



Abb. 1 Flugunfähiger Galapagos-Kormoran (*Nannopterum harrisi*) auf Isabela, Tagus Cove, beim Trocknen der kurzen Flügel. (Ellen Goff/Danita Delimont, AdobeStock)

tersuchungen wird sich diese Zahl wahrscheinlich noch erhöhen.

Ursprünglich muss der Flugverlust vorteilhaft gewesen sein. Fliegen ist energetisch sehr aufwändig, und wenn aufgrund der Konkurrenzverhältnisse (besonders auf Inseln) die Flugfähigkeit nicht benötigt wird, können durch den Verlust Ressourcen gespart werden. Flugunfähige Vögel sind größer und schwerer als ihre flugfähigen Verwandten und haben oft andere ökologische Nischen erschlossen, die andernorts durch Säugetiere besetzt sind. Mit der Ankunft des Menschen und der durch ihn eingeführten Tiere änderte sich diese Situation jedoch; die flugunfähigen Vögel waren nun deutlich im Nachteil, da sie agilen Jägern nicht gut entkommen können. Es liegt also ein Selektionsdruck zur Re-Etablierung des Fliegens vor.

Neben diesen bedauerlichen ökologischen Konsequenzen ist die Häufigkeit des Flugverlusts aber auch relevant für evolutionstheoretische Fragen. Flugunfähigkeit bei heutigen Arten mit echten Federn wird nämlich immer als sekundär angesehen (CHIAPPE 2002). Ein Weg

zurück zur Flugfähigkeit wurde nie beschritten. Das ist insofern bemerkenswert, als Flugerwerb ursprünglich evolutiv ausgehend von primär flugunfähigen Dinosauriern erfolgt sein soll. Das ist paradox: Ein sehr viel aufwändigerer Um- und Neubau des Flugapparats soll zwar möglich gewesen sein, nicht aber die Wiedererlangung der Flugfähigkeit ausgehend von sekundär flugunfähigen Formen, und das, obwohl dazu aufgrund der großen Artenzahl viele Möglichkeiten dafür bestehen sollten. Außerdem: Wenn Flugfähigkeit energetisch so „teuer“ ist, dass sie anscheinend bei jeder sich bietenden Möglichkeit aufgegeben wurde, ist es auch aus diesem Gesichtspunkt unplausibel, dass Flugfähigkeit jemals *de novo* ausgehend von flugunfähigen Formen entstanden ist – bei sehr viel größerem Aufwand des Neuerwerbs.

Am Rande sei noch angemerkt: Aus der Sicht der Schöpfungslehre könnte man bei einigen flugunfähigen Vögeln eine *primäre* Flugunfähigkeit annehmen, so zum Beispiel bei den Kiwis oder den Pinguinen. Denn diese Formen sind deutlich

gegen andere Vogelgruppen abgegrenzt und mit flugfähigen Arten nicht näher verwandt. Nicht jede Vogelart muss fürs Fliegen erschaffen worden sein.

[CHIAPPE LM (2002) Osteology of the flightless *Patagopteryx deferrariisi* from the Late Cretaceous of Patagonia (Argentina). In: CHIAPPE LM & WITMER LM (eds) Mesozoic birds: Above the heads of dinosaurs. Berkeley, Los Angeles, London: University California Press, pp 281–316 • SAYOL F, STEINBAUER MJ, BLACKBURN TM, ANTONELLI A & FAURBY S (2020) Anthropogenic extinctions conceal widespread evolution of flightlessness in birds. Sci Adv. 6:eabb6095] R. Junker

■ Die Frage nach der Entstehung von Arten

Drei Biologen, Evolutionsbiologen und Populationsgenetiker, haben einen Perspektiv-Beitrag in „Science“ mit der Titelfrage überschrieben: Wie viele genetische Veränderungen sind für die Entstehung neuer Arten erforderlich?“ („How many genetic changes create new species?“; NOSIL, FEDER & GOMPERT 2021). Sie eröffnen den Text mit dem Lehrbuchwissen, dass neue Arten die Vielfalt

der Lebewesen bewirken und deren Neubildung oft evolutiv durch natürliche Selektion verursacht wird. Die folgende Feststellung aber lässt aufhorchen: Wie viele genetische Veränderungen zur Artbildung erforderlich sind, ist weitgehend unbekannt! Die Autoren führen verschiedene, von den Fachleuten diskutierte theoretische Modelle an. Wenn beispielsweise keine geographische Isolation im Spiel ist, erfolgt Artneubildung durch eine kleine Anzahl von Genen, was dem ausgleichenden Effekt durch den Genfluss (Vermischung) entgegenwirkt. Untersuchungen an Insekten und Pflanzen haben aber gezeigt, dass genetische Veränderungen in nur wenigen Bereichen des Genoms oft mit bestimmten Erscheinungsformen (Phänotyp) im Zusammenhang stehen und z. B. bei Schmetterlingen nur zu verschiedenen Morphenen (Flügelmuster-Variationen), nicht aber zu neuen Arten führen. NOSIL et al. führen auch die Buntbarsche (Cichlidae) an, in denen wenige Genbereiche die unterschiedlichen Farbmuster bestimmen. Aber neue Arten entstehen dadurch nicht. Damit meinen sie hier, dass zu einer stabilen, das Genom umfassenden Differenzierung auch eine veränderte Kiefergestalt und Körperform einbezogen werden müssen; dass also viele genetische Bereiche betroffen sind. Am Ende der Diskussion kommen die Autoren zu dem Schluss, dass bei der Artneubildung wenige oder viele Genbereiche involviert sein können; es komme dabei auf die Umstände an.

Die Autoren fügen an, dass noch viel Arbeit zu tun bleibt, um experimentell nach den ursächlichen Effekten der verschiedenen Einflussgrößen der Artbildung zu suchen. Sie äußern die Hoffnung, dass Evolutionsbiologen durch die Vereinigung von Theorie und empirischen Daten eine Möglichkeit haben, die Entstehung neuer Arten besser zu verstehen. NOSIL et al. beschließen ihren Beitrag mit der Feststellung, dass eine grundsätzliche Hauptfrage das Ausmaß betreffe, in dem mikroevolutive Prozesse größere, makroevolutive Muster der Biodiversität erklären können, wie dies bei der

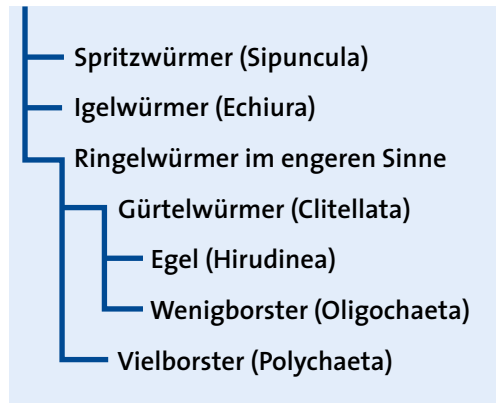
Ausbreitung der Buntbarsche (Cichlidae) beobachtet werden kann.

Zunächst ist es erfrischend zu lesen, wie viel Unwissen hinter etablierten Lehrbuchaussagen stecken kann; das kann zu Freiraum für ein ungebundeneres Nachdenken führen. Für den Autor war der Schlusssatz insofern sehr aufschlussreich, als für die Vielfalt der Familie der Buntbarsche (Cichlidae) auf der chromosomalen Ebene durch die Mendel'schen Gesetze und auf der molekularbiologischen Ebene durch die transponierbaren Elemente durchaus erfolgversprechende Erklärungsansätze vorliegen (CROMPTON 2019). Evolutionsbiologen aber haben noch eine viel größere Aufgabe zu lösen, nämlich wie die Fülle der unterschiedlichsten Baupläne der Lebewesen entstanden sein kann. Verglichen damit sind die Herausforderungen für diejenigen, die von einer Schöpfung ausgehen, bei diesem Thema relativ klein!

[CROMPTON N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 1. Woher kommt die Artenvielfalt? Stud. Integr. J. 26, 86-92 • NOSIL P, FEDER JL & GOMPERT Z (2021) How many genetic chances create new species? Science 371, 777-779] H. Binder

■ Der älteste fossile Ringelwurm mit „modernen“ Merkmalen

Den Tierstamm der Ringelwürmer (Annelida) kennen wir vor allem durch unseren heimischen Regenwurm (*Lumbricus*). Er gehört zur Klasse der Gürtelwürmer (Clitellata) und zur Unterklasse der Wenigbor-



Tab. 1 Systematik der Ringelwürmer (Annelida)

ter (Oligochaeta). Eine zweite, sehr formenreiche Klasse der Ringelwürmer bilden die Vielborster (Polychaeta), die sich durch den Besitz zahlreicher Borsten auszeichnen, die als Stützelemente und Fortbewegungsapparat dienen. Zu den Wenigborstern gehören auch die Egel (Hirudinea). Auch die deutlich artenärmeren Igelwürmer (Echiura) und Spritzwürmer (Sipuncula) gehören zu den Ringelwürmern (Tab. 1). Insgesamt sind die Ringelwürmer ausgesprochen formenreich und umfassen etwa 18.000 Arten.

Die Ringelwürmer gehören zu den zahlreichen Tierstämmen, die fossil seit der sogenannten „kambrischen Explosion“ bekannt sind (vgl. ERWIN & VALENTINE 2013); sie sind ab dem Unterkambrium nachgewiesen. Die meisten kambrischen Formen werden zu den Vielborstern gerechnet und unterscheiden sich deutlich von heutigen Formen (CHEN et al. 2020, 250). Unter den Fossilien der noch älteren Ediacara-Fauna (Präkambrium) konnten keine eindeutigen Ringelwürmer nachgewiesen werden (CHEN et al.



Abb. 1 Rekonstruktion von *Dinnychaeta*. (Aus CHEN et al. 2020; mit freundlicher Genehmigung)