

Hinsichtlich des Schlupfs mittels Ei-Schlitz-Werkzeugen hat sich seit der frühen Kreide nichts Wesentliches verändert.

spricht auch, dass an dem als Holotyp¹ beschriebenen Exemplar eine Maxille noch nicht mit der entsprechenden Mandibel zur Saugzange vereinigt ist, d.h. es ist noch gar kein Beutefang und keine Nahrungsaufnahme möglich. Eizahn-ähnliche Werkzeuge sind unter den Insekten nicht systematisch verteilt. Die gesamte Ordnung der Schmetterlinge (Lepidoptera) scheint auf derartige Werkzeuge zu verzichten, in anderen Gruppen sind sie unregelmäßig verteilt. PÉREZ-DE LA FUENTE et al. (2018) betonen, dass in dem von ihnen beschriebenen Szenario aus frischgeschlüpften Florfliegenlarven mit entsprechend leeren Eihüllen und abgelösten Ei-Schlitz-Werkzeugen ein fossiler Beleg vorliegt für unveränderte Verhaltensweisen innerhalb der Linie der grünen Florfliegen (Chrysopidae). Hinsichtlich des Schlupfs hat sich seit der frühen Kreide daran nichts Wesentliches verändert (sogenannte Stasis). Stasis wird üblicherweise als Hinweis auf langzeitstabile Ökosysteme interpretiert, was aber in diesem Fall für die Florfliegen über den genannten Zeitraum nicht angenommen wird. Stattdessen meinen die Autoren, dass in diesem Fall eine frühe erfolgreiche Entwicklung in späteren Äonen einfach beibehalten wird; im

vorliegenden Fall über 130 Millionen radiometrische Jahre. Jedenfalls liegt hier ein fossiler Befund vor, der zeigt, dass sehr früh komplexe Verhaltensmuster vorliegen, die bis in die Gegenwart nahezu unverändert beibehalten werden. Die hier vorgestellte Arbeit zeigt, dass bei Fossilien und insbesondere bei Inkluden sehr genaue und hochauflösende Untersuchungen lohnend sein können. Es sollte allerdings bei zukünftigen Präparationen darauf geachtet werden, dass der ursprüngliche Fossilzusammenhang vor einer Zerlegung der Stücke dokumentiert wird, da sonst wichtige Informationen irreversibel verloren gehen.

Anmerkung

¹ Ausgewähltes Individuum, an dem die charakteristischen Merkmale einer Art beschrieben werden, anhand des Holotypus werden andere Individuen der Art zugeordnet.

Literatur

- ENGEL MS, WINTERTON SL & BREITKREUZ LCV (2018) Phylogeny and Evolution of Neuropterida: Where have wings of Lace taken us? *Ann. Rev. Entomol.* 63, 531–551.
- PÉREZ-DE LA FUENTE R, PENALVER E, AZAR D & ENGEL MS (2018a) A soil-carrying lacewing larva in Early Cretaceous Lebanese amber. *Sci. Reports* 8, 16663.
- PÉREZ-DE LA FUENTE R, ENGEL MS, AZAR D & PENALVER E (2018b) The hatching mechanism of 130-million-year-old insects: an association of neonates, egg shells and egg burster in Lebanese amber. *Palaeontology* 1–13.

Überraschende genetische Engpässe

Hinweis auf eine globale Dezimierung der Tierwelt?

Zwei bemerkenswerte Veröffentlichungen vom Juni 2018 liefern Befunde, die auf einen Populationsengpass des Menschen bzw. eines Großteils der Tierwelt schließen lassen. Die Daten erlauben die Deutung, dass fast alle heute existierenden Tierarten etwa zur gleichen Zeit entstanden sind.

Peer Terborg

Im Juni 2018 erschienen zwei bemerkenswerte Arbeiten fast gleichzeitig in der wissenschaftlichen Literatur. Sie erregten weltweite Medienaufmerksamkeit, weil sie sich auf die Herkunft des Menschen und der Tierwelt beziehen. Zum einen machten Wissenschaftler eine seltsame Entdeckung am Y-Chromosom des Menschen, also dem männlichen Geschlechtschromosom. Und zum anderen fanden andere Forscher heraus, dass aufgrund genetischer Ähnlichkeiten des mitochondrialen Genoms* fast alle modernen

Tierarten etwa zur gleichen Zeit entstanden sein könnten, zu der der moderne Mensch erschien.

Entdeckungen am Y-Chromosom

Aus der ersten Entdeckung geht hervor, dass es vor nicht allzu langer Zeit einen genetischen Engpass des Y-Chromosoms* des Menschen gegeben haben muss (ZENG 2018). Zum Verständnis muss kurz ausgeholt werden: Im Jahr 2005

Glossar

Expression: Ablesen bzw. Nutzung von DNA.

Exogamie: eine soziale Vereinbarung, bei der die Ehe nur außerhalb einer sozialen Gruppe erlaubt ist.

homophil: hier gemeint: gleichartige, ähnliche Menschen bevorzugend.

interdemisch: zwischen den Gruppen.

Mitochondrien und mitochondriale DNA: Mitochondrien sind subzelluläre Organellen, die in allen Zellen von Tieren und Pflanzen vorkommen. Sie spielen eine wichtige Rolle im Energiemanagement, da sie die Zellen mit biochemischem Brennstoff versorgen. Interessanterweise besitzen sie eine kleine kreisförmige DNA, die die Information für etwa zwanzig Gene enthält; sie wird als mitochondriale (mt) DNA bezeichnet. Anhand von Mutationen, die darin auftreten können, können Wissenschaftler berechnen, wann die ursprünglichen Vorfahren der

untersuchten Tiergruppe gelebt haben müssen.

miRNA: MicroRNA (miRNA) sind kleine einzelsträngige RNA-Moleküle, die aus ca. 22 Nukleotiden bestehen und nachweislich die → Expression von Genen regulieren, entweder durch Blockierung der Translation oder durch Abbau ausgewählter mRNA-Stränge. Typischerweise reguliert jede Art von miRNA die Expression von Hunderten von verschiedenen mRNA. Sie sind im Genom als RNA-Gene kodiert.

patrilineal: Abstammung durch die männliche Linie.

Populationsgenetik: Teilgebiet der Genetik, das sich mit genetischen Unterschieden innerhalb und zwischen Populationen beschäftigt.

Y-Chromosom: Geschlechtschromosom, das normalerweise nur in männlichen Zellen vorhanden ist.

Abb. 1 Anschauliche Darstellung der Folgen eines Populationsengpasses. Die starke Reduktion betrifft hier die Sequenzunterschiede in der mtDNA. Dennoch kann in der neu wachsenden Population ein erhebliches phänotypisches Potenzial durch Mutationsmechanismen, wie die Aktivität von Transposons, vorliegen.

wurde das komplette Genom des Menschen, also alle Chromosomen, entschlüsselt – eine enorme Leistung. Das bedeutet: Alle 23 Chromosomen wurden von Anfang bis Ende sequenziert, d.h. die Abfolge aller DNA-Buchstaben, mit denen die Gene geschrieben sind, wurden genau bestimmt und alle Gene, die auf der DNA der Chromosomen vorhanden waren, lokalisiert. Der Mensch kann seither seine eigene DNA-Information lesen, mehr als drei Milliarden DNA-Buchstaben!

Schon damals stellte sich heraus, dass das Y-Chromosom, das nur über die männliche Linie

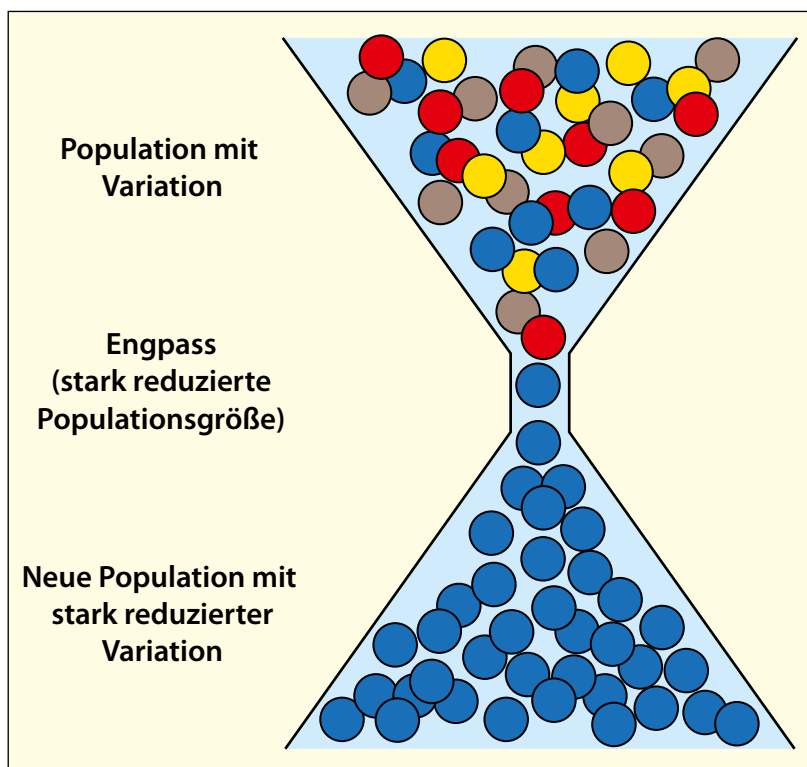
Das Fehlen von fast jeglicher Variation des Y-Chromosoms weist auf einen nicht lange zurückliegenden genetischen Engpass hin.

übertragen wird, sehr speziell war, da es praktisch keine innerartliche Variation zeigte. Das war bemerkenswert, denn alle anderen Chromosomen sind durch erhebliche Variation innerhalb der Menschheit gekennzeichnet. Anthropologen und Biologen waren erstaunt, denn das Fehlen von fast jeglicher Variation des Y-Chromosoms weist eindeutig auf einen nicht lange zurückliegenden genetischen Engpass und somit auf eine extrem schnelle Verbreitung der Menschheit auf der ganzen Welt hin. Da diese genetischen Ergebnisse im Einklang mit dem stehen, was im 1. Buch Mose (Buch Genesis) über die Entstehung des Menschen geschildert wird, kam der Begriff „Y-chromosomal Adam“ in Umlauf – was aber nur sinnbildlich verstanden werden sollte. Denn in der heutigen Wissenschaft ist eine Bezugnahme auf einen Schöpfer bzw. auf eine Schöpfung nicht erlaubt, auch nicht in Fragen der Entstehung und Geschichte. Daher wird eine Erklärung für den „Y-chromosomal Adam“ ohne Bezugnahme auf Schöpfung gesucht.

Forscher der Stanford University schlagen als Erklärung vor, dass das Y-Chromosom keine Variation hat, weil die Männer nach Generationen von Kriegen zwischen patrilinealen* Clans, deren Mitgliedschaft von männlichen Vorfahren bestimmt wurde, dezimiert wurden (ZENG et al. 2018). Die Forscher weisen darauf hin, dass sich zu dieser Zeit die sozialen Strukturen der menschlichen Gesellschaften veränderten. Nach Beginn der Land- und Viehwirtschaft seien die Gesellschaften zunehmend um ausgedehnte Verwandtschaftsgruppen organisiert gewesen.¹

Mit anderen Worten, da alle Männer durch männliche Vorfahren verwandt waren, besaßen sie alle das gleiche Y-Chromosom. Diese Situation bezieht sich natürlich nur auf jeweils einen Clan, und es kann immer noch große Unterschiede zwischen den Clans geben. Da solche Unterschiede zwischen den Clans aber im Y-Chromosom nicht anzutreffen sind, vermuten die Forscher, dass Kriege, in denen ganze Clans ausgelöscht wurden, dazu führten, dass nur noch ein Clan mit einem bestimmten Y-Chromosom übrig blieb. Mit Hilfe von Computermodellen können die Wissenschaftler diese Geschichte plausibel darstellen. Dennoch wird hier reichlich spekulativ das Selektionsprinzip als Kampf ums Dasein mit tödlicher Gewalt auf hypothetische frühe Gesellschaften angewendet.

Interessanterweise ist das verwendete Computermodell sehr ähnlich dem Modell zweier amerikanischer Wissenschaftler, die 2016 ein



Genesis-basiertes Computermodell erstellt haben, das eine Konstellation vorhersagte, die bei Annahme einer Schöpfung und einer weltweiten Sintflut zu erwarten wäre, bei der die Weltbevölkerung auf acht Menschen dezimiert worden ist und wobei sich nur drei Paare fortpflanzten und die drei Männer Brüder sind (CARTER & POWELL 2016). Dieses Modell spiegelt die modernen Erkenntnisse der Populationsgenetik* sehr gut wider und zeigt, dass eine Deutung der Befunde im Rahmen der biblischen Urgeschichte erstaunlich gut gelingt.

Genetischer Engpass bei der mitochondrialen DNA

Die zweite Untersuchung handelt von *DNA-Barcoding*, einer taxonomischen Methode, die einen kurzen genetischen Marker in der DNA eines Organismus verwendet, um ihn als zu einer bestimmten Spezies zugehörig zu identifizieren. Die mit dieser Methode gewonnenen Daten zeigen, dass fast alle heute lebenden Tierarten vor nicht allzu langer Zeit einen genetischen Engpass durchliefen, und zwar etwa zur gleichen Zeit wie die Menschen (STOECKLE & THALER 2018). Dieser außergewöhnliche genetische Befund wurde von einem Team von Wissenschaftlern publiziert, das die mitochondriale DNA von etwa 100.000 modernen Tieren, die alle heutigen Taxa repräsentieren, untersuchte. Für den Menschen war bereits nachgewiesen worden, dass die Variation der mitochondrialen DNA (mtDNA) einen letzten gemeinsamen Vorfahren ergibt, der nicht mehr als 100.000–200.000 Jahre zurückreicht (INGMAN et al. 2001). Populär ausgedrückt, lebte daher einst eine „mitochondriale Eva“, von der heute alle Frauen abstammen. („Mitochondriale Eva“, weil die mtDNA durch Frauen vererbt werden kann.)

Auch hier ist der Bezug auf die biblische Eva nur sinnbildlich gemeint. Nach der evolutionären Interpretation gab es nie eine einzige Urfrau², sondern viele, und nur von einer von ihnen wurden die Mitochondrien weitergegeben, während alle anderen mtDNA-Linien nicht weiter vererbt wurden (Abb. 2). Es stellte sich nun heraus, dass man mit der mitochondrialen DNA der heute lebenden Tiere mit den gleichen Berechnungen ebenfalls nicht mehr als 100.000–200.000 Jahre zurückgehen kann. GIBSON (2018) kommentiert: „Dies sollte nicht als Beweis für eine rezente Schöpfung angesehen werden, denn es ist unvermeidlich, dass alle Mitglieder einer Bevölkerung irgendwann in der Vergangenheit einen gemeinsamen Vorfahren haben, auch wenn dieser gemeinsame Vorfahre nur ein Mitglied einer großen Gruppe war. Es ist jedoch interessant festzustellen, dass man für

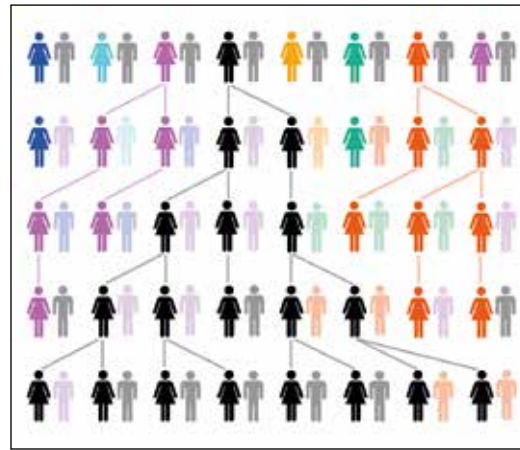


Abb. 2 Schematisierte Darstellung der gängigen Erklärung für die Beobachtung, dass alle Frauen auf eine Urmutter zurückzuführen seien. Nur die schwarz dargestellte mtDNA-Linie wurde bis heute von Mutter zu Kind weitergegeben. Alle anderen mtDNA-Linien sind im Laufe der Zeit ausgestorben. Dennoch sind die Daten mit einer Urmutter „Eva“ kompatibel.

ein Datum für eine ‚mitochondriale Eva‘ argumentieren kann, das ungefähr mit der biblischen Zeitskala übereinstimmt.“

Ein weiteres wichtiges Ergebnis der Autoren ist die genetische Diskontinuität zwischen den Arten. Im Gegensatz zu den geringen Variationen zwischen den Individuen einer Art sind die Sequenzunterschiede zwischen den Arten viel größer. STOECKLE & THALER schreiben: „Das Gruppieren von Barcodes hat zwei gleich wichtige Merkmale. 1. Die Varianz innerhalb der Gruppen ist gering und 2. die Sequenzlücke zwischen den Gruppen ist leer, d.h. Zwischenprodukte werden nicht gefunden.“

Laut einem Kommentar (LUI 2018) ist dies nicht verwunderlich, da ein Barcode zur Unterscheidung von Arten entwickelt wurde. Das im Barcodierungsprozess verwendete mtDNA-Gen wäre bei Sequenz-Überschneidungen zwischen den Arten nicht erfolgreich gewesen. Dennoch haben STOECKLE & THALER einen guten Grund, diese Diskontinuität zu betonen, denn die molekulare Phylogenie wurde entwickelt, um Ähnlichkeiten und Unterschiede zwischen Organismen zu quantifizieren, und es wurde mit Daten dieser Art immer der Eindruck erweckt, dass Unterschiede zwischen Taxa nur quantitativ sind (LUI 2018). Die jüngste Entdeckung von Tausenden von artspezifischen miRNA-Genen* stellt nicht nur diese Ansicht in Frage, sondern legt auch nahe, dass der Unterschied zwischen Arten (z.B. Schimpanse und Mensch) in der Erbinformation qualitativer Natur ist. Und jetzt zeigen STOECKLE & THALER, dass auch mitochondriale genomische Variationen durch enge Grenzen beschränkt sind. Mit anderen Worten, die Lücken zwischen den Arten sind real.

Für die Autoren könnte das Aussterben die Erklärung für die Lücken sein. Sie erwähnen VAN VALEN's *Law of Extinction*, das besagt, dass alle Gruppen, für die Daten existieren, mit einer für eine bestimmte Gruppe konstanten Rate aussterben (VAN VALEN 1973). Da dieses Gesetz postuliert, dass verschiedene Taxa mit unterschiedlichen Raten aussterben, kann es jedoch

nicht erklären, warum 90 % der existierenden Tierarten ein vergleichbares mitochondriales Alter haben und fast zeitgleich mit dem Menschen einen Flaschenhals durchlaufen haben müssten. Die Forscher vermuten, dass es ein Ereignis gegeben haben könnte, das eine große Umweltkatastrophe verursachte, sodass die meisten Arten auf der Erde dezimiert wurden. Was genau die Ursache dafür gewesen sein könnte, ist unklar, da zum Zeitpunkt der berechneten Engpässe keine Aussterbeereignisse bekannt sind. Die Autoren kommentieren: „Es ist nicht sicher, ob verschiedene Prozesse zu einem ähnlichen Ergebnis im gesamten Tierreich geführt haben oder ob ein einzelner durchgehender Prozess ausreichen würde. Occams Rasiermesser, das Prinzip der Sparsamkeit, legt nahe, dass eine einzige Erklärung in Betracht gezogen werden sollte.“

Es könnte ein Ereignis gegeben haben, das eine große Umweltkatastrophe verursachte, sodass die meisten Arten auf der Erde dezimiert wurden.

In einem Interview (ARCE 2018) bekennt einer der Forscher, dass er sich letzterer Schlussfolgerung immer vehement widersetzt hat. Noch 2014 veröffentlichten die gleichen Autoren einen Artikel, in dem sie gegen die Idee eines einzigen durchgehenden Prozesses argumentierten (STOECKLE & THALER 2014): „Wenn Engpässe die Variation begrenzen, dann impliziert eine universelle niedrige Schwelle, dass die Populationen aller Arten erst vor kurzer Zeit zusammenbrachen. Dies erscheint unwahrscheinlich – fast wie eine *Arche-Noah-Hypothese* –, obwohl vielleicht langfristige Klimazyklen zu weit verbreiteten periodischen Engpässen führen könnten.“

Obwohl STOECKLE & THALER mehrere Modelle diskutierten, wie das beobachtete Muster zustande gekommen sein könnte, sprechen sie sich eindeutig für Engpässe als schnellsten Weg aus, um die beobachtete genetische Uniformität zu erreichen. In einer persönlichen E-Mail schrieb einer der Forscher (der keineswegs dem Grundtypkonzept nahesteht): „Der Text [unseres Manuskripts] berücksichtigt mehrere verschiedene Erklärungen, Modelle und Ideen. Jeder kann seine eigenen neuen machen. [...] Um die Daten auf die theorieunabhängigste Weise zu untersuchen, schlage ich dies vor: Ignorieren Sie den Text. Konzentrieren Sie sich auf die Abbildungen und lesen Sie daraus, was diese sagen.“ Ausgehend von diesem Ratschlag finden wir Gruppen von Organismen (Arten), die von schöpferungsorientierten Wissenschaftlern als Grundtypen interpretiert werden könnten.

Die vorgestellten Ergebnisse aus der aktuellen Forschung – die mitochondriale Eva, der Y-Chromosom-Adam und die Arche-Noah-Hypothese – sind in gewisser Weise in erstaunlicher Harmonie mit der biblischen Schöpfungserzählung, wie sie im Buch Genesis überliefert ist.

Anmerkungen

- ¹ Die Idee ist, dass in solchen Gruppen „kulturell übertragene Verwandtschaftsideale und -normen zu homophiler* Sortierung führen können und den Genfluss zwischen den Gruppen einschränken, wodurch homogene Gruppen entstehen, die sich stark voneinander unterscheiden. Patrilineale Verwandtschaftsgruppen, deren männliche Gruppenmitglieder von einem gemeinsamen männlichen Vorfahren abstammen, würden einen solchen Effekt nur auf Y-Chromosomen hervorrufen, da patrilineale Verwandtschaftsgruppen im Allgemeinen mit weiblicher Exogamie* koexistieren, was die mitochondrialen Genpools verschiedener Gruppen homogenisieren würde“ (ZENG et al. 2018).
- ² Es sei darauf hingewiesen, dass die Altersberechnung der mitochondrialen Eva nicht unabhängig erfolgt, sondern dadurch, dass die mitochondriale DNA eines Schimpansen in die Berechnungen einbezogen und angenommen wird, dass sich Mensch und Schimpanse vor 6 Millionen Jahren evolutiv abgespalten haben. Ohne diesen Vergleich kann man modellmäßig kalkulieren, dass die mitochondriale Eva vor nicht mehr als 10.000 Jahren gelebt hat.

Quellen

- ARCE N (2018) Massive genetic study reveals 90 Percent of earth's animals appeared at the same time. Tech Times 2018, 30 Mai. <http://www.techtimes.com/articles/228798/20180530/massive-genetic-study-reveals-90-percent-of-earth-s-animals-appeared-at-the-same-time.htm>
- CARTER RW & POWELL M (2016) The genetic effects of the population bottleneck associated with the Genesis Flood. J. Creation 30, 104–111.
- GIBSON LJ (2018) Questioning the age of „Mitochondrial Eve?“ <https://www.grisda.org/biparental-inheritance-of-mitochondrial-dna-in-humans>
- INGMAN M, KAESMANN H, PÄÄBO S & GYLLENSTEN U (2000) Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. Nature 408,708–713.
- LUI Y (2018) DNA barcodes show gap between species and support recent bottleneck. J. Creation 32, 7–9.
- STOECKLE MY & THALER DS (2018) Why should mitochondria define species? Human Evolution 33(n1-2); doi:10.14673/HE2018121037 <https://phe.rockefeller.edu/news/wp-content/uploads/2018/05/Stoeckle-Thaler-Final-reduced.pdf>
- STOECKLE MY & THALER DS (2014) DNA barcoding works in practice but not in (neutral) theory. PLoS One 9(7):e100755. <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0100755>
- VAN VALEN L (1973) A new evolutionary law. Evol. Theory 1, 1–30.
- ZENG TC, AW AJ & FELDMAN MW (2018) Cultural hitchhiking and competition between patrilineal kin groups explain the post-Neolithic Y-chromosome bottleneck. Nat. Comm. 9:2077. <https://www.nature.com/articles/s41467-018-04375-6>.