriftzeugnisse im Südwest-Sinai (2. Jahrtausend v. Chr.). *Studia Sinaitica* 2. EB Verlag, Berlin.
- MORENZ LD (2019) Sinai und Alphabetschrift: Die frühesten alphabetischen Inschriften und ihr kanaanäisch-ägyptischer Entstehungshorizont im Zweiten Jahrtausend v. Chr. *Studia Sinaitica* 3. EB Verlag, Berlin.
- MOURAD A-L (2015) Rise of the Hyksos: Egypt and the Levant from the Middle Kingdom to the Second Intermediate Period. Archaeopress Publishing, Oxford.
- MUMFORD G & PARCAK S (2003) Pharaonic Ventures into South Sinai: El-Markha Plain Site 346. *Journal of Egyptian Archaeology* 89, 83–116 mit Tafeln VI–VII.
- PETROVICH D (2017) *The World's Oldest Alphabet: Hebrew as the Language of the Proto-consonantal Script*. Carta, Jerusalem.
- PRISKIN G (2004) Reconstructing the Length and Subdivision of the Iteru from Late Egyptian and Graeco-Roman Texts. *Discussions in Egyptology* 60, 57–71.
- RIEMER H (2013) Lessons in Landscape Learning: The Dawn of Long-Distance Travel and Navigation in Egypt's Western Desert from Prehistoric to Old Kingdom Times. In: FÖRSTER F & RIEMER H (Hgg.) *Desert Road Archaeology in Ancient Egypt and Beyond*. *Africa Praehistorica* 27. Heinrich-Barth-Institut, Köln, 77–106.
- RIEMER H & FÖRSTER F (2013) Ancient Desert Roads: Towards Establishing a New Field of Archaeological Research. In: FÖRSTER F & RIEMER H (Hgg.) *Desert Road Archaeology in Ancient Egypt and Beyond*. *Africa Praehistorica* 27. Heinrich-Barth-Institut, Köln, 19–58.
- ROHL DM (2015) *Exodus: Myth or History? Thinking Man Media*, St. Louis Park MN.
- SALADINO HANEY L (2020) Visualizing Coregency: An Exploration of the Link between Royal Image and Co-Rule during the Reign of Senwosret III and Amenemhet III. *Harvard Egyptological Studies* 8. Brill, Leiden/Boston.
- SCHNEIDER T (2003) Ausländer in Ägypten während des Mittleren Reiches und der Hyksoszeit, Teil 2: Die ausländische Bevölkerung. *Ägypten und Altes Testament* 42. Harrassowitz Verlag, Wiesbaden.
- SCHUMACHER IW (1988) Der Gott Sopdu der Herr der Fremdländer. *Orbis Biblicus et Orientalis* 79. Universitätsverlag Freiburg Schweiz/Vandenhoeck & Ruprecht, Göttingen.
- VAN DER VEEN PG (2018) Anhang 2: Warum der Berg Horeb nicht in Saudi-Arabien liegt und die Überquerung des Schilfmeers nicht am Golf von Akaba stattfand. In: ZERBST U & VAN DER VEEN PG (Hgg.) *Keine Posaunen vor Jericho? Beiträge zur Archäologie der Landnahme*. 3. erw. Aufl. Hänssler, Holzgerlingen, 174–188.
- VAN DER VEEN PG & ZERBST U (2013) *Volk ohne Ahnen? Auf den Spuren der Erzväter und des frühen Israel*. SCM Hänssler, Holzgerlingen.
- VAN DER VEEN PG & ZERBST U (2022) *In Search of the Biblical Patriarchs: A Historical and Archaeological Quest*. Masthof Press & Bookstore, Morgantown PA.
- WILSON-WRIGHT A (2016) Sinai 357: A Northwest Semitic Votive Inscription to Teššob. *Journal of the American Oriental Society* 136:2, 247–263.
- ZERBST U & VAN DER VEEN PG (Hgg.) (2018) *Keine Posaunen vor Jericho? Beiträge zur Archäologie der Landnahme*. 3. erw. Aufl. Hänssler, Holzgerlingen.

Anschrift des Verfassers:

Peter van der Veen, SG Wort und Wissen,

Peter-Stein-Str. 4, 72250 Freudenstadt;

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

Reparatur- mechanismen in der Zelle

1. Nukleinsäuren – ein fragiler Informationsspeicher

Die Fähigkeit von Zellen, sich selbst zu reparieren, ist faszinierend und bisher zu einem erheblichen Teil unverstanden. Sie beruht auf außerordentlich komplexen molekularen Mechanismen und ist in hochgradig präzisen, für verschiedene Arten von Schäden geeigneten Programmen organisiert. Die erste Folge einer Artikelserie ist der Reparatur von Erbgutmolekülen (Nukleinsäuren) gewidmet. Welche Aussagen können anhand einer Betrachtung dieser unverzichtbaren Eigenschaft aller Organismen über ihre Herkunft getroffen werden?

Boris Schmidtgal

Einleitung

Die Vergänglichkeit aller irdischen Dinge ist eine alltägliche Erfahrung. Aufgrund dieser Gegebenheit gehören Reparaturen zu den häufigsten Aktivitäten in unserem Leben – nicht nur bei Handwerkern. Allgemein gilt hierbei: Je komplexer eine Vorrichtung ist, desto höher der Reparaturaufwand. Nicht selten werden umfangreiche Sätze von Werkzeugen und einige strategische Überlegungen benötigt, um komplexe Reparaturen zu verwirklichen. Dazu gehören:

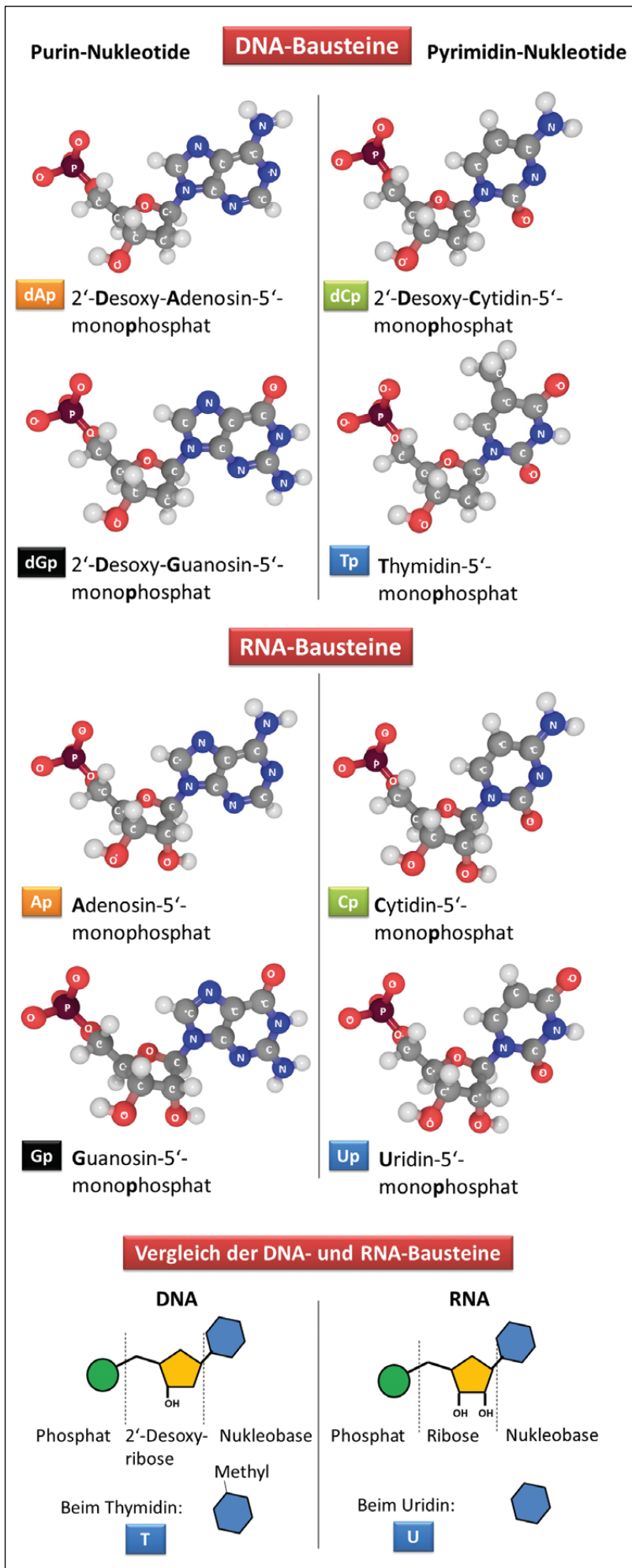
1. Erkennen/Beurteilen: Der Schaden muss richtig eingeordnet und eine angemessene Vorgehensweise zur Reparatur gewählt werden. Der Operateur muss zwischen dem intakten und dem beschädigten Zustand unterscheiden

können und über abrufbare Verfahren verfügen, die bei verschiedenen Arten von Schäden zum Erfolg führen.

2. Zugänglich machen: In vielen Fällen ist eine unmittelbare Reparatur nicht möglich, da die reparaturbedürftige Stelle zugänglich gemacht werden muss – z. B. durch Öffnen einer verschlossenen Einheit. Hierzu ist eine genaue Kenntnis über den größeren Kontext der zu reparierenden Einheit unverzichtbar.

3. Verstärken der Zerstörung: In vielen Fällen ist es erforderlich, einen entstandenen teilweisen Bruch zu vervollständigen, damit die anschließende Wiederherstellung erfolgreich ablaufen kann. Dieses Prinzip ist sowohl im Zusammenhang mit Gebäudesanierungen als auch dem Heilen von Knochenbrüchen im OP-Saal bekannt – auf das gezielte Brechen

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



eines beschädigten Teils folgt das Zusammenfügen oder der Neuaufbau mit nachfolgender Wiederherstellung. Hier ist vor allem Präzision gefragt, damit es nicht zu zusätzlichen Schäden oder irreparablen Zerstörungen kommt.

4. Die Wiederherstellung: Operationen zur Wiederherstellung einer beschädigten komplexen Einheit erfordern eine solide Fachkenntnis, Erfahrung und Geschick. Und dennoch ist kaum jemandem die unerfreuliche Erfahrung erspart geblieben, dass unsachgemäß vorgenommene Reparaturen auch zur Vergrößerung des Schadens führen können.

Zur Selbstreparatur befähigte technische Geräte sind nicht in Sicht. In biologischen Zellen dagegen ist die Selbstreparatur vielfach verwirklicht.

Reparaturen sind also nicht selten herausfordernde Aufgaben und es würde uns viel Arbeit ersparen, wenn Gegenstände wie Rechner oder Autos sich von selbst reparieren könnten. Doch von solchen technischen Errungenschaften sind wir noch sehr weit entfernt. In biologischen Zellen finden dagegen vielfältige und hochkomplexe Reparaturen statt, die von verschiedenen Ensembles von biologischen Nanomaschinen bewerkstelligt werden. Aufgrund der großen Vielfalt von Reparaturvorgängen in der Zelle ist dazu eine Serie an Artikeln vorgesehen, die nach der Art der reparierten Makromoleküle gegliedert sein wird: Nukleinsäuren, Proteine und Lipide (Zellwandbausteine). Der erste Teil dieser Serie ist der Reparatur von Schäden an Erbgutmolekülen (Nukleinsäuren) gewidmet.

Zu den Nukleinsäuren zählen die Desoxyribonukleinsäuren (DNA) und die Ribonukleinsäuren (RNA) – organische Kettenmoleküle, die sich in ihrer *Beschaffenheit* nur wenig, aber zum Teil erheblich hinsichtlich ihrer *biologischen Funktionen* unterscheiden (Abb. 1 und Abb. 2). Während DNA ausschließlich als Speichermedium für genetische Information fungiert, dienen RNA-Moleküle hauptsächlich als Überträger und Regulatoren des Informationsflusses von der DNA zu den Proteinen.

Ursachen von Schäden an Nukleinsäuren

Nukleinsäuren sind kinetisch* einigermaßen robust, aber thermodynamisch* unbeständig. Anders ausgedrückt: Im zellulären Milieu unterliegen diese Moleküle ständig einer unumkehrbaren Zerfallstendenz, auch wenn dies eher

Abb. 1 Kugel-Stab-Modelle der molekularen Bausteine (Nukleotide) von DNA und RNA (weiße Kugeln: Wasserstoff, grau: Kohlenstoff, blau: Stickstoff, rot: Sauerstoff, dunkelrot: Phosphor).

langsam geschieht. Ohne ständige Reparatur durch Enzyme würden die verursachten Schäden zu einem schnellen Tod des Organismus führen. Die Schäden können nicht-biologisch oder biologisch verursacht sein. Im Folgenden werden die Ursachen von Schäden an Nukleinsäuren kurz angeführt. Eine detaillierte Betrachtung der Prozesse, die Schäden hervorrufen, kann im Kastentext „Näheres zu Ursachen von Schäden an Nukleinsäuren“ nachgelesen werden.

Nicht-biologische Ursachen für Schäden an Nukleinsäuren

Strukturveränderung durch elektromagnetische Strahlung (s. Abb. 3): Elektromagnetische Strahlung kann die Struktur und chemische Bindungen von Nukleinsäuren verändern. UV-Strahlung fördert Reaktionen der DNA- und RNA-Bausteine mit Wasser und die Quervernetzung von Nukleinsäuren.

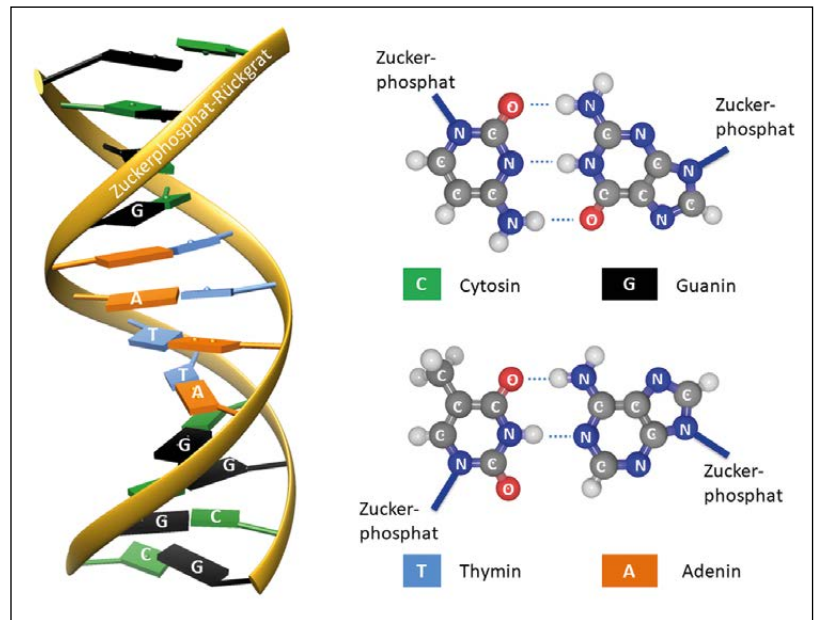


Abb. 2 Modell einer DNA-Doppelhelix und Kugel-Stab-Darstellungen der im Inneren der Doppelhelix angeordneten Nukleobasen*, die über Wasserstoff-Brückenbindungen (blau gepunktet) miteinander interagieren. Das Modell einer RNA-Doppelhelix unterscheidet sich nur wenig von demjenigen einer DNA-Doppelhelix.

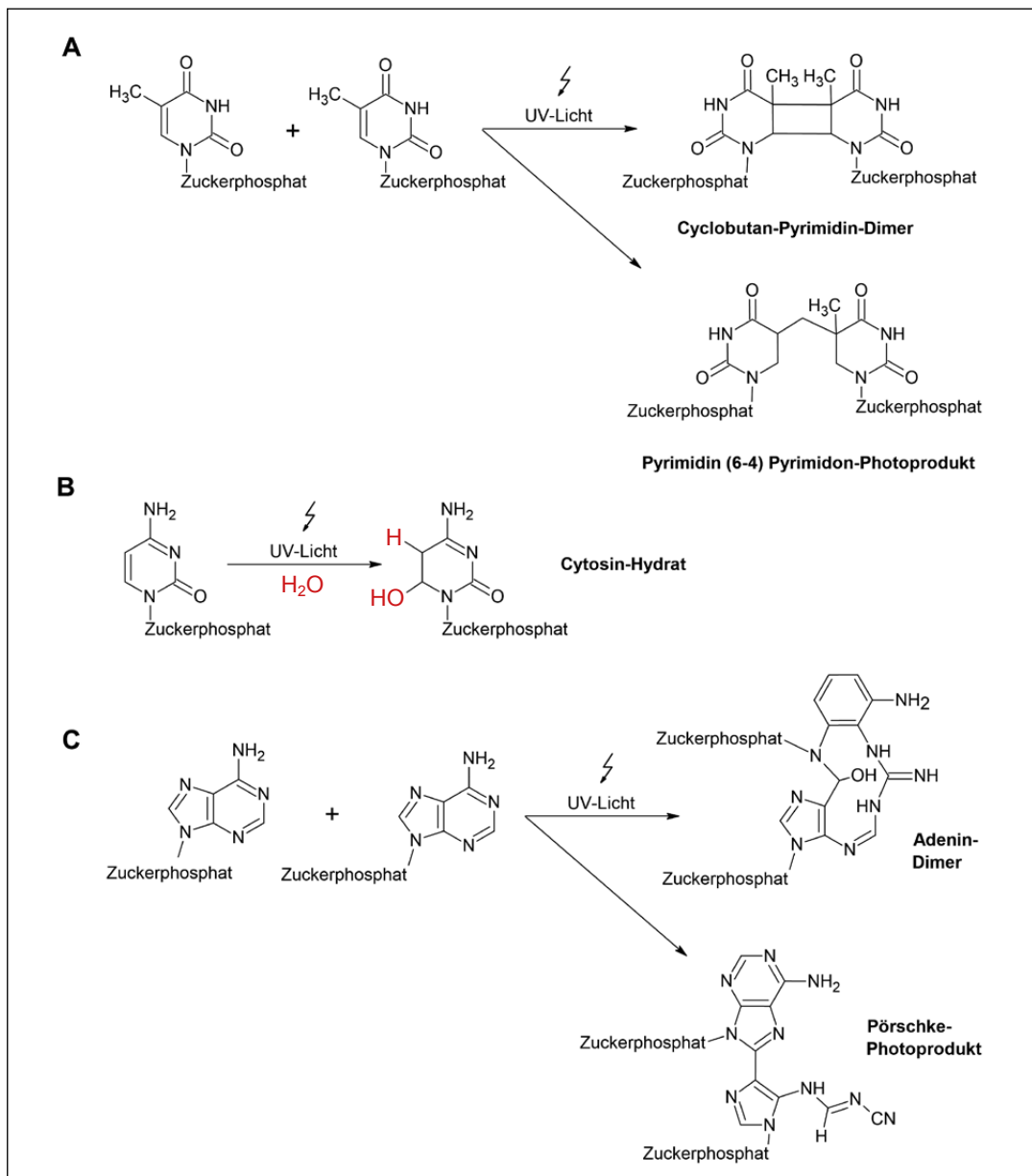


Abb. 3 Einige Beispiele für Veränderungen der Struktur von Nukleinsäuren durch UV-Licht. **A** Quervernetzung von DNA über Thymin-Nukleobasen; **B** Durch UV-Licht initiierte Reaktion einer Cytosin-Base mit Wasser; **C** Quervernetzung von DNA über Adenin-Nukleobasen. (Nach Kciuk et al. 2020)

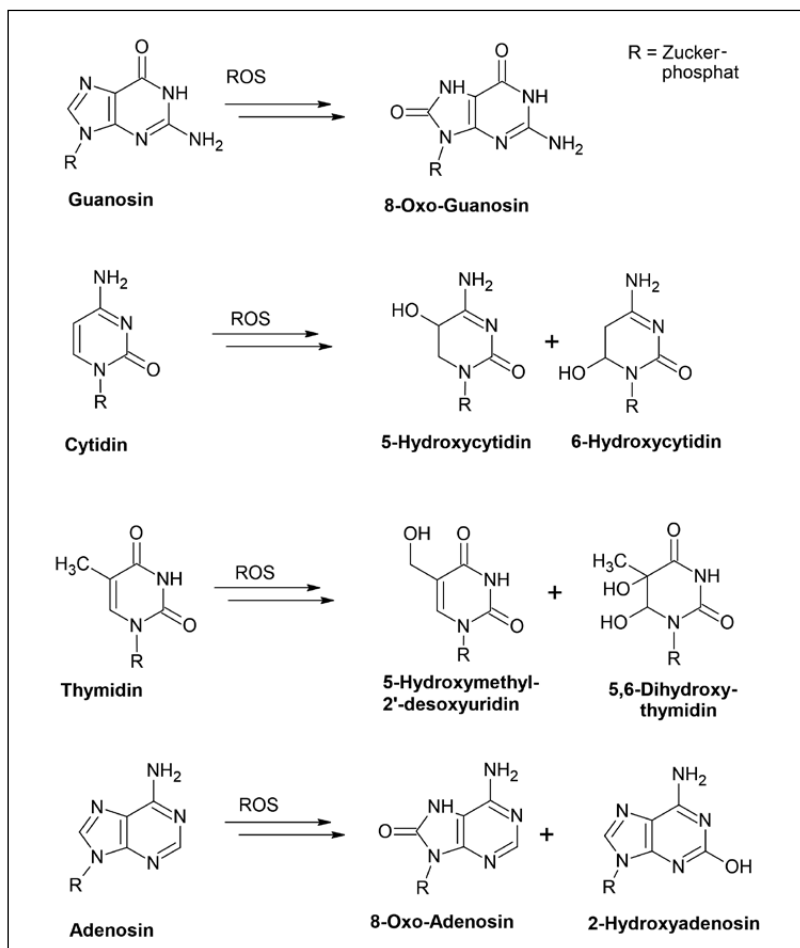
Kompakt

Organismen bestehen aus vielen chemisch unbeständigen Molekülen. Daher unterliegen nahezu alle Biomoleküle (DNA, RNA, Proteine und Bausteine der Zellwand und -membran) einer ständigen Zerfallstendenz. Um zumindest eine gewisse Zeit leben zu können, müssen Organismen dieser Tendenz durch gezielte Reparatur entstandener Schäden entgegenwirken. Hier werden Reparaturmechanismen der Nukleinsäuren, aus denen das Erbmolekül DNA aufgebaut ist, näher betrachtet. Diese Makromoleküle werden durch Einwirkung von UV-Licht, chemische Reaktionen mit Wasser und mit Reaktionsprodukten des Sauerstoffs beschädigt oder aufgrund von fehlerhaft verlaufenen biochemischen Synthesen mit mehr oder weniger stark ausgeprägter Beeinträchtigung der biologischen Funktion gebildet. Alle Zelltypen weisen daher eine Reihe von *hochpräzisen* und auf verschiedene Eventualitäten abgestimmten Reparaturprogrammen auf.

Eine nähere Betrachtung der Reparatursysteme zeigt auf, dass in den verschiedenen Domänen des Lebens (Archaea, Bakterien, Eukaryoten) ähnliche biochemische Werkzeuge (Enzyme) verwendet werden, wobei Eukaryoten sich hinsichtlich der Signalverarbeitung und -übertragung deutlich von den anderen Lebewesen unterscheiden. Während in der wissenschaftlichen Literatur vielfach behauptet wird, die Reparatursysteme seien evolviert, stellen die Autoren gleichermaßen oft fest, dass sie „extrem konserviert“ sind, was bedeutet, dass es also keine Hinweise auf nennenswerte Veränderungen gibt. Zudem fehlt es an gründlichen Versuchen, plausible Hypothesen für das evolutive Zustandekommen von Reparatursystemen aufzustellen. Eine zwanglose Interpretation aller bisherigen Erkenntnisse zu biologischen Reparatursystemen ergibt sich dagegen, wenn intelligente Planung angenommen wird.

Abb. 4 Oxidationen aller vier DNA-Nukleotide an den Nukleobasen durch ROS. Im Fall der RNA sind die Reaktionsmuster sehr ähnlich. Die Reaktionsgleichungen sind qualitativ und nicht stöchiometrisch (quantitativ).

Oxidation durch Reaktive Sauerstoffspezies (reactive oxygen species, ROS; s. Abb. 4): Durch Reaktionen mit ROS (Oxidationen) verändern sich sowohl die Gestalt als auch die chemischen und biologischen Eigenschaften der Erbgutmoleküle (SINHA & HÄDER 2002; KUSNETSOVA et al. 2009; KCIUK et al. 2020).



Bindungsspaltung durch Wasser (Hydrolyse; s. Abb. 5): Viele chemische Bindungen in der DNA sind anfällig für Spaltung durch Reaktionen mit Wasser. Betroffen sind die glykosidische Bindung*, die Phosphodiester-Verknüpfung zwischen Nukleotiden und die Aminogruppe des Cysteins.

Biologische Ursachen für Schäden an Nukleinsäuren

Fehlerhafte DNA-Replikation: Bei jeder Zellteilung und Fortpflanzung muss das Erbgut kopiert werden. Durch fehlerhafte Kopiervorgänge können Doppel- oder Einzelstrangbrüche entstehen.

Methylierungen: Die Genregulierung erfolgt zu einem großen Teil über Methylierungen der Nukleobasen Cytosin bzw. Adenin durch Methyltransferasen. Fehlerhafte Methylierungen können die Genfunktion stören und müssen daher beseitigt werden.

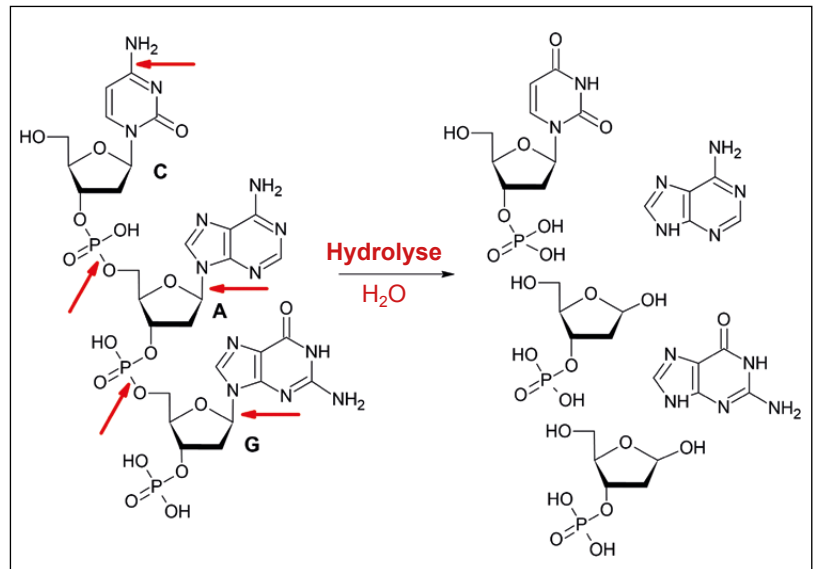
Schäden durch andere Organismen an RNA: RNA-Moleküle sind ähnlich anfällig für Oxidation wie DNA und *noch weniger* beständig gegen Hydrolyse. Darüber hinaus verfügen viele Organismen über biochemische Einrichtungen, die dazu dienen, RNA-Moleküle anderer Organismen zu zerstören – in vielen Fällen durch Spaltung der glykosidischen Bindung bestimmter Nukleotide der RNA-Sequenz. Einige Organismen verwenden RNA-zerstörende Gifte, um sich vor Fressfeinden zu schützen. Ziel solcher Angriffe sind tRNA-Moleküle und Ribosomen.

Es ist nicht übertrieben zu sagen, dass Schäden an Nukleinsäuren praktisch alle Vorgänge in der Zelle betreffen. Die Anzahl der DNA-Schäden bei Menschen pro Tag pro Zelle wird von verschiedenen Autoren auf 10^4 – 10^5 geschätzt (LINDAHL 1993; YOUSEFZADEH et al. 2021). Über eine vergleichbare Quantifizierung der Schäden an RNA-Molekülen liegen bisher keine belastbaren Daten vor. Dennoch dürfte auch hier der Reparaturaufwand der Zelle ähnlich immens sein. Folglich müssen alle Organismen über hocheffiziente, funktional sehr breit angelegte und ständig abrufbare Reparaturmechanismen verfügen, um zu überleben. Aus diesen Gründen ist das Interesse, biologische Selbstreparaturprozesse zu verstehen, in den Lebenswissenschaften sehr groß und die Forschung wächst rasant (HUANG & ZHOU 2021).

Alle Zellen müssen über hocheffiziente, funktional sehr breit angelegte und ständig abrufbare Reparaturmechanismen verfügen, um überleben zu können.

Bei sehr schweren oder irreparablen Schäden tritt bei höheren Lebewesen der programmierte Zelltod ein – eine altruistische („uneigennützte“) Verhaltensweise der Zellen, die den Erhalt des Organismus zum Ziel hat. Gegenwärtig wird angenommen, dass der programmierte Zelltod eine ausweichende Reaktion von Organismen ist, die aber das Altern zur Folge hat (YOUSEFZADEH et al. 2021).

Abb. 5 Spaltung chemischer Bindungen der DNA (rote Pfeile) – veranschaulicht an einem kurzen DNA-Strang aus drei Nukleotiden (CAG). Am Cytidin (C) erfolgt hydrolytische Desaminierung, die Purin-Basen (A und G) werden abgespalten (Spaltung der glykosidischen Bindung*) und die Phosphatbrücken zwischen den Nukleotiden werden gespalten.



Näheres zu Ursachen von Schäden an Nukleinsäuren

Nicht-biologische Ursachen für Schäden an Nukleinsäuren

Schäden durch UV-Strahlung

Relevant ist vor allem Strahlung mit Wellenlängen im Bereich von 280–315 nm (UV-B), da sie nicht durch die Ozonschicht abgefangen wird. Sie führt zur Quervernetzung der DNA durch Bildung verschiedener Typen chemischer Bindungen zwischen DNA-Nukleobasen* (z. B. Dimerisierung von Thymin), wobei Verknüpfungen zwischen Pyrimidin-Basen deutlich häufiger vorkommen. Darüber hinaus kann direkte UV-Licht-Einwirkung Doppel- und Einzelstrangbrüche verursachen, wobei Erstere schwerer zu reparieren sind und besonders gravierende Folgen haben können (FERNANDEZ et al 2021).

Oxidation durch ROS (reactive oxygen species)

Während molekularer Sauerstoff (O_2) ungiftig ist, verhält es sich anders mit einigen seiner Reaktionsprodukte, den ROS. Solche Verbindungen können durch Einwirkung von UV-Licht entstehen oder durch Elektronentransfer auf Sauerstoff-Moleküle von einigen zelleigenen kleinen Molekülen (SCHMIDTGALL 2022). ROS gehen leicht mit vielen verschiedenen Molekülen Reaktionen ein, auch mit Erbgutmolekülen. Reaktionen von Erbgut-Molekülen mit ROS zählen zu den Oxidationen. Besonders anfällig für Oxidationen ist die Nukleobase Guanosin.

Bindungsspaltung durch Wasser

Obwohl Nukleinsäuren gegenüber der Reaktion mit Wasser kinetisch* einigermaßen beständig sind, stellt die Hydrolyse die mit Abstand häufigste Ursache von Schäden an der DNA dar (YOUSEFZADEH et al. 2021). Der Grund dafür ist die große Menge von Wassermolekülen im zellulären Milieu, weswegen die langsam verlaufende Hydrolyse zu einem signifikanten Phänomen wird. Zum einen werden dadurch Nukleobasen vom Zuckerphosphat-Rückgrat der DNA abgespalten, sodass „Löcher“ in der DNA-Helix entstehen, wofür besonders der DNA-Baustein Adenosin anfällig ist. Zum anderen kommt es zu Einzelstrangbrüchen als Folge hydrolytischer Spaltungen des DNA-Rückgrats (Phosphodiester-Bindungen). Des Weiteren wird Cytosin durch Reaktion mit Wasser in Uracil umgewandelt – eine Reaktion, die als hydrolytische Desaminierung bezeichnet wird. Da Uracil nicht zu den kanonischen Nukleobasen der DNA (wohl aber der RNA) gehört, stellt es dort eine Störung dar und wird im Erbgut der Zelle als Defekt erkannt.

Biologische Ursachen für Schäden an Nukleinsäuren

Im Zuge der Zellteilung wird das gesamte Erbgut einer Zelle durch DNA-Polymerasen* kopiert. Da bei diesem Vorgang die Doppelhelix in ihre Einzelstränge aufgewickelt wird, spricht man bildhaft von einer „Replikationsgabel“. Im Verlauf des Kopiervorgangs bewegt sich der Enzymkomplex der DNA-Polymerase – vergleichbar mit einem Zug auf

Gleisen – auf der DNA, wobei die geöffnete Stelle (Replikationsblase) mitwandert. Trifft die DNA-Polymerase auf ungepaarte Stellen in der DNA (fehlgepaarte Basen) oder Löcher, d. h. Stellen ohne Nukleobase, kann es zum Zusammenbruch des Komplexes kommen und infolgedessen zu einem Doppelstrangbruch (DSB). Dieser Vorgang ist weit häufiger für die Entstehung von DSB ursächlich als z. B. die Einwirkung von UV-Licht (CHAPMAN et al. 2012).

Methylierungen

In Organismen ist das Anfügen von Methylgruppen ($-CH_3$) eine häufig vorkommende biochemische Reaktion. Durch Methylierung werden transponierbare Elemente reguliert – mobile genetische Elemente, die eine entscheidende Rolle in der Variabilität bzw. Anpassungsfähigkeit der Lebewesen spielen (BORGER 2023). Ebenso wird die Genaktivität durch Methylierungen der DNA reguliert: Indem die Nukleobasen Cytosin bzw. Adenin mit Methylgruppen versehen werden, erfolgt das Ausschalten bestimmter Gene. Solche Vorgänge erfolgen unter Katalyse durch DNA-Methyltransferasen, wobei es allerdings auch zu Nebenreaktionen kommt. Fehlplatzierte Methylierungen müssen entfernt werden, um die richtige Funktion der Gene aufrecht zu erhalten (SALL et al. 2022).

Schäden durch andere Organismen an RNA

Lange Zeit glaubte man, dass Schäden an RNA-Molekülen irrelevant sind, da diese Makromoleküle im Vergleich zur DNA relativ schnell verbraucht, enzymatisch abgebaut und an der DNA neu synthetisiert werden. Inzwischen ist zudem gesichert, dass verschiedene RNA-Moleküle im Rahmen der „biochemischen Kriegsführung“ auf zellulärer Ebene (z. B. durch Parasiten bzw. Fressfeinde) zwischen verschiedenen Organismen am häufigsten angegriffen werden (SHUMAN 2023). Vor allem bei Eukaryoten sind RNA-Moleküle in einem wesentlich höheren Maße für solche Angriffe exponiert als die im Zellkern kompakt verdichtete DNA. Da funktionale RNA-Moleküle im Unterschied zu Proteinen ihre Struktur kaum verändern und gleichzeitig zentrale Funktionen in der Zelle übernehmen, eignen sie sich besonders gut als Angriffsziele für Parasiten oder Räuber. Beispielsweise attackieren die Pilze *Kluyveromyces* und *Millerozyma* als Parasiten die Zellen von Wirtspflanzen, indem sie das RNA-Toxin Zymocin ausscheiden. Dieses Gift ist gegen das transfer-RNA (tRNA)-Molekül der Aminosäure Glutamin gerichtet und stört daher die Proteinbiosynthese der Pflanze (JABLONOWSKI & SCHAFFRATH 2007). Weit verbreitet ist auch die defensive Nutzung von RNA-Giften wie Rizin, Abrin oder Saporin z. B. durch Pflanzen gegen Fressfeinde. Diese Gifte bewirken die Spaltung der glykosidischen Bindung* von Nukleotiden in ribosomalen RNA (rRNA)-Molekülen und machen Ribosomen* funktionsuntüchtig (STIRPE & BATTELLI 2006).

Reparaturmechanismen für Schäden an DNA

Die zelluläre Antwort auf Schäden an Nukleinsäuren besteht aus einem mehrstufigen, hochkomplexen Vorgang, der immer noch zu einem erheblichen Teil unverstanden ist (HUANG & ZHOU 2021). Kurz zusammengefasst sieht der Verlauf der zellulären Antwort auf DNA-Schäden bei allen Lebewesen wie folgt aus: 1. Wahrnehmung und Signalweiterleitung: Sensor-Proteine interagieren mit der beschädigten Stelle und leiten ein Signal weiter, das verschiedene, auf das Beheben des Schadens ausgerichtete Maßnahmen auslöst. 2. Zu den Maßnahmen gehört das Anhalten des Zellzyklus bzw. der Zellteilung – begleitet vom Ankurbeln geeigneter Reparaturprozesse – oder dem Auslösen des programmierten Zelltods (Apoptose; nur bei Eukaryoten). Der beschriebene Vorgang impliziert im zweiten Teilschritt eine *Entscheidungsfindung*, der eine *Abwägung des Reparaturaufwands* vorausgeht; im Fall einer Reparatur ist dann die *Wahl* eines zum Schaden passenden Reparaturprogramms erforderlich.

Zu den Reparaturwerkzeugen, über die alle Lebewesen verfügen, gehören: 1. Erkennungsfaktoren: Proteine, die den Schaden identifizieren; 2. Helikasen: Enzyme, die die DNA-Helix entwinden; 3. Nukleasen: Enzyme, die beschädigte Teile des Erbguts ausschneiden; 4. DNA-Polymerasen: Enzyme, die den entfernten Teil des Erbguts erneut synthetisieren und 5. DNA-Ligasen: Enzyme, die den neu synthetisierten Strang mit dem noch intakten Erbgut verknüpfen.

Reparatur von Doppelstrangbrüchen (DSB)

Doppelstrangbrüche stellen, wie zuvor erwähnt, die größte Gefahr für Zellen dar. Eine besondere Herausforderung hierbei ist es, die voneinander abgetrennten Strang-Enden zwecks Wiederverknüpfung in unmittelbare Nähe zu bringen, was im sehr dichten Zellmilieu sehr schwierig ist (VOGT & HE 2023). Die frühesten Forschungsarbeiten zu Reparaturen von DSB wurden an *E.-coli*-Bakterien durchgeführt. Schon 1974 wurde unter dem Begriff „SOS-Antwort“ die Hypothese aufgestellt, dass DNA-Strangbrüche in Bakterien eine Antwort mit dem Ziel der Schadensbehebung auslösen (RADMAN 1974). Inzwischen sind viele Details dieses hochkomplexen Vorgangs bekannt (LIMA-NORONHA et al. 2022). Ausgelöst wird die Antwort durch das RecA-Protein – ein zentrales und hochgradig *multifunktionales* Steuerungselement in der bakteriellen SOS-Antwort.

Es erkennt ungepaarte DNA-Stränge und bindet daran. Diese Bindung bewirkt die Spaltung von LexA, einer Art Repressor*- und Schutzprotein der DNA. Dabei wird unter anderem das SOS-Regulon* freigelegt – eine Gruppe von Regionen im Bakterien-Erbgut, die für das Auslösen des Reparaturprogramms zuständig sind. Dazu gehört die vermehrte Synthese des Proteinkomplexes RecBCD, das ist ein großer Proteinkomplex, der die DNA *gezielt* und unter ATP*-Verbrauch an der Stelle des DSB entwindet und durch Schnitte an bestimmten Stellen für die Neusynthese des beschädigten Abschnitts durch eine DNA-Polymerase *vorbereitet*. Zudem wird mit Sula ein Protein erzeugt, das die Zellteilung verhindert, um zuerst die Reparatur des Schadens zu beenden und so die Weitergabe eines möglichst unbeschädigten Erbguts zu ermöglichen. Ebenso wird die Synthese von DNA-Polymerasen durch das SOS-Signal hochreguliert.

Der in den meisten Fällen stattfindende Reparaturvorgang wird als „homologe Rekombination“ (HR) bezeichnet und verläuft wie folgt: Der gebildete Komplex DNA-RecA sucht unter ATP-Verbrauch nach einer strukturell passenden Doppelstrang-DNA, die als Templat für die erneute Synthese der DNA dient. Die Neusynthese eines DNA-Abschnitts erfolgt unter Verwendung einer intakten dsDNA (doppelsträngige DNA) als Templat. Nach abgeschlossener Neusynthese verbindet eine DNA-Ligase den neuen Abschnitt mit dem intakten alten.

Die HR ist ein energieintensiver und sehr fehlerarmer Reparaturvorgang, da die darin wirksamen Polymerasen über eine Korrekturfunktion verfügen – sie erkennen falsch eingebaute Nukleotide und ersetzen sie durch die richtigen. Die HR kann allerdings nicht immer verwirklicht werden, z. B. wenn die Schäden an der DNA zu groß sind oder wenn ein passendes dsDNA-Templat nicht verfügbar ist. Aus diesem Grund verfügen Organismen über DNA-Polymerasen, die die Reparatur ohne Templat verwirklichen können. Hierbei kommt es allerdings wesentlich häufiger zu fehlerhaft eingebauten DNA-Bausteinen und auch dem Verlust von genetischer Information.

Das hier dargestellte Modell beruht auf Forschungsarbeiten an *E.-coli*-Bakterien, ist aber im Prinzip auf viele andere Bakterien anwendbar (LIMA-NORONHA et al. 2022). Bei Eukaryoten ist der Reparaturvorgang deutlich komplexer, wobei es hinsichtlich der Enzyme einige Entsprechungen gibt. Gänzlich anders ist bei Eukaryoten das die Reparaturmaßnahmen auslösende Signal und dessen Weiterleitung. (HUANG & ZHOU 2021; NIIDA & NAKANISHI 2006). Bei Archaea wurden viele ähnliche Elemente der

Reparatur von DSB gefunden, wobei wesentlich weniger Details über das gesamte Reparatursystem und die zugrundeliegende genetische Information bekannt sind. Überraschend und *bisher unverstanden* ist hierbei die Tatsache, dass selbst extremophile* Archaea nach bisherigem Wissen nicht über andere Reparaturwerkzeuge verfügen, obwohl sie unter Bedingungen leben, die zweifellos zu deutlich höheren Mutationsraten führen (MARSHALL & SANTANGELO 2020).

Reparatur von Basen-Fehlpaarungen (mismatch repair, MMR)

Das Resultat fehlerhafter Replikation sind häufig Basenfehlpaarungen. Solche Mutationen kommen einmal pro ca. 10^6 DNA-Bausteine vor. Relativ gut erforscht ist der Mechanismus der Wiederherstellung der korrekten Basenpaarungen bei Eukaryoten und Bakterien (MODRICH 2016). Die Herausforderung besteht hierbei darin, die Fehlpaarung zu erkennen und *zugleich* auch den Strang zu identifizieren, der das fehlerhaft eingebaute Nukleotid enthält. Bei *E.-coli*-Bakterien geschieht dies durch die zwei Proteine MutL und MutS, die als Komplex an die DNA binden und unter ATP-Verbrauch über die DNA gleiten können (MODRICH 2016). Sobald der Komplex MutS-MutL auf eine Fehlpaarung trifft, wird ein weiteres Protein MutH rekrutiert, das spezifisch an dem nichtmethylierten Strang einen Schnitt einfügt. Auf diese geniale Weise wird sichergestellt, dass der Schnitt am neu synthetisierten Strang gesetzt wird, der wahrscheinlich den fehlerhaft eingebauten Baustein enthält, da nur der alte Strang methyliert ist (MARSHALL 2020). Diese Schnittstelle wird von der Helikase UvrD erkannt, die die Helix entwindet. Anschließend wird der Strangteil, der das fehlerhaft eingeführte Nukleotid enthält, durch eine Exonuklease entfernt und es findet eine Neusynthese durch eine DNA-Polymerase nebst Verknüpfung durch eine Ligase statt. Insgesamt werden nach aktuellem Wissensstand mindestens *acht* verschiedene Proteine für die Reparatur von Fehlpaarungen bei *E.-coli*-Bakterien benötigt.

Insgesamt werden nach aktuellem Wissensstand mindestens acht verschiedene Proteine für die Reparatur von Fehlpaarungen bei *E.-coli*-Bakterien benötigt.

Bei Eukaryoten ist der Satz der Werkzeuge für die Reparatur demjenigen der *E.-coli*-Bakterien ähnlich, wobei es aber kein Analogon zu MutH gibt – dessen Funktion wird jedoch von

anderen Enzymen ausgeführt. Bei Archaea sind dagegen Analoga von MutS/MutL nur bei einigen Arten nachgewiesen worden (z. B. *Methanosaeta thermophila*). Bei vielen Archaea erfolgt die MMR durch NucS/EndoMS-Nukleasen, die sich strukturell deutlich von MutL/MutS unterscheiden. Es gibt allerdings auch Archaea, bei denen weder MutL/MutS noch EndoMS identifiziert worden sind (MARSHALL 2020).

Ausschneiden von Nukleobasen (base excision repair, BER)

Wird eine Nukleobase durch Oxidation, fehlerhafte Methylierung oder hydrolytische Desaminierung strukturell verändert, ist es erforderlich, sie zu entfernen. Der hierfür in Organismen verfügbare Reparaturmechanismus ist bei allen Lebewesen vom Bakterium bis zu Menschen *sehr ähnlich* (WALLACE 2014). DNA-Glykosylasen erkennen strukturell veränderte Nukleobasen als Defekt und spalten daraufhin die chemische Bindung zwischen dem Zuckerbaustein der DNA und der beschädigten Nukleobase. Auf diese Weise hinterlässt das Enzym ein „Loch“ (apurinic/apyrimidinic site [AP], eine basenfreie Stelle) in der DNA. Der verbleibende Zuckerrest wird von einem weiteren Enzym, einer AP-spezifischen Lyase, abgespalten. Anschließend erfolgen das Entfernen des beschädigten Strangteils durch eine Exonuklease und die erneute Synthese durch eine DNA-Polymerase mit abschließender Bindungsknüpfung durch eine Ligase. Interessant ist bei diesem Reparaturmechanismus, dass sowohl bei Menschen als auch bei Bakterien *elf* verschiedene Glykosylasen vorliegen, wovon vier für das Entfernen von fehlplatziertem Uracil oder Thymin zuständig sind, sechs für oxidativ abgewandelte Nukleobasen und eine für fehlerhaft methylierte Nukleobasen (WALLACE 2014). Organismen mit einfacheren Sätzen von Glykosylasen sind bisher nicht bekannt.

Beim Ausschneiden von Nukleobasen sind sowohl bei Menschen als auch bei Bakterien elf verschiedene Glykosylasen beteiligt – einfachere Sätze von Glykosylasen sind bisher nicht bekannt.

Ausschneiden von Nukleotiden und Ribonukleotiden (nucleotide excision repair, NER; ribonucleotide excision repair, RER)

Auflösungen von UV-induzierten DNA-Quervernetzungen erfolgen durch das Erkennen und

Ausschneiden der betroffenen Nukleotide. Dabei fügen bestimmte Enzyme auf beiden Seiten der DNA-Doppelhelix Schnitte ein. Bei Bakterien ist hierfür UvrA2/B/C/D der zuständige multifunktionale Enzymkomplex. Anschließend erfolgt wie in oben beschriebenen Fällen der Vierschritt aus Entwinden, Entfernen, Neusynthese und Ligation. *NER* ist bei Bakterien wie bei Archaea und Menschen sehr ähnlich beschaffen und ebenfalls unverzichtbar. Das Ausschalten der Gene für die Synthese der *NER*-Enzyme bei Halobakterien führte zu einer extremen Empfindlichkeit gegen UV-Licht (MARSHALL 2020).

Es kommt auch vor, dass Ribonukleotide* „irrtümlich“ in die DNA eingebaut werden. Das liegt unter anderem daran, dass Ribonukleotide in einer um einige Größenordnungen höheren Konzentration in der Zelle vorliegen als Desoxyribonukleotide*. Außerdem werden im Verlauf der Replikation Oligoribonukleotide als Primer* für die Initiation der DNA-Synthese verwendet, wonach es passieren kann, dass die Ribonukleotide unvollständig entfernt und anschließend in die DNA eingebaut werden. Bei einigen Archaea konnte der durchschnittliche Einbau von einem Ribonukleotid pro ca. 1000 DNA-Bausteine nachgewiesen werden (MARSHALL 2020). Der Reparaturmechanismus hierfür ist bei allen Organismen ähnlich und wird als „*universell konserviert*“ bezeichnet, was einerseits eine gemeinsame Abstammung aller Organismen unterstellt, andererseits ihre weitgehende Unveränderlichkeit anzeigt. Die Nuklease RNaseH2 führt *gezielt* entweder am 3'-Ende (Bakterien, Eukaryoten) oder am 5'-Ende des Ribonukleotids eine Bindungsspaltung ein. Anschließend erfolgt auch hier die Wiederherstellung durch Entwinden, Entfernen, Neusynthese und Ligation.

Die Reparaturmechanismen für das Entfernen mutierter Nukleobasen (BER) bzw. falscher Nukleotide (NER) sind bei allen Lebewesen auffallend ähnlich.

Einzigartige Reparaturvorgänge in Eukaryoten

Reparaturvorgänge bei Eukaryoten sind weit- aus *komplexer* als bei Prokaryoten und Archaea, auch wenn die verwendeten Enzyme ähnlich sind. Kurz zusammengefasst verlaufen sie nach folgendem Muster: An der Stelle des Schadens bildet sich ein Proteinkomplex (9-1-1-Komplex), der ein Signal auslöst, das in der Form einer Kaskade von Phosphorylierungen* über

einige Stationen weitergegeben wird. Zentrale Rollen kommen dabei zwei sehr großen Proteinen ATM und ATR zu (jeweils ca. 350 kDa*), die *über 100* Reaktionspartner phosphorylieren. Anschließend erreicht das Signal dann Effektor-Proteine wie p53, die Maßnahmen zur Schadensbehebung auslösen (NIIDA & NAKANISHI 2006). Dazu gehört das Anhalten des Zellzyklus, das eine Vervollständigung der Reparatur vor der Zellteilung ermöglicht (HUANG & ZHOU 2021; NIIDA & NAKANISHI 2006). Ebenso wie in Bakterien wird die Synthese von Reparatur-enzymen angekurbelt und zum Schaden passende Reparaturprogramme werden ausgelöst – oder im Fall eines zu hohen Reparaturaufwands der Zelltod. Die großen Unterschiede zwischen Eukaryoten und den anderen Organismen liegen vor allem in der Weiterleitung des Signals, während die Reparaturprogramme, die oben erläutert wurden, bei Eukaryoten in vielerlei Hinsicht Ähnlichkeiten zu denjenigen von Bakterien bzw. Archaea aufweisen.

Reparatur von Schäden der RNA

Reparaturen von RNA-Molekülen sind neben Schäden durch Oxidation und Hydrolyse auch wegen der „biochemischen Kriegsführung“ zwischen Organismen erforderlich (z. B. bei intrazellulärem Parasitismus). Im Verlauf der vergangenen zwanzig Jahre sind viele faszinierende Enzyme entdeckt worden, die die Funktion haben, beschädigte RNA-Moleküle wiederherzustellen. Repariert werden tRNA-Moleküle und Ribosomen, nicht jedoch kleine RNA-Moleküle. Es sind unter anderem Reparaturenzyme beschrieben worden, die *zugleich gegensätzliche* Aktivitäten ausüben: das Brechen und das Reparieren bestimmter Bindungen (BURROUGHS & ARAVIND 2016). Zudem verfügen RNA-Reparatursysteme nicht nur über die Kompetenz, RNA-Moleküle zu reparieren, sondern können auch künftigen erneuten Angriffen *vorbeugen*. Nach der Reparatur wird die reparierte Stelle durch Methyltransferasen methyliert, sodass erneute Spaltungen verhindert werden (SHUMAN 2023). Die Reparatursysteme bestehen bei Prokaryoten aus verschiedenen Enzymen, die aufeinander abgestimmt die Reparatur von RNA-Molekülen ausführen. In Eukaryoten sind die einzelnen funktionellen Module zu einem einzigen, riesigen *Multienzymkomplex* kombiniert, der wegen seiner Multifunktionalität als „Schweizer-Messer-Protein“ bezeichnet wird (BURROUGHS & ARAVIND 2016). RNA-Reparaturenzyme kommen in allen Domänen des Lebens vor und die einzelnen Module sind bei allen Lebewesen sehr ähnlich, gelten also auch als „hochkonserviert“.

Diskussion: Erklärung der Entstehung von Reparatursystemen durch Evolution?

Bereits der Umstand, dass Erbgutmoleküle chemisch unbeständig und auf mannigfaltige Weise für Schäden anfällig sind, gibt Forschern zu denken. DE LAAT et al. (1999) sehen es als „fundamentales Problem, dass die genetische Information in einer Form gespeichert wird, die chemisch nicht inert [nicht reaktionsfähig] ist“.

Spekulationen über eine hypothetische „RNA-Welt“ erscheinen angesichts des beschriebenen Ausmaßes der Schäden an Erbgutmolekülen absurd.

Das hier beschriebene Ausmaß der Schäden an Nukleinsäuren allein durch Einwirkung von Wasser und UV-Licht lässt gegenwärtig weit verbreitete Spekulationen über eine hypothetische „RNA-Welt“ als evolutionäre Etappe vor dem Entstehen erster Zellen als absurd erscheinen. Zugleich wird deutlich, dass angenommene frühe primitive einzellige Lebensformen ohne einen umfangreichen „Werkzeugkoffer“ mit hocheffizienten Erkennungs-, Signal- und Reparaturenzymen nicht überlebensfähig sein konnten. Kaum ein Autor wagt den Versuch, im Detail zu erklären, wie die Reparaturmechanismen entstanden sein könnten. Es wird einfach ohne Begründung behauptet, sie seien evolviert. Zugleich wird oft konstatiert, dass die Reparaturwerkzeuge von Bakterien bis Menschen „extrem konserviert“ seien – damit wären sie nach evolutionärer Lesart seit ca. 3,5–4 Milliarden Jahren Evolution im Wesentlichen unverändert: „Darüber hinaus sind mehrere DNA-Reparatursysteme in jeder oder mindestens in zwei der Domänen des Lebens tief konserviert [...], sogar in Prokaryoten“ (BROUGHES & ARAVIND 2016). Die vielfach nicht ausgesprochene, aber zwingende Folgerung ist demnach, dass praktisch alle hochkomplexen Reparaturenzyme sehr schnell bis quasi zeitgleich im Zuge der frühen Evolution entstanden sein müssten. Allerdings bringt niemand den Mut auf, eine derart vernunftwidrige Annahme zu Papier zu bringen.

Die Abhängigkeit vieler Reparaturprozesse von der molekularen Energiewährung ATP stellt ebenfalls eine schwierige Hürde für evolutionäre Modelle dar, da hierfür eine beständige ATP-Synthese benötigt wird. Das ist aber nur mit einem *äußerst komplexen* Energiestoffwechsel inklusive ATP-Synthase möglich. Es müsste also angenommen werden, dass beides *zugleich*

entstanden ist. Es dürfte wohl kaum gelingen, hierfür einen plausiblen schrittweisen Vorgang als Erklärung zu formulieren, während intelligente Planung hier nahe liegt.

Nicht nachvollziehbar aus Sicht der Evolutionslehre ist überdies der gewaltige Unterschied zwischen Bakterien/Archaea und Eukaryoten hinsichtlich der Signalübertragung im Fall von Schäden am Erbgut. Während bei *E. coli* DNA-bindende Proteine durch Freilegen eines DNA-Bereichs das Reparaturprogramm auslösen, läuft das Signal bei Eukaryoten über eine Kaskade von Phosphorylierungen. Das sind fundamental verschiedene biochemische Abläufe. Über Modelle einer schrittweisen Umstellung der Reparatursysteme im Zuge der angenommenen Evolution von Archaea bzw. Bakterien zu Eukaryoten inklusive der Selektionsdrücke, die das bewirkt haben könnten, ist der Literatur nichts zu entnehmen.

Ein weiteres schwerwiegendes Problem wäre auch eine allmähliche Entwicklung von Nukleasen. Primitive, wenig spezifisch schneidende Nukleasen würden das Erbgut sofort zerstören. Daher müssten *alle* Nukleasen *von Anfang an* mit hoher Präzision nur an den erforderlichen Stellen geschnitten haben. Außerdem muss *immer* eine strenge Kontrolle der Aktivität der Nukleasen gewährleistet sein – analog zu einem Skalpell, das in einer Schutzhülle aufbewahrt werden muss (SPIVAK 2015). Zugleich muss eine rasche Aktivierung der Synthese dieser Enzyme möglich sein. Das stellt eine weitere immense Überforderung für kleinschrittige Szenarien einer frühen Evolution dar.

Die koordinierte Zusammenarbeit der Reparaturenzyme nötigt den Gedanken an ein sorgfältig programmiertes Ensemble von Nanorobotern auf.

Die koordinierte und genau aufeinander abgestimmte Zusammenarbeit verschiedener Enzyme nötigt den Gedanken an ein sorgfältig programmiertes Ensemble von Nanorobotern auf. Es überrascht daher nicht, dass viele Autoren ihre evolutionären Hypothesen *teleologisch* (auf ein Ziel hin gerichtet) formulieren (MARSHALL 2020; Hervorh. hinzugef.): „Die DNA-Reparaturmechanismen haben sich so entwickelt, *um* eher die allgemeinen Verzerrungen des DNA-Rückgrats als die eigentliche Veränderung zu erkennen, was die Erkennung eines breiten Spektrums von DNA-Läsionen ermöglicht.“ Solche zielorientierten Aussagen sind mit dem Wesen evolutionärer Abläufe, die weder Ziel noch Zweck verfolgen, nicht vereinbar – sehr wohl dagegen mit *intelligenter Planung*.

Glossar

ATP: Adenosintriphosphat, der universelle molekulare Energieträger in der Zelle („Energiewährung“)

Desoxyribonukleotid: molekularer Einzelbaustein der DNA

Extremophil: „das Extreme liebend“ – Bezeichnung für Organismen, die unter sehr harschen Bedingungen leben (z. B. im Toten Meer oder in heißen Quellen)

glykosidische Bindung: chemische Bindung in der DNA zwischen Nukleobasen und Zuckereinheiten

kDa (kilodalton): Gewichtseinheit von Makromolekülen (1 Da = 1 g/mol)

kinetisch: Kinetische Größen beschreiben die Geschwindigkeit chemischer Reaktionen.

Nukleobase: Teil der DNA oder RNA, der einen entscheidenden Beitrag zur Reißverschluss-artigen Bildung der Doppelhelix-Moleküle leistet

Phosphorylierung: Anfügen einer PO_3 -Gruppe

Polymerase: Enzym, das die DNA-Kettenverlängerungsreaktion katalysiert

Primer: kurzes Stück RNA, das bei der Replikation als Hilfsmolekül (Auxiliar) dient und später wieder entfernt bzw. durch DNA ersetzt wird

Regulon: Gruppe voneinander unabhängiger Gene, die von demselben Protein reguliert werden

Repressor: Protein, das einen DNA-Abschnitt blockiert und dadurch dessen Ablesen und damit die Synthese des entsprechenden Proteins verhindert

Ribonukleotid: molekularer Einzelbaustein der RNA

Ribosomen: für Proteinbiosynthese zuständige molekulare Maschinen in der Zelle

Thermodynamisch: In der Chemie beschreiben thermodynamische Größen die Tendenz chemischer Prozesse, die sich aus der Differenz der Energien von Reaktionsprodukten und -ausgangsstoffen ergibt. Spontane chemische Reaktionen verlaufen stets in Richtung energieärmerer Produkte.

Darüber hinaus ist die Ähnlichkeit der Reparaturwerkzeuge (Enzyme) in allen Domänen des Lebens weit besser verständlich, wenn man sie durch funktionelle Notwendigkeit erklärt, anstatt gemeinsame Abstammung anzunehmen. So wie alle Schraubenschlüssel und -zieher in ihrer Form ähnlich sind, weil sie für sehr ähnliche Zwecke geschaffen wurden, so sind es auch Enzyme, deren Zweck die Reparatur von Nukleinsäuren ist.

Literatur

- BORGER P (2023) Über den Entwurf des Lebens: Mobile genetische Elemente. *Gentische Quellen der Anpassungsfähigkeit. Stud. Integr. J.* 30, 22–30.
- BURROUGHS MA & ARAVIND L (2016) RNA damage in biological conflicts and the diversity of responding RNA repair systems. *Nucleic Acids Res.* 44, 8525–8555.
- CHAPMAN JR et al. (2012) Playing the end game: DNA double-strand break repair pathway choice. *Mol. Cell* 47, 497–510.
- DE LAAT et al. (1999) Molecular mechanism of nucleotide excision repair. *Genes & Development* 13, 768–785.
- FERNANDEZ A et al. (2021) Epigenetic mechanisms in DNA double strand break repair: a clinical review. *Front. Mol. Biosci.* 8, Article 685440.
- HUANG RX & ZHOU PK (2020) DNA damage response

signaling pathways and targets for radiotherapy sensitization in cancer. *Signal Transduction and Targeted Therapy* 5, 60.

- HUANG RX & ZHOU PK (2021) DNA damage repair: historical perspectives, mechanistic pathways and clinical translation for targeted cancer therapy. *Signal Transduction and Targeted Therapy* 6, 254.
- JABLONOWSKI D & SCHAFFRATH R (2007) Zymocin, a composite chitinase and tRNase killer toxin from yeast. *Biochem. Soc. Trans.* 35, 1533–1537.
- KCIUK M et al. (2020) Focus on UV-Induced DNA Damage and Repair – Disease Relevance and Protective Strategies. *Int. J. Mol. Sci.* 21, 7264.
- KUSNETSOVA AA et al. (2009) Oxidation of DNA and its components with reactive oxygen species. *Russ. Chem. Rev.* 78, 659–678.
- LAHUE RS & MODRICH P (1989) DNA mismatch in a defined system. *Science* 245, 160–164.
- LIMA-NORONHA M et al. (2022) Sending out an SOS – the bacterial DNA damage response. *Genet. Mol. Biol.* 45, 3.
- LINDAHL T (1993) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362, 709–715.
- MARSHALL CJ & SANTANGELO TJ (2020) Archaeal DNA Repair Mechanisms. *Biomolecules* 10, 1472, doi:10.3390/biom10111472.
- MODRICH P (2016) Mechanisms in *E. coli* and Human Mismatch Repair. *Angew. Chem. Int. Ed.* 55, 8490–8501.
- NIIDA H & NAKANISHI M (2006) DNA damage checkpoints in mammals. *Mutagenesis* 21, 3–9.
- RADMAN M (1974) Phenomenology of an inducible mutagenic DNA repair pathway in *Escherichia coli*: SOS repair hypothesis. In: PRAKASH L (ed) *Molecular and environmental aspects of mutagenesis*. Charles C. Thomas, Springfield, pp 128–142.
- SALL SO et al. (2022) DNA damage and DNA methylation, in GALVONAS JASIULIONIS M (ed., 2022) *Epigenetics and DNA damage*. Elsevier.
- SCHMIDTGALL B (2022) Die Sauerstoffkatastrophe 3. Biologische Schutzvorrichtungen gegen oxidativen Stress. *Stud. Integr. J.* 29, 27–35.
- SHUMAN S (2023) RNA repair: hiding in plain sight. *Annu. Rev. Genet.* 57, 461–489.
- SINHA RP & HÄDER DP (2002), UV-induced DNA damage and repair: a review. *Photochem. Photobiol. Sci.* 1, 225–236.
- SPIVAK G (2015) Nucleotide excision repair in humans. *DNA repair* 36, 13–18.
- STIRPE F & BATTELLI MG (2006) Ribosome-inactivating proteins: progress and problems. *Cell. Mol. Life Sci.* 63, 1850–1866.
- VAN DEN HEUVEL D et al. (2021) Transcription-coupled DNA repair: from mechanism to human disorder. *Trends Cell Biol.* 31, 359–371.
- VOGT A & HE Y (2023) Structure and mechanism in non-homologous end joining. *DNA repair* 130, 103547.
- WALLACE SS (2014) Base excision repair: A critical player in many games. *DNA repair* 19, 14–26.
- YOUSEFZADEH M et al. (2021) DNA damage – how and why we age? *eLife* 2021, 10:e62852.

Anschrift des Verfassers:

Boris Schmidtgall, SG Wort und Wissen,

Peter-Stein-Str. 4, 72250 Freudenstadt;

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



Delfine – ein sportlicher Grundtyp?

Selbst Kinder können die Delfine anhand ihres rundlichen Kopfes und des „Schnabels“ meist leicht identifizieren. Doch gehören sie auch zu einer gemeinsamen Schöpfungseinheit (Grundtyp)? Neue Ergebnisse aus Molekulargenetik und Kenntnisse über Hybriden sprechen dafür, dass die Delfine (Delphinidae) – nicht aber Flussdelfine – einen vielfältigen gemeinsamen Grundtyp bilden.

Benjamin Scholl

Delfine (Delphinidae) sind faszinierende Geschöpfe. Sie besitzen ein relativ großes Gehirn und sind für Meerestiere ziemlich intelligent (vgl. SCHOLL 2023). Delfine schlafen nur mit einer Gehirnhälfte, um weiter schwimmen und spätestens alle 15 Minuten zum Atmen auftauchen zu können. Sie leben als soziale Tiere in bis zu 1000 Tiere zählenden Gruppen und kommunizieren über vielfältige Geräusche sowie Körperkontakt. Die Familie der Delfine gehört zu der Unterordnung der Zahnwale (Odontoceti). Mit 37 Arten und 18 Gattungen sind Delfine als Zahnwale die vielfältigste Familie der Wale (McGOWEN et al. 2020, 479, Fig. 2; vgl. PERRIN et al. 2002, 310; MURAKAMI et al. 2014, 491). Es gibt Delfine in allen Meeren der Welt und einige Arten kommen auch in Flüssen vor. Mit ihrem stromlinienförmigen, 1,5 bis 8 Meter langen Körper erreichen Delfine Geschwindigkeiten von bis zu 55 km/h. Mittels der Melone, einem Organ für Ultraschallortung auf der Stirn, orientieren sich Delfine unter Wasser; die Melone bewirkt auch die rundliche Kopfform. Delfine jagen ihre Beute mittels des langgezogenen „Schnabels“, der oft viele Zähne enthält.

Heutige Delfinarten

Es sind 18 verschiedene Hybriden von unterschiedlichen Delfin-Arten bekannt, die nicht

nur die Grenzen von Gattungen, sondern auch die von Unterfamilien überschreiten (CROSSMAN et al. 2016). Die meisten Hybride stammen vom Großen Tümmler. Trägt man diese Hybride nach Gattungen in verschiedenen morphologischen (körperbaulichen) bzw. molekulargenetischen phylogenetischen Analysen auf, ergibt sich folgendes Bild (s. Abb. 1): Die Delfine bilden wahrscheinlich einen gemeinsamen *Minimalen Grundtyp* – d. h. mindestens diese Arten gehören wahrscheinlich zu derselben Schöpfungseinheit. Beim Großen Schwertwal (*Orcinus orca*) spricht die Mehrheit der Analysen für eine Zugehörigkeit zum Grundtyp der Delfine (vgl. auch MURAKAMI et al. 2014, Fig. 7+8+10) – auch wenn er sich als absoluter Spitzenprädatoren (Räuber) der Meere hinsichtlich seiner Größe und Masse deutlich von den anderen Delfinen abhebt. Lediglich die Gattung *Orcaella*, die aus den beiden Arten Irawadidelfin und Australischer Stupsfinnendelfin besteht, fällt ungefähr in der Hälfte der Analysen aus der durch Hybridisierung verbundenen Gruppe der Delfine heraus. Weil *Orcaella* aber in den Analysen C, D, E und H (s. Abb. 2) zwischen die durch Hybride verbundenen Delfine eingeordnet ist (so auch bei MURAKAMI et al. 2014, Fig. 7+8+10), ist die Gattung wahrscheinlich doch dem Grundtyp der Delfine zuzurechnen. Da Mutationen schnell zu genetischer

IntroBild Der Große Tümmler (*Tursiops truncatus*) beim Sprung. (Wikimedia: NASA, gemeinfrei)

Abb. 1 Die Delfine – je eine Art pro Gattung (v. l. n. r.):

1. Reihe: Gemeiner Delfin, Borneodelfin, Schlankdelfine, Guyana-Delfin und Großer Tümmler. **2. Reihe:** Commerson-Delfin, Nördlicher Glattdelfin, Schwarzdelfin und Zwerggrindwal. **3. Reihe:** Rundkopfdelfin, Gewöhnlicher Grindwal, Irawadidelfin und Breitschnabeldelfin.

4. Reihe: Kleiner Schwertwal, Rauszahndelfin, Weißschnauzendelfin, Weißseitendelfin und Großer Schwertwal. (Wikimedia: Netspy, CC BY-SA 3.0; Laurent Bouveret, CC BY-SA 4.0; Amandine BordinCC BY-SA 4.0; AllenMcC., CC BY 3.0; Lucy Keith-Diagne, CC BY 4.0; Vsevolod, CC BY 4.0; Stefan Brending, CC BY-SA 3.0 de; Cyril di Bisceglie, CC BY-SA 4.0; Tauch-Sport_Steininger, CC BY 2.0; Andreas Tille, CC BY-SA 4.0; Anna, CC BY-SA 4.0)



Inkompatibilität führen können, die eine gemeinsame Hybridisierung verhindert, wäre es möglich, dass noch weitere Vertreter der Unterordnung Zahnwale im ursprünglichen Grundtyp enthalten sind. Hier wäre zunächst an die Familien der Schweinswale und der Gründelwale zu denken, die in der Regel als Schwestergruppen der Delfine innerhalb der Delphinoidea eingeordnet werden.

Insgesamt bilden Delfine für Säugetiere einen eher umfangreichen Grundtyp mit heute mindestens 35 oder gar 37 Arten.

Insgesamt bilden Delfine für Säugetiere einen eher umfangreichen Grundtyp mit heute mindestens 35 oder gar 37 Arten (inklusive *Orcaella*), die durch Hybridisierung verbunden sind.

Fossile Formen

Es gibt fossil noch einige andere Arten, die ebenfalls zu diesem Grundtyp gehören (vgl. MURAKAMI et al. 2014, 491f). Die ältesten fossilen Delfine stammen aus dem Miozän und sind mindestens ca. 11 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) alt (ebd.; vgl. PERRIN et al. 2002, 310). Zum Grundtyp der Delfine gehören daher mindestens vier ausgestorbene Arten heutiger Gattungen, von denen *Stenella rayi* und *Tursiops ossennae* mitten in der Delfin-Systematik platziert sind (nach MURAKAMI et al. 2014, Fig. 7+8+10; ähnlich bei DO AMARAL et al. 2018, 251).³

Mindestens acht weitere nur fossil bekannte Delfin-Gattungen mit mindestens neun Arten sind anhand von Schädeln bekannt (MURAKAMI et al. 2014). Als älteste und „basale“ Art

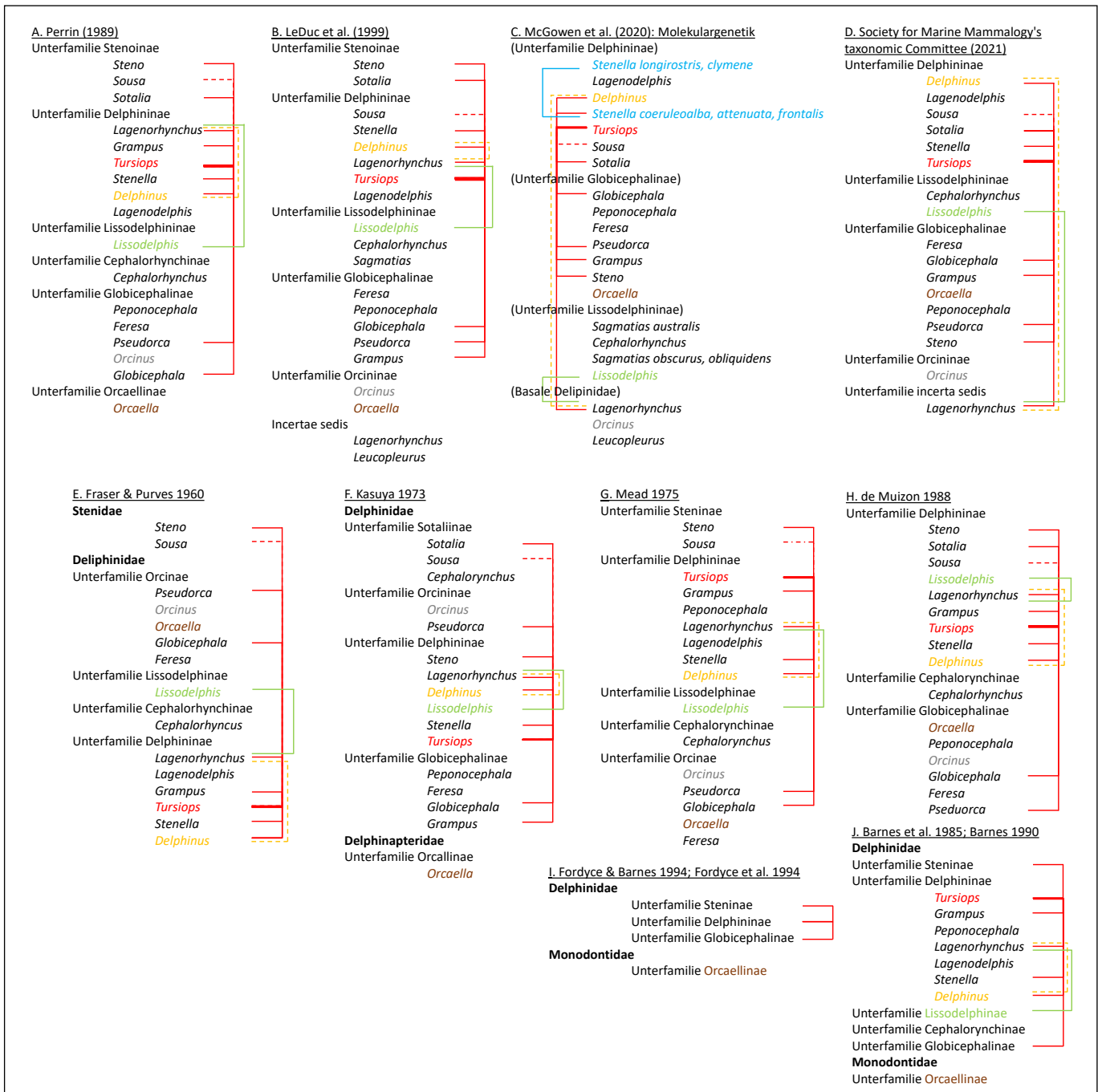
führen MURAKAMI et al. (2014, 491f) *Eodelphis kabatensis* an.⁴ Diese Art ist ihrer phylogenetischen Analyse zufolge (ebd., Fig. 7+8+10) sehr nahe mit dem Schwertwal (*Orca orcinus*) verwandt und gehört somit ziemlich wahrscheinlich ebenfalls zum Grundtyp der Delfine. DO AMARAL et al. (2018, 252) weisen zudem darauf hin, dass die fossilen Arten *Eodelphinus* (syn. *Eodelphis*) *kabatensis* und *Hemisyntrachelus cortesii* als abgeleiteter (moderner) in der Delfin-Systematik („more crownwards“) einzuordnen sind als die basalen, heutigen Arten Irawadidelfin (*Orcaella brevirostris*) und Hector-Delfin (*Cephalorhynchus hectori*); damit gehören auch diese fossilen Arten zum Grundtyp der Delfine.

Die fossile Art *Etruridelphis giulii* ist bei MURAKAMI et al. (2014) so zentral in die Systematik der Delfine platziert, dass eine Zugehörigkeit zum Grundtyp der Delfine anzunehmen ist; nach DO AMARAL et al. (2018, 251) stehen die fossilen Arten *Etruridelphis* und *Septidelphis* an der Basis der Unterfamilie Delphininae und gehören ebenfalls in den genannten Grundtyp.

Die vorgestellten fossilen Funde erhöhen die Anzahl der ziemlich sicher zum Grundtyp der Delfine zuzuordnenden Arten auf mindestens 43 bis 45.

Flussdelfine

Flussdelfine sind zwar ebenfalls Zahnwale, sie sind aber trotz ihres Aussehens *keine Delfine* im eigentlichen Sinne (Delphinidae), sondern werden zu anderen Familien gerechnet; es sind auch keine Delfin-Flussdelfin-Hybride be-



kannt. Sie leben im Süßwasser statt im Meer, während Delphinidae bis auf wenige Ausnahmen im Meer zuhause sind.⁵ Flussdelfine treten in verschiedenen großen Flüssen in Südamerika und Südostasien auf. Es besteht unter Evolutionsbiologen weitgehend Einigkeit, dass sich die Flussdelfine vor den Delphinoidea (Delfine, Schweinswale und Gründelwale) abgespalten haben (nach HAMILTON et al. 2001, Fig. 2).

Aufgrund des Erscheinungsbildes könnte man denken, dass Flussdelfine eine einzige Abstammungsgemeinschaft bilden; dies ist aber nicht der Fall, da sie wahrscheinlich drei Abstammungslinien mit erstaunlichen *Konvergenzen* (mehrfach unabhängig erworbenen Merkmalen) darstellen (vgl. HAMILTON et al 2001; PAGE & COOPER 2017). Die Verwandtschaftsverhältnisse der Flussdelfine sind nicht ganz ein-

deutig geklärt (s. HAMILTON et al. 2001; PAGE & COOPER 2017, Fig. 5+6). Die meisten phylogenetischen Analysen zeigen, dass die Familien Iniidae (Amazonas-Flussdelfine, 4 Arten nach HRBEK et al. 2014) und Pontoporiidae (La-Plata-Delfin) eine Schwestergruppe bilden, während Lipotidae (Chinesischer Flussdelfin) und Platanistidae (Gangesdelfine, 2 Arten) je eigene Entwicklungslinien bilden (ebd.). Nur zwei Analysen sprechen für eine gemeinsame Abstammungsgemeinschaft von allen vier Flussdelfin-Familien bzw. wenigstens allen drei Familien außer den Gangesdelfinen.

Entgegen dem Erscheinungsbild handelt es sich bei den vier heutigen Gattungen von Flussdelfinen wahrscheinlich nicht um eine Abstammungsgemeinschaft.

Abb. 2 Verschiedene Phylogenetische Analysen der Delphinidae mit eingetragenen Hybriden¹ (rot = alle Hybride mit *Tursiops*; orange = alle Hybriden mit *Delphinus*; grün = alle Hybriden mit *Lissodelphis*; blau = alle Hybriden innerhalb von *Stenella*; - - - gestrichelt = wahrscheinliche Hybridisierung): **A** (Morphologie) nach PERRIN et al. (2002, 311) und **B** (Molekulargenetik: Cytochrom b) nach LEDUC et al. (1999, Fig. 1; vgl. PERRIN et al. 2002, 311); **C** (3200 proteincodierende Gene) nach MCGOWEN et al. (2020, Fig. 2); **D** Society for Marine Mammalogy²; **E bis J** ältere Analysen nach LEDUC et al. (1999, Tab. 2).



Abb. 3 Flussdelfine bilden keine gemeinsame Abstammungsgemeinschaft (v.l.o.n.r.u.): Amazonasdelfin (*Inia geoffrensis*) und La-Plata-Delfin (*Pontoporia blainvilliei*) bilden wohl Schwestergruppen; weiter entfernt steht der Chinesische Flussdelfin (*Lipotes vexillifer*), und unabhängig davon stellt der Gangesdelfin (*Platanista gangetica*) einen Überlebenden einer einst vielfältigen Überfamilie dar. (Wikimedia: CC BY-SA 3.0: Dennis Otten, ROLAND SEITRE, Pcb21 & Vardion)

Man kann also mit großer Wahrscheinlichkeit davon ausgehen, dass die Gangesdelfine eine eigene Entwicklungslinie bilden. Sie gehören zu einer ausgestorbenen und fossil früh überlieferten Gruppe von Zahnwahlen, den Platanistoidea, die im Oligozän und Miozän weit verbreitet war (DE MUIZON 2009, 980; vgl. HAMILTON et al. 2001, Fig. 4). Man kann Gangesdelfine auf Überfamilien-Ebene dementsprechend als „lebende Fossilien“ seit dem Oligozän (34 bis 23 MrJ) bezeichnen.

Fazit

Alles in allem sind Delfine faszinierende Tiere. Die eigentlichen Delfine (Delphinidae) umfassen als Grundtyp wahrscheinlich ca. 45 heutige und ausgestorbene Arten. Dies ist für einen großwüchsigen Säugetier-Grundtyp eine ziemlich große Vielfalt. Die Flussdelfine bilden hingegen eine oder mehrere eigene Verwandtschaftsgruppen, deren Grundtypzuordnung aufgrund fehlender Hybride bisher unbekannt bleibt. Auch bei anderen Familien der Wale sind eindeutige Grundtypenordnungen bisher schwer möglich, solange nicht mehr über ihre Fähigkeit zur Hybridisierung erforscht ist.

Anmerkungen

- ¹ **Hybride der Delfine** nach CROSSMAN et al. (2016), Tab. 1+2): *Tursiops truncatus* (Großer Tümmler) x *Delphinus capensis* (Gemeiner Delfin) / *Globicephala macrorhynchus* (Kurzflössen-Grindwal) / *Grampus griseus* (Rundkopfdelfin) / *Lagenorhynchus obliquidens* (Weißstreifendelfin) / *Pseudorca crassidens* (Kleiner Schwertwal) / *Sotalia guianensis* (Guyana-Delfin) / *Sousa chinensis* (Chinesischer Weißer Delfin) (wahrscheinlich) / *Stenella frontalis* (Zügeldelfin) / *Steno-*

bredanensis (Rauzahndelfin) / *Tursiops aduncus* (Indo-pazifischer Großer Tümmler); ***Delphinus capensis*** (Gemeiner Delfin) (wahrscheinlich) x *Lagenorhynchus obliquidens* (Weißstreifendelfin); ***Lissodelphis peronei*** (Südlicher Glattdelfin) x *Lagenorhynchus obscurus* (Schwarzdelfin); ***Stenella longirostris*** (Ostpazifischer Delfin) x *Stenella attenuata* (Schlankdelfin) / *Stenella clymene* (Clymene-Delfin). ESPADA et al. (2019, Tab. 3) führen dieselben Hybriden mit *Tursiops truncatus* auf und ergänzen: *Tursiops truncatus* x *Delphinus delphis* (Gemeiner Delfin).

- ² Society for Marine Mammalogy. Retrieved 2022-02-07, https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Oceanic_dolphin&oldid=1167541681.
- ³ MURAKAMI et al. (2014, Tab. 1, vgl. 491f) zählen acht ausgestorbene Delfin-Gattungen auf.
- ⁴ Bei DO AMARAL et al. (2018, 252) finden sich verschiedene Altersangaben für *Eodelphinus kabatensis* von 7,6 bis 13 MrJ.
- ⁵ *Sotalia*-Arten, Kamerunflussdelfin (*Sousa teuszii*) und Irawadidelfin (*Orcaella brevirostris*) kommen auch (sekundär) im Süßwasser vor (vgl. DE MUIZON 2009, 979).

Literatur

- CROSSMAN C, TAYLOR EB & BARRETT-LENNARD LG (2016) Hybridization in the Cetacea: widespread occurrence and associated morphological, behavioral, and ecological actors. *Ecol. Evol.* 6, 1293–1303.
- DE MUIZON C (2009) River Dolphins, Evolutionary History and Affinities. In: PERRIN WF, WÜRSIG B & THEWISSEN JGM (eds.) *Encyclopedia of Marine Mammals*. Second Edition, pp. 979–986.
- DO AMARAL KB, AMARAL AR, FORDYCE RE & MORENO IB (2018) Historical Biogeography of Delphininae Dolphins and Related Taxa (Artiodactyla: Delphinidae). *J. Mammal. Evol.* 25, 241–259, doi: 10.1007/s10914-016-9376-3.
- ESPADA R et al. (2019) Hybridization in the wild between *Tursiops truncatus* (Montagu 1821) and *Delphinus delphis* (Linnaeus 1758). *PLoS ONE* 14(4): e0215020.
- HAMILTON H, CABALLERO S, COLLINS AG & BROWN RL Jr. (2001) Evolution of river dolphins. *Proc. R. Soc. Lond. B* 268, 549–556.
- HRBEK T et al. (2014) A New Species of River Dolphin from Brazil or: How Little Do We Know Our Biodiversity. *PLoS ONE* 9(1): e83623.
- MCGOWEN et al. (2020) Phylogenomic Resolution of the Cetacean Tree of Life Using Target Sequence Capture. *Syst. Biol.* 69, 479–501.
- MURAKAMI M et al. (2014) *Eodelphis kabatensis*, a new name for the oldest true dolphin *Stenella kabatensis* Horikawa, 1977 (Cetacea, Odontoceti, Delphinidae), from the upper Miocene of Japan, and the phylogeny and paleobiogeography of Delphinoidea. *J. Vertebr. Paleontol.* 34:3, 491–511.
- PAGE CE & COOPER N (2017) Morphological convergence in ‘river dolphin’ skulls. *PeerJ* 5, e4090, doi: 10.7717/peerj.4090.
- PARK T et al. (2019) Convergent evolution in toothed whale cochleae. *BMC Evol. Biol.* 19, 195.
- PARKER J et al. (2013) Genome-wide signatures of convergent evolution in echolocating mammals. *Nature* 502, 228–231.
- PERRIN WF, WÜRSIG BG & THEWISSEN JGM (2002) *Encyclopedia of marine mammals*. Academic Press, San Diego.
- SCHOLL B (2023) Beherrschen Schimpansen etwa doch Grammatik? W+W-Onlineartikel, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/schimpansengrammatik/>.

Gibt es eine Hummel-Kultur?

Hummeln bestehen Lerntest für Schimpansen

Experimente sprechen erstaunlicherweise für eine gewisse Form von „Kulturfähigkeit“ bei Hummeln. Diese sind nämlich in der Lage, Verhaltensweisen sozial von ihren Artgenossen zu erlernen. Damit bestehen die kurzlebigen Hummeln einen „Test für Kulturfähigkeit“, den zuvor Schimpansen, andere Primaten und Vögel in ähnlicher Weise erfolgreich absolviert hatten. Bei Tieren, die zu den Wirbellosen gehören, war ein solches Verhalten bisher kaum bekannt.

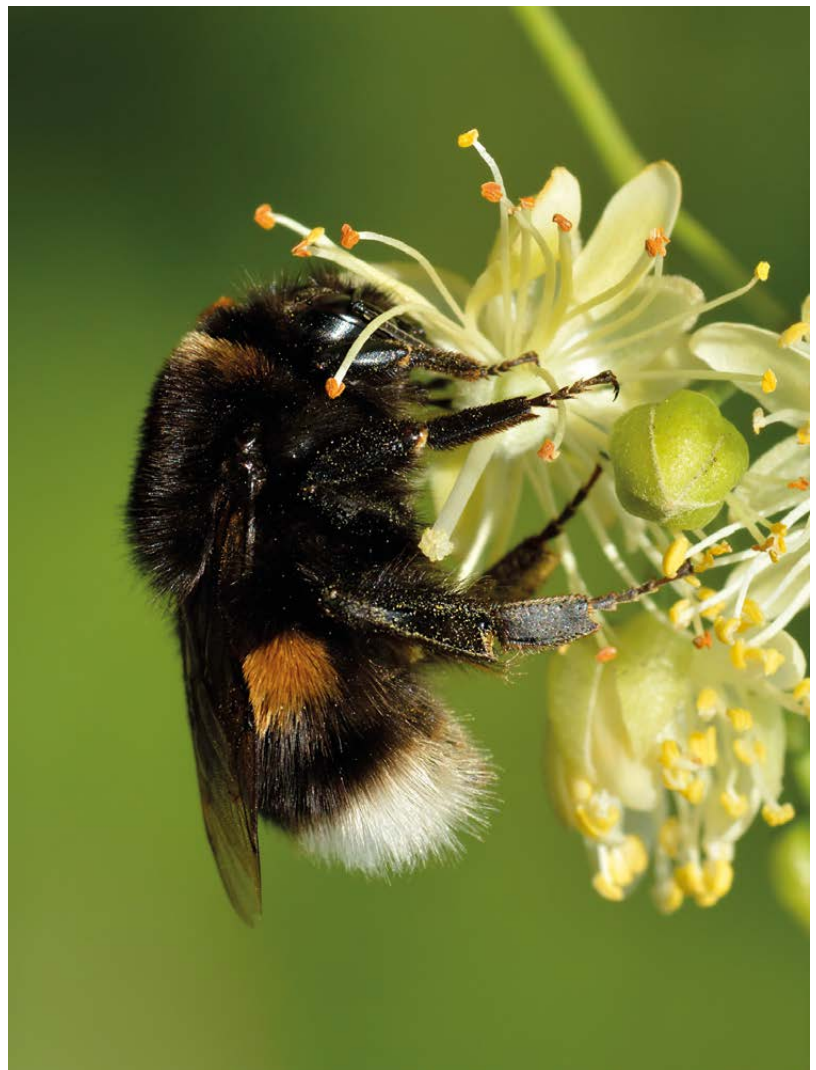
Benjamin Scholl

Insektengesellschaften sind faszinierende Beobachtungsobjekte, da sie eine Vielfalt an Verhaltensweisen an den Tag legen können, „die mit der einiger Säugetiere vergleichbar ist oder diese sogar übertrifft“ (BRIDGES et al. 2023, 1). Dazu gehören Ameisen, Bienen und Hummeln, die Arbeitsteilung (z. B. Nestverteidigung, Brutpflege und Nahrungssuche) und Kooperation beherrschen, sich um verletzte Artgenossen kümmern oder architektonisch komplexe und sogar klimatisierte Nester bauen (ebd.; vgl. BRAUN 2018). Abgesehen von uns Menschen sind diese Nester „in Bezug auf ihre Regelmäßigkeit, Raffinesse und ihre Größe im Verhältnis zur Körpergröße beispiellos“ und weisen sogar innerhalb derselben Art Variationen auf (BRIDGES et al. 2023, 1). Bereits Charles DARWIN hatte im Jahr 1884 vermutet, dass das Verhalten von Hummeln, den Blütenboden von Pflanzen anzuknabbern, um direkt an den Nektar zu gelangen, sogar sozial erlernt sein könnte (BRIDGES et al. 2023, 2). Diese These scheint sich aufgrund von Beobachtungen an verschiedenen Hummelpopulationen in der Natur zu bestätigen (ebd., 2+14). Darüber hinaus konnte im Labor festgestellt werden, dass verschiedene Arten aus der Familie der Echten Bienen (Apidae) – zu denen auch die Hummeln zählen – die Wahl einer Blütenfarbe lernen können; anderen konnte man das nichtnatürliche Verhalten des Ziehens an einer Schnur beibringen (ebd.; vgl. MENZEL & ECKOLDT 2016, 30).

Experimente zu sozialem Lernen bei Hummeln

Eine neue Studie von BRIDGES und Kollegen (2023) hat weitere spannende Ergebnisse zu der Frage geliefert, wie leistungsfähig Hummeln im sozialen Lernen sind. Die Wissenschaftler haben dazu Experimente mit der Dunklen Erdhummel (*Bombus terrestris*) durchgeführt.

Zuerst trainierten die Wissenschaftler Hummeln darauf, sich den Zusammenhang zwi-



schen einem gelben Punkt und der darauf befindlichen Saccharose-Zuckerlösung zu merken (*Klassische Konditionierung*). Danach verdeckten sie die Zuckerlösung mit einer Drehscheibe. Diese musste mithilfe eines blauen bzw. roten Hebels durch Schieben gedreht werden, um so zum gelben Punkt mit Zuckerlösung zu gelangen. Schrittweise wurde die Distanz zwischen Hebel und Futter erhöht (siehe Abb. 2). Dabei wurde eine Gruppe von Hummeln auf den blauen und eine Gruppe auf den roten Hebel trainiert. Mit der Zeit lernten einige Hummeln

Abb. 1 Eine Dunkle Erdhummel besucht die Blüten einer Winterlinde. Experimente ergaben, dass diese Hummeln äußerst intelligent und nachahmungsfähig sind. (Wikimedia: Ivar Leidus, CC BY-SA 4.0)

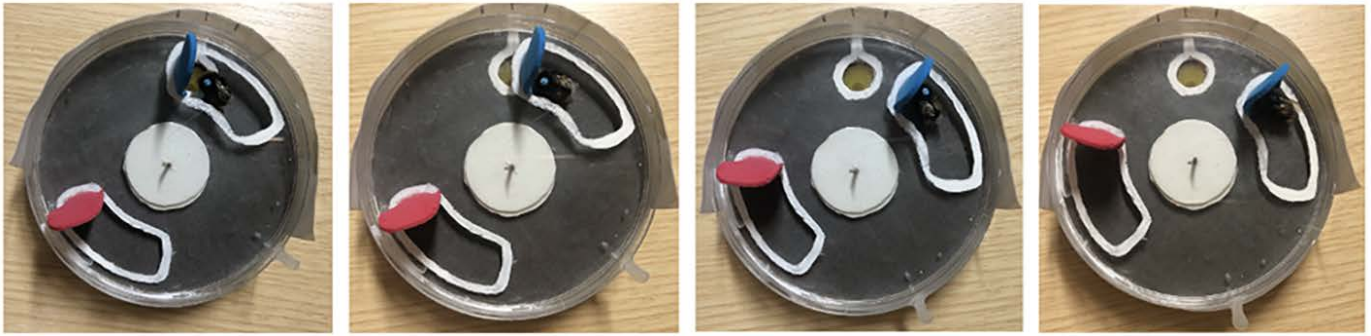


Abb. 2 Einer Dunklen Erdhummel wird vom Experimentator Schritt für Schritt beigebracht, den blauen Hebel weiter nach vorne (gegen den Uhrzeigersinn) zu drücken, um an die Zuckerlösung beim gelben Punkt zu gelangen. Diese Fähigkeit können sich andere Hummeln der Kolonie dann „abschauen“ und nachahmen. (Bild: © 2023 BRIDGES et al., Fig. 1B, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

zuverlässig (bis zu 100-mal am Tag), den Hebel zu schieben und so zur Zuckerlösung zu gelangen (S. 13).

Anschließend startete das eigentliche Experiment: Die trainierten Hummeln wurden in zehn verschiedene, aber ungefähr gleich große Kolonien gesetzt, um dort als Demonstratoren den anderen Hummeln vorzumachen, wie man an die Zuckerlösung unter der Drehscheibe gelangt. Dabei ist es wichtig zu bedenken, dass die Drehscheibe sowohl über einen roten als auch einen blauen Hebel verfügt, die beide gleich gut funktionierten.¹ Im Experiment wurden A) drei Kolonien mit Hummeln, die nur auf blaue Hebel trainiert waren, eingesetzt sowie B) drei Kolonien, die nur auf rote Hebel trainiert waren, und C) vier Kolonien ohne Demonstratoren als Kontrollgruppen.

In den drei A-Kolonien wurde das Futter insgesamt 1599-mal erfolgreich von den noch untrainierten Hummeln aufgenommen; in den drei B-Kolonien 1790-mal und in den vier C-Kolonien ohne Demonstratoren nur 315-mal (ebd., Tab. 1). Dies zeigt deutlich, dass untrainierte Hummeln, die die Möglichkeit zur Nachahmung hatten, wesentlich erfolgreicher abschnitten (vgl. S. 7+13).

Hummeln, die einen Artgenossen beobachtet haben, erlernen neues Verhalten zuverlässiger. Dies zeigt, dass Hummeln zu sozialem Lernen fähig sind.

In der Regel entwickelten die erfolgreichen Hummeln eine individuelle Vorliebe für eine bestimmte Hebelfarbe, obwohl sich die Hummeln in der Regel nicht ausschließlich auf eine Farbe festlegten (vgl. ebd., S. 11+13, Tab. 2+3). Interessanterweise ahmten die Hummeln dabei meistens die Farbe des von den Demonstratoren verwendeten Hebels nach, obwohl ja beide Hebel gleich gut funktionierten: In den A-Kolonien mit auf Blau trainierten Demonstratoren wurde durch die untrainierten Hummeln in 96,8 bis 99,1 % der Fälle der blaue Hebel betätigt. In B-Kolonien mit auf Rot trainierten Demonstratoren wurde hingegen in 98,4 bis

99,5 % der Fälle der rote Hebel verwendet. In den C-Kolonien ohne Demonstratoren kam es zu einer Bevorzugung der blauen Hebel in 60,0 bis 94,1 % der Fälle (Tab. 2). Letzteres erklären die Autoren damit, dass Hummeln Blau besser als Rot sehen können und generell eine Vorliebe für diese Farbe haben (S. 7). Da nun aber in den B-Kolonien mit Hummeln, die auf den roten Hebel trainiert waren, dennoch eindeutig die allgemein von Hummeln weniger beliebte rote Farbe bevorzugt wurde, sehen die Autoren die Nachahmungsfähigkeit der Hummeln als gut belegt an: „Die Ergebnisse der vorliegenden Studie liefern überzeugende Belege dafür, dass soziales Lernen die Weitergabe neuartiger Futtersuch-Verhaltensweisen bei Hummeln unterstützt“; ebenso wie deren Verbreitung in einer Kolonie (S. 11).²

Die Forscher halten es sogar für möglich, dass Hummeln kognitiv zu einer *Kultur* fähig sein dürften. Der Begriff „Kultur“ meint hier die Summe der Verhaltenstraditionen einer Population, welche sozial erlernt werden und über einen gewissen Zeitraum oder sogar über mehrere Generationen weitergegeben werden. BRIDGES et al. (2023, 13f) zählen dazu beispielsweise gewisse Werkzeugtechniken bei Schimpansen, Gesangsdiakete bei Vögeln oder Beutefang-Techniken bei Buckelwalen.³ Obwohl Dunkle Erdhummeln den Winter in der Regel nicht überleben, um ihr Wissen auch an die nächsten Generationen weiterzugeben, wäre es vorstellbar, dass sie wenigstens „kurzlebige Kulturen“ in der Natur entwickeln könnten (S. 1+13f). Die Autoren empfehlen daher, langlebigere Bienenvölker wie Honigbienen, manche tropische Hummeln oder stachellose Bienen auf Kulturverhalten hin zu untersuchen.

Sind Hummeln zu einer Kultur fähig?

Der Befund der kognitiven Voraussetzungen zum sozialen Lernen bei Dunklen Erdhummeln überraschte die Forscher, da diese Insekten im Vergleich mit Wirbeltieren winzige Gehirne und auch nur eine kurze Lebensspanne

von maximal 2 Monaten besitzen (S. 1f+13). Die Autoren um BRIDGES (2023, 1f+11) konnten somit nachweisen, dass auch wirbellose Tiere einen sozialen Lerntest bestehen können, der bisher schon ähnlich bei Schimpansen, Grünmeerkatzen und auch Kohlmeisen als Test zum Nachweis einer „Kultur“ erfolgreich durchgeführt worden war (S. 13). Die Wissenschaftler schlussfolgern: „Die Ähnlichkeiten sind frappierend und könnten auf ähnliche Lernstrategien hindeuten“ (S. 11).

Hummeln bestehen einen sozialen Lerntest, der schon ähnlich bei Primaten und Kohlmeisen als Test zum Nachweis einer „Kultur“ erfolgreich durchgeführt worden war.

Zudem gibt es weitere Belege für kognitive Flexibilität und auch für soziale Lernfähigkeit bei Hummeln, die eine prinzipielle „Kulturfähigkeit“ untermauern. So konnten LOUKOLA et al. (2017, 833) Hummeln mit zuckerhaltiger Belohnung beibringen, „Fußball zu spielen“ – also Bälle zu einem bestimmten Ziel zu rollen. Insgesamt war eine bis dahin untrainierte Hummel dann am erfolgreichsten (zu ca. 99 %) und am schnellsten (ca. 47 Sekunden im Durchschnitt), wenn ihr ein trainierter Artgenosse die Handlung vormachte – im Vergleich mit einer mittels Magnet gerollten Kugel (ca. 78 % Erfolg in 84 Sekunden) oder ohne Anleitung (ca. 34 % Erfolg in 96 Sekunden). In allen drei Fällen nutzten die schlaue Insekten in deutlicher Mehrheit die jeweils ihnen am nächsten

liegende Kugel, auch wenn bei der Demonstration die am weitesten entfernte Kugel verwendet worden war (ebd., 834f). Dies geschah selbst dann, wenn sich die Kugel des Demonstrators farblich von der am nächsten liegenden Kugel unterschied. Außerdem wurden die Hummeln mit der Zeit immer besser darin, die Kugel effizient zum Zielort zu bewegen (S. 833f). In freier Wildbahn sind Dunkle Erdhummeln zudem in der Lage, ihre Flugrouten zu Blüten schrittweise zu optimieren, um unnötige Umwege zu minimieren, was eine anspruchsvolle kognitive Leistung darstellt (vgl. BRAUN 2011).

Ganz besonders erstaunlich ist, dass Dunkle Erdhummeln auch völlig ohne Belohnungen mit Holzkugeln „spielen“ – dies trifft insbesondere auf junge und männliche Hummeln zu (GALPAYAGE DONA et al. 2022, 239).⁴ Somit wurde zum ersten Mal ein Nachweis für Spielverhalten bei Insekten erbracht, welcher „die Kriterien für Spielen bei Tieren vollständig erfüllt“ (ebd.). Die Forscher halten es für möglich, dass dies einen Hinweis auf „freudvolle“ Empfindungsfähigkeit bei Hummeln darstellt (ebd., 246). Dazu passt, dass durch sehr anspruchsvolle neurologische Untersuchungen nachgewiesen werden konnte, dass Honigbienen ein Belohnungszentrum⁵ besitzen. Es besteht in einem einzigen Neuron im winzigen Bienen-Gehirn. Dieses Gehirn besitzt insgesamt nur ca. 1,5 Millionen Nerven- und Sinneszellen und hat einen Energieverbrauch von lediglich ca. 0,5 Milliwatt (MENZEL & ECKOLDT 2016, 12, 42, 195ff, 205f). Das Belohnungsneuron ist für Lernprozesse bei Bienen von essenzieller Bedeutung und ermöglicht komplexe Lernformen: Bienen

Abb. 3 Eine Hummel beim „Spielen“ mit einem Ball – und das ganz ohne Belohnung. (GALPAYAGE DONA et al. 2022, Fig. 2, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)





Abb. 4 Das emotionale Innenleben der Honigbiene (*Apis mellifera*) ist der Wissenschaft nicht zugänglich. (Pixabay)

„können Regeln und Kategorien [wie z. B. Formen und Farben] erlernen, den Kontext in ihre Entscheidungen einbeziehen und ihre Aufmerksamkeit auf spezifische Reizkonstellationen richten“ sowie komplexe Navigationsaufgaben lösen und sogar Gesichter erkennen (ebd., 221, 234f, 240ff).

Empfinden Wirbellose Emotionen?

Durch Experimente wie die von BRIDGES und Kollegen ist mittlerweile eine Diskussion im Gange, inwieweit Bienen und andere wirbellose Tiere fühlende Wesen mit Emotionen sind, wie man es in ähnlicher Weise auch beim Menschen kennt. Hummeln (und andere Wirbellose) fühlen wahrscheinlich Schmerzen (vgl. GIBBONS et al. 2022; CROOK 2021). Es wurde nachgewiesen, dass Dunkle Erdhummeln abwägen, wie lange sie unangenehme Hitze (55 °C) für unterschiedlich ergiebige Nahrungsquellen ertragen (GIBBONS et al. 2022, 1f). Allerdings sind die Autoren (ebd., 3) bei der Interpretation der Daten vorsichtig und deuten ihre Ergebnisse nur als „Möglichkeit“, dass Insekten Schmerzen fühlen und dabei leiden: „Wie bei anderen Tieren wird eine solche Fähigkeit als übereinstimmend mit der Fähigkeit, Schmerz zu empfinden, angesehen [...], obwohl dies aufgrund der subjektiven Natur der Schmerzerfahrung kein formaler Beweis ist“. Auch die Intelligent-Design-Vertreterin O’LEARY (2022; vgl. 2021) weist darauf hin, dass das Schmerzempfinden bei Wirbellosen – aber auch bei Wirbeltieren wie Laborratten – durchaus real sein kann, aber daher noch nicht zwingend mit Bewusstsein verbunden sein muss: „Wir wissen nicht, wie es ist, ein fühlendes, aber nicht [menschlich] intellektuelles Wesen zu sein.“

Der erfahrene Berliner Bienen-Neurologe Rudolf MENZEL wiederum berichtet, dass eine Injektion des Stoffes Naloxon, welcher auch beim Menschen die Schmerzenswahrnehmung steigert, Honigbienen schon bei geringen Reizimpulsen den Stachel ausfahren lässt (MENZEL & ECKOLDT 2016, 70ff). Dieses Verhalten ist typisch für lebensbedrohliche Situationen und könnte ein Hinweis auf Schmerzempfinden sein. MENZEL (ebd., 70ff, 283ff) betont aber, dass Wissenschaftler das Bienehirn trotz intensiver Forschung noch lange nicht verstehen – egal, ob es um die Vorgänge beim Schlaf der Bienen, beim Bientanz oder bei Schmerzen geht: „Um tatsächlich Schmerz zu empfinden, müsste sich das Gehirn so stark mit dem eigenen Körper identifizieren, dass man beispielsweise von einer Art Ich-Erfahrung der Biene reden könnte“. Und ganz allgemein warnt er vor zu weitreichenden Schlüssen aus solchen Experimenten: „Die Antworten [bzw. Reaktionen] der Versuchstiere dürfen wir jedoch nicht als Hinweis auf ihre Empfindungen deuten. Was die Biene wirklich fühlt, wird wohl auf alle Zeiten ihr Geheimnis bleiben. Das innere Erleben liegt jenseits der Wissenschaft“ (S. 37). Weiter konstatiert er: „[D]ie Frage nach den Beziehungen zwischen Gehirn und Geist geht über die Neurowissenschaft hinaus“ (S. 53).

„Was die Biene wirklich fühlt, wird wohl auf alle Zeiten ihr Geheimnis bleiben. Das innere Erleben liegt jenseits der Wissenschaft.“

Die Frage nach einem möglichen Bewusstsein und emotionalen Erleben von Tieren diskutiert auch der bekannte Philosoph und Wissenschaftstheoretiker Thomas NAGEL (1974). Obwohl er nicht abgeneigt ist, Tieren so etwas zuzusprechen, kommt er doch zu dem Schluss: „Ich möchte wissen, wie es für eine Fledermaus ist, eine Fledermaus zu sein. Doch wenn ich versuche, mir das vorzustellen, bin ich auf die Ressourcen meines eigenen Geistes beschränkt, und diese Ressourcen sind für diese Aufgabe unzureichend“ (ebd., 439).

Schlussfolgerungen aus Schöpfungsperspektive

Wirbellose Tiere wie Hummeln besitzen ganz erstaunliche kognitive Fähigkeiten, die man ihnen bisher eher nicht zugetraut hatte. Dies betrifft auch das soziale Lernen von Artgenossen und Schmerzempfinden. Damit weisen auch wirbellose Tiere mit vergleichsweise

„einfachen“ Gehirnen eine Reihe von genial designten kognitiven Fähigkeiten auf. Allerdings bleibt die Frage offen, inwieweit Wirbellose im Speziellen und Tiere im Allgemeinen zu mit Menschen vergleichbaren Emotionen oder Bewusstsein fähig sind. Dies ist ein weites Forschungsfeld, doch sei nur kurz darauf hingewiesen, dass Tiere keine biochemischen Roboter, sondern laut biblischem Schöpfungsbericht „Seelen“ sind (hebr. nāphāsch; z. B. 1. Mose 1,24f).

Mehrfach unabhängig voneinander entstandene Verhaltensweisen bei verschiedenen Tiergruppen erscheinen im Rahmen eines zufälligen Evolutionsprozesses erklärungsbedürftig.

Außerdem ist es aus evolutionärer Perspektive nicht zu erwarten, dass ähnliche kognitive Fähigkeiten und Lernstrategien bei den genannten Gruppen wie Wirbellosen, Vögeln und Primaten auf vermeintliche gemeinsame Vorfahren zurückgehen. Dies gilt es zu bedenken, wenn ähnliche Verhaltensweisen, Lernstrategien oder gar „Kulturen“ bei Primaten – insbesondere Schimpansen – und Menschen als evolutionäre Belege für eine gemeinsame Abstammung angeführt werden. Der Befund von mehrfach völlig unabhängig voneinander entstandenen, aber ähnlichen Verhaltensweisen bei ganz verschiedenen Tiergruppen unter Wirbeltieren und auch Wirbellosen (evolutionär als *konvergente* Verhaltensweisen gedeutet) erscheint im Rahmen eines blinden und zufälligen Evolutionsprozesses sehr erklärungsbedürftig. Man könnte ihn stattdessen auch als Hinweis auf einen Schöpfer deuten, der erstaunliche kognitive Kompetenzen im Tierreich bei der Erschaffung weit gestreut und frei verteilt hat.

Anmerkungen

- 1 Dieser Experiment-Aufbau entspricht dem „offenen Diffusionsparadigma“ in der Verhaltensforschung: Solche Experimente „beinhalten die Freisetzung eines trainierten Demonstrators in eine Gruppe unbedarfter Beobachter sowie die Bereitstellung der Substrate, die für die Ausführung des Zielverhaltens erforderlich sind“ (S. 2).
- 2 Natürlich beherrschen Bienen, die durch den „Bienentanz“ komplexe Informationen über Richtung, Entfernung und Qualität einer Futterquelle an Art-

genossinnen weitergeben, ebenfalls soziales Lernen; übrigens werden so auch Informationen über potenzielle Bienenstock-Orte, Wasserquellen und Harz als Klebstoff für Reparaturen weitergegeben (MENZEL & ECKOLDT 2016, 279, 299ff).

- 3 Allerdings ist umstritten, wie detailliert Schimpansen tatsächlich unter Artgenossen zu einer Nachahmungs- oder gar Lehr-Lern-Kultur fähig sind, da vermeintlich kulturell überlieferte Verhaltensweisen auch völlig spontan auftreten können (vgl. z. B. SCHOLL 2018; 2019; 2022). Dies widerlegt zwar nicht die prinzipielle Nachahmungsfähigkeit einer Spezies (vgl. BRIDGES et al. 2023, 14), erschwert aber deren Nachweis.
- 4 Ein Video davon findet sich hier: <https://www.spektrum.de/news/tierisches-spielverhalten-hummeln-die-mit-baellen-spielen/2072679>.
- 5 Es ist evolutionär gesehen eine unerwartete Parallelentwicklung, dass Bienen ein neuronales Belohnungszentrum haben, das ähnlich funktioniert wie bei Primaten: „An zwei stammesgeschichtlich völlig verschiedenen Tieren wurde dasselbe Prinzip des Lernens entdeckt“ (MENZEL & ECKOLDT 2016, 199).

Quellen

- BRAUN HB (2011) Hummeln lösen das Problem des Handlungsreisenden. *Stud. Integr. J.* 18, 54–62.
- BRAUN HB (2018) Neues vom Gesundheitssystem der Ameisen. *Stud. Integr. J.* 25, 92–93.
- BRIDGES AD et al. (2023) Bumblebees acquire alternative puzzle-box solutions via social learning. *PLOS Biol.* 21(3): e3002019.
- CROOK RJ (2021) Behavioral and neurophysiological evidence suggests affective pain experience in octopus. *iScience* 23, 102229.
- GALPAYAGE DONA HS et al. (2022) Do bumble bees play? *Anim. Behav.* 194, 239–251.
- GIBBONS M et al. (2022) Motivational trade-offs and modulation of nociception in bumblebees. *PNAS* 119, e2205821119.
- LOUKOLA et al. (2017) Bumblebees show cognitive flexibility by improving on an observed complex behavior. *Science* 355, 833–836.
- MENZEL R & ECKOLDT M (2016) Die Intelligenz der Bienen. Wie sie denken, planen, fühlen und was wir daraus lernen können. 2. Aufl. Penguin Verlag.
- NAGEL T (1974) What Is It Like to Be a Bat? *Philos. Rev.* 83, 435–450.
- O'LEARY D (2021) Octopuses Get Emotional About Pain, Research Suggests. *Mind Matters* vom 17.06.2021, <https://mindmatters.ai/2021/06/octopuses-get-emotional-about-pain-research-suggests/>.
- O'LEARY D (2022) Bees Feel Pain. And Therefore... Insect Rights? *Mind Matters* vom 05.08.2022, <https://mindmatters.ai/2022/08/bees-feel-pain-and-therefore-insect-rights/>.
- SCHOLL B (2018) Affe = Mensch? Ein Überblick über verhaltensbiologische Unterschiede zwischen Affen und Menschen. W+W Special Paper B-18-1, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-18-1_affe-mensch.pdf.
- SCHOLL B (2019) Können Raben und Affen planen wie Menschen? *Stud. Integr. J.* 26, 95–98.
- SCHOLL B (2022) Schimpansen leben außerhalb der Steinzeit. Überraschende Neuigkeiten aus der Verhaltensforschung. *Stud. Integr. J.* 29, 12–19.

Pflanzenbaupläne bilden deutlich abgegrenzte Gruppen

Eine umfassende Studie zur Verteilung der verschiedenartigen Baupläne des gesamten Pflanzenreichs zeigt, dass die heute existierenden Pflanzenabteilungen deutlich voneinander abgegrenzte Gruppen innerhalb des gesamten Formenraums bilden. Diese Abgrenzbarkeit ist auch bei Einbeziehung fossiler Formen gegeben, obwohl dadurch der Formenraum mehr gefüllt wird, als wenn nur die heute lebenden Gruppen zugrunde gelegt werden. Eine graduell verlaufende Evolution lässt dieses Muster nicht erwarten. Die auffälligen Sprünge scheinen Innovationen in den Bauplänen zu entsprechen, deren evolutive Entstehung ungeklärt ist.

Reinhard Junker

Introbild Piotr Krzeslak;
Adobe Stock

Die Unterschiedlichkeit der Baupläne der Lebewesen und ihre Variationen werden häufig mit den Begriffen „Vielfalt“ (engl. *diversity*) und „Verschiedenartigkeit“ (engl. *disparity*) beschrieben. Mit „Vielfalt“ ist die Variabilität *innerhalb eines Bauplans oder eines Bauplanelements* gemeint. Beispielsweise gibt es eine Vielfalt von Formen von Vogelschnäbeln. „Verschiedenartigkeit“ bezieht sich dagegen auf Unterschiede *verschiedener* Baupläne oder Bauplanelemente, zum Beispiel verschiedene Arten von Mundwerkzeugen und der entsprechenden Nahrungsaufnahme (Schnabel, bezahnter Kiefer, Saugvorrichtung, Filtriereinrichtung und andere).

Mit diesen beiden Begriffen kann man im Hinblick auf die Entstehungsweise weitere Begriffe assoziieren: Anpassung, Spezialisierung, Ausprägung programmierter Variation gehören zu „Vielfalt“; diese Vorgänge werden oft unter „Mikroevolution“ zusammengefasst. Im Rahmen der Schöpfungsanschauung bewegen wir uns hier in den Grenzen von *Grundtypen*, die als geschaffene Arten interpretiert werden.

Dagegen erfordert die Entstehung von „Verschiedenartigkeit“ Innovation, Erfindung und neuartige Strukturen mit neuartigen Funktionen. Im Rahmen von Evolution wird dies auch als „Makroevolution“ zusammengefasst, während im Rahmen von Schöpfung eine kreative Verursachung durch einen Schöpfer angenommen wird.

Studie zur Verschiedenartigkeit im Pflanzenreich

CLARK und Mitarbeiter (2023) haben eine groß angelegte Studie zur Verschiedenartigkeit im gesamten Pflanzenreich durchgeführt. Sie werten 548 Merkmale von 248 heute lebenden Taxa (Gruppen) und von 160 fossilen Taxa aus und trugen das Ergebnis in eine zweidimensionale Matrix ein (Abb. 1). In ihrer Zusammenfassung stellen sie zunächst fest (CLARK et al. 2023, 1618, in Übersetzung; Hervorhebung hinzugefügt): „Das Pflanzenreich weist vielfältige

Körperformen auf, von einzelligen Algen bis hin zu komplexen mehrzelligen Landpflanzen, *aber es ist unklar, wie diese phänotypischen [sichtbaren] Unterschiede zustande gekommen sind.*“ Das heißt, die Entstehung der Verschiedenartigkeit im Pflanzenreich ist im Rahmen von Evolution nach ihrer Einschätzung nicht geklärt. Der Grund für dieses Nichtwissen dürfte gerade im Unterschied zwischen Vielfalt und Verschiedenartigkeit liegen. Biologen haben vielfältige Ursachen und Mechanismen entdeckt, die zu Vielfalt innerhalb von Grundtypen bzw. nahe verwandten Formen (bis etwa zum Niveau der Familie oder gar Überfamilie) führen. Vielfalt kann häufig auf *bestehende* Variation oder gar auf Variationsprogramme zurückgeführt werden. Evolutionsbiologen haben dafür den Begriff „standing variation“ geprägt oder sprechen von „alten Programmen“. Innovationen und entsprechende Verschiedenartigkeit erfordern jedoch weit darüber hinaus gehende Voraussetzungen. Inwieweit die evolutionäre Entstehungsweise von Innovation geklärt ist, ist selbst unter Evolutionsbiologen umstritten.

Die Entstehung der Verschiedenartigkeit im Pflanzenreich ist im Rahmen von Evolution nach Einschätzung der Autoren nicht geklärt.

Die Analyse von CLARK et al. (2023) liefert zu dieser Frage interessante Daten. Die Forscher stellten fest, dass die heute existierenden Pflanzenabteilungen deutlich voneinander abgegrenzte Gruppen innerhalb des gesamten Formenraums bilden. Unter „Abteilungen“ werden im Pflanzenreich die grundlegenden Baupläne zusammengefasst wie Algen, Moose, Bärlappe, Farne, Nacktsamer und Bedecktsamer; bei Fossilien kommen z. B. Samenfarne oder Progymnospermen hinzu. Unter den heute lebenden Formen sind die Lücken im Formenraum besonders stark ausgeprägt. Bei Einbeziehung fossiler Formen ist der Formenraum zwar besser gefüllt, aber die Gruppenbildung bleibt gut erkennbar (Abb. 1). Der aus fossilen und heute lebenden Taxa konstruierte Formenraum zeigt nach CLARK et al. (2023, 1819), „dass die fossilen Taxa das grundlegende Muster der Besetzung des Formenraums, das bei den heute lebenden Taxa zu beobachten ist, nicht verändern.“ Das gelte besonders für den Raum zwischen Algen und Landpflanzen (der zudem sehr groß ist) sowie zwischen Nacktsamern und Bedecktsamern. Außerdem liege keines der fossilen Taxa außerhalb der Regionen des Formenraums heutiger Formen.

Das Pflanzenreich zeige im Laufe seiner Geschichte ein Muster „episodisch zunehmender Ver-

schiedenartigkeit“ (Abb 2). Dieses Muster weise Parallelen zum Tierreich und zum Reich der Pilze auf. Anders jedoch als bei den grundlegenden Tierbauplänen (Tierstämme und Tierklassen), die großenteils mit Beginn der Fossilüberlieferung der Bilateria (Zweiseitentiere) schon seit der Kambrischen Explosion vorhanden waren, tritt die pflanzliche Verschiedenartigkeit *in mehreren Schüben* fossil auf. Übereinstimmend mit der Fossilüberlieferung von Tiergruppen ist aber wiederum, dass innerhalb einzelner Schübe von Beginn an eine große Verschiedenartigkeit vorhanden ist, während diese im weiteren Verlauf nicht mehr stark zunimmt, sondern im Wesentlichen nur noch die Vielfalt (s. o.) verbreitert wird.

Innerhalb einzelner Schübe ist von Beginn an eine große Verschiedenartigkeit vorhanden, während diese im weiteren Verlauf nicht mehr stark zunimmt.

Ein interessanter Befund ist auch das Fehlen einer eindeutigen Beziehung zwischen Verschiedenartigkeit und Komplexität. Einige stark verschiedenartige Gruppen gehören zu Taxa mit geringer Komplexität (so bei den verschiedenen Charophyten-Algen), während Linien mit geringer Disparität aus Taxa mit mittlerem Komplexitätsgrad bestehen (bei den Moosen).

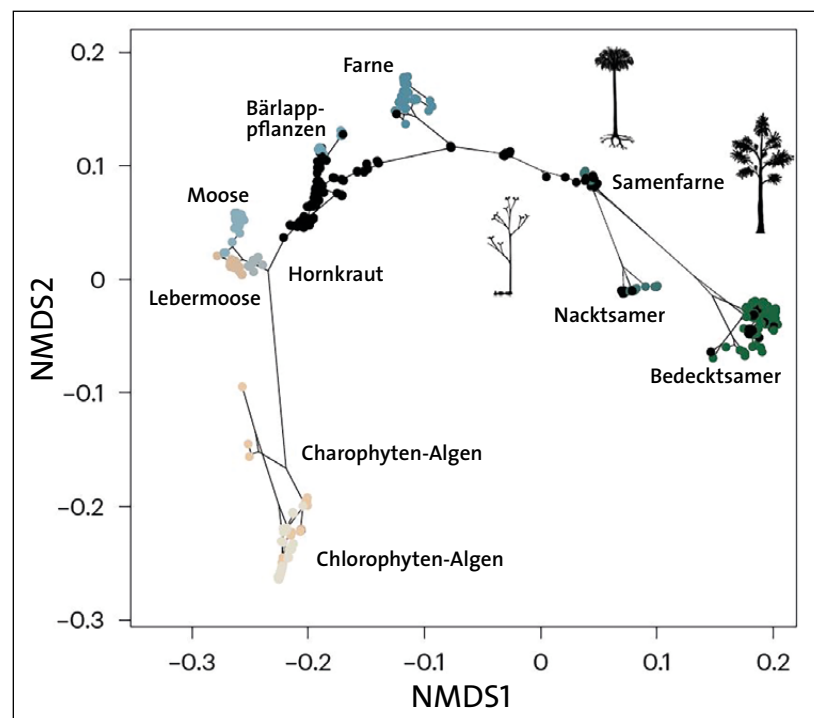


Abb. 1 Räumliche Verteilung 248 heutiger und 160 fossiler Taxa des Pflanzenreichs. Die Achsen fassen die morphologische Verschiedenartigkeit zusammen, die sich aus der beobachteten Unähnlichkeit zwischen den Taxa ergibt (berechnet mit dem Gower-Index; nicht-metrische multidimensionale Skalierung, NMDS). Fossile Taxa sind als schwarze Punkte dargestellt. Die Verbindungen geben aktuelle, evolutionäre Hypothesen der phylogenetischen Beziehungen wieder. Die Merkmalszustände an jedem Knoten sind hypothetisch und wurden indirekt abgeschätzt. (Aus CLARK et al. 2023; CC BY 4.0 DEED, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

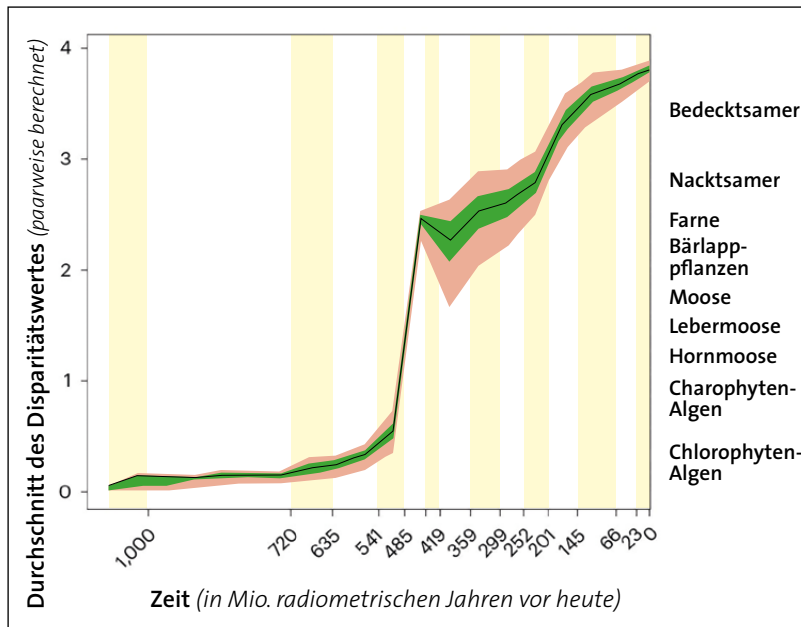


Abb. 2 Zunahme der gesamten Verschiedenartigkeit im Pflanzenreich im Laufe der Zeit, geschätzt anhand einer zeitkalibrierten Phylogenie, die fossile Taxa umfasst, deren phylogenetische Position zuverlässig geschätzt werden konnte. Insbesondere die sprunghafte Zunahme im Devon ist außergewöhnlich. Die durchgezogene Linie stellt den Median aus 1.000 Bootstrapped-Wiederholungen dar, wobei die schattierten Bereiche die Perzentile 2,5 % und 97,5 % sowie 25 % und 75 % repräsentieren. Orangefarbene Bänder stellen geologische Zeiträume dar. (Aus CLARK et al. 2023; CC BY 4.0 DEED, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

Kommentar

Sind diese Befunde evolutionstheoretisch zu erwarten? Im Gefolge Darwins wird Evolution als *kleinschrittiger* (gradueller) Prozess verstanden. Somit sollte der Formenraum zwischen den heutigen Abteilungen der Pflanzenwelt gut gefüllt sein, denn der „unbesiedelte“ Raum musste in kleinen Schritten überwunden worden sein. Größere Lücken im Formenraum dagegen sind zu erwarten, wenn es schöpfungsgemäße Grenzen zwischen Gruppen gibt. CLARK et al. (2023) führen die Lücken teilweise auf das Aussterben hypothetischer evolutionärer Zwischenstufen zurück. Die dennoch verbleibenden „Sprünge“ seien auf Innovationen im Bereich der Fortpflanzung zurückzuführen oder dadurch zumindest erleichtert worden. Auch andere Schlüssel-Neuheiten wie z. B. die Ausbildung von Leitgefäßen bei Landpflanzen seien mit der Abgrenzbarkeit der größeren Gruppen verknüpft.

Während das Aussterben die heute sehr markanten Lücken zwischen den Pflanzenabteilungen wenigstens teilweise erklärt, gilt dies für fortpflanzungsbiologische oder andere Innovationen nicht. Die Forscher konnten hierzu zwar eine interessante Korrelation aufzeigen, aber Korrelationen liefern keine Ursachen. Es müsste also erst einmal herausgefunden werden, wie die Innovationen auf evolutivem Wege entstehen konnten. Die Autoren meinen, die episodische Zunahme der Verschiedenartigkeit

der Pflanzen könnte auf die Realisierung des genomischen und entwicklungsbiologischen Potenzials zurückzuführen sein, ausgelöst durch ökologische Gegebenheiten. Anders als Tiere seien Pflanzen immer wieder in neuartige stressige Umwelten eingedrungen und sie seien einfacher als diese gebaut; darauf seien die mehrfachen sprunghaften Zunahmen der Verschiedenartigkeit zurückzuführen (CLARK et al. 2023, 1621; vgl. VALENTINE et al. 1991, 81, 86f.). Doch diese Faktoren erklären nichts. Denn sie geben keine Antwort auf die alles entscheidende Frage, woher dieses Potenzial überhaupt kommt und wie es aufgebaut wurde, solange es in der bisherigen Umgebung noch gar nicht benötigt wurde. Potenzial, das schon vorhanden ist, aber noch nicht benötigt wird und auch in der Vergangenheit nicht benötigt wurde, kann durch zukunftsblinde evolutionäre Mechanismen nicht aufgebaut werden. Wenn es ein solches Potenzial tatsächlich in größerem Umfang geben sollte, verweist seine Existenz eher auf einen vorausschauend handelnden Schöpfer. Diese Schlussfolgerung wird durch die Beobachtung gestützt, dass von Evolutionsbiologen immer häufiger komplexere Vorformen angenommen werden müssen, deren Potenzial sich entfaltet habe. Damit verlagert man das Problem des Ursprungs komplexer und präadaptiver genetischer Information aber nur weiter in die Vergangenheit, statt es zu lösen.

Stressige Umwelten und der einfache Bau von Pflanzen erklären nicht, woher das Potenzial zu Innovation kommt.

Aus der Sicht der bibelbasierten Schöpfungslehre ist das gestaffelte, wenn auch schubweise Auftreten neuer Verschiedenartigkeit in der Fossilüberlieferung bislang allerdings auch nicht befriedigend erklärt. Denn da in dieser Sichtweise die verschiedenartigen Pflanzengestalten von Beginn an existierten, ist die Frage zu klären, wie es zu dem zeitlich gestaffelten Auftreten größerer Gruppen in der Fossilüberlieferung gekommen ist. Die Vermutung liegt nahe, dass es dafür ökologische Gründe gibt, doch konkrete prüfbare Hypothesen liegen dazu bisher nicht vor.

Literatur

- CLARK JW, HETHERINGTON AJ et al. (2023) Evolution of phenotypic disparity in the plant kingdom. *Nature Plants* 9, 1618–1626.
- VALENTINE JW, TIFFNEY BH & SEPKOSKI JJ Jr (1991) Evolutionary dynamics of plants and animals: a comparative approach. *Palaios* 6, 81–88.

Modernes Mittelohr bei alten Säugetieren

Das Mittelohr mit den Gehörknöchelchen Hammer, Amboss und Steigbügel repräsentiert eines der markantesten Merkmale der Säugetiere. Ihre Evolution aus Kiefergelenkknochen säugetierähnlicher Reptilien galt lange Zeit als Paradebeispiel für eine lineare und einmalige evolutionäre Umwandlung. In den letzten 25 Jahren zeigten zahlreiche fossile Funde einen unerwarteten Merkmalsmix innerhalb der frühen Säugetierformen, was zu einem weitreichenden Umdenken bezüglich des hypothetischen Evolutionsverlaufs bei Säugetieren führte. Diese Situation wird durch neuere Funde wie *Microtherium* noch verwirrender.

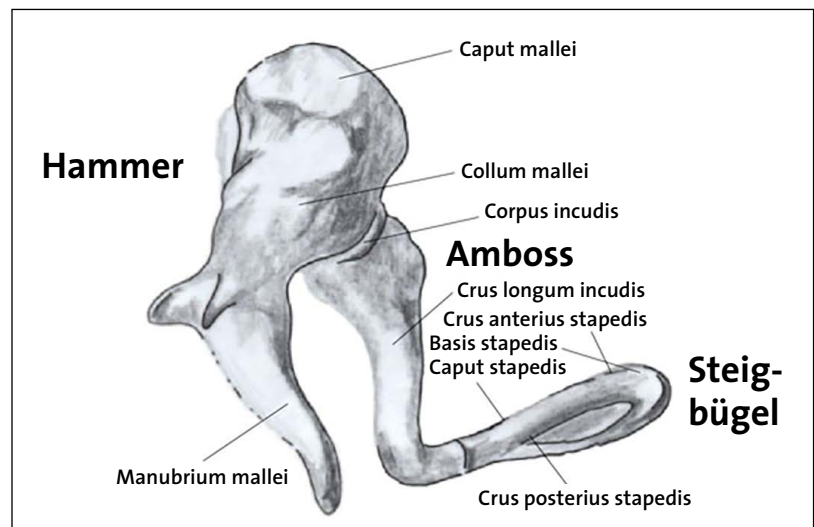
Henrik Ullrich

Säugetiere repräsentieren eine vielfältige Tierklasse. Man kennt heute ca. 6.600 lebende Säugetierarten sowie fossile Vertreter von mehr als 4.000 Gattungen. Neben den aktuell lebenden Säugergruppen (Plazentatiere, Beuteltiere und Kloakentiere) finden sich ca. 20 Säugetierlinien in der fossilen Überlieferung. Die heutigen Hauptgruppen der Säuger (*Kronen-Säugetiere*) sind bereits im Mesozoikum (Erdmittelalter ca. 251 bis 66 Millionen radiometrische Jahre [MrJ]) ausdifferenziert. Den aus diesem geologischen Abschnitt bekannten ca. 540 Dinosauriergattungen stehen mittlerweile ca. 310 Säugetiergattungen gegenüber, zwei Drittel davon wurden erst in den letzten 25 Jahren entdeckt (Luo 2007 a; 2007 b).

Klassische Modelle der Mittelohrevolution

Ein besonderes Kennzeichen (Schlüsselmerkmal) der Säugetiere stellt das Mittelohr mit den charakteristischen drei *Mittelohrknochen* (MOK; vgl. Abb. 1) dar: Hammer (Malleus), Amboss (Incus) und Steigbügel (Stapes). Deren Evolution galt bis zum Ende des 20. Jahrhunderts als Paradebeispiel für eine lineare evolutionäre Umwandlung (z. B. in Form der Reichert-Gauppischen-Theorie, vgl. ULLRICH 1994). Bis vor 25 Jahren ging man davon aus, dass die Evolution der Säugetiere einmalig (monophyletisch), stufenweise und kontinuierlich (graduell) ohne Sprünge oder rasante Diversifikationen erfolgte. Das bedeutet: Auch die Evolution der Umwandlung von Kieferknochen der Reptilien (z. B. Quadratum, Artikulare, Angulare) in die MOK der Säugetiere verlief graduell und monophyletisch (vgl. Abb. 5).

Die ersten Schritte sah man in frühen Therapsiden (säugetierähnlichen Reptilien) verwirklicht, die eine etwas kleinere Anlage der hinteren (postdentalen) Kieferknochen zeigten. Der zahntragende Knochen (Dentale) dehnte



sich – so die Theorie – nach hinten und hinten oben aus und etablierte so ein *sekundäres Kiefergelenk* mit der Schläfenbeinschuppe des Schädels (Squamosum): Das Squamoso-Dental-Gelenk. Ein weiterer hinterer Kiefergelenkknochen, das Angulare, entwickelte eine nach hinten orientierte knöcherne Ausziehung (z. B. beim *Dimetrodon*-Pelycosaurier = „reflected lamina“), welcher eventuell die Basis des ringförmigen Knochens der frühen Säuger dargestellt haben könnte, der das Trommelfell aufspannt (Ectotympanon).

Einige höhere Cynodonta (artenreichste Gruppe innerhalb der Therapsiden) zeigen fossil ein doppelt gelagertes Kiefergelenk (wie *Diarthrognathus*). Diese Situation wurde als ein Zwischenstadium gedeutet: Das seitlich gelegene Squamoso-Dental-Gelenk übernimmt mehr und mehr die Kaufunktion und entlässt die innen gelegenen primären postdentalen Kieferelemente (Quadratum, Artikulare, Angulare) aus dem Kiefergelenk, sodass sie später in das Mittelohr wandern. Die anatomische Situation bei *Morganucodon* wurde als Prototyp für den Start der Entwicklung des MME („mammalian middle ear“) zum DMME „definitive mammalian middle ear“ betrachtet, da hier die postdentalen Kieferelemente (Angulare, Artikulare, Präartikulare und Quadratum) ausschließlich

Abb. 1 Mittelohrknöchelchen des Menschen. (Nach BERTOLINI & LEUTERT 1982)

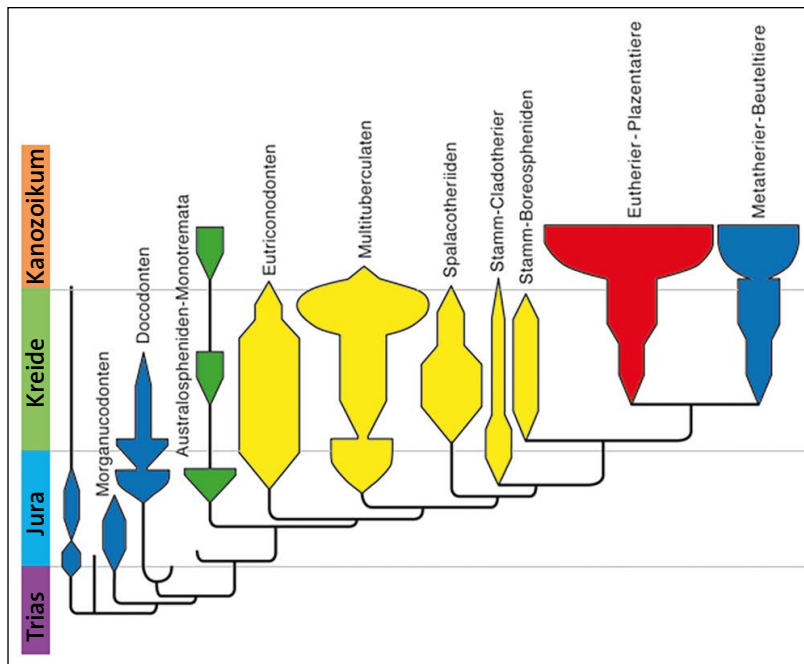


Abb. 2 Systematik der Säugetiere im weiteren Sinne (Mammaliaformes). Dunkelblau: Schweslergruppen der Säugetiere im engeren Sinne (Mammalia). Gelb: ausgestorbene Gruppen von Kronen-Säugetieren. Grün: Kloakentiere (Monotremata). Hellblau: Beutelsäuger (Metatheria/Marsupialia). Rot: höhere Säugetiere oder Plazentatiere (Eutheria/Plazentalia). (Nach Luo 2007)

Strukturen des Hörapparates sind – vollständig getrennt vom Kauapparat (MENG et al. 2011). Spätere Autoren führten unter Berücksichtigung zahlreicher Fossilfunde eine neue Nomenklatur für die Mittelohrentwicklung bei Säugetieren ein. Mittlerweile unterscheidet man in der Evolutionsbiologie drei evolutionäre bzw. phylogenetische Stufen in der Entwicklung des Säugetiermittelohrs: das postdentale Mittelohr (postdentary-attached middle ear: PAME), das meckelianische Mittelohr (Meckelian-attached middle ear: MAME) und das vollständig vom Unterkiefer freie Mittelohr (detached middle ear: DME; s. LUO 2011; MENG et al. 2011; WANG et al. 2021; vgl. dazu Abb. 3).

Phänomen der korrelierenden Merkmalsevolution

War man gegen Ausgang des 20. Jahrhunderts noch überzeugt, die bis dahin geltenden evolutionären Rekonstruktionen durch Fossilien bestätigt zu sehen (LUO et al. 2001), änderte sich dieses optimistische Bild dramatisch in den letzten 25 Jahren. Zahlreiche neue fossile Funde zeigten einen unerwarteten Merkmalsmix, der gemeinsam mit Daten aus der Embryologie und der Molekularbiologie zu einem weitreichenden Umdenken bezüglich des hypothetischen Evolutionsverlaufs bei Säugetieren zwang (ULLRICH 2009, 2012, 2015): Das Modell einer monophyletischen, graduellen Evolution ohne Sprünge musste aufgegeben werden. Aufgrund der auch durch jüngere DNA-Sequenzanalysen etablierten Systematik bleibt nur der Schluss, dass im Rahmen der evolutionären Aufspaltung (Diversifikation) der Säugetiere innerhalb und zwischen den einzelnen Großgruppen zahl-

reiche und hochgradig konvergente (mehrfach unabhängig erworbene) Merkmalsentwicklungen erfolgt sein müssen (vgl. Abb. 5 sowie ULLRICH 2013). Die extrem hohe Anzahl anzunehmender Konvergenzen, die bei den heutigen und fossilen plazentalen Säugetieren unter Vorgabe einer abgelaufenen Evolution anzunehmen ist, bezeichneten SPRINGER et al. (2004) als *Phänomen der korrelierenden Merkmalsevolution*.

Zahlreiche neue fossile Funde zeigten einen unerwarteten Merkmalsmix und erzwangen ein Umdenken.

Auch LUO (2011) stellt fest: „Die Evolution der frühesten Säugetiere zeigt aufeinander folgende Episoden von Diversifikationen. Die Aufteilung in unterschiedliche Linien bei mesozoischen Säugetieren ist gekoppelt an viele unabhängige evolutionäre Experimente und ökologische Spezialisierungen.“ Diese Einschätzung gilt damit auch für die Evolution des Mittelohrs bei unterschiedlichen Säugetiergruppen. Das *Phänomen der korrelierenden Merkmalsevolution* bleibt auch weiterhin trotz oder gerade wegen der Verfügbarkeit einer sehr großen Anzahl fossiler Dokumente von Säugetieren aus Erdmittelalter und -neuzeit hinsichtlich der verursachenden Mechanismen rätselhaft und unverstanden. Trägt vielleicht ein neuer fossiler Fund zur Klärung der Situation bei?

Microtherulum oneirodes – Ein traumhaftes Fossil

2023 stellten WANG & WANG die fossilen Überreste eines fast vollständig erhaltenen, ca. 10 cm großen, modernen, höheren Säugetiers (Eutheria) aus der Unterkreide (118–120 radiometrische Mio. Jahre) unter dem Namen *Microtherulum oneirodes* vor (Abb. 3). Der Name „*Micro*“ bezieht sich auf die sogenannte mikrotypische Konfiguration des Mittelohrs, die charakteristisch für heutige Mäuse und Fledermäuse ist und auf ein hochfrequentes Hören schließen lässt (vgl. Abb. 4: Bauplantypen des Hammer-Amboss-Gelenkes moderner Säugetiere). „*Therulum*“ bedeutet „kleines Tierchen“ und „*oneirodes*“ (griechisch) steht für „traumhaft“. Die Autoren sehen in *Microtherulum oneirodes* einen traumhaften Fossilfund, welcher die Lücke in der frühen Mittelohr-Evolution der modernen Beutel- und Plazenta-Säugetiere (Theria) endlich füllen soll. Insbesondere waren die Erwartungen auch deshalb so groß, weil die fossilisierten knöchernen Elemente des Mittelohrs bei *Microtherulum oneirodes* hervorragend erhalten waren. *Microtherulum oneirodes* zeigt

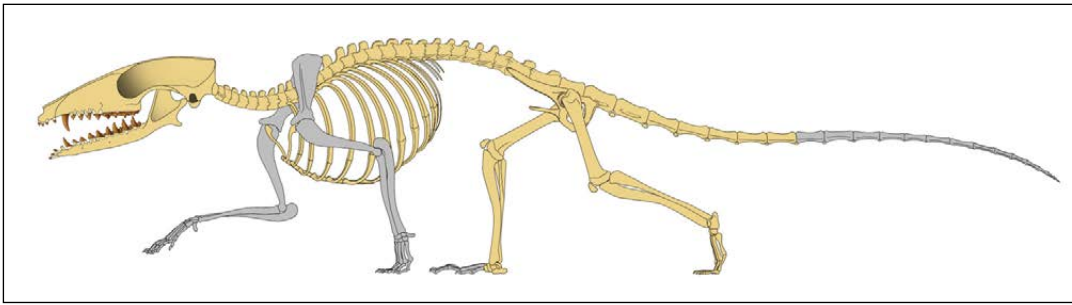


Abb. 3 Holotypus (IVPP 24190) des unterkreidezeitlichen Säugetiers (Eutheria) *Microtherulum oneirodes*. (WANG & WANG 2023, CC BY 4.0 Deed, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

eine sattelförmige Gelenkverbindung zwischen dem Hammer und dem Amboss (sog. Incudomalleolar-Gelenk). Diese ist für eine große Gruppe moderner (rezenter) Säugetiere typisch (z. B. für Fleischfresser, Nagetiere, Fledermäuse; vgl. Abb. 4 über die Bauplantypen des Incudomalleolar-Gelenkes bei lebenden Säugetieren).

Microtherulum stellt den frühesten bekannten fossilen Beleg für die Existenz eines modernen sattelartigen Hammer-Amboss-Gelenks dar.

Die Gelenkverbindung zwischen Hammer und Amboss von *Microtherulum* stellt den frühesten bekannten fossilen Beleg für die Existenz eines sattelartigen Hammer-Amboss-Gelenks dar. Daraus muss geschlussfolgert werden, dass diese für die modernen Säugetiere charakteristische Gelenkconfiguration bereits bei ihren ältesten bekannten Vertretern (Eutheriern) in der unteren Kreide ausgebildet war.

Konvergenz und paralleles Auftreten der Mittelohrstrukturen

Wichtig zu erwähnen ist, dass diese moderne Konfiguration des Mittelohres bei *Microtherulum oneirodes* zeitgleich zu anderen Formvarianten bei den Schwestergruppen der modernen Säugetiere existierte (Haramiyida, Multituberculata, Eutriconodonta, Zhangheotheriidae und Monotremata [Kloakentiere]). Damit ist es in biostratigrafischer Hinsicht nicht mehr möglich, von „primitiveren“ und „modernen“ Varianten der MOK zu sprechen. Ein häufig als primitiv gewertetes Merkmal bei diesen zeitgleich lebenden Schwestergruppen ist ein teilweise verknöchert *Meckelscher Knorpel* wie auch eine spezielle Furche im Unterkiefer für den Meckelknorpel – und wird deshalb als morphologisches Bindeglied bei der

Mittelohrentwicklung bei Säugetieren dargestellt. Diese Struktur fehlt beim zeitgleich lebenden *Microtherulum oneirodes* vollständig. Die Autoren WANG & WANG (2023) ziehen daraus den Schluss: „Es scheint, dass der Abbau des Meckelschen Knorpels auch bei den Eutheriern der frühen Kreidezeit variabel ist, was auf eine hohe evolutionäre Variabilität bei der Ablösung des Mittelohrs bei den frühen Säugetierformen mit Ausnahme der Allotherier hinweist.“

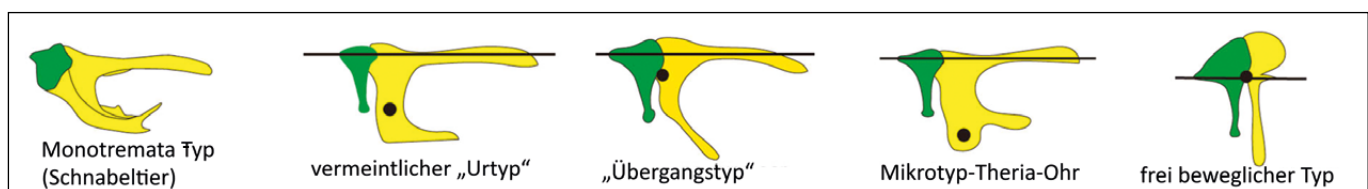
Aus evolutionärer Perspektive müssen vielfache, unabhängige und gleichgerichtete Entwicklungssprünge angenommen werden.

Abb. 5 dokumentiert die große Variabilität der Mittelohrformen bei den Säugetieren im weiteren Sinne (Mammaliaformes). Darüber hinaus wird erneut belegt, dass aus evolutionärer Perspektive vielfache, unabhängige und gleichgerichtete Entwicklungssprünge bei der Entstehung des Mittelohres angenommen werden müssen. Das freistehende Mittelohr (detached middle ear, DME) und die damit verbundene Entkopplung von Hör- und Kauapparat entwickelte sich nach der aktuellen Phylogenie *mehrfach* in mesozoischen Säugetierformen (Abb. 5). Als zugrundeliegender Mechanismus für das Entkopplungsereignis (wobei man hier richtiger von einem hypothetischen Selektionsvorteil sprechen sollte), wird von den Autoren lediglich die Anpassung an ein effizientes Kauen ins Spiel gebracht.

Diskussion

Der aktuelle Fossilfund des modernen Säugetiers *Microtherulum oneirodes* aus der Unterkreide bestätigt, dass aus evolutionärer Perspektive davon ausgegangen werden muss, dass auch die Entstehung des Mittelohres und seiner Begleit-

Abb. 4 Bauplantypen des Hammer-Amboss-Gelenkes in einer Ansicht von hinten bei (v. l. n. r.): Kloakentieren (Schnabeltier), Beuteltieren und Plazentatieren: vermeintlicher „Urtyp“ (Opossums), „Übergangstyp“ (Hamster), Mikrotyp-Theria-Ohr (Mäuse, Fledermäuse, *Microtherulum oneirodes*) und frei beweglicher Typ (Eichhörnchen). Bei jedem Bauplantyp zeigt der Punkt das geschätzte Massenzentrum der Gehörknöchelchenkette. (Nach WANG & WANG 2023, CC BY 4.0 Deed, <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)



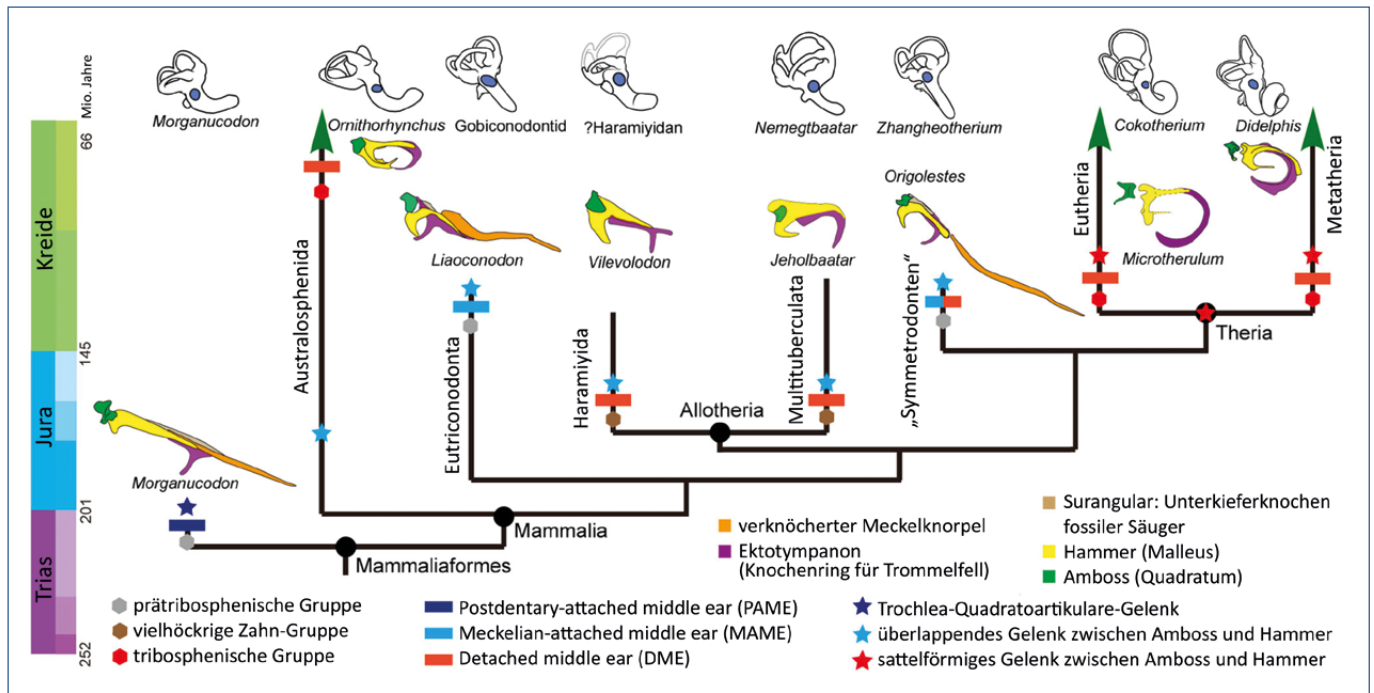


Abb. 5 Hypothetische Evolutionsstufen der Mittelohrregion in einer vereinfachten Phylogenie der Säugetiere inkl. der evolutionären Entwicklung zu den modernen tribosphenischen Backenzähnen (s. unten links: einfache Form: prätribosphenische Gruppe, Übergangsform: vielhöckerige Zahn-Gruppe, säugetier-typische Form: tribosphenische Gruppe), sowie der Abtrennung des Mittelohrs vom Unterkiefer durch die Umwandlung von Unterkieferknochen bei Reptilien (Quadrat, Artikulare, Angulare) zum Hammer-Amboss-Gelenk. Die verschiedenen Elemente des Mittelohrs sind markiert, das Ektotympanon in Lila, der Hammer (Malleus) in Gelb, der Amboss (Incus) in Grün und der verknöcherte Meckel'sche Knorpel in Orange. Man beachte das konvergente, gleichzeitige und zum Teil rückschrittliche Auftreten der tribosphenischen bzw. der prätribosphenischen Formen, des DME, des MAME, eines verknöcherten Meckel'schen Knorpels und des überlappenden Gelenkes zwischen Hammer und Amboss in den unterschiedlichen rezenten und ausgestorbenen Säugetiergruppen. (Nach WANG & WANG 2023, CC BY 4.0 Deed, <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

strukturen bei modernen Säugetieren und ihren fossilen Verwandten *mehrfach* und *unabhängig* voneinander erfolgt sein muss. Außerdem hilft das Fossil nicht aufzuklären, von welchen Vorfahren die für moderne Säugetiere typische Konfiguration der Gelenkverbindungen zwischen Hammer und Amboss (*Incudomalleolar-Gelenk*) abzuleiten ist, da diese in den frühesten Formen bereits völlig modern erscheint. Die zugrundeliegenden Mechanismen für die postulierten konvergenten Entwicklungen und die dafür erforderlichen Selektionsbedingungen der Mittelohrknochen bei Säugetieren bleiben auch nach dem Fund von *Microtherulium oneirodes* unbekannt. Der Fund von *Microtherulium oneirodes* ist ein erneutes Beispiel für das allgegenwärtige und kausal ungeklärte Phänomen der „korrelierenden“/konvergenten Merkmalsevolution in der Säugetierevolution. Die damit verbundene Untauglichkeit von Homologien (Merkmals-ähnlichkeiten) bei der Rekonstruktion makroevolutionärer Vorgänge wird erneut exemplarisch bestätigt. Dieser Zusammenhang wiegt umso schwerer, da Homologien nach wie vor als das wesentlichste Argument für die gemeinsame Abstammung der Lebewesen aus dem Blickwinkel der Darwin'schen Evolution gelten.

Literatur

BERTOLINI R. & LEUTERT G (1982) Atlas der Anatomie des Menschen Nach systematischen und topographi-

- schen Gesichtspunkten. Band 3: Kopf und Hals, Gehirn, Rückenmark und Sinnesorgane. Leipzig.
- LUO ZX et al. (2007 a) A new eutriconodont mammal and evolutionary development in early mammals. *Nature* 446, 288–293.
- LUO, ZX. (2007 b) Transformation and diversification in early mammal evolution. *Nature* 450, 1011–1019.
- LUO ZX (2011) Developmental patterns in Mesozoic evolution of mammal ears. *Annu. Rev. Ecol., Evol. Syst.* 42, 355–380.
- LUO ZX, CROMPTON AW & SUN AL (2001) A new mammaliaform from the early Jurassic and evolution of mammalian characteristics. *Science* 292, 1535–1540.
- MENG J, WANG Y & LI C (2011) Transitional mammalian middle ear from a new Cretaceous Jehol eutriconodont. *Nature* 472, 181–185.
- SPRINGER MS et al. (2004) Molecules consolidate the placental mammal tree. *Trends Ecol. Evol.* 19, 430–438.
- TAKECHI & KURATANI (2010) History of studies on mammalian middle ear evolution. *J. Exp. Zool.* 314B, 417–433.
- ULLRICH H (1994) Embryologie und Homologie – Die Reichert-Gaupp'sche Theorie. *Stud. Int. J.* 1, 15–24.
- ULLRICH H (2009) Das Ende der klassischen Homologisierung. Neue Methoden in der vergleichenden embryonalen Forschung. *Stud. Integr. J.* 12, 58–65.
- ULLRICH H (2012) Verwirrende Konvergenzen. Zur Evolution des Mittelohres der Säugetiere. *Stud. Integr. J.* 19, 20–33.
- ULLRICH H (2013) Moleküle und Anatomie im Konflikt? Die Systematik der Säugetiere. *Stud. Integr. J.* 20, 119–121.
- ULLRICH H (2015) Wann entstanden die modernen Säugetiere? Einsichten aus Fossilien, Molekülen und Datierungen. *Stud. Integr. J.* 22, 23–30.
- WANG H & WANG Y (2023) Middle ear innovation in Early Cretaceous eutherian mammals. *Nat. Commun.* 14:6831, 1–12.
- WANG J. et al. (2021) A monotreme-like auditory apparatus in a Middle Jurassic haramiyidan. *Nature* 590, 279–283.

Frühe Menschheit fast ausgestorben?

Die Vorfahren der heutigen Menschen sollen nach einer aktuellen genetischen Studie in ihrer Frühzeit einen drastischen Bevölkerungsrückgang erlitten haben, der über 100.000 radiometrische Jahre (rJ) anhielt. Während dieser Zeit sei die Menschheit wegen ihrer äußerst geringen Zahl immer am Rande des Aussterbens gewesen. Die archäologische Fundsituation widerspricht jedoch dem postulierten Bevölkerungseingpass. Tatsächlich ist es nicht die Genetik, sondern es sind demografische und archäologische Befunde, die darauf hinweisen, dass die nahezu konstant zahlenmäßig *sehr kleine* Menschheit während *fast ihrer gesamten Geschichte* vom Aussterben bedroht war – unter Voraussetzung des konventionellen Langzeitrahmens. Eine drastische Verkürzung der Menschheitsgeschichte löst zwanglos die im Langzeitrahmen auftretenden demografisch-archäologischen Probleme.

Michael Brandt

Postulierter dramatischer Populationsengpass

Hu et al. (2023) analysierten mit *FitCoal* die Genome von 3.154 heute lebenden Menschen verschiedener Herkunft, um frühere Populationsgrößen zu bestimmten Zeitpunkten zu ermitteln. Sie kamen zu dem Ergebnis, dass unsere frühen direkten Vorfahren einen schwerwiegenden Populationsengpass in der Zeit von 930.000 bis 813.000 rJ v. h. durchlebten. Während dieser Periode waren nach Hu et al. (2023) die Vorfahren des heutigen *Homo sapiens* mit ungefähr 1.280 sich fortpflanzenden Individuen (effektive Populationsgröße) immer am Rand des Aussterbens. Vor dem postulierten Populationsengpass betrug die effektive Populationsgröße um 98.130 Individuen. Mit Beginn des Engpasses reduzierte sich die Zahl unserer Vorfahren somit um fast 98,7 %. Nach dem 117.000 rJ dauernden Engpass stieg die Bevölkerung wieder auf ca. 27.160 sich fortpflanzende Individuen (s. Abb. 1). Die drastische Bevölkerungsreduktion spiegelt sich nach Ansicht von Hu et al. (2023) in der spärlichen archäologischen Fundsituation in der Zeit des Engpasses mit nur wenigen menschlichen Fossilfunden in Afrika und Eurasien zwischen 950.000 und 650.000 rJ v. h. wider.

Hu et al. (2023) vermuten einen dramatischen Populationsengpass unserer Vorfahren während einer 117.000 rJ dauernden Periode am Übergang vom Unteren zum Mittleren Pleistozän.

Als Ursache des dramatischen Bevölkerungseingpasses am Übergang vom Frühen zum Mittleren Pleistozän vermuten Hu et al. (2023) eine klimatische Änderung. Vergletscherungen

hätten sich verstärkt und seien dauerhafter geworden. Dies hätte zu einem Abfall der Meerestemperatur, einer langen Trockenheit und einer dramatischen Änderung der Tierwelt in Afrika und Eurasien geführt.¹

Hu et al. (2023) schlagen weiterhin vor, dass der einschneidende Populationsengpass zur Entstehung einer neuen menschlichen Spezies geführt habe, aus der später der *Homo sapiens*, Neandertaler und Denisova-Mensch entstanden seien. Sie favorisieren den *Homo heidelbergensis* als Vorfahren dieser drei Menschenformen.

Kritik an den Ergebnissen

ASHTON & STRINGER (2023) haben in der Ausgabe von *Science*, in der auch die Arbeit von Hu et al. (2023) publiziert wurde, Stellung zu den Thesen von Hu et al. (2023) genommen. Die beiden Autoren führen aus, dass keineswegs

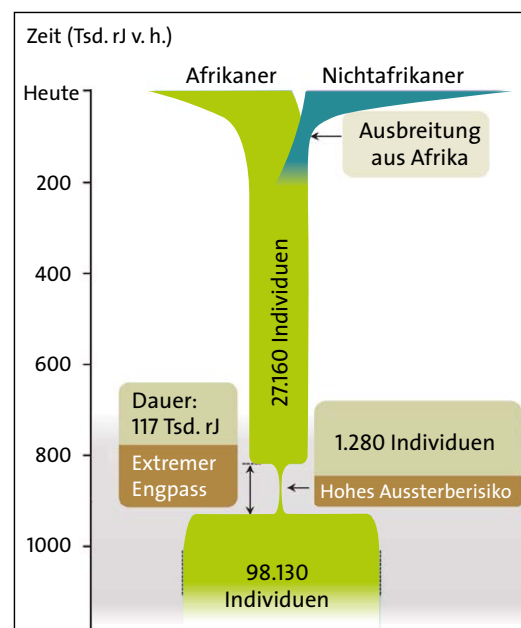


Abb. 1 Schematische Darstellung der Geschichte der menschlichen Populationsgröße nach Hu et al. (2023). Die Individuenzahl gibt die Zahl der sich fortpflanzenden Individuen an (effektive Populationsgröße). Hu et al. (2023) vermuten in der Zeit von 930.000 bis 813.000 rJ v. h. einen schweren Bevölkerungseingpass mit einem hohen Aussterberisiko der Menschheit. Kritische Diskussion siehe Text. (Johannes Weiss nach Hu et al. 2023, Fig. 5)

Konsens darüber besteht, dass *Homo heidelbergensis* der Ahne von *Homo sapiens*, Neandertaler und Denisova-Mensch war. Zum einen ist nicht klar, ob der letzte gemeinsame Vorfahr in Europa, Asien oder Afrika lebte. Zum anderen weisen Fossilien vom Fundort Yunyang in China darauf hin, dass der gemeinsame Vorfahr älter als der postulierte Bevölkerungseingang ist. Einige genetische Modelle lassen sogar vermuten, dass die Vorstellung von einem einzigen letzten gemeinsamen Ahnen illusorisch sein könnte.

Der Goldstandard² für die Beurteilung vergangener Populationsgrößen ist der archäologische Befund, denn er dokumentiert die direkten Hinterlassenschaften der Menschen aus früherer Zeit und lässt damit Rückschlüsse auf vergangene Bevölkerungsgrößen zu. An diesem Punkt setzt die Hauptkritik an der Studie von Hu et al. (2023) an.

Archäologische Fundstätten in Afrika und Eurasien widerlegen den postulierten Bevölkerungseingang.

ASHTON & STRINGER (2023) weisen entgegen der Behauptung von Hu et al. (2023) nach, dass zwischen 930.000 und 813.000 rJ v. h. Hinterlassenschaften des Frühmenschen nicht besonders selten sind. Es gibt eine ganze Anzahl Fundstellen in Europa, Asien und Afrika mit Hinweisen auf eine menschliche Besiedlung während der postulierten Engpassperiode. Dazu gehören in Afrika Fundorte in Kenia wie Kilombe (GqJh1 und GqJh2), Kariandusi und Isinya sowie Fundstätten im Bed IV von Olduvai in Tansania. Weiterhin liegen innerhalb des Zeitfensters des postulierten Populationsengpasses Fundorte in Europa, wie Gran Dolina und Boella in Spanien, Monte Poggiolo in Italien und Happisburgh 3 auf den britischen Inseln. Von weiterer Bedeutung ist die zunehmende Zahl an Fundstellen in China, insbesondere im Qinling-Gebirge, die die Zeitspanne des vorgeschlagenen Engpasses abdecken. Dazu gehören auch die menschlichen Fossilien aus Yunyang. Diese Fundstellen beweisen, dass der Frühmensch in der Zeit von 930.000 bis 813.000 rJ v. h. innerhalb und außerhalb Afrikas weit verbreitet war. Sie widerlegen damit den von Hu et al. (2023) postulierten Populationsengpass.

Sind Weltbevölkerungszusammenbruchs-Szenarien plausibel?

Hu et al. (2023) waren nicht die ersten Forscher, die einen Populationszusammenbruch postuliert haben, für den eine klimatische Abkühlung die Ursache gewesen sein soll.

Eine Klimaänderung mit Abkühlung wird auch als Ursache für einen vermuteten drastischen Rückgang der *Homo-sapiens*-Population auf dem afrikanischen Kontinent in der Zeit von 195.000 bis 72.000 rJ v. h. angeführt. Von 10.000 sich fortpflanzenden Individuen habe sich ihre Zahl auf einige Hundert reduziert (MAREAN 2010).

Am bekanntesten ist ein vermuteter Bevölkerungszusammenbruch im Mittelpaläolithikum. Auf Basis einer genetischen Studie wurde vermutet, dass vor etwa 70.000 rJ v. h. nur ca. 6.000 Individuen des modernen *Homo sapiens* auf unserer Erde lebten. Ursache der starken Dezimierung der Weltbevölkerung sei eine Naturkatastrophe vor etwa 74.000 rJ v. h. gewesen: die Supereruption des indonesischen Vulkans Toba. Der Ausbruch des Toba war wahrscheinlich die stärkste Eruption auf unserer Erde in den letzten zwei Millionen rJ (BRANDT 2020).

Die Auswirkungen des Toba-Vulkanausbruchs hat BRANDT (2020) anhand der relevanten Fachliteratur diskutiert. Die Eruption hatte archäologisch nachweislich keinen größeren Einfluss auf die Siedlungsgeschichte und das Leben der Menschen. Dieser Befund widerlegt den postulierten Weltbevölkerungszusammenbruch. Der Toba-Ausbruch hatte auch keine großräumige längerfristige Auswirkung auf Klima, Vegetation und Tierwelt.

BRANDT (2020) geht auch auf die Frage ein, wie realistisch Zusammenbrüche der Weltbevölkerung, die in der Regel mit einer Klima-abkühlung begründet werden, überhaupt sind.

Archäologisch gibt es keine Hinweise auf Zusammenbrüche der Weltbevölkerung in der Menschheitsgeschichte.

Weltweite Siedlungslücken, die auf einen globalen drastischen Bevölkerungsrückgang und eine anschließende Wiederbesiedlung der Erde hinweisen, sind archäologisch bisher nicht bekannt. Dies widerspricht jedem postulierten drastischen Einbruch der Weltbevölkerung. Gegen Zusammenbrüche der Weltbevölkerung sprechen generell aber auch die Lebensumstände der Frühmenschen. Sie hatten im Vergleich mit den später lebenden Menschen, bei denen bisher noch nie ein Zusammenbruch der Weltbevölkerung postuliert wurde, deutlich bessere Lebensbedingungen (BRANDT 2020). Die Ernährung der Frühmenschen basierte zu einem nicht unerheblichen Teil auf Großwild, und die Besiedlungsdichte war sehr gering. Unter diesen Umständen dürften Klimaabkühlungen für den sehr anpassungsfähigen Frühmenschen (BRANDT 2020, 2023) kein existenzbedrohendes Problem gewesen sein.

Klimaabkühlungen waren keine bedrohliche Herausforderung für den in relativ guten Umständen lebenden Frühmenschen.

Effektive Populationsgröße und tatsächliche Bevölkerungszahl

HU et al. (2023, 983) sehen in der sehr geringen Zahl sich fortpflanzender Individuen (effektive Populationsgröße) über viele Jahrzehntausende während des Engpasses ein Problem: „Viele Fragen bleiben unbeantwortet, wie zum Beispiel, ... wie die frühere Bevölkerung so lange so klein bleiben konnte“ (übersetzt). Die Autoren schließen, dass die Menschheit während des Engpasses vom Aussterben bedroht war.

Bei Verwendung der effektiven Populationsgröße im Rahmen demografischer Überlegungen, wie HU et al. (2023) und andere Genetiker es tun, stellt sich die Frage nach dem Verhältnis von *effektiver* Populationsgröße zur *tatsächlichen* Bevölkerungszahl. BRANDT (2020) ist anhand der Fachliteratur darauf näher eingegangen.

Es ist wichtig festzustellen, dass die effektive Populationsgröße ein genetischer Vergleichswert und nicht die tatsächliche Individuenzahl einer Bevölkerung ist. Sie ist ein Maß für die genetische Vielfalt einer Population. Da die effektive Populationsgröße aber wie die tatsächliche Populationsgröße in Personenanzahl angegeben wird, werden beide manchmal verwechselt. In der Fachliteratur werden auch Schlüsse von der effektiven Populationsgröße auf die Gesamtpopulationsgröße gezogen. Die dabei verwendeten Faktoren sind jedoch sehr unsicher, weil es *keinen* einfachen Zusammenhang zwischen der Gesamtpopulationsgröße und der effektiven Populationsgröße gibt. Ursache dafür ist die Tatsache, dass die effektive Populationsgröße nicht nur von der Gesamtpopulationsgröße, sondern auch von einer Vielzahl weiterer Faktoren (z. B. Aufspaltung der Gesamtpopulation in einzelne Gruppen, lokale Aussterbeereignisse) bestimmt wird, die weitgehend nicht quantifizierbar sind.

Die effektive Populationsgröße ist immer deutlich kleiner als die tatsächliche Populationsgröße. Ein besonders beeindruckendes Beispiel ist die heutige Menschheit, deren effektive Populationsgröße nach CHARLESWORTH (2009) mit nur 10.400 Individuen angegeben wird.

Es sind zwar nicht genetische Studien heute lebender Menschen, die Hinweise auf eine Bedrohung der frühen Menschheit durch Aussterben geben, jedoch vermitteln demografische und archäologische Befunde solche Hinweise, und zwar nicht nur in bestimmten Pha-

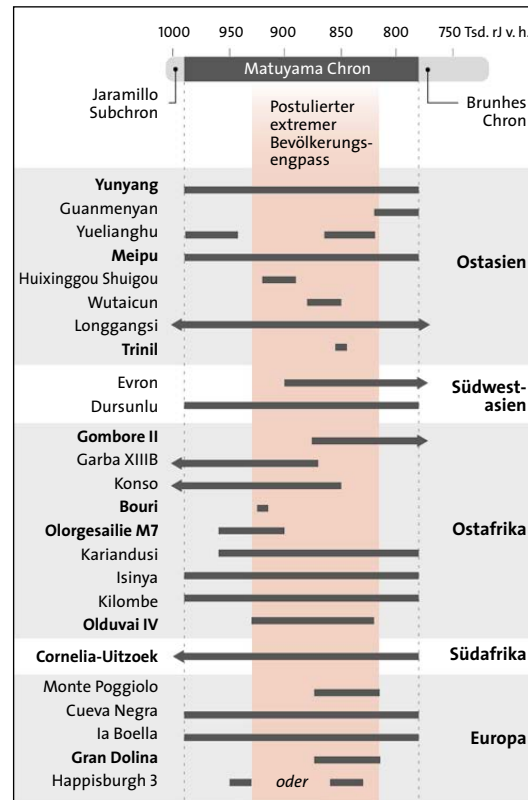


Abb. 2 Archäologische Funde in der Zeit des postulierten extremen Bevölkerungsentpasses vor 930.000 bis 813.000 rJ v. h. in Afrika, Europa und Asien. Die Hinterlassenschaften des Menschen sprechen gegen einen Bevölkerungsentpass. Die Balken stellen die Zeitdauer der menschlichen Besiedlung dar, die Pfeile an den Balken weisen auf eine Besiedlung über den Zeitraum des vermuteten Engpasses hinaus hin. Fundplätze mit fossilen menschlichen Knochen sind fett gedruckt. (Johannes Weiss nach ASHTON & STRINGER 2023)

sen, sondern nahezu während ihrer gesamten 2 Millionen rJ dauernden Geschichte – unter Voraussetzung des Langzeitrahmens. Das Überleben der Menschheit und Daten der menschlichen Frühgeschichte stellen diesen zeitlichen Rahmen in Frage. Darauf wird im Folgenden eingegangen.

Drastische Reduktion des konventionellen Langzeitrahmens erforderlich

BRANDT (2020) diskutiert ausführlich das im konventionellen Langzeitrahmen gravierende Problem einer sehr kleinen Weltbevölkerung ohne nennenswertes Wachstum während nahezu der gesamten 2 Millionen rJ dauernden Menschheitsgeschichte. Dabei geht BRANDT (2020) auch auf das damit einhergehende Problem der nahezu gleichbleibenden sehr geringen Siedlungsdichte während dieser extrem langen Zeit ein. Eine konstant geringe Bevölkerung, die in weit verstreuten Kleingruppen lebte, könnte kaum über *viele* Jahrhunderttausende auf unserer Erde existiert haben, weil sie aufgrund zufälliger populationsdynamischer *Fluktuationen* mit sehr großer Wahrscheinlichkeit ausgestorben wäre.

Im konventionellen Langzeitrahmen treten schwerwiegende demografische und archäologische Probleme auf.

Eine Hauptursache für solche Schwankungen ist das zweitweise auftretende starke Ungleichgewicht der Geschlechter. Einem Aussterben hätte der Mensch nur durch eine extreme Vernetzung über sehr große Entfernungen begegnen können, was aber aufgrund der verfügbaren empirischen Datenlage sehr unrealistisch ist.

BRANDT (2020) diskutiert weiterhin die im konventionellen Langzeitrahmen *viel zu geringen* Mengen an steinernen Hinterlassenschaften der Menschen.

Nur eine drastische Verkürzung der Menschheitsgeschichte löst nach BRANDT (2020) die im konventionellen Langzeitrahmen auftretenden zahlreichen demografischen und archäologischen Probleme. Statt der konventionell zwei Millionen Jahre ist die Menschheit wahrscheinlich nur einige Tausend Jahre alt.

Anmerkungen

- ¹ HU et al. (2023) nehmen den ostasiatischen *Homo erectus* von dem drastischen Bevölkerungsgengpass aus, weil er ihrer Meinung nach zu der Linie, die zum

modernen Menschen führt, genetisch nichts beigetragen hat. Diese Einschätzung verwundert angesichts der Tatsache, dass die Autoren eine Klimaabkühlung weltweit als Ursache des Bevölkerungsgengpasses annehmen. Von dieser Klimaänderung wäre nämlich auch der *Homo erectus* in Ostasien betroffen gewesen.

² Bezeichnung für die Methode, Prozedur oder das Messverfahren, das allgemein als die treffsicherste verfügbare Methode zur Diagnose oder die beste Methode zur Therapie akzeptiert ist, und mit der neue Entwicklungen verglichen werden sollten.

Literatur

- ASHTON N & C STRINGER (2023) Did our ancestors nearly die out? *Science* 381, 947–948.
- BRANDT M (2020) Wie alt ist die Menschheit? Demografie und Steinwerkzeuge mit überraschenden Befunden. 6. erw. Aufl., Holzgerlingen.
- BRANDT M (2023) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. Studium Integrale Special, 2. erw. Aufl., Holzgerlingen.
- CHARLESWORTH B (2009) Fundamental concepts in genetics: effective population size and patterns of molecular evolution and variation. *Nat. Rev. Genet.* 10, 195–205.
- HU W, HAO Z et al. (2023) Genomic interference of a severe human bottleneck during the Early to Middle Pleistocene transition. *Science* 381, 979–984.
- MAREAN CW (2010) Als die Menschen fast ausstarben. *Spektrum der Wissenschaft* 12, 58–65.

Neue micro-RNA-Gene bei Menschen widerlegen lang gehegte evolutionäre Überzeugung

Eine insbesondere seit Darwin verbreitete Ansicht lautet: „Die Natur macht keine Sprünge.“ Mit Hilfe neuartiger hochempfindlicher Genomforschungsinstrumente scheint diese Ansicht als falsch erwiesen worden zu sein, denn die Genome aller Organismen enthalten eine beträchtliche Anzahl sogenannter Waisengene (engl. *orphan genes*). Jede untersuchte Gattung hat 10–30 % solcher *de-novo*-Gene, also Gene, für die keine Evolutionsgeschichte ermittelt werden konnte. Bei diesen Genen kann es sich um proteincodierende Gene, nicht-codierende RNA-Gene und micro-RNA-Gene handeln. Nach einer neuen Studie können micro-RNA-Gene durch ein einziges genetisches Ereignis, das so genannte *Template Switching*, entstehen.

Peter Borger

Micro-RNA

Das erste micro-RNA-Gen wurde 1993 völlig unerwartet im Genom des Spulwurms (*Caenorhabditis elegans*) entdeckt. Anfangs hielt man dies für einen Einzelfall, also etwas, das nirgendwo sonst in der Natur vorkommt. Als die Biologen aber anfangen, gezielt nach micro-RNA-Genen zu suchen, wurden sie in allen Tier- und Pflanzengruppen fündig, bei Schwämmen, Rä-

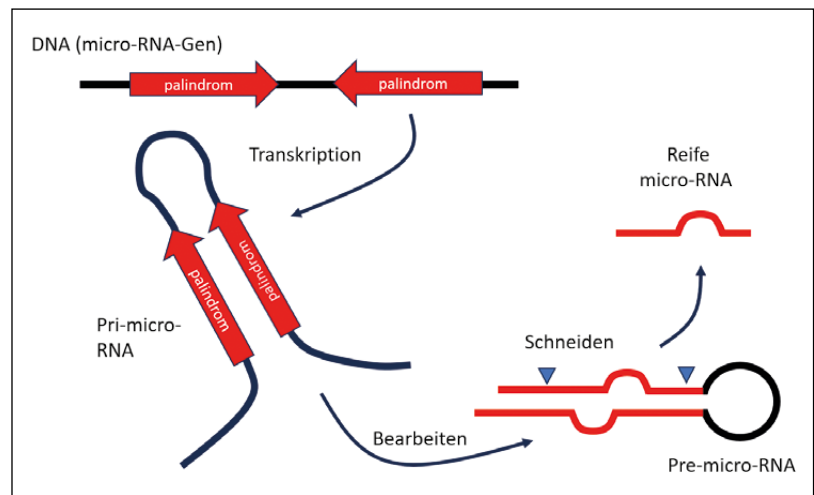
dertierchen, Pflanzen, Insekten und Säugern (FROMM et al. 2015). Micro-RNA-Gene werden nicht in Proteine umgeschrieben. Stattdessen codieren sie für kurze RNA-Moleküle, die regulatorische Funktionen erfüllen. Bei micro-RNA handelt es sich um kleine RNA-Moleküle, die üblicherweise nur aus 22 Nukleotiden (RNA-Bausteine) bestehen und die messenger-RNA (mRNA) von proteincodierenden Genen erkennen und an diese binden. Auf die-

se Weise blockieren sie entweder die Übersetzung der mRNA in Proteine oder markieren die mRNA für die Abbaumaschinerie, damit von dem entsprechenden Protein weniger produziert werden kann. In beiden Fällen kommt es zu einer verminderten Produktion des betreffenden Proteins. In der Regel erkennt jede einzelne micro-RNA Hunderte von verschiedenen mRNAs, wodurch die Aktivität von umfangreichen genetischen Programmen gesteuert werden kann. Der Protein-Output von etwa 60 Prozent aller menschlichen Gene wird durch micro-RNAs gesteuert. Micro-RNAs werden auf verschiedene Weise produziert, aber in der Regel werden sie von bestimmten Genen codiert (O'BRIEN et al. 2018).

Ein micro-RNA-Gen hat eine leicht erkennbare Struktur, da innerhalb der entsprechenden DNA-Sequenz ein *Palindrom* vorhanden ist. Ein Palindrom (wie das Wort „Lagerregal“; das Wort kann vorwärts und rückwärts gelesen werden) besteht aus zwei eng beieinander liegenden, benachbarten invertierten Wiederholungen, die intern miteinander durch Basenpaarung eine *Haarnadel-Struktur* (oder Stammschleife) bilden (Abb. 1). Palindrome in der DNA sind keine Seltenheit und haben oft wichtige biologische Funktionen, da die Schleifen, die sie in DNA-Sequenzen verursachen, oft als Andockstellen für regulatorische Proteine dienen. Gene, die für micro-RNA-Moleküle codieren, sind genauso Bestandteile des menschlichen Genoms wie Gene, die für Proteine codieren. Zellen stellen micro-RNA in einem Prozess her, der den ersten Schritten der Proteinsynthese ähnelt. Das micro-RNA-Gen wird aktiviert, indem der DNA-Strang von einer Transkriptase (Enzym) geöffnet wird. Anschließend wird das Gen in RNA umgeschrieben (Transkription).

Es ist immer noch unklar, wie viele micro-RNA-Gene im menschlichen Genom vorhanden sind. Verschiedene Datenbanken geben eine unterschiedliche Anzahl von micro-RNA-Genen an, bis hin zu mehreren Tausend. Jüngste Analysen mit modernsten Techniken bestätigen 567 micro-RNA-Gene im menschlichen Genom, von denen 94 nur beim Menschen vorkommen (<https://mirgenedb.org/browse/hsa>, am 25.01.2024). Bei Letzteren handelt es sich also um sogenannte *Orphan-Gene* (Waisengene), d. h. Gene, die nur bei einer bestimmten Art vorkommen und bei denen es keine Hinweise gibt, wie sie im Sinne einer evolutionären Entwicklungsgeschichte interpretiert werden könnten. Dies ist für Evolutionstheoretiker *sehr*

Beim Menschen gibt es 94 einzigartige micro-RNA-Gene „ohne Evolutionsgeschichte“.



problematisch, denn woher kommen neue Gene, die keine evolutionäre Geschichte haben? In einem kürzlich in der US-amerikanischen Wissenschaftszeitschrift *PNAS* erschienenen Artikel wird postuliert, dass sie in einem Mutationsprozess namens „Template Switching“ gebildet werden können, der gelegentlich während der DNA-Replikation auftritt (MÖNTTINEN et al. 2023).

Was ist „Template Switching“?

Template Switching (TS; deutsch: Vorlagenwechsel) wird häufig zur Erklärung der Bildung komplexer neuer Haarnadelstrukturen in Genomen herangezogen (MÖNTTINEN et al. 2022). Um zu verstehen, was mit TS gemeint ist, kann man sich die doppelsträngige DNA wie eine zweisepurige Straße vorstellen, die in beide Richtungen befahren werden kann – aber immer und nur auf der rechten Seite befahren werden darf, wie es die StVO fordert. Bei der Replikation* der DNA fährt die DNA-Polymerase auch immer nur in eine Richtung, nämlich von 5' nach 3' (notiert als 5'→3')*. Diese Fahrtrichtung des DNA-Kopiervorgangs wird durch die biochemischen Eigenschaften der DNA-Polymerase sowie der DNA festgelegt. Stellen Sie sich nun vor, die DNA-Polymerase rutscht aus, vollzieht eine 180-Grad-Wendung, wechselt auf die Gegenseite und setzt dort die Transkription in entgegengesetzter Richtung fort, als wäre nichts geschehen. Dies ist Template Switching – ein hypothetisches Modell zur Erklärung der Existenz von (Stammschleifen in) micro-RNA-Genen. Es sei darauf hingewiesen, dass die Erzeugung eines ganzen micro-RNA-Gens, wie es im Genom vorgefunden wird (Abb. 2), zwei TS-Runden unmittelbar nacheinander erfordert, d. h. zwei Ausrutscher, also zwei Mal Spurwechsel. Die Forscher berichten in *PNAS*, dass TS bei der DNA-Replikation eine perfekte Basenpaarung für eine Stamm-

Abb. 1 Micro-RNA-Gene befinden sich in der DNA. Sie werden in pri-micro-RNAs umgeschrieben, die enzymatisch zu pre-micro-RNAs verarbeitet werden. Diese wiederum werden enzymatisch zu reifen micro-RNAs von etwa 22 Nukleotiden verarbeitet. Reife micro-RNAs kontrollieren die Expression ganzer biologischer Netzwerke, da sie bis zu mehreren hundert Messenger-RNAs binden und deren Abbau bewirken können.

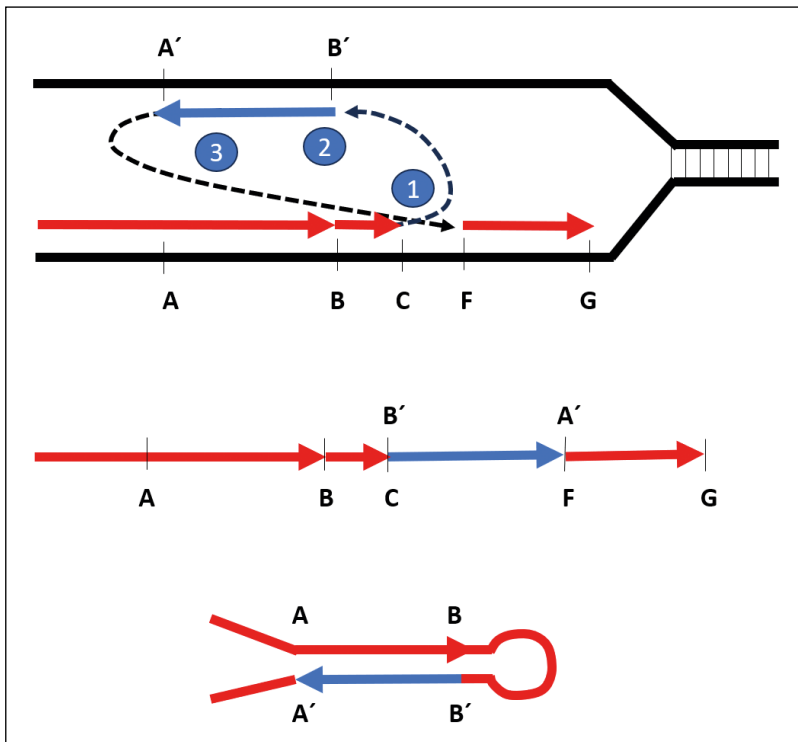


Abb. 2 Während des Prozesses der DNA-Replikation treten an der Replikationsgabel manchmal Fehler auf, die als *Template Switching* bezeichnet werden. Dabei handelt es sich um Fehler, bei denen die DNA-Polymerase zweimal die Richtung wechselt. Dies führt zu Palindromen. Evolutionsbiologen erhoffen sich durch diesen Prozess eine Erklärung für micro-RNA-Gene. **Oben:** 1 DNA-Polymerase rutscht in die falsche Spur. 2 DNA-Polymerase fügt B'→A' hinzu. 3 DNA-Polymerase rutscht zurück in die richtige Spur und fährt in der richtigen Richtung fort. **Mitte:** Das Ergebnis des Ausrutschens ist ein Palindrom (blauer Pfeil). **Unten:** In RNA transkribierte Palindrome können Haarnadel-Strukturen ergeben.

struktur mit einem einzigen Mutationsereignis bilden kann und an der Entstehung von fast 20 für Menschen spezifischen micro-RNA-Genen beteiligt gewesen sein soll – das sind etwa ein Viertel aller neuen humanspezifischen micro-RNA-Gene (MÖNTTINEN et al. 2023). In Abb. 2 wird der ganze Prozess dargestellt.

Statt einer Handvoll Unterschiede zwischen Menschen und Schimpansen sehen sich Genomforscher mit einer beträchtlichen Informationslücke konfrontiert. Ist es plausibel, dass zufällige Mutationen im Zusammenspiel mit Selektion die 94 genetischen Unikate menschlicher micro-RNA-Gene hervorgebracht haben? Ein großes Problem dabei ist, dass neue micro-RNAs mit anderen ähnlichen Sequenzen interferieren (wechselwirken) können. Die in Tumorzellen beobachtbare abnorme micro-RNA-Expression wird häufig auf Veränderungen der genomischen micro-RNA-Kopienzahl und ihre Position im Genom (Amplifikation*, Deletion* oder Translokation*) zurückgeführt (PENG & CROCE 2016). Um neue micro-RNAs erfolgreich einzugliedern, bedarf es einer Reihe aufeinander abgestimmter Mutationen sowie dazu passender Mutationen an genau den richtigen Stellen der mRNAs, die sie nun regulieren sollen. Auch wenn das Rohmaterial für ein neues micro-RNA-Gen von einem einzigen zufälligen TS stammen sollte (Abb. 2),

Die Eingliederung neuer micro-RNAs in die bestehenden regulatorischen Netzwerke ist absolut unwahrscheinlich.

ist es sehr unwahrscheinlich, dass es sofort und ohne Störung in die bestehenden regulatorischen Netzwerke integriert werden kann. Die für die Neuintegration im Genom erforderlichen Änderungen hätten unmittelbar nacheinander auftreten und sich zügig in der gesamten menschlichen Population fixieren müssen. Ein absolut unwahrscheinliches Szenario.

Ein Wandel im evolutionären Denken: Saltationismus statt Darwinismus?

Die Feststellung, dass es 94 humanspezifische micro-RNA-Gene gibt, ist von großer Bedeutung, denn jede micro-RNA bindet und reguliert *Netzwerke* von Dutzenden oder Hunderten von mRNAs (LEWIS et al. 2005). Die Evolutionstheoretiker bieten als Erklärung an, dass ein einziges Mutationsereignis eine neuartige micro-RNA erzeugt haben könnte, sodass diese mit einer Vielzahl von mRNAs interagiert und sofort in ein biologisches Netzwerk integrierbar ist. Wie aber soll das durch einen einzigen zufälligen Mutationsprozess erfolgen? Jede der 94 neuen micro-RNAs muss je nach Zelltyp korrekt eingestellt sein. Sie muss ein- und ausgeschaltet werden können, wenn dies erforderlich ist. Eine Vielzahl von Veränderungen hätte im Laufe von höchstens fünf bis sieben Millionen Jahren in der menschlichen Abstammungslinie selektiert und fixiert worden sein müssen. Dies wäre eine gewaltige sprunghafte Veränderung und sie muss zusätzlich zu all den anderen Unterschieden zwischen Schimpansen und Menschen durch die Evolutionstheorie erklärt werden. Wissenschaftliche Hypothesen müssen vernünftig und frei von unerklärten gewaltigen Sprüngen sein. Der Vorschlag, dass micro-RNA-Gene das Ergebnis eines einzigen Mutationsereignisses sind, bedeutet, dass der klassische Darwinismus mit seinen unmerklich kleinen Schritten der Veränderung bei diesem Phänomen versagt. Erklärt man die beobachtete beträchtliche Diskontinuität in den micro-RNA-Genen durch einzelne, sehr unwahrscheinliche genetische Mutationen, entspräche das dem *Saltationismus* (sprunghafte Evolution), den Darwin und seine Nachfolger ja entschieden ablehnten.

In der Biologie bezeichnet Saltationismus (von lat. *saltus* = „Sprung“) eine plötzliche und große Änderung von einer Generation zur nächsten, die möglicherweise zu einer ein-

stufigen Artbildung führt. Im Saltationismus – einer Alternative zu Darwins Gradualismus – wird angenommen, dass größere genetische Veränderungen, chromosomale Aberrationen oder Umstrukturierungen zu einer reproduktiven Isolation von Individuen führen und damit rasch neue Arten hervorbringen können. Ursprünglich wurde die abrupte Speziation (Artbildung) von der neodarwinistischen Schule der „modernen Synthese“ der Evolutionstheorie abgelehnt, da große Änderungen mit einem funktionalen Ergebnis weder theoretisch zu erwarten sind noch experimentell nachweisbar waren. Saltationismus gewinnt aber aufgrund neuerer Erkenntnisse der Evolutionsbiologie wieder an Popularität (THEISSEN 2009).

Das plötzliche Auftreten von micro-RNA-Genen beim Menschen, die bei Menschenaffen nicht vorkommen, kann evolutionstheoretisch nur als Saltation interpretiert werden. Zudem schreiben die Autoren in PNAS, dass „Template-Switching ein relativ häufiger Mechanismus sei, der Rohmaterial für die Evolution liefert und eine nahezu sofortige Neuverdrahtung der genetischen Information und eine schnelle Anpassung an sich verändernde Umgebungen ermöglicht.“

Aus der Sicht dieser Evolutionsbiologen muss die Entstehung neuer micro-RNA-Gene einfach sein, weil es – so ihre Begründung – viele neue micro-RNA-Gene in unserem Genom gibt. Neue Gene direkt durch Template-Switching zu erhalten, wäre demnach also auch kein anspruchsvoller Vorgang! Doch dies ist ein lupenreiner Zirkelschluss. Ob ein Vorgang einfach ist, entscheidet sich daran, wie er funktioniert, nicht daran, ob er oft vorgekommen sein soll. Dass die Entstehung neuer micro-RNA-Gene nicht einfach ist, wird deutlich, wenn man sich ein voll funktionsfähiges, mehrstöckiges Gebäude vorstellt, in dem alle Leitungen, Strom-, Wasser- und Abwasserleitungen, Zu- und Abluftkanäle usw. integriert sind. Nun muss der Bauunternehmer ein Geschoss zwischen den anderen vorhandenen Etagen so einbauen, dass alles ordnungsgemäß in Betrieb bleibt. Genau so muss man die vollständig in das menschliche Genom integrierten neuen micro-RNAs verstehen. Dass dies in unserem Genom ständig geschieht, stellt eine lang gehegte darwinistische Überzeugung auf den Kopf: *Natura non facit saltus*. (Die Natur macht keine Sprünge.) In seinem sehr populären Artikel „Evolution and Tinkering“ erläuterte der Genetiker François Jacob die akzeptierte (neodarwinistische) Sichtweise, warum die Natur keine Sprünge macht:

„(N)achdem das Leben in Form eines primitiven, sich selbst reproduzierenden Organismus begonnen hatte, musste die weitere Evolu-

Glossar

5'→3': In einer Nukleinsäure (DNA oder RNA) ist die Hydroxylgruppe am 3. Kohlenstoffatom (= 3') einer Nukleobase mit der Phosphatgruppe der nächsten Base verbunden. Daher wird die Orientierung eines Nukleinsäurestrangs mit 5' und 3' bezeichnet. Die DNA-Polymerasen bewegen sich immer von 5' zu 3', kurz 5'→3'.

Amplifikation: Gewinn von Nukleotiden durch Vervielfältigung einer bestehenden Gensequenz (DNA)

Deletion: Verlust von Nukleotiden in der DNA.

Replikation: die identische Verdopplung des Erbguts (DNA)

RNA: Ribonukleinsäure, eine Nukleinsäure, die in allen lebenden Zellen vorkommt. Ihre Hauptaufgabe besteht darin, als Bote zu fungieren, der die Anweisungen der DNA zur Steuerung der Proteinsynthese weiterleitet. In einigen Viren trägt eher die RNA als die DNA die genetische Information. Zunehmend wird festgestellt, dass nicht-codierende RNA, wie z. B. die micro-RNA, wichtige regulatorische Funktionen in Zellen hat.

Translokation: eine Veränderung der Position einer DNA-Sequenz (Gen oder anderes genetisches Element) im Genom

tion durch Veränderungen bereits bestehender Verbindungen erfolgen. [...] In Organismen, die so komplex und vernetzt sind wie die, die schon vor langer Zeit lebten, konnte die Schaffung völlig neuer Nukleotidsequenzen für die Produktion neuer Informationen nicht von Bedeutung sein. [S. 1164].“ (GAUGER 2018)

Mit anderen Worten: Neue Gene müssen aus bereits existierenden Genen entstehen, weil die Wahrscheinlichkeit der Alternative (Neuentstehung) so gering ist, dass sie ausgeschlossen werden kann. Deshalb ist die Entdeckung von Waisengenen, insbesondere die der micro-RNA-Gene, so problematisch. Und mit gerade einmal 20 micro-RNA-Genen, die mit einem Saltationsvorgang „erklärt“ werden sollten, bleiben die meisten von ihnen (aktuell 74) immer noch Waisen, die einer Erklärung durch Evolution entgegenstehen.

Literatur

- FROMM B et al. (2015) A uniform system for the annotation of human microRNA genes and the evolution of the human microRNAome. *Annu. Rev. Genet.* 23, 213–242.
- GAUGER A (2018) About Orphan Genes – What's the Big Problem for Evolution?, <https://evolutionnews.org/2018/11/about-orphan-genes-whats-the-big-problem-for-evolution/>, vom 11.06.2018.
- LEWIS BP et al. (2005) Conserved seed pairing, often flanked by adenosines, indicates that thousands of human genes are MicroRNA target, *Cell* 120, 15–20.
- MÖNTTINEN HAM et al. (2022) Template switching in DNA replication can create and maintain RNA hairpins. *PNAS* 119 (4), e2107005119.
- MÖNTTINEN HAM et al. (2023) Generation of de novo miRNAs from template switching during DNA replication. *PNA* 120 (49), e2310752120.
- O'BRIEN J et al. (2018) Overview of MicroRNA Biogenesis, Mechanisms of Actions, and Circulation. *Front. Endocrinol.* 9, <https://doi.org/10.3389/fendo.2018.00402>.
- PENG Y & CROCE C (2016) The role of MicroRNAs in human cancer. *Sig. Transduct. Target. Ther.* 1, 15004, <https://doi.org/10.1038/sigtrans.2015.4>.
- THEISSEN G (2009) Saltational evolution: hopeful monsters are here to stay. *Theory Biosci.* 128, 43–51.

Streiflichter

■ **Waldsänger: ein bunter und artenreicher Vogel-Grundtyp?**

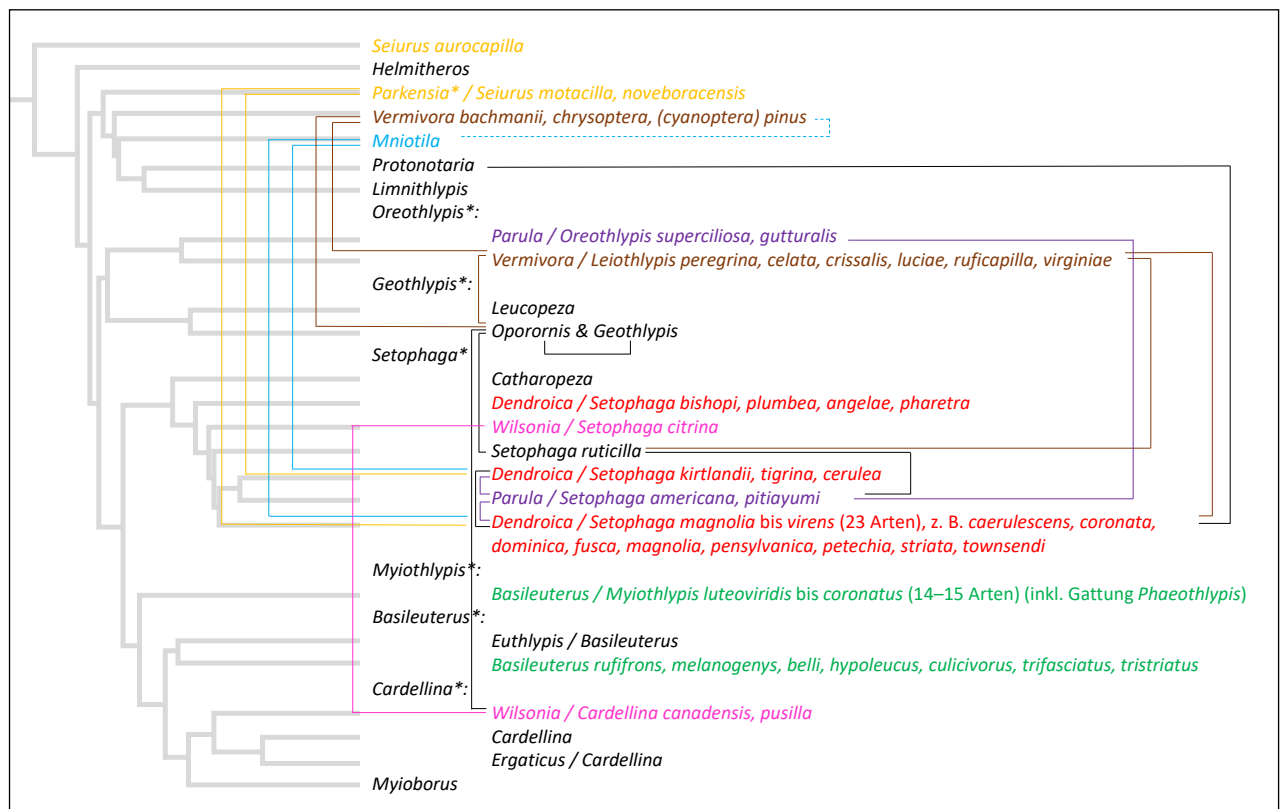
Waldsänger (Parulidae) bilden eine Vogelfamilie innerhalb der artenreichen Ordnung der Sperlingsvögel (Passeriformes). Es sind zierliche, oft auffallend bunt gefärbte Singvögel von ca. 10 bis 15 cm Länge. Sie ernähren sich von Insekten und zusätzlich von Früchten und Pflanzenteilen, die sie mit ihrem typischen schlanken und spitzen Schnabel aufpicken. Diese Vögel kommen nur in der Neuen Welt vor (daher der englische Name „New World warblers“). Dort halten sie sich v. a. in Baumkronen auf und singen ausdauernd mit hoher Stimme – aber nicht so abwechslungsreich, wie man aufgrund ihres Namens vermuten könnte.

Waldsänger bestehen aus 18 Gattungen und 120 Arten sowie 238 Unterarten (Eigene Auswertung von <https://www.worldbirdnames.org/bow/warblers/> vom 13.09.2023). Es gibt sehr viele Hybriden (Mischlinge) innerhalb der Waldsänger – vor allem auf Art-Ebene (vgl.



Abb. 1 Die farbenfrohe Vielfalt des Waldsänger-Grundtyps: Beispiele verschiedener Gattungen. Lediglich bei den mit „?“ markierten Vögeln ist die Grundtypzugehörigkeit noch nicht gesichert: Haldenwaldsänger (*Helmitheros vermivorum*, oben rechts) und Pieperwaldsänger (*Seiurus aurocapilla*, unten rechts). (Wikimedia: Gemeinfrei: Francisco Enríquez; CC BY 2.0: Seabamirum on Flickr, Greg7 on Flickr; Frode Jacobsen on Flickr (upload by berichard); Bettina Arrigoni; CC BY-SA 2.0: dominic sherony; Mike's Birds (upload by berichard); CC BY 3.0: <http://www.birdphotos.com>; CC BY-SA 3.0: Wolfgang Wander, pbase.com; CC BY-SA 4.0: Charles J. Sharp; Rhododendrites)

Abb. 2 Molekulargenetische Analyse (5847 mitochondriale und 4602 Kern-Nukleotide) nach LOVETTE et al. (2010, Fig. 5; vereinfacht) mit 110 Waldsänger-Arten. Die phylogenetischen Verhältnisse sind (vereinfacht) in hellgrau mit dicken Linien angezeigt (ebd.). Die dünnen Linien stellen die Hybriden nach MCCARTHY (2006, 309–316) dar, die Gattungen oder wenigstens Claden in dieser Analyse überschreiten. Arten derselben Gattungen wurden in derselben Farbe dargestellt – und wo für die Übersichtlichkeit hilfreich – auch deren Hybrid-Verbindungen. Sternchen* zeigen von LOVETTE et al. (2010) neu definierte Gattungen an, die klassische Gattungen aufteilen oder zusammenführen. (Eigene Darstellung)



MCCARTHY 2006, 309–316; <https://avianhybrids.wordpress.com/parulidae/> vom 29.11.2023). Aber es gibt auch eine Reihe gattungsübergreifender Hybriden, die für die Grundtypenbiologie von besonderer Bedeutung sind. Gemäß der *Grundtypenbiologie* werden Grundtypen als heutige Entsprechungen ursprünglich geschaffener Arten vor allem über gemeinsame Nachkommen (Hybriden bei verschiedenen Arten) definiert. Aber auch Merkmale aus Ethologie, Morphologie, Embryologie und Genetik werden berücksichtigt.

Für eine eigene Analyse wurden relevante Hybriden nach MCCARTHY (2006, 309–316) zusammengetragen. Diese wurden anschließend über eine molekulargenetische phylogenetische Analyse der Waldsänger von LOVETTE et al. (2010, Fig. 5) gelegt (s. Abb. 2).

Es ergibt sich aus Abb. 2, dass folgende klassische Gattungen (in Klammern mit Artenzahl nach *worldbirdnames.org*) direkt bzw. indirekt durch Kreuzungen miteinander verbunden sind (selbst wenn dies nicht alle Arten direkt betrifft und selbst wenn LOVETTE et al. [2010] die Gattungen z.T. anders einteilen): *Parkesia* (2), *Vermivora* (3), *Mniotilta* (1), *Protonotaria* (1), *Oreothlypis* (2), *Leiostyris* (6), *Oporornis* (1), *Geothlypis* (15), *Setophaga* (37) und *Cardellina* (5). Damit kann man wohl mindestens 73 Arten als zugehörig zum selben Grundtyp einordnen. Allerdings liegen auch andere Gattungen mit insgesamt 45 Arten innerhalb der Claden (Abstammungsgemeinschaften), die durch Hybriden aufgrund ihrer genetischen Verwandtschaft miteinander verbunden sind: Dazu gehören monotypische Gattungen (mit je nur einer Art) wie *Limnithlypis* (1), *Leucopeza* (1), *Catharopiza* (1), aber auch artenreiche Gattungen wie *Myiothlypis* (18), *Basileuterus* (12) und *Myioborus* (12). Somit können mit ziemlicher Sicherheit 118 Arten der Waldsänger demselben Grundtyp zugeordnet werden. Lediglich die beiden Arten *Seiurus aurocapilla* und *Helmitheros vermivorum* zweigen vor den Verbindungen durch Hybriden ab (vgl. auch BLOCH et al. 2015, Fig.

1; BARKER et al. 2015, Fig. 1). Diesbezüglich besteht noch Forschungsbedarf zur Grundtypenzugehörigkeit.

Das Ergebnis zeigt, dass Waldsänger zu den als besonders artenreichen Minimalen Grundtypen unter den Vögeln mit z.T. weit über hundert verschiedenen Arten gehören wie auch die Entenvögel, Fasanartigen, Prachtfinken, Habichtartigen (vgl. SCHERER 1993, 131, 133, 159, 170, 185ff., 197ff.) und Papageien (LANDGREN et al. 2011).

[BARKER FK et al. (2015) New insights into New World biogeography: An integrated view from the phylogeny of blackbirds, cardinals, sparrows, tanagers, warblers, and allies. *The Auk* 132, 333–348 • BLOCH NI et al. (2015) SWS2 visual pigment evolution as a test of historically contingent patterns of plumage color evolution in Warblers. *Evolution* 69, 341–356 • LANDGREN L, GUSTAFSSON L & KUTZELNIGG H (2011) Grundtypstudien an Papageien. *Stud. Integr. J.* 18, 4–16 • LOVETTE IJ et al. (2010) A comprehensive multilocus phylogeny for the wood-warblers and a revised classification of the Parulidae (Aves). *Mol. Phylog. Evol.* 57, 753–770 • MCCARTHY EM (2006) *Handbook of Avian Hybrids of the World*. Oxford University Press, New York • SCHERER S (Hg., 1993) *Typen des Lebens*. Pascal-Verlag, Berlin] B. Scholl

■ Umfassende Konvergenzen bei Delfinen

Im Kurzbeitrag „Delfine – ein sportlicher Grundtyp“ auf S. 39 in dieser Ausgabe wurden Delfine (Delphinidae) und Flussdelfine aus Grundtyp-Perspektive betrachtet. Sie sind aber auch in einer anderen Hinsicht für die Ursprungsforschung interessant, da sie einige Merkmale besitzen, die mehrfach unabhängig

evolviert sein sollen – also *Konvergenzen* sind. Ein allgemein bekanntes Beispiel für Konvergenzen stellt der stromlinienförmige Körper der schnellen Meeresräuber dar – wie Delfine, Flussdelfine, Haie, Thunfische, Schwertfische, Pinguine und verschiedene Formen ausgestorbener Meeressäurier. Im Folgenden werden vier verschiedene Konvergenzen bei Delfinen im weiteren Sinne zusammengetragen, die weit über die Ähnlichkeiten der Körperform hinausgehen.

Delfine wie auch die verschiedenen Gruppen von Flussdelfinen zeigen eine Reihe von morphologischen (körperbaulichen) Konvergenzen. So ähnelt der Schädel von Delfinen wie dem Großen Schwertwal dem robusten Schädel des Stumpfkrokodils erstaunlich stark (MCCURRY et al. 2017, Fig. 1). Noch gravierender ist aber die *Konvergenz der langen Schnauzen* von Gavialen (z. B. dem Gangesgavial) und dem Flussdelfin La-Plata-Delfin (ebd.).

Alle Zahnwale nutzen Echoortung; man vermutet dies auch für die frühesten fossilen Formen (PARK et al. 2019, 1). *Echoortung* ist aber eine weitverbreitete Konvergenz, die bei Fledermäusen, Flughunden, Spitzmäusen, Tenreks, Nagetieren, Robben und Vögeln (Fettschwalm und 16 andere Seglerarten: mindestens 3-mal unabhängig) auftritt (PARKER et al. 2013; SCHOLL 2023, 10, 16).

Als Empfangsorgan zur Echoortung ist der Bau der *Cochlea* (Hörschnecke) besonders relevant (PARK et al. 2019). Eine morphologische

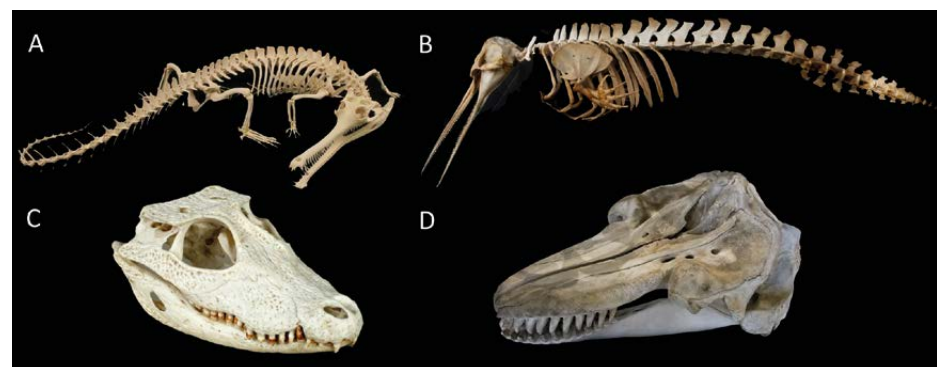


Abb. 1 Der Schädelbau von grazilen bzw. robusten Krokodilen und Zahnwalen weist konvergente Merkmale auf (die in Aufsicht und seitlicher Ansicht noch deutlicher erkennbar sind, s. PARK et al. 2019, Fig. 1). Oben: **A** Gangesgavial und **B** La-Plata-Delfin. Unten: **C** Stumpfkrokodil und **D** Schwertwal. (Nach Wikimedia: Museum of Veterinary Anatomy FMVZ USP, CC BY-SA 4.0; Sklmsta, CC0; Zachi Evenor, CC BY 2.0; The Children's Museum of Indianapolis, CC BY-SA 3.0)

Analyse ergab, dass sie bei den unterschiedlichen Gruppen von Flussdelfinen nicht konvergent gebaut ist. Es gibt aber jeweils drei „konvergente Bauregime“ der Cochlea bei Zahnwalen: 1. Pottwale (Physeteridae) und Schnabelwale (Ziphiidae; außer True-Zweizahnwal und Cuvier-Schnabelwal); 2. True-Zweizahnwal und Cuvier-Schnabelwal innerhalb der Schnabelwale sowie 3. Zwergpottwale (Kogiidae) und Weißflankenschweinswal aus der Familie der Schweinswale (PARK et al. 2019, Fig. 3).

Auch *genetisch* gibt es gewaltige Konvergenzen zwischen Delfinen und anderen Tieren, wie PARKER et al. (2013, 228; Hervorhebungen hinzugefügt) in der Fachzeitschrift *Nature* zusammengefasst haben: „Systematische Analysen der konvergenten Sequenz evolution von 805.053 Aminosäuren innerhalb von 2.326 orthologen [homologen] codierenden Gensequenzen, die bei 22 Säugetieren (einschließlich vier neu sequenzierter Fledermausgenome) verglichen wurden, ergaben Signaturen, die auf *Konvergenz an fast 200 Loci* schließen lassen. Starke und signifikante Unterstützung für *Konvergenz* zwischen *Fledermäusen* und dem *Großen Tümmler* wurde bei *zahlreichen Genen* festgestellt, die mit dem *Gehör* oder der *Taubheit* verbunden sind, was auf eine Beteiligung an der Echoortung hindeutet. *Unerwarteterweise* fanden wir [die Autoren] auch *Konvergenz* bei *vielen Genen*, die mit dem *Sehen* zusammenhängen: Das Konvergenzsignal vieler sensorischer Gene korrelierte stark mit der Stärke der natürlichen Selektion. Dieser *erste Versuch*, genomweite konvergente Sequenz evolution in unterschiedlichen Taxa zu entdecken, zeigt, dass *das Phänomen viel weiter verbreitet ist, als bisher angenommen*.“

Diese erstaunlichen Befunde von weit verbreiteten Konvergenzen entsprechen nicht den Vorhersagen Darwin'scher Evolution. Außerdem ist hinzuzufügen, dass Selektion an sich kein Evolutionsmechanismus ist, der sensorische Gene *erzeugen* könnte. Selektion (Auslese) wirkt nämlich nur an bereits bestehen-

den funktionierenden Strukturen und Genen. Aus evolutionärer Perspektive bleibt es daher offen, wieso Lebewesen, die ähnlichen Anforderungen durch die Umwelt ausgesetzt sind, ähnliche morphologische und genetische Lösungen aufweisen, während die meisten anderen Arten in ähnlicher Umwelt dies nicht haben. Ein Schöpfer ist hingegen frei, solche Merkmale entsprechend ökologischer Notwendigkeiten oder auch anderer Gesichtspunkte zuzuteilen.

[MCCURRY MR et al. (2017) The remarkable convergence of skull shape in crocodilians and toothed whales. *Proc. R. Soc. B* 284, 20162348 • PARK T et al. (2019) Convergent evolution in toothed whale cochleae. *BMC Evolutionary Biology* 19, 195 • PARKER J et al. (2013) Genome-wide signatures of convergent evolution in echolocating mammals. *Nature* 502, 228–231 • SCHOLL B (2023) Beherrschten Schimpansen etwa doch Grammatik? W+W-Onlineartikel, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/schimpansengrammatik/>] B. Scholl

■ Von der Schuppe zur Feder – nur ein kleiner Schritt?

Forschern ist es gelungen, Schuppen an Hühnerfüßen in Federn zu verwandeln. Dies gelang, indem ein Gen manipuliert wurde, das eine Signalfunktion ausübt. Ist das ein wichtiger Schritt im Verständnis, wie Vogelfedern evolutionär erstmals entstanden sind?

Die Ausbildung von Organen während der Embryonalentwicklung steht unter der Kontrolle von biochemischen Signalwegen. Daran sind in der Regel zahlreiche Enzyme und Botenstoffe beteiligt. Auf diesen Signalwegen können Signale verstärkt oder auch unterschiedliche

Signale integriert werden. Ein bedeutsamer Signalweg ist der *Sonic Hedgehog*-(Shh)-Signalweg. Durch ihn werden verschiedene Prozesse gesteuert, z. B. bei der Bildung des Neuralrohrs (embryonale Anlage des Nervensystems), der Extremitätenknospen oder auch von Strukturen der Haut wie Schuppen und Federn.

Durch Beeinflussung des Shh-Signalwegs konnten Rory L. COOPER und Michel C. MILINKOVITCH von der Universität Genf die Ausbildung von Federn auf den Füßen von Hühnern anstelle der normalerweise ausgebildeten netzförmigen Schuppen auslösen. Dies erreichten sie durch intravenöse Injektion des *Smoothed-Agonisten* (SAG) in das sich im Ei entwickelnde Hühnchen am 11. Embryonaltag. Der SAG förderte spezifisch die Shh-Signalübertragung im Hühnerembryo, was zur Ausbildung der Federn führte. Deren Ausbildung auf den Innenflächen des Fußes und der Finger (Abb. 1) war vollständig und dauerhaft; es war dazu keine anhaltende Behandlung erforderlich. Die an den „falschen“ Stellen ausgebildeten (*ektopischen*) Federn waren entwicklungsmäßig mit normalen Federn vergleichbar, die den Körper schmücken. Die Daunenfedern entwickelten sich bei erwachsenen Hühnern zu beidseitig symmetrischen Konturfedern, die nach der Mauser ersetzt werden. RNA-Sequenzierungsanalysen bestätigten, dass die Behandlung mit dem Smoothed-Agonisten die Expression (Nutzung) von wichtigen, mit dem Shh-Signalweg assoziierten Genen spezifisch fördert. Die Forscher schließen aus ihren



Abb. 1 Federn statt normalen Schuppenstrukturen an den Füßen von Hühnchen durch Manipulation des Shh-Signalwegs. (© UNIGE / Cooper & Milinkovitch; CC BY 4.0)

Ergebnissen, dass „Variationen im Shh-Signalweg wahrscheinlich zur natürlichen Vielfalt und Regionalisierung [unterschiedliche Ausprägung in verschiedenen Bereichen des Körpers] der Hautanhangsgebilde von Vögeln beitragen“ (COOPER & MILINKOVITCH 2023, 1). Offenbar nimmt der Shh-Signalweg in der Hierarchie eine hochrangige Stellung ein, in der er u. a. unterschiedliche Entwicklungen der Hautanhänge reguliert.

Die Autoren nehmen in ihren letzten beiden Sätzen Bezug auf Evolution: Die Experimente hätten die „Möglichkeit eröffnet, zu untersuchen, wie evolutionäre Veränderungen in Interaktionsnetzwerken zu ausgeprägten Übergängen zwischen den Formen der Hautanhangsgebilde geführt haben“. Ihre Studie deute auch darauf hin, „dass natürliche Variationen in der Shh-Signalübertragung wahrscheinlich ein solcher evolutionärer Treiber für die Vielfalt von Schuppen und Federmustern sind“ (COOPER & MILINKOVITCH 2023, 1+11).

Doch die Schlussfolgerungen der Autoren sind nicht durch ihre Versuche gedeckt. Es wurden einfach nur normale Federn am falschen Ort ausgebildet. Alles, was für die Ausbildung von Federn erforderlich ist, war schon da (und zwar im Erbgut jeder einzelnen Hühner-Zelle) und kann durch geringfügige Eingriffe in die Steuerungsebene der Gene abgerufen werden. So wenig „eine Schwalbe schon den Sommer macht“, macht die Verstärkung eines Signalwegs eine neue Struktur. Die erstmalige *de-novo*-Entstehung von Federn erfordert koordinierte Veränderungen in zahlreichen Genen; man denke nur an den Feinbau und die ausgeklügelten Mikrostrukturen von Federn (vgl. JUNKER 2016). Darüber hinaus ist die *Homologie* (vermeintlich abstammungsbedingte Ähnlichkeit) von Schuppen und Federn nur auf einer sehr allgemeinen Ebene nachweisbar, nämlich bis zum ersten Entwicklungsstadium der Entstehung der Placode (einer Erhebung auf der Haut). Ansonsten gibt es erhebliche Unterschiede in ihrer

Morphogenese und Proteinzusammensetzung und es fehlen beispielsweise auch fossile Belege für die Entstehung von Haaren aus Reptilschuppen (DI-POÏ & MILINKOVITCH 2016). Zudem gelten nach etablierten Anschauungen Schuppen an Füßen von Vögeln evolutionstheoretisch als zurückgebildete Federn, können also deren Entstehung nicht erklären. Alles in allem folgt daraus, dass aus dem interessanten Experiment von COOPER & MILINKOVITCH (2023) *keine* Erkenntnisse zum Ursprung von Vogelfedern gewonnen werden können.

[COOPER RL & MILINKOVITCH MC (2023) Transient agonism of the sonic hedgehog pathway triggers a permanent transition of skin appendage fate in the chicken embryo. *Sci. Adv.* 9, eadg9619, doi:10.1126/sciadv.adg9619 • DI-POÏ N & MILINKOVITCH MC (2016) The anatomical placode in reptile scale morphogenesis indicates shared ancestry among skin appendages in amniotes. *Sci. Adv.* 2, e1600708, doi:10.1126/sciadv.1600708 • JUNKER R (2016) Vogelfedern und Vogelflug. 1. Was eine Evolutionshypothese erklären müsste. *Stud. Integr. J.* 23, 75–82.] R. Junker

■ „WAIR“ – Steilwandklettern scheidet als Vorstufe für den Vogelflug aus

Die Entstehung der Flugfähigkeit gehört zu den „härtesten Nüssen“ der Evolutionsbiologie. Die Fähigkeit, sich aktiv in der Luft zu bewegen, ist äußerst anspruchsvoll. Start und Landung gehören zu den schwierigsten Phasen, mussten aber von vornherein gemeistert werden. Zur Entstehung des Vogelflugs stehen schon lange zwei sehr verschiedene evolutionäre Hypothesen einander gegenüber: Die *Cursorial-Hypothese* (Lauf-Hypothese), wonach der Flugerwerb mit Laufen und Flattern vom Boden aus erfolgte, und die *Arboreal-Hypothese* (Baum-Hypothese), nach der die ersten Flugversuche durch Sturz- und Gleitflug von exponierten Stellen aus erfolgten.

Nicht nur für den Laien klingen beide Hypothesen abenteuerlich, auch aufgrund wissenschaftlicher Untersuchungen haben sich beide Varianten als sehr problematisch erwiesen. Sowohl gegen die Cur-



Abb. 1 Aufsteigender Flug und Erklimmen einer steilen Wand durch WAIR. (Aus JACKSON et al. 2011; mit freundlicher Genehmigung)

sorial- als auch gegen die Arboreal-Hypothese gibt es so gravierende und zahlreiche Einwände, dass beide Hypothesen faktisch ausgeschlossen sind (vgl. JUNKER 2017, Tab. 2, S. 73).

Als Ausweg aus diesem Dilemma wurde von DIAL (2003) eine spezielle Variante der Cursorial-Hypothese vorgeschlagen, wonach die Flugfähigkeit über ein Fortbewegungs-Zwischenstadium erreicht wurde, das als „*Wing-assisted incline running*“ (WAIR) bezeichnet wird. Gemeint ist die Fähigkeit, unter Einsatz von Flügelbewegungen sehr steile Hänge oder auch Baumstämme zu erklimmen (Abb. 1). Ein solches Verhalten ist unter heutigen Vögeln als ontogenetisches Entwicklungsstadium bei Küken von Chukarhühnern (*Alectoris chukar*; Abb. 2) bekannt. WAIR ermögliche funktionelle Zwischenstufen zwischen federlosen Vorderextremitäten, Proto-Flügeln mit symmetrischen Federn und flugtauglichen Flügeln mit asymmetrischen Federn, wobei alle Stadien selektiv begünstigt gewesen seien (DIAL et al. 2006, 443).

Die WAIR-Hypothese erhielt viel Beachtung und es wurden zahlreiche Studien zu verschiedenen Aspekten des WAIR-Verhaltens durchgeführt. WAIR als Vorstufe des aktiven Flugs wurde in der Fachwelt jedoch kontrovers diskutiert



Abb. 2 Chukarhuhn (*Alectoris chukar*), Capitol Reef National Park (Utah, USA). (CC BY-SA 3.0)

und zahlreiche Einwände wurden vorgebracht (zusammengestellt in JUNKER 2017, 68–70). Beispielsweise wurde darauf hingewiesen, dass das WAIR-Verhalten primär dazu dient, den Bodenkontakt zu verbessern, weshalb es nicht den ersten Flugversuchen vorausgegangen sein konnte. Außerdem handle es sich um ein komplexes Verhalten eigener Art (DIAL et al. 2006, 438), das einen voll entwickelten und kraftvollen Flugschlag und einen entsprechenden Flügelbau schon voraussetzt (DECECCHI & LARSSON 2011, 9).

Eine neuere Studie von KUZNETSOV & PANYUTINA (2022) besiegelt nun de facto das „Aus“ für die WAIR-Hypothese. Die Forscher berechneten die externen Kräfte, die während der WAIR-Aktivität eines erwachsenen Chukarhuhns beim Ab- und Aufschlag auf die Flügel wirken. Sie stellten fest, dass der gesamte vertikale Impuls, der von den Flügeln ausgeht, nach unten gerichtet ist. Somit heben die Flügel etwa die Hälfte des nach oben gerichteten Impulses auf, der von den Beinen ausgeht. Die Forscher bestätigen somit die schon früher gemachte Beobachtung, dass die Funktion der Flügel beim WAIR darin besteht, den Körper in Richtung des steilen Hangs zu drücken. Das aber ist die entgegengesetzte Wirkung als diejenige, die für den Kraftflug benötigt wird, und dafür werden ganz andere Muskeln benötigt. Für die Forscher folgt daraus, „dass die Muskulatur

eines nicht fliegenden Vogelvorfahren durch die Aktion der Vorderextremitäten während des Bergauflaufs nicht an den freien Schlagflug angepasst werden kann. Darüber hinaus erfordert die Flügelaktion während des WAIR eine hoch entwickelte Flugmuskulatur der Vögel“. Auch dieser zweite Kritikpunkt war zuvor bereits geäußert worden (s. o.).

Die Autoren kommen zum Schluss, dass das WAIR-Verhalten als eigenständige spezialisierte Fortbewegungsweise der Vögel betrachtet werden sollte und als Modell für die Fortbewegung bei den Vorfahren der Vögel nicht geeignet ist. Zudem gibt es keine klaren Hinweise dafür, dass gefiederte Dinosaurier oder Vögel, die evolutionär an die Basis des mutmaßlichen Vogel-Stammbaums gestellt werden, in der Lage waren, WAIR zu betreiben (SENTER 2006).

Die WAIR-Hypothese hat sich somit empirisch nicht bewährt und

muss aufgegeben werden. Das evolutionäre Rätsel der Entstehung des Vogelflugs ist von einer Lösung weiter entfernt denn je.

[DECECCHI TA & LARSSON HCE (2011) Assessing arboreal adaptations of bird antecedents: Testing the ecological setting of the origin of the avian flight stroke. PLoS ONE 6(8): e22292; doi:10.1371/journal.pone.0022292 • DIAL KP (2003) Wing-assisted incline running and the evolution of flight. Science 299, 402–404 • DIAL KP, RANDALL & DIAL TR (2006) What use is half a wing in the ecology and evolution of birds? BioScience 56, 437–445 • JACKSON BE, TOBALSKE BW & DIAL KP (2011) The broad range of contractile behaviour of the avian pectoralis: functional and evolutionary implications. J. Exp. Biol. 214, 2354–2361 • JUNKER R (2017) Dino-Feder-vieh: Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug. W+W Special Paper B-17-1, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-17-1_feder-und-flug.pdf • KUZNETSOV AN & PANYUTINA AA (2022) Where was WAIR in avian flight evolution? Biol. J. Linn. Soc. 137, 145–156, <https://doi.org/10.1093/biolinnean/blac019> • SENTER P (2006) Scapular orientation in theropods and basal birds, and the origin of flapping flight. Acta Palaeont. Polon. 51, 305–313] R. Junker

■ Erneute Bestätigung: „Homo“ habilis war kein Mensch

Nach der Entdeckung von Fossilien in der Olduvai-Schlucht in Tansania schlugen LEAKEY et al. (1964) die neue Art *Homo habilis* vor und stellten sie in die morphologische (körperbauliche) Lücke zwischen *Australopithecus* und *Homo erectus*. *Homo habilis* wird seitdem vielfach als erster *Homo* (Mensch) popularisiert, doch war und ist *Homo habilis* seit seiner Erstbeschreibung ein umstrittenes Taxon (TOBIAS 1992; vgl. SCHOLL 2022). Wegen der strittigen Einordnung wird im Folgenden *Homo* bei der Art *habilis* und auch *rudolfensis* in Anführungszeichen gesetzt.

Ein großer Teil der Überreste dieser Fossilgruppe besteht aus Zahnresten (vgl. SCHOLL 2022), die bisher jedoch nur anhand der oft abgenutzten Schmelzoberfläche untersucht worden sind. DAVIES et al. (2024) analysierten nun zum ersten Mal die innere Struktur der Zähne von „*Homo*“ *habilis*. Dabei untersuchten die Forscher die Morphologie der Dentinkrone unterhalb

des Zahnschmelzes (s. Abb. 1), die bei mäßigem Zahnverschleiß erhalten und für die taxonomische Zuordnung von fossilen Homininen sehr aussagekräftig ist. Es wurden die Form sowie die Größe der Dentinkrone der Unter- und Oberkiefer-Zahnreihe von „*Homo*“ *habilis* bestimmt und mit zahlreichen anderen Homininen (*Australopithecus*, *Homo erectus* und späteren *Homo*-Funden) verglichen.

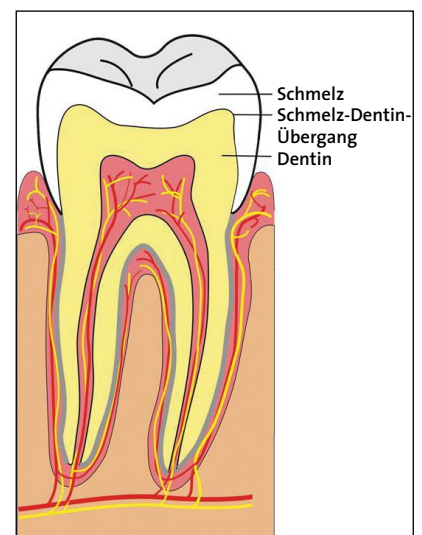


Abb. 1 Aufbau des Zahnes. (Grafik: Benjamin Scholl nach Uwemuell, Public Domain)

DAVIES et al. (2024) kamen zu dem Ergebnis, dass die Morphologie der Dentinkrone von „*Homo*“ *habilis* der von *Australopithecus* ähnelt und „primitiver“ ist als die von *Homo erectus*. Bei „*Homo*“ *habilis* existiert aber eine zahnmorphologische Variationsbreite, die über den von DAVIES et al. (2024) erwarteten Bereich einer Spezies hinausgeht. Das zu „*Homo*“ *habilis* gestellte Fossil OH 16 besitzt nämlich eine Anzahl Zahnmerkmale, die es von den anderen „*Homo*“-*habilis*-Funden trennt, aber auch nicht zu den frühen *Homo-erectus*-Funden stellt. Dies weist darauf hin, dass es sich bei „*Homo*“ *habilis* möglicherweise um mehr als eine Art handeln könnte.

Die Morphologie der Dentinkrone schließt „*Homo*“ *habilis* aus der Variationsbreite der Gattung Mensch aus. Dieser Befund steht im Einklang mit zahlreichen Untersuchungsergebnissen des Körperstamm- und Extremitätenskeletts, des Innenohres, des Kauapparates, der Ernährungsweise und auch des Musters der Kindheitsentwicklung (BRANDT 2023). „*Homo*“ *habilis* wurde aufgrund vieler dieser Gründe von WOOD & COLLARD (1999) und COLLARD & WOOD (2015) aus der Gattung *Homo* ausgeschlossen. Diese beiden Autoren und andere Forscher nahmen auch „*Homo*“ *rudolfensis*, der wie „*Homo*“ *habilis* in die morphologische Lücke zwischen *Australopithecus* und *Homo erectus* gestellt wird, aus der Gattung Mensch heraus (BRANDT 2023).

Trotzdem wird in der paläoanthropologischen Literatur weiterhin an der alten Klassifizierung festgehalten. Dieses Festhalten lässt nach BRANDT (2023) nur eine Vermutung zu: Die morphologische Lücke zwischen *Australopithecus* und *Homo* überschreitet sonst die tolerierbare Grenze dessen, was man aus evolutionärer Sicht erwartet.

„*Homo*“ *habilis/rudolfensis* wird seit Jahrzehnten von vielen Paläoanthropologen als phylogenetisch vermittelnde Fossilgruppe zwischen den *Australopithecinen* und dem frühesten echten Menschen (*Homo erectus*) verstanden. Mit ihrer Rückstufung erscheint die Lücke

zwischen den recht großaffenähnlichen Australomorphen, in deren erweitertes Formenspektrum auch „*Homo*“ *habilis* und *rudolfensis* gehören, und dem echten Menschen (*Homo erectus* und spätere *Homo*-Formen) größer. Auch für den Laien erkennbar ergibt sich damit eine Unterteilung der fossilen Homininen in zwei Gruppen: Einerseits menschenähnliche Formen, zu denen *Homo erectus* und die späteren *Homo*-Arten gehören, die in der Schöpfungsforschung dem Grundtyp Mensch zugeordnet werden, und andererseits großaffenähnliche Formen wie die *Australopithecinen*, die keine historisch-verwandtschaftliche Beziehung zum Menschen haben (BRANDT 2023).

[BRANDT M (2023) „*Homo*“ *habilis* war kein Mensch. Kluft zwischen fossilen Menschen und Menschenaffen größer geworden. In: BRANDT M: Frühe Homininen. Studium Integrale Special, 2. erw. Aufl., 121–130 • COLLARD M & WOOD B (2015) Defining the genus *Homo*. In: HENKE W & TATTERSALL I (eds.) Handbook of paleoanthropology. Berlin, Heidelberg, 2107–2144 • DAVIES TW, GUNZ P et al. (2024) Dental morphology in *Homo habilis* and its implications for the evolution of early *Homo*. Nature Communications 15:286 • LEAKEY LSB, TOBIAS PV & NAPIER J RA (1964) A new species of the genus *Homo* from Olduvai Gorge. Nature 202, 7–9 • SCHOLL B (2022) 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/> • TOBIAS PV (1992) The species *Homo habilis*: Example of a premature discovery. Ann. Zool. Fennici 28, 371–380 • WOOD B & COLLARD M (1999) The human genus. Science 284, 65–71] M. Brandt

■ Nesseltiere – weiterer Zuwachs bei der „kambrischen Explosion“

Mit dem Kambrium vor 539 Millionen radiometrischen Jahren (MrJ) beginnt abrupt eine reichhaltige Fossilüberlieferung von zweiseitig symmetrischen Tieren (Bilateria). Ihre sehr unterschiedlichen Baupläne tauchen abrupt auf. Für diesen Einschnitt hat sich die Bezeichnung „kambrische Explosion“ eingebürgert (vgl. ERWIN & VALENTINE 2013). Diese markante Diskontinuität war bereits Charles Darwin bekannt.

Die weitere paläontologische Forschung trug nicht dazu bei, den explosiven Charakter zu entschärfen. Im Gegenteil: Zwar wurden mittlerweile im präkambrischen Ediacarium (635–539 MrJ) zahlreiche fossile Funde gemacht, aber kaum welche, die als mögliche Vorläufer der kambrischen Tierstämme diskutabel sind, sondern unabhängige Baupläne repräsentieren (ebd.). Außerdem hat die Fülle der kambrischen Baupläne durch neue Funde mittlerweile noch zugenommen.

Seit Kurzem ist bekannt, dass auch die radiärsymmetrischen Nesseltiere (Cnidaria) nachweislich zur kambrischen Explosion beitragen (MOON et al. 2023). Zu den ca. 8500 heute lebenden Arten der Nesseltiere gehören Schirmquallen (Scyphozoa), Würfelquallen (Cubozoa), die festsitzenden Blumentiere (Anthozoa) mit den Seeanemonen, Stein- und Weichkorallen sowie die Hydrozoen (Hydrozoa). Charakteristisch ist der Besitz von Nesselkapseln (Nematocysten), die zum Beutefang und zur Abwehr genutzt werden. Bei Schirm- und Würfelquallen sowie bei den Hydrozoen werden im erwachsenen Zustand zwei Stadien ausgebildet; der festsitzende schlauch- oder sackförmige Polyp und die freischwimmende Meduse (Qualle), die die Keimzellen trägt.

Bisherige mögliche Belege für die Existenz von Nesseltieren im Kambrium waren unsicher oder fehlinterpretiert, doch nun hat ein Forscherteam 182 außergewöhnlich gut erhaltene fossile Quallen aus dem Mittelkambrium des berühmten Burgess Shale in den kanadischen Rocky Mountains untersucht und Merkmale entdeckt, die typisch sind für Quallen, die auch heute leben (sog. Kronengruppe), was evolutionstheoretischen Erwartungen widerspricht. Die neu entdeckte Art wurde *Burgessomedusa phasmiformis* genannt. Die Tiere besaßen einen quaderförmigen Schirm von bis zu 20 cm Höhe mit über 90 sehr kurzen und fingerartigen Tentakeln. Angesichts der Tatsache, dass Quallen zu etwa 95 % aus Wasser bestehen, ist die

gute Erhaltung besonders bemerkenswert.

Die neue Art trägt somit zur Verschiedenartigkeit der im Kambrium fossil nachgewiesenen Tiere bei: „*Burgessomedusa* ... unterstützt eine wachsende Zahl von Studien, die eine frühe evolutionäre Diversifizierung der Medusozoa, einschließlich der Kronengruppe, während des Übergangs vom Präkambrium zum Kambrium belegen“ (MOON et al. 2023, 1). Auch der komplexe Lebenszyklus mit einem Medusenstadium ist somit in der kambrischen Explosion vorhanden. Eine genaue Zuordnung zu einer der Untergruppen der Nesseltiere bei der neuen Art ist allerdings kaum möglich: „*Burgessomedusa* ähnelt in ihrer groben Morphologie sehr stark den Medusozoen der Kronengruppe, obwohl es schwierig ist, sie direkt mit bekannten Gruppen in Verbindung zu bringen“ (MOON et al. 2023, 4f.). Die Autoren beschreiben Gemeinsamkeiten zwischen

Burgessomedusa und den Nesseltiergruppen der Cubozoa, Scyphozoa, Staurozoa und Hydrozoa (die vier Untergruppen der Medusozoa), aber es gibt zu allen diesen Gruppen auch nennenswerte Unterschiede. Daher ist es nicht überraschend, dass *Burgessomedusa* „nur wenig Licht auf die Morphologie der Vorfahren der Medusen“ wirft (MOON et al. 2023, 6). Die neue Art stellt – wieder einmal – ein Beispiel für die ausgestorbene Vielfalt dar, die wie in einem Baukastensystem verschiedene Merkmale bisher bekannter Tiergruppen vereinigt. Dies kann man als Hinweis auf einen Schöpfer deuten, der die Merkmale bei verschiedenen erschaffenen Gruppen frei zuteilen kann.

[ERWIN DH & VALENTINE JW (2013) The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity. Greenwood Village, Colorado • MOON J, CARON J-B & MOYSIUK J (2023) A macroscopic free-swimming medusa from the middle Cambrian Burgess Shale. Proc. R. Soc. 290B: 20222490, 1–9.] R Junker

■ „Moderne“ Manteltiere im Kambrium

Manteltiere (Tunicata) kommen in fast allen Lebensräumen der Ozeane vor. Die Bezeichnung „Manteltiere“ leitet sich von einem Mantel (Tunica) aus einer celluloseartigen Substanz ab. Insgesamt werden etwa 3.000 Arten unterschieden. Die meisten Arten haben einen zweiphasigen Lebenszyklus: Die Tiere leben zunächst frei schwimmend als – vereinfacht gesagt – kaulquappenähnliche Schwanzlarven. Die Arten der artenreichsten Gruppe der Seescheiden (Ascidiacea) lassen sich später auf dem Ozeanboden nieder und wandeln sich in ein festsitzendes erwachsenes Tier um (Metamorphose). Dagegen leben die Salpen (Thaliacea) und Appendikularien (Larvacea) auch im ausgewachsenen Zustand frei im Wasser. Die meisten Manteltiere sind Filtrierer: Über eine Einstromöffnung wird mit Unterstützung eines Siphons Wasser in einen

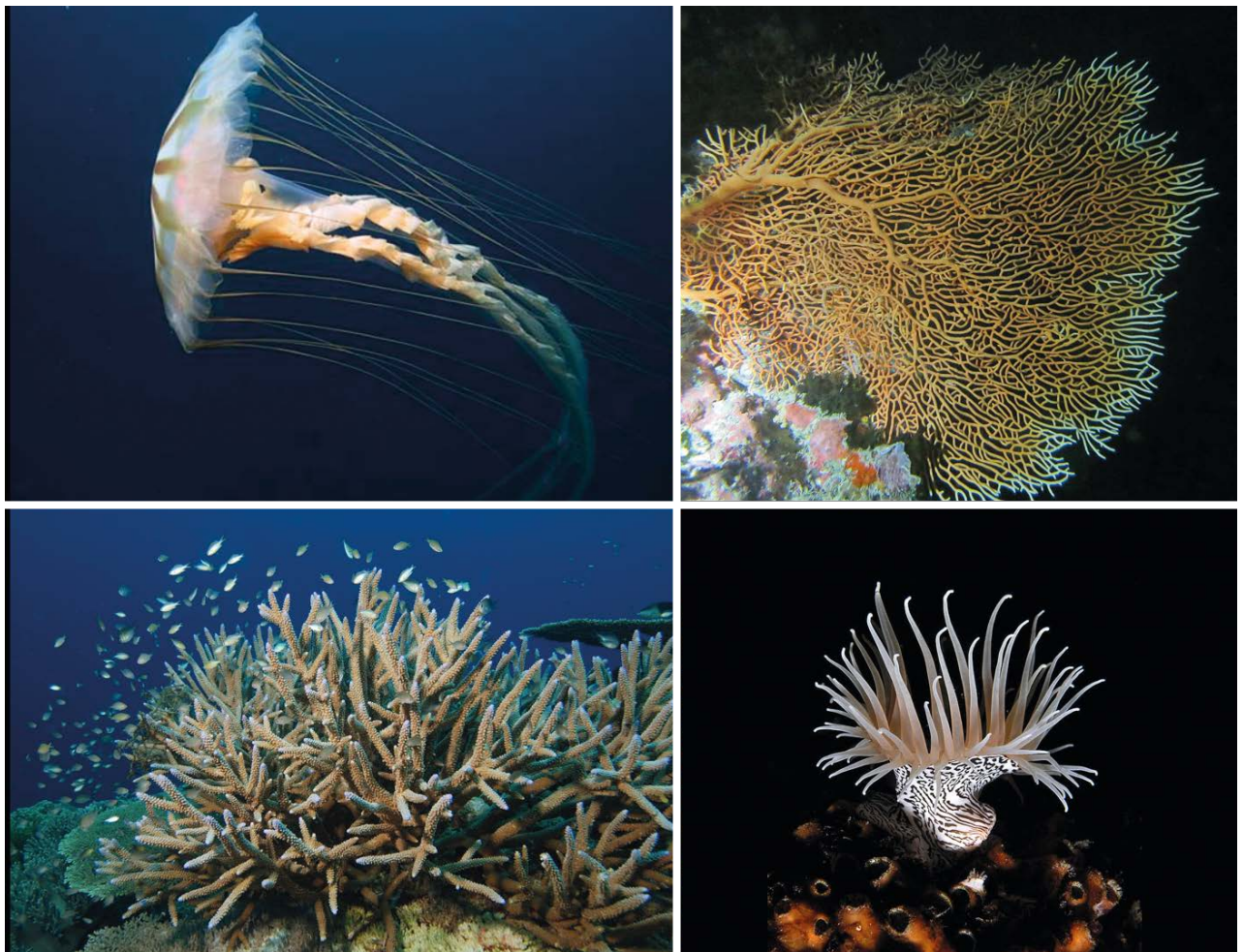


Abb. 1 Vier Beispiele für die Vielfalt der Nesseltiere: Fahnenqualle *Chrysaora melanaster* (oben links), Weichkoralle *Annella mollis* aus der Familie Subergorgiidae (oben rechts), die Seeanemone *Nemanthus annamensis* (unten links) und Steinkoralle *Acropora cervicornis* (unten rechts). (Wikimedia: Frédéric Ducarme, CC BY-SA 4.0)

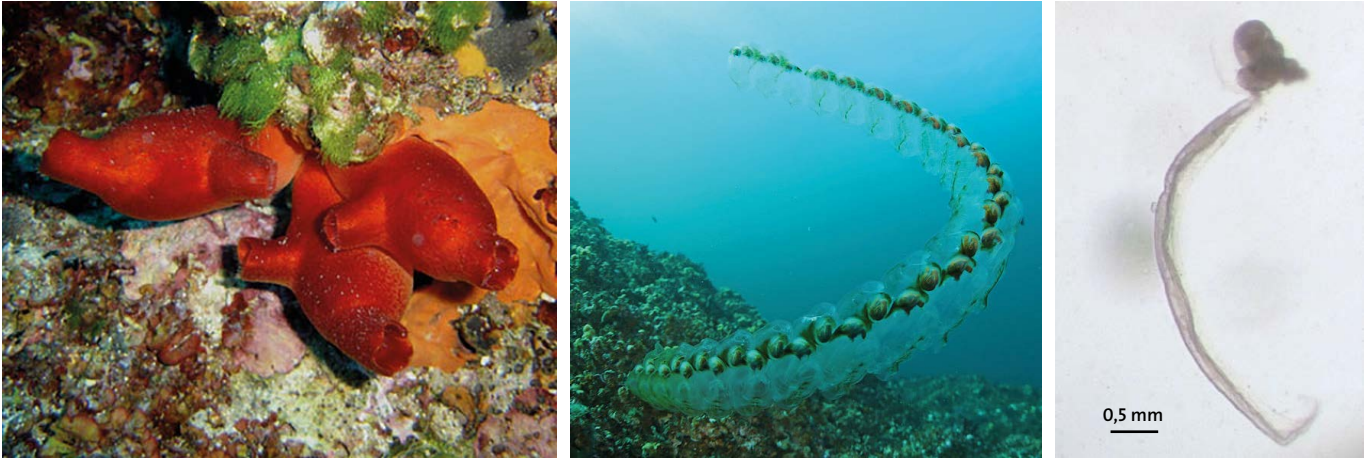


Abb. 1 Verschiedene Manteltiere: Links: Rote Seescheide (*Halocynthia papillosa*), Mitte: Salpen-Kolonie, Rechts: *Oikopleura dioica* aus der Klasse der Larvacea. (Wikimedia: Elapied - Übertragen durch Padawane, CC BY-SA 2.5; Oregon Department of Fish & Wildlife - 23_salpchain_frierson_odfw, CC BY-SA 2.0; Minami Himemiya, CC BY-SA 3.0)

Kiemendarm geleitet, dort die Nahrung herausgefiltert und über eine Ausströmöffnung wieder abgegeben.

Da die Larven eine Chorda (elastischer Strang entlang der Körperachse) und ein Neuralrohr besitzen, werden sie zu den Chordatiern gerechnet, obwohl sie im erwachsenen Zustand kaum Ähnlichkeiten mit diesen aufweisen (bei den meisten Arten werden Chorda und Neuralrohr zurückgebildet). Zu den Chordatiern gehören insbesondere alle Wirbeltiere (Fische, Amphibien, Reptilien, Vögel und Säugetiere).

Erstaunlicherweise sind bislang nur sehr wenige Fossilien von Manteltieren gefunden worden, obwohl sie nach evolutionstheoretischen Vorstellungen seit über 500 Millionen Jahren existieren. Die Zugehörigkeit eines auf 520 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) datierten Fossils zu den Manteltieren gilt wegen des Fehlens wichtiger Merkmale als unsicher. Nun wurde jedoch ein sehr gut erhaltenes Fossil eines Manteltieres in der auf 500 MrJ datierten mittelmarmrischen Marjum-Formation im US-Bundesstaat Utah entdeckt, das einigen heutigen Manteltieren „zum Verwechseln ähnlich“ ist (HEIDT 2023; NANGLU et al. 2023). Der Name *Megasiphon thylakos* für die neu entdeckte Art (Abb. 2) stammt von den großen Siphons und dem sackartigen Körper („thylakos“ (griech.) = Beutel). Heutige Manteltiere besitzen Bänder aus Längsmuskeln, die ihren Körper hinunterlaufen, und kreisförmige Muskeln um die Siphons

herum, um sie zu kontrollieren und die Tiere zusammenzuziehen, damit Wasser herausgepresst wird. Die Details der Muskulatur von *Megasiphon* sehen fast identisch aus wie die von *Ciona intestinalis*, einem gut untersuchten, heute lebenden Manteltier.

Von evolutionstheoretischen Überlegungen ausgehend war bisher unklar, ob als gemeinsamer Vorfahre aller Manteltiere eher ein frei schwimmender Organismus oder eher eine Form am Boden festsitzender Lebensweise in Frage kommt. Die Ähnlichkeit von *Megasiphon* mit heute lebenden, festsitzenden Manteltieren wird als Stütze für die letztere Hypothese gewertet. Das würde bedeuten, dass die zwei-

phasige Lebensweise der Manteltiere und ihre Fähigkeit zur Metamorphose ursprünglich sind. NANGLU et al. (2023) halten es aber auch für möglich, dass *M. thylakos* eine weiter entwickelte Form darstellt und daher zur Kronengruppe gehört. Dann aber müssten sich die Seescheiden schon 50 Millionen Jahre früher von anderen Manteltieren getrennt haben, als derzeit anhand molekularer Uhren geschätzt wird.

Eine weitere Konsequenz aus dem Fund – und zwar aus seinem Alter – ist, dass der Ursprung der Wirbeltiere (s. o.) nach hinten verschoben werden muss, da die Wirbeltiere als Schwestergruppe der Manteltiere gelten.

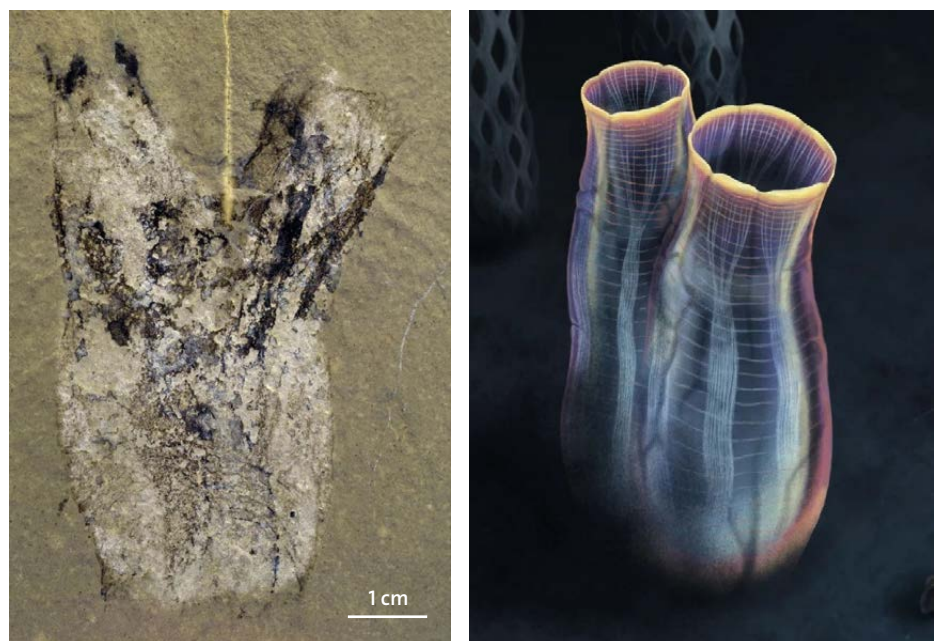


Abb. 2 Links: Holotypus von *Megasiphon thylakos*, das den gesamten Körperbau einschließlich der paarigen Siphons und des tonnenförmigen Körpers zeigt, was unmittelbare Vergleiche mit heutigen Manteltieren ermöglicht. Rechts: Rekonstruktion, Zeichnung: Franz Anthony. (Aus NANGLU et al. 2023; CC BY 4.0 DEED, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

NANGLU et al. (2023, 1) stellen angesichts des neuen Fundes außerdem fest, dass grundlegende Komponenten des Körperbaus heutiger Manteltiere bereits kurz nach der Kambrischen Explosion (ab ca. 520 MrJ) etabliert waren. Demnach tauchen wie viele andere Tiergruppen auch die Manteltiere ohne geeignete fossil dokumentierte Vorläufer in „fertiger“ Ausbildung auf, „mit kronengruppenähnlichem Körperbau“ (NANGLU et al. 2023, 7), sogar vergleichbar mit heute lebenden Arten.

[HEIDT A (2023) Rare fossil implies deep roots for vertebrates. Science 381, 16 • NANGLU K, LEROSEY-AUBRIL R, WEAVER JC et al. (2023) A mid-Cambrian tunicate and the deep origin of the ascidiacean body plan. Nat. Commun. 14:3832, doi:10.1038/s41467-023-39012-4] R. Junker

■ Anpassungen im Fischgenom als Reaktion auf eine wärmere Umwelt

Schon lange ist bekannt, dass Lebewesen in der Lage sind, auf Veränderungen in der Umwelt und den damit verbundenen „Stress“ angepasst zu reagieren. Solche individuellen Anpassungen wurden in letzter

Zeit immer wieder mit der Aktivität so genannter *transponierbarer und transponierter Elemente* in Verbindung gebracht. Das sind regulatorische genetische Elemente, die ihre Position in der DNA verändern können (BORGER 2023). Eine neue Studie hat nun gezeigt, dass Hitzestress direkte Auswirkungen auf die DNA der sich entwickelnden Embryonen von vier untersuchten Fischarten hat und die Gesamtheit aller im Genom genutzten Gene (das so genannte Genexpressionsmuster) der erwachsenen Tiere stark beeinflusst (RIPLEY et al. 2023).

Die Forscher studierten diese Genexpressionsmuster in den sich entwickelnden Embryonen des Kleingefleckten Katzenhais, des Zebrabärblings, des Europäischen Wolfsbarsches und des Dreistachligen Stichlings, die unter normalen und warmen Bedingungen großgezogen wurden (Abb. 1). Nach der Embryogenese wurden alle Fische unter normalen Bedingungen weitergezogen, um zu simulieren, dass erwachsene Fische in freier Wildbahn Gebiete mit ihrer bevorzugten Temperatur aufsuchen.

Anschließend wurden die Fische unter verschiedenen Bedin-

gungen aufgezogen. Die Wissenschaftler analysierten dann die *Transkriptome*. Das heißt, sie untersuchten, welche Gene tatsächlich abgelesen wurden. Mithilfe von Computermodellen zeigten sie, dass die Transkriptome von Fischen, die unter wärmeren Bedingungen aufgezogen wurden, „durch eine größere Unordnung ihrer paarweisen Geninteraktionsnetzwerke gekennzeichnet sind, was eine weniger strukturierte Reihe von Geninteraktionen bedeutet“ (RIPLEY et al. 2023). Gemeint ist damit offenbar, dass die für die Anpassungen verantwortlichen Geninteraktionen lockerer strukturiert sind, was auf einen anpassungsfähigen Mechanismus im Genom hinweist.

Eine weitere Analyse bei Zebrafischen, die unter warmen Bedingungen aufgezogen wurden, ergab, dass diese Veränderungen auch im späteren Leben noch vorhanden waren, was bei Tieren, die unter „Kontrollbedingungen“ aufgezogen wurden, nicht der Fall war. Und die Veränderungen wurden mit einer veränderten Reaktion auf eine weiterhin zu erwartende künftige Erwärmung im Erwachsenenalter in Verbindung gebracht.



Abb. 1 Kleingefleckter Katzenhai, Zebrabärbling, Europäischer Wolfsbarsch und Dreistachliger Stichling wurden Hitzestress ausgesetzt, um zu sehen, wie sich dies auf die Physiologie der Fische auswirkt. (Wikimedia: Jonathan Horning, Gemeinfrei; Azul, Copyrighted free use; © Citron, CC BY-SA 3.0; Ron Offermans, CC BY-SA 3.0)

Dies zeigt, dass die Umwelt der sich entwickelnden Fische zu langfristigen Veränderungen der Transkriptomarchitektur, einschließlich der Organisation der Gennetzwerke, führt.

Was bedeuten diese Daten? Die Autoren meinen, dass die wärmeren Bedingungen, unter denen die Embryonen aufgezogen wurden, zukünftigen Bedingungen aufgrund des Klimawandels entsprechen. Um die Folgen der anthropogenen Erwärmung vorhersagen und somit abmildern zu können, sei es von entscheidender Bedeutung, dass wir beginnen, die Mechanismen zu verstehen, durch die die Entwicklungsumgebung die Physiologie eines Organismus und seine Fähigkeit, auf künftige Umweltprobleme zu reagieren, beeinflusst.

Einer der Autoren, Dan Ripley von der University of Manchester, kommentierte: „Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass die Exposition gegenüber erhöhten Temperaturen während der Entwicklung und des Wachstums eines Embryos die Fähigkeit der Fische beeinflussen kann, auf zukünftige Herausforderungen zu reagieren, mit denen sie im späteren Leben konfrontiert sind“ (RIPLEY et al. 2023).

Ein vielversprechender Weg für die künftige Forschung sei die Untersuchung der genauen epigenetischen Mechanismen (*Epigenetik* ist die Regulation bzw. Steuerung der Gene), die die entwicklungsbedingte Plastizität von Geninteraktionsnetzwerken bei Fischen vermitteln (RIPLEY et al. 2023).

Es kann in der Tat angenommen werden, dass wir es hier mit *epigenetischen Effekten* zu tun haben, die durch transponierbare und transponierte Elemente ausgelöst werden. Diese Elemente werden heute als bewegliche Gensteuerungselemente aufgefasst, als *genetische Schalter*, die beim Ein- und Ausschalten von Genen mitwirken (BORGER 2018). Es hat sich gezeigt, dass diese Elemente unter Stressbedingungen aktiviert werden und genomische Netzwerke umstrukturieren, um andere *angepasste Phänotypen* hervorzubringen (Phänotyp ist das Erscheinungsbild eines Lebewesens). Was wir also bei

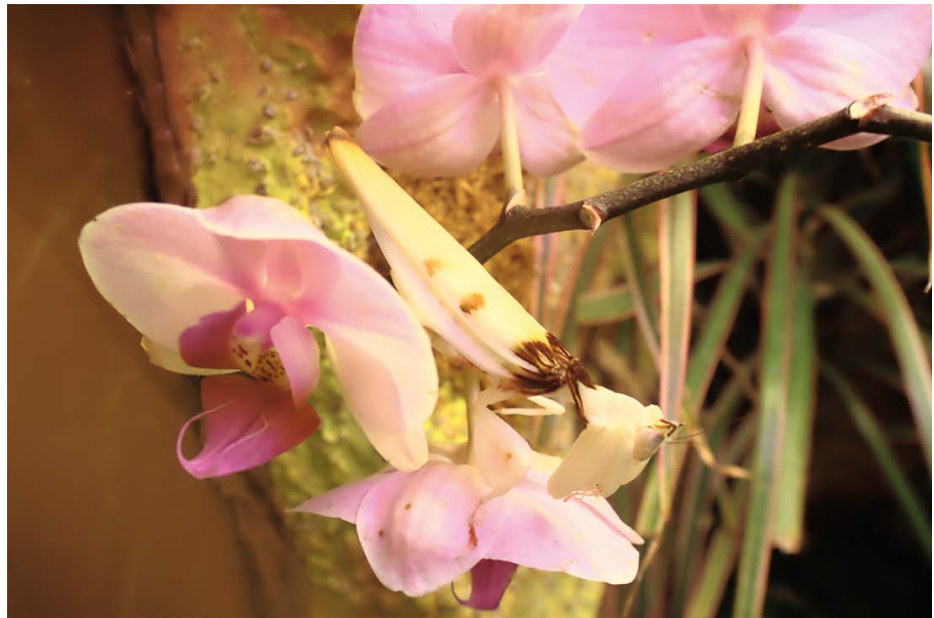


Abb. 1 Die Orchideenmantis hat ihren Namen unschwer erkennbar daher, dass sie in ihrer Optik eine Orchidee (hier eine Nachtfalterorchidee) imitiert, um so ihre Beutetiere anzulocken. (Wikimedia: Philipp Psurek, CC BY-SA 3.0)

diesen Fischen beobachten, ist eine individuelle Reaktion auf veränderte Umweltbedingungen. Die Organismen müssen nicht warten, bis eine zufällige, selektierbare Mutation auftritt, sondern das Genom ist schon auf Veränderungen vorbereitet und reagiert sofort. Solche Mechanismen zeugen von der Voraussicht eines allwissenden und allgegenwärtigen Schöpfers, der die Lebewesen genetisch bereits auf wechselnde Umweltbedingungen vorbereitet hat.

[BORGER P (2018) Darwin Revisited – How to understand biology in the 21st century. Scholars' Press, 142–163 • BORGER P (2023) Über den Entwurf des Lebens: Mobile genetische Element. Stud. Integr. J. 30, 22–30 • RIPLEY DM et al. (2023) Warming during embryogenesis induces a lasting transcriptomic signature in fishes. Science of The Total Environment vol. 902, 165954] P. Borger

■ Die Orchideenmantis – Ein Insekt der Superlative

Die Mantodea, besser bekannt als Fangschrecken bzw. Gottesanbeterinnen, sind berühmt für ihre Tarnkünste und ihre geschickten Jagdmethoden mittels ihrer kräftigen und mit Dornen bewehrten Fangarme. Diese Tiere sind auf nahezu allen Kontinenten zu finden und besiedeln eine Vielzahl verschiedenster Lebensräume. Mit über 2.400 Arten

gehören Gottesanbeterinnen zu den vielfältigsten Tiergruppen. Besonders interessant ist die Orchideenmantis (*Hymenopus coronatus*), die in Süd- und Südostasien verbreitet ist, und die Orchideen verblüffend ähnelt.

Insektenforscher hatten seit Alfred Russel Wallace Ende des 19. Jahrhunderts vermutet, dass die Orchideenmantis eine *Blütenmimikry* betreibt – ein Verhalten, bei dem sie eine Blüte imitiert, um bestäubende Insekten anzulocken und zu erbeuten. Aber erst Forschern um O'HANLON (2014, 126) gelang der erste experimentelle Beweis für diese Bestäuber-Täuschung. Ihre Studie beschreibt nicht nur eine „einzigartige räuberische Strategie, die noch bei keiner anderen Tierart dokumentiert wurde“ (ebd.), sondern wirft auch Fragen an das gängige evolutionstheoretische Weltbild auf.

Mimetische Phänomene werden evolutionstheoretisch als Ergebnis selektiv bevorzugter zufälliger Mutationen interpretiert. Die Blütenaffinität der Orchideenmantis gilt demnach als natürliche Anpassung an den Lebensraum. Die Annahme einer *Blütenmimikry* impliziert jedoch, dass die Ähnlichkeit der Gottesanbeterin mit einer Orchidee nicht der Tarnung dient, was man *Mimese* nennen würde, sondern als aggressiver Köder fungiert (vgl.

O'HANLON et al. 2014, 127+129). Die Annahme, dass es sich um eine reine Anpassung an eine Blüte handelt, ist aber problematisch, da Orchideenmantiden Bestäuber sogar noch stärker anlocken als Orchideen an sich – bei ihnen wurden durchschnittlich 8 Bestäuberbesuche pro Stunde festgestellt gegenüber 6 Bestäuberbesuchen für die Orchideen (vgl. O'HANLON et al. 2014, Fig. 3). Außerdem wurde beobachtet, dass sich die Gottesanbeterinnen im Gegensatz zu anderen blütenassoziierten Räubern wie z. B. den auch in Deutschland heimischen Krabbenspinnen, häufig im Laub und nicht in Blüten aufhalten. Diese Beobachtungen legen nahe, dass die Tiere nicht zwingend von Blüten abhängig sind (vgl. O'HANLON et al. 2014, 130).

Die Färbung der Orchideenmantis ist geschickt an das Farbspektrum lokaler Blüten angepasst, wodurch es für Bestäuber unmöglich wird, zwischen der Gottesanbeterin und den Blütenfarben zu unterscheiden (vgl. O'HANLON et al. 2014, 126+129f.). Die hypothetische Vorstellung, dass die Farb-anpassung der Orchideenmantis an Orchideen-Farben im Allgemeinen (und nicht an eine spezielle Spezies) aus rein zufälligen und zukunftsblinden Mutationen entstand, erscheint unwahrscheinlich. Dies gilt auch für viele weitere Fälle von Mimikry und Mimese in der Natur – so gibt es andere Gottesanbeterinnen, die wahrscheinlich Zweige oder Blätter zur Tarnung nachahmen (vgl. S. 129f.).

Doch damit nicht genug. Wissenschaftler der Universität der Chinesischen Akademie haben die runden Lappen an den Hinterbeinen der Gottesanbeterin genauer untersucht und festgestellt, dass diese *Femurlappen* nicht nur wie Blütenblätter aussehen – was seit 200 Jahren bekannt ist –, sondern auch wie Tragflächen (ZHAO et al. 2023). Die Tragfläche wird durch die vier Femurlappen um insgesamt ca. 36 % vergrößert. Die Wissenschaftler schreiben: „Anhand von Verhaltensuntersuchungen und morphologischen Analysen konnten wir zeigen,

dass Orchideenmantis-Nymphen hervorragende Gleiter sind und die flachsten Gleitbahnen aufweisen, die bei wirbellosen Landtieren beobachtet wurden.“ Damit scheinen die Femurlappen eher dem Gleiten als dem Tarnen zu dienen; dies stellt den ersten Nachweis von gleitfähigen „Beinflügel“ bei einem flügellosen Gliederfüßer dar.

Untersuchungen mit künstlichen Gottesanbeterin-Modellen unterstützen diese Annahme. Denn das Entfernen oder Ändern der Blütenblattform bei den Modellen hatte keinen Einfluss auf deren Attraktivität für Bestäuber – lediglich die weiße Farbe wirkte anziehender als ein Modell mit brauner Farbe (vgl. O'HANLON 2014). Dies legt nahe, dass bestimmte blütenähnliche Merkmale wie Symmetrie und Blütenblätter nicht zwangsläufig von Bestäubern als Blume interpretiert werden müssen, sondern dass die UV-absorbierende weiße Färbung der Tiere ausreichen könnte, um Bestäuber anzulocken (vgl. O'HANLON 2014).

Das Verhalten der Gottesanbeterin, die Vielseitigkeit ihrer Femurlappen und ihre meisterhafte Blütenmimikry bieten ein faszinierendes Beispiel für intelligente Anpassung und erstaunliche Komplexität. Diese Merkmale machen die Orchideenmantis zu einem einzigartigen Insekt und zu einem stummen Zeugen zielgerichteter Schöpfung.

[O'HANLON JC (2014) The Roles of Colour and Shape in Pollinator Deception in the Orchid Mantis *Hymenopus coronatus*. *ethology* 120, 652–661 • O'HANLON JC, HOLWELL GI & HERBERSTEIN ME (2014) Pollinator Deception in the Orchid Mantis. *Am. Nat.* 183, 126–132 • ZHAO X et al. (2023) Petal-shaped femoral lobes facilitate gliding in orchid mantises. *Curr. Biol.* 34, 183–189.e4] *B. Pflumm*

■ Energieeffiziente und blitzschnelle Abfallbeseitigung bei Zwergzikaden

Ein Forscherteam um CHALLITA (2023) entdeckte eine geniale und bislang unbekannte Strategie der Abfallbeseitigung bei Zwergzikaden (Cicadellidae) der Art *Homal-*

odisca vitripennis, („glassy-winged sharpshooter“ = „Glasflügel-Scharfschütze“). Im Gegensatz zu Ernährungsgewohnheiten bei Insekten ist die Abfallbeseitigung nämlich noch weitgehend unerforscht (CHALLITA et al. 2023, 1).

Die Ernährung der millimetergroßen Insekten erfolgt ausschließlich durch nährstoffarmen Xylem-Saft von Pflanzen. Das stellt für die Abfallbeseitigung eine große Herausforderung dar. Xylem-Saft besteht bis zu 95 % aus Wasser sowie aus Nährstoffen, welche die Zwergzikaden nach der Aufnahme herausfiltern. Das führt dazu, dass Zwergzikaden pro Tag mehr als das Dreihundertfache ihres eigenen Körpergewichts an Xylem-Saft aufnehmen. Bei Menschen ist es nur ca. ein Vierzigstel des eigenen Körpergewichts pro Tag. Durch den hohen Wasserkonsum fällt bei den Insekten sehr viel Urin an, der sehr häufig ausgeschieden werden muss. Außerdem ist die Ernährung sehr energiearm, während die häufige Urinabsonderung sehr energieaufwändig ist. Daher stellt sich die Frage, welche strömungsdynamischen, energetischen und biomechanischen Prinzipien es den kleinen Insekten trotzdem ermöglichen zu überleben.

Schnelles Ausstoßen von Flüssigkeiten in Form von Wasserstrahlen ist sehr energieaufwendig und kommt für die kleineren Zwergzikaden daher nicht in Frage (CHALLITA et al. 2023, 6). Stattdessen erfolgt die Ausscheidung *in Tröpfchenform mittels Superpropulsion*. Superpropulsion beschreibt ein Phänomen, bei dem ein elastisches Projektil (hier ein kleiner Wassertropfen) durch gutes Timing eine höhere Geschwindigkeit als die des zugrundeliegenden *Aktuators* („Bewegungs-Erzeugers“) – hier des Analstachels („anal stylus“) – erreicht.

Anhand von Hochgeschwindigkeitsaufnahmen untersuchten die Forscher den Prozess des Tröpfchenausstoßes und beobachteten dabei drei Phasen: die *Tröpfchenbildung*, das *Spannen des Analstachels* und das *Schleudern des Tröpfchens*. In der ersten Phase bildet die Zwergzikade ein Tröpfchen an der Spitze ihres

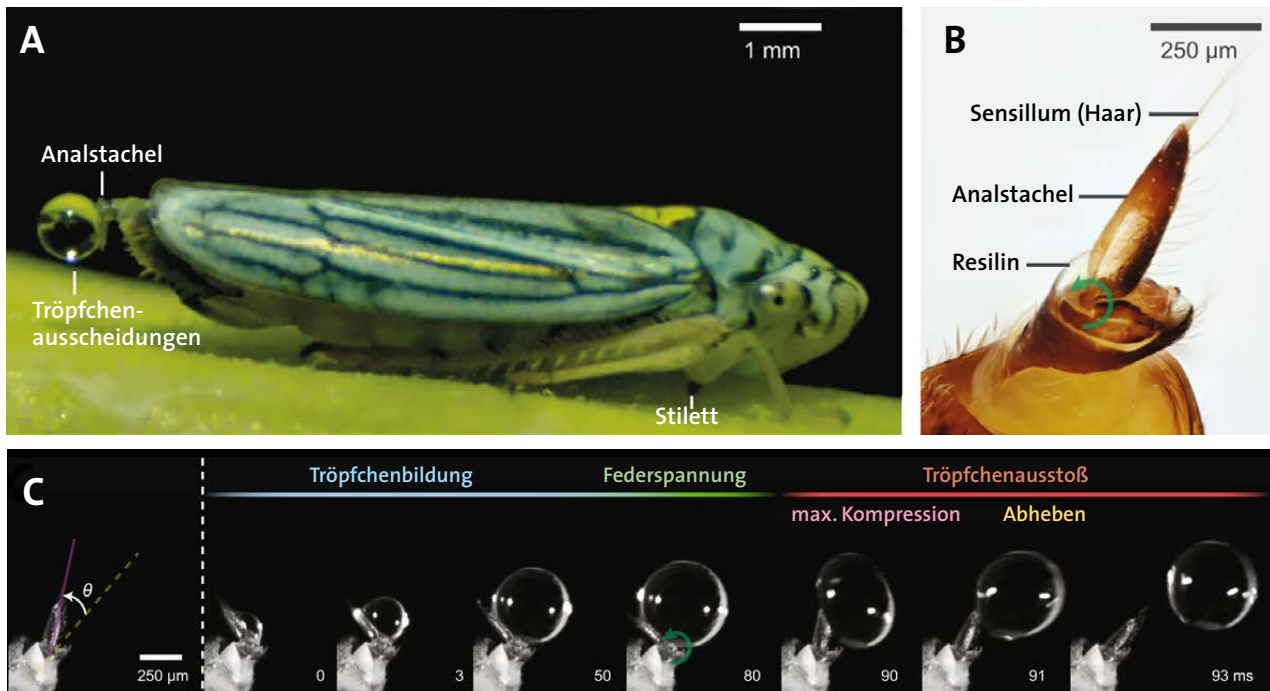


Abb. 1 A Die Zwergzikade *Homalodisca* mit einem Ausscheidungs-Tröpfchen am Analstachel, B Großaufnahme des Analstachels, C Prozess der Superpropulsion beim Wegschleudern des Tröpfchens. (Nach CHALLITA 2023, Fig. 1, <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

mit wasserabweisenden Härchen besetzten Analstachels aus. Danach rotiert der Analstachel bei ca. 15° und speichert so elastische Energie im Stachel. In der letzten Phase rotiert der Stachel schnell, setzt die gespeicherte elastische Energie frei und schleudert das Tröpfchen fort. Die Geschwindigkeit des Tröpfchens erreicht dabei eine um 40 % höhere Geschwindigkeit als die des Stachels.

Das zugrundeliegende Prinzip ist ähnlich wie das eines Trampolinspringers. Indem der Springer auf das Trampolin springt und es nach unten drückt, nimmt es elastische Energie auf (analog zum Spannen des Stachels). Springt der Springer anschließend gezielt im Moment des Freiwerdens der im Trampolin gespeicherten Energie ab, erreicht der Springer eine höhere Geschwindigkeit sowie Sprunghöhe. In vergleichbarer Weise nutzen die Zwergzikaden dieses Prinzip der *Superpropulsion*.

Das Wassertröpfchen nimmt dabei die Rolle eines Trampolins ein. Ähnlich wie ein vom Springer verbogenes Trampolin kann ein Wassertröpfchen aus dem energie-

ärmsten Zustand durch Verformung einen energiereichen Zustand annehmen und so kurzfristig Energie speichern. Der Analstachel gleicht einem Trampolinspringer: Während sich dieser bewegt, komprimiert er das Tröpfchen, welches dann unter Freisetzung der gespeicherten Energie in den Ausgangszustand entspannt wird. Sind die Bewegungen zeitlich genau richtig aufeinander abgestimmt, dann verstärkt der Rückstoß des Tröpfchens die Kraft des Stachels und es wird mit 1,4-facher Geschwindigkeit weggeschleudert. Wird eine der beiden Bewegungen dabei zu schnell oder zu langsam ausgeführt, neutralisieren sich die Kräfte teilweise, und die Schleuderbewegung wird gehindert. *Nur mit feiner zeitlicher Abstimmung ist die Zwergzikade in der Lage, den Effekt der Superpropulsion zu nutzen.* Gleichmaßen führen Störungen wie beispielsweise das Entfernen der Härchen am Stachel zu einer Schleuderbewegung, die nicht mehr dem Prinzip der Superpropulsion folgt (CHALLITA et al. 2023, 4). Die Forscher gehen davon aus, dass das Schleudern des Tröpfchens unter den entsprechenden Rahmenbe-

dingungen 4- bis 8-mal weniger Energie benötigt als das Ausstoßen in Form eines Wasserstrahles.

Superpropulsion ist in der menschlichen Technik kein unbekanntes Prinzip. Allerdings konnte es im Rahmen dieser Studie zum ersten Mal auch bei einem Lebewesen beobachtet werden. Die Untersuchung könnte zukünftig auch als Inspiration für energieeffiziente technische Anwendungen dienen, wie z. B. bei energieeffizienten Fluidgeräten oder Soft-Robotersystemen. Vielleicht könnte man mittels dieses Prinzips auch eingedrungenes Wasser aus Smartphones entfernen.

Superpropulsion benötigt im technischen Bereich eine präzise Abstimmung von Material, Bewegung und Zeitpunkt, was den planenden Verstand eines Ingenieurs voraussetzt. Daher ist ausgehend von einem genialen Superpropulsions-Mechanismus bei Geschöpfen wie den Zwergzikaden der Rückschluss auf einen intelligenten Schöpfer naheliegend.

[CHALLITA EJ, SEHGAL P, KRUGNER R & BHALLA MS (2023) Droplet superpropulsion in an energetically constrained insect. *Nat. Commun.* 14, 860] S. Willert