

Fossilien widersprechen dem Biogenetischen Grundgesetz

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

Henrik Ullrich

Ernst HAECKELS Biogenetisches Grundgesetz

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

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

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

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

Knochenfische: Systematik und evolutionäre Hypothesen

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

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

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

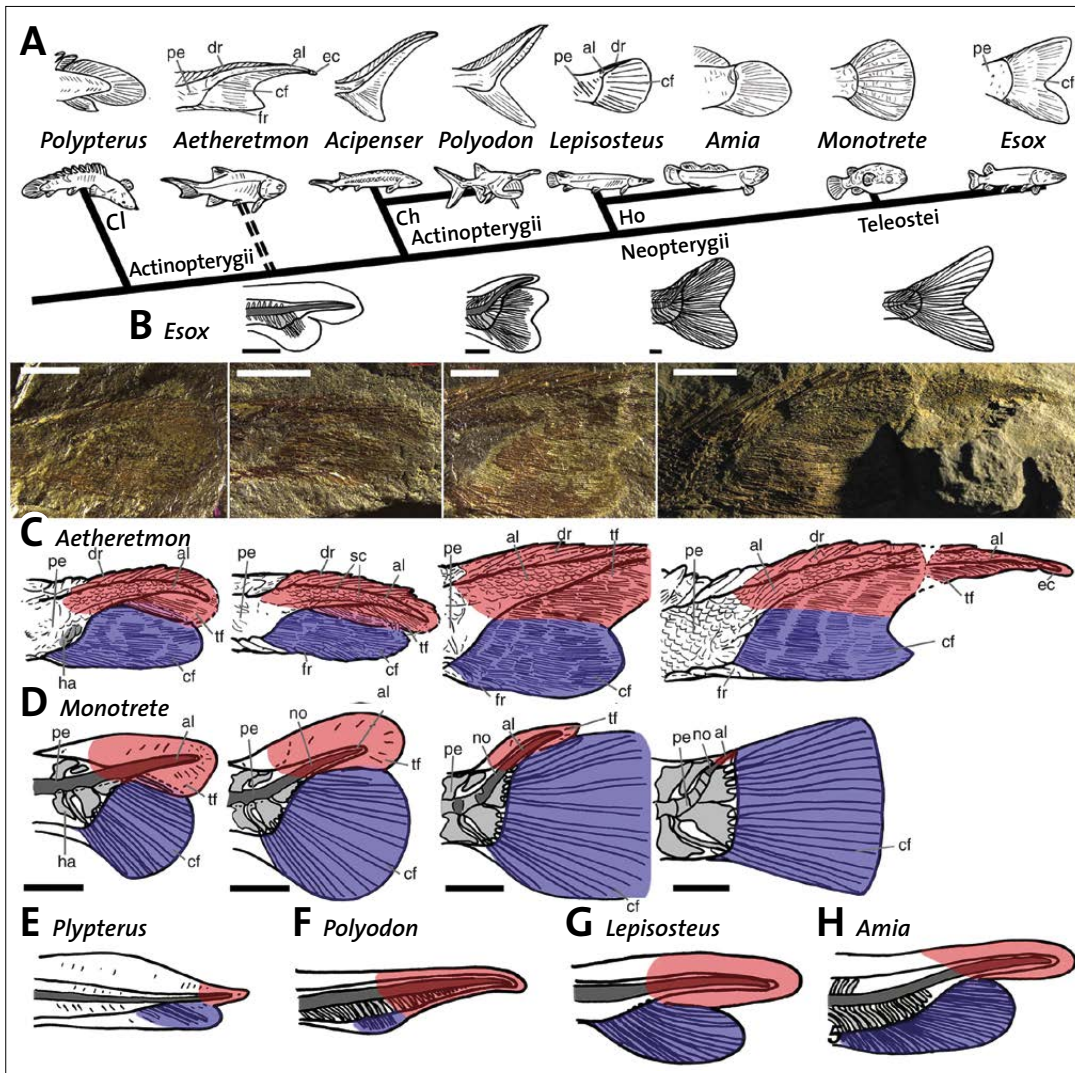


Abb. 1 **A** Schematische Darstellung der hypothetischen Abfolge evolutionärer Entwicklungsschritte der Schwanzentwicklung der Knochenfische. **B** Korrelierend zu A schematische Darstellung der Entwicklung von Schwanzanlagen moderner Fischlarven (*Esox*, Hecht). **C** Fossile Reihe und schematische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

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

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

Der aktuelle ontogenetische Befund

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

Fossile Fischlarven widerlegen HAECKELS Biogenetisches Grundgesetz

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

Glossar

adult: erwachsen, ausgereift, voll entwickelt.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Diskussion

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

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

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

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

Literatur

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

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

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

SALLAN L (2016) Fish 'tails' result from outgrowth and reduction of two separate ancestral tails. Curr. Biol. 26, R1205–R1225.

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

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

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

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

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

Peter Borger

Craig Venter

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

Erbgut-Austausch in einer Mikrobe

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

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