

Evolution „erklärt“ Sachverhalte und ihr Gegenteil

Häufig wird behauptet, dass es keine Befunde gebe, die eine Evolution der Lebewesen in Frage stellen. Andererseits werden im Rahmen der Evolutionsforschung immer wieder „überraschende Befunde“ oder ungelöste Fragen konstatiert. Dabei handelt es sich nicht um spezielle Details, sondern um grundlegende Fragen und systematische Befunde. Wie ist dieses Paradox zu erklären?

Reinhard Junker

Einleitung

„Noch nie wurde ein Phänomen in der organischen Natur entdeckt, das nicht im Rahmen der modernen, synthetischen Theorie der Evolution interpretiert werden kann.“ Diesen Satz formulierte der berühmte Ornithologie und Evolutionsbiologie Ernst MAYR (1904–2004), der auch „Darwin des 20. Jahrhunderts“ genannt wurde, anlässlich des 100-jährigen Jubiläums der Veröffentlichung von Charles DARWINs Buch „Über den Ursprung der Arten“ (MAYR 1959). In einem seiner letzten Werke bekräftigte MAYR diese Einschätzung: „Evolution ist der wichtigste Begriff in der gesamten Biologie. Es

gibt in diesem Fachgebiet keine einzige Frage, die sich ohne Berücksichtigung der Evolution angemessen beantworten ließe“ (MAYR 2003, 14). Sinngemäß finden sich solche Sätze häufig in evolutionstheoretischer Literatur, besonders in Lehrbüchern oder zusammenfassenden Darstellungen. Zwei Beispiele sollen dies illustrieren: „Every bit of information we have gathered about nature is consistent with the theory of evolution“ (COYNE 2006, 6). „There hasn't been a single, notable scientific discovery in the last 150 years to challenge the general evolutionary approach“ (JORDAN 2008, 536).

Solche Einschätzungen sind erstaunlich, umfasst der evolutionstheoretische Ansatz doch eine Fülle von Teilaspekten und viele Hypothesen, deren Gegenstand die unübersehbare Zahl von Lebensformen ist. Andererseits konstatieren Evolutionsforscher nicht selten, dass überraschende Befunde gemacht werden, die bisherige Hypothesen in Frage stellen oder gar widerlegen. Oder es wird die Feststellung gemacht, dass wichtige Fragen insbesondere zu den Mechanismen der Makroevolution noch auf eine Antwort warten (siehe Kasten). Überraschende Befunde, ungelöste Fragen – trotzdem kein „Bit von Information“, das im Widerspruch mit der Evolution steht? Wie passt das zusammen?

Der Widerspruch erklärt sich daraus, dass mit „Evolution“ nicht immer dasselbe gemeint ist. Wenn behauptet wird, es sei noch nie ein widersprechender Befund bekannt geworden, ist mit „Evolution“ der weltanschauliche Grundansatz gemeint, Evolution als Rahmenparadigma, das grundsätzlich gar nicht zur Disposition steht. „Evolution“ wird hier – meist ohne das entsprechende zu kennzeichnen – im Sinne einer

Kompakt

Einer der meistzitierten Sätze im Zusammenhang mit der Evolutionslehre ist Th. DOBZHANSKYs „Nichts in der Biologie macht Sinn, es sei denn im Licht der Evolution.“ Es gibt jedoch eine Reihe von *systematischen* Befunden, die bisherige evolutionstheoretische Vorstellungen in Frage gestellt haben und manche Forscher motivieren, neue evolutionstheoretische Ansätze zu entwickeln. Außerdem räumt eine ganze Reihe von Biologen ein, dass wesentliche Fragen der Evolutionsforschung unbeantwortet seien. Wie kommt es zu dieser paradoxen Situation?

In diesem Artikel werden einige Beispiele von *regelmäßig auftretenden* Befunden analysiert, die evolutionstheoretischen Erwartungen nicht entsprochen haben, ohne dass dies zu grundlegenden Anfragen an das Evolutionsparadigma geführt hätte. Vielmehr erweist sich dieses als so flexibel, dass auch gegensätzliche Befunde ins Paradigma integriert werden können. Diese Situation kann nur dadurch erklärt werden, dass „Evolution“ als weltanschaulicher Grundansatz fungiert, als Rahmenparadigma, das grundsätzlich gar nicht zur Disposition steht. „Evolution“ wird – meist ohne entsprechende Kennzeichnung – im Sinne einer Leitidee oder als konzeptionelle Vorgabe *a priori* für die Forschung genutzt. Realhistorische Verwandtschaft aller Lebewesen und die Annahme, dass Evolution ausschließlich durch natürliche Prozesse erfolgt, sind Konstanten, die nicht zur Disposition gestellt werden. Konkurrenz ist in diesen Punkten nicht zugelassen. Wenn aber „natürliche Evolution“ eine Art *Vorschrift* darstellt, welchen Ansatz man in den Ursprungsfragen verfolgen müsse, ist das Ergebnis zwar nicht in den Details, aber im Grundsatz vorprogrammiert.

„Evolution“ kann ganz Verschiedenes bedeuten: von einer quasi-dogmatischen Leitidee bis zu einer falsifizierbaren konkreten Hypothese.

Leitidee oder als konzeptionelle Vorgabe *a priori* für die Forschung genutzt (ULLRICH 2010). Diese beinhaltet: Realhistorische Verwandtschaft aller Lebewesen (Deszendenz, alle Arten stammen letztlich von ersten einzelligen Lebewesen ab) und ausschließlich natürliche Prozesse als Ursachen für den Artenwandel.

Als Leitidee kann „Evolution“ gar nicht widerlegt werden. Prägnant bringen das die Lehrbuchautoren ZRZAVY, STORCH und MIHULKA zum Ausdruck, wenn sie über offene Fragen zur Evolution schreiben: „Wir wissen es nicht, wir haben keine Ahnung. Wir wissen nur, dass der Darwinismus in der Lage ist, alles zu erklären, und letztendlich irgendeine Erklärung bieten wird, wenn wir das Phänomen wirklich unter die Lupe nehmen würden“ (ZRZAVY et al. 2009, 439).

Widerlegt werden können konkrete Hypothesen, nicht aber Leitideen; diese können sich allenfalls ganz oder teilweise als unfruchtbar erweisen. Die Rede, dass nichts gegen Evolution spreche, heißt übersetzt, dass „Evolution“ einer dogmatischen Vorgabe gleicht, bis hin zu einem quasireligiösen Gebrauch dieses Begriffes (vgl. ULLRICH 2010, 81). Im Folgenden soll das anhand einiger Beispiele aus der Forschungsgeschichte illustriert werden. Nicht nur für die Diskussion um Schöpfung und Evolution ist es dabei notwendig, beim Gebrauch des Begriffes „Evolution“ und bei der Interpretation wissenschaftlicher Daten klar zu kennzeichnen, was genau gemeint ist.

In den Fällen dagegen, wo von „überraschenden Befunden“ oder ungelösten Fragen die Rede ist, wird „Evolution“ im Sinne spezieller evolutionärer Hypothesen verwendet, z. B. Hypothesen über Mechanismen oder konkrete Abläufe der postulierten Evolution. Wenn neue Befunde bisherigen Hypothesen widersprechen, werden diese durchaus modifiziert oder gar aufgegeben. Beispielsweise wurde bei einigen Organismengruppen die Idee von einem Stammbaum des Lebens in wesentlichen Teilen verworfen und es werden Quervernetzungen angenommen (DOOLITTLE 1999) – ohne jedoch „Evolution“ als konzeptionelle Vorgabe aufzugeben. Im Bild gesprochen: Das Gerüst steht, aber es kann unter Umständen kräftig umgebaut werden.

Es sei angemerkt, dass zahlreiche Befunde die Annahme einer generellen Evolution stützen. Bei den nachfolgend geschilderten Beispielen, bei denen das nicht der Fall ist, handelt es nicht um spezielle Einzelfälle, sondern um *generelle Sachverhalte*, denen daher ein erhebliches Gewicht in einer Gesamtbewertung zukommt.

Statements zur Entstehung evolutionärer Neuheiten

„Given its importance and pervasiveness, the processes underlying evolutionary innovation are, however, remarkably poorly understood, which leaves us at a surprising conundrum: while biologists have made great progress over the past century and a half in understanding how existing traits diversify, we have made relatively little progress in understanding how novel traits come into being in the first place“ (MOCZEK 2008, 432).

„One of biology’s most significant unresolved issues is to understand how novel, complex phenotypes originate, both developmentally and evolutionarily“ (LEDON-RETTIG et al. 2008, 316),

„The skeletal architecture of vertebrates is widely divergent, yet the basis for change in gross skeletal morphology remains almost entirely unknown“ (RUDEL & SOMMER 2003, 21).

„This work is difficult and time consuming, but the question at its core – the genetic origin of new and complex traits –

is probably still one of the most pertinent and fundamental unanswered questions in evolution today“ (MONTEIRO & PODLAHA 2009, 215).

„Although animals display a rich variety of shapes and patterns, the genetic changes that explain how complex forms arise are still unclear“ (MARTIN et al. 2012, 12632).

„The origin and diversification of novel traits is one of the most exciting unresolved issues in evolutionary developmental biology“ (SAENKO et al. 2011, 1).

„How body pattern evolves in nature remains largely unknown“ (CLEVES et al. 2014, 13912).

„The explanation for adaptation is natural selection. We are not yet sure what the explanation for novelties is. ... I suspect that the origin of novelties also requires natural selection as well as additional mechanisms, but what they are will have to be determined by more empirical research“ (WAGNER 2014, 125).

Der Baum des Lebens

Für DARWIN war das eingeschachtelte System der Lebewesen (Abb. 1) nur durch gemeinsame Abstammung zu erklären. Er stellt fest, wir hätten „viele von einem einzigen Vorfahren abstammende Arten zu Gattungen gruppiert, diese zu Unterfamilien, Familien, Ordnungen – alle zu einer großen Klasse gehörend“ (DARWIN 1859, 458). Durch gemeinsame Abstammung sei „die große naturgeschichtliche Tatsache zu erklären, dass Gruppen wieder anderen Gruppen untergeordnet sind, was uns nur deshalb nicht überrascht, weil wir daran gewöhnt sind“ (S. 458f.).¹

In vielen Lehrbüchern wird darauf hingewiesen, dass die mutmaßliche allgemeine Evolution des Lebens ein „natürliches System“ der Lebewesen in einer Verzweigungs- bzw. Baumdarstellung begründe. Gemeinsame Merkmale seien Erbe eines gemeinsamen Vorfahren und die Abstufung der Ähnlichkeiten der Lebewesen Ausdruck

Abb. 1 Ordnung der Lebewesen in einem hierarchischen, enkapslierten System, am Beispiel von Riesengleithörnchen (*Petaurista petaurista*), Eichhörnchen (*Sciurus vulgaris*) und Wolf (*Canis lupus*). (Nach PETERS & GUTMANN 1971)

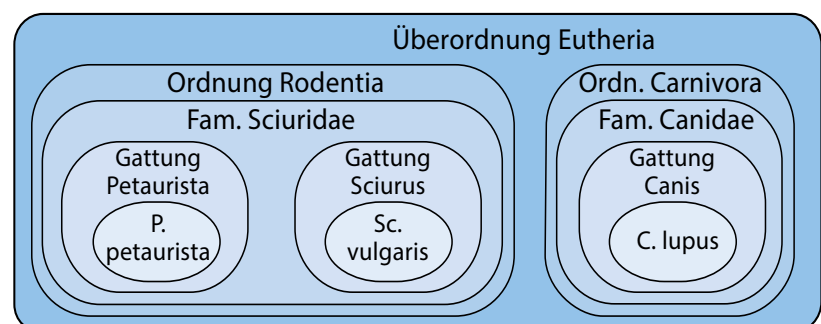
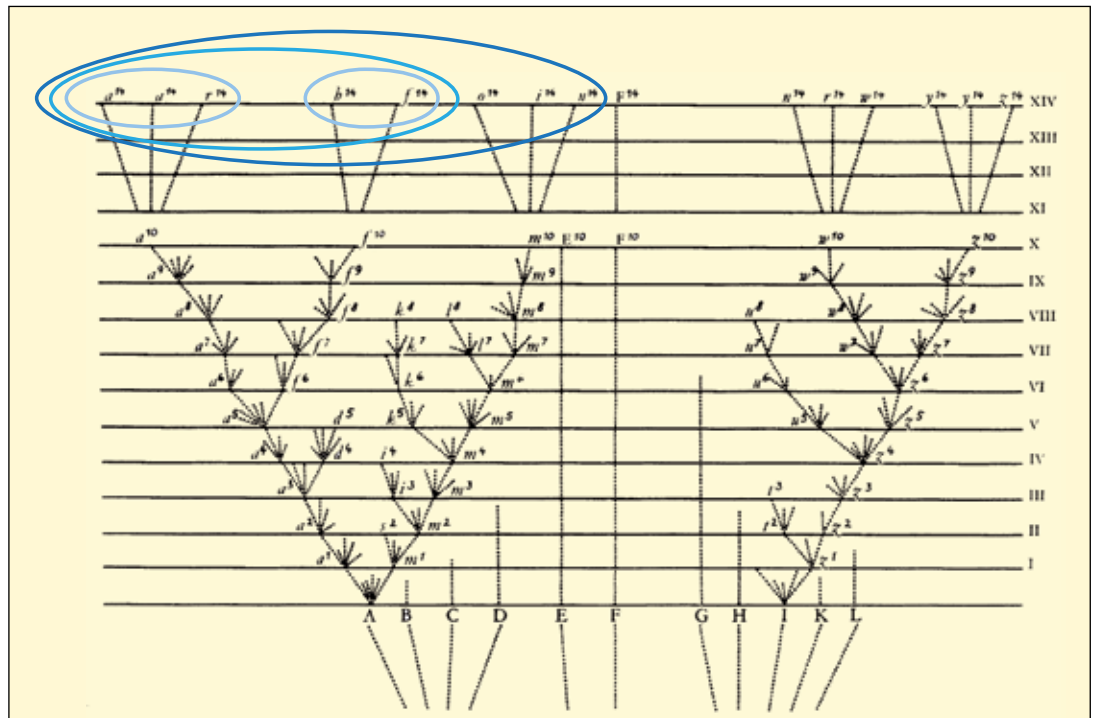


Abb. 2 DARWIN'S Stammbaum, die einzige Illustration in „Origin of Species“. Fortgesetzte Aufzweigungen und zunehmende Verschiedenartigkeit ergeben ein enkaptisches System; vgl. Abb. 1. (Aus DARWIN 1859, mit Ergänzung)



unterschiedlich weit zurückliegender Aufspaltungen. Ein „Baum des Lebens“ mache diese Situation verständlich (vgl. Abb. 2).

Nun ist aber schon lange bekannt, dass sich nicht alle Ähnlichkeiten der Lebewesen widerspruchsfrei in ein Baumschema einfügen lassen. Es zeigt sich vielmehr zunehmend, dass die Merkmale bei verschiedenen Taxa häufig dergestalt widersprüchlich verteilt sind, dass verschiedene Merkmale unterschiedliche Baumschemata begründen würden (Abb. 3). Man kommt in solchen Fällen nicht umhin, eine mindestens zweimalige *unabhängige* Entstehung baugleicher Merkmale annehmen zu müssen, und spricht in solchen Fällen von Konvergenzen.² Die Phylogenetiker* müssen sich daher mit dem sogenannten „Sparsamkeitsprinzip“ behelfen, wonach die Zahl der anzunehmenden Konvergenzen minimiert werden soll. Der Baum mit der geringsten Anzahl an Merkmalsänderungen gilt als wahrscheinlichste phylogenetische* Hypothese. Das macht Sinn, wenn man Konvergenzen als etwas eher Unwahrscheinliches ansieht. Doch wir werden sehen, dass diese Voraussetzung nicht mehr unangefochten ist.

Es wurde zwar eine Reihe von Kriterien vorgeschlagen, wie man homologe* (abstammungsbedingte) von konvergenten Ähnlichkeiten unterscheiden kann, es hat sich aber gezeigt, dass es dafür kein objektives Kriterium gibt. Das äußert sich zum Beispiel darin, dass neue Fossilfunde schon fast regelmäßig zu Änderungen von Cladogrammen* bzw. Abstammungshypothesen führen, was gleichbedeutend damit ist, dass einige zuvor als homolog interpretierte Merkmale zu Konvergenzen werden und umgekehrt, weil das sparsamste Cladogramm entsprechende Um-

bauten und Neuinterpretationen erfordert. Auf diese Weise wurde vor einigen Jahren aufgrund des Fundes der neuen fossilen Gattung *Xiaotingia* der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* gleichsam degradiert und aus der Linie, die zu den Vögeln führt, herausgenommen (XU et al. 2011), später aber wieder in diese Stellung eingesetzt (LEE & WORTHY 2011; GODEFROIT et al. 2013).

Natürlich können Cladogramme (als Phylogramme interpretiert) anhand neuer Daten geprüft und ggf. abgeändert werden. Das gilt aber nicht für die zugrundeliegende Evolutionsanschauung. Es können völlig unerwartete Merkmalskombinationen auftreten – ein Cladogramm kann immer erstellt werden; notfalls mit sehr vielen Konvergenzen. Zwei Beispiele aus der aktuellen Forschung – die Theropodengattungen *Zhenyuanlong* und *Chilesaurus* mit Mosaikmerkmalen – beschreiben LÜ & BRUSATTE (2015) und NOVAS et al. (2015); Beispiele dieser Art sind Legion.

Mit Evolution als Grundansatz sind sehr unterschiedliche, vielleicht sogar beliebige Merkmalsverteilungen vereinbar.

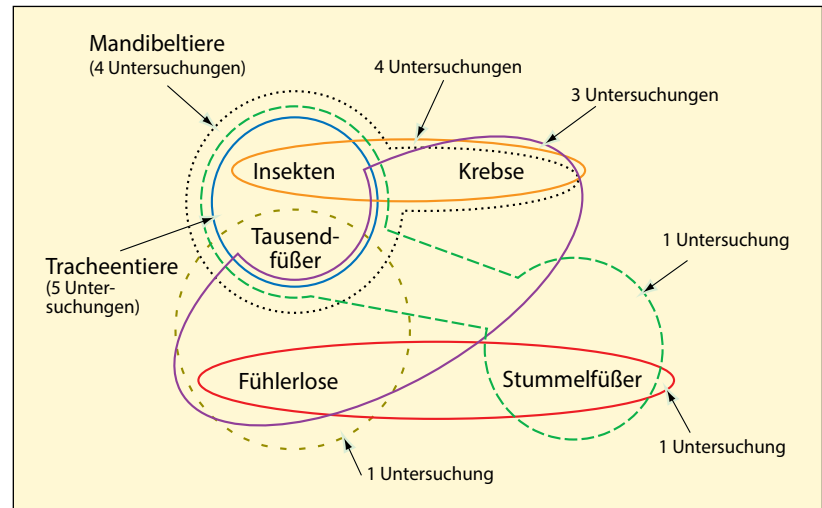
Aus alledem folgt aber umgekehrt: Mit Evolution als Grundansatz, als konzeptioneller Vorgabe sind offensichtlich sehr unterschiedliche, vielleicht sogar beliebige Merkmalsverteilungen vereinbar, nicht nur ein eingeschachteltes System. Es können beliebig viele Durchbrechungen dieses Systems „verkräftet“ werden. Daher gilt: Evolution „erklärt“ bestimmte Sachverhalte genauso wie ihr Gegenteil, sie „erklärt“ Merk-

malsverteilungen, bei denen keine, wenige oder auch sehr viele Konvergenzen vorkommen. Daher ist es auch nicht möglich, auf der Basis eines *allgemeinen* evolutionären Ansatzes bestimmte Merkmalsverteilungen *vorherzusagen*. Dass die Merkmalsverteilungen der Lebewesen unter diesen Umständen keine Indizien, geschweige denn Beweise für Evolution sein können, ergibt sich daraus als logische Schlussfolgerung (JUNKER 2002, 17–30).

Die Häufigkeit des Vorkommens von Konvergenzen hat aufgrund der fortschreitenden Forschung mittlerweile derartige Ausmaße angenommen, dass manche Biologen aus der evolutionären Not eine Tugend machen wollen. Ursprünglich wurden Konvergenzen als selten und unwahrscheinlicher als Homologien angesehen (nur *das* begründet das o. g. Sparsamkeitsprinzip). Mittlerweile sind manche Biologen der Auffassung, dass ein häufiges Auftreten konvergenter Strukturen wahrscheinlich sei – ausgelöst entweder durch gleiche Selektionsdrücke oder aufgrund ähnlicher Konstruktionszwänge bei den Vorkonstruktionen der jeweiligen mutmaßlichen Vorläuferformen. Wie wahrscheinlich diese beiden oder andere Erklärungen sind, soll hier nicht thematisiert werden (siehe dazu JUNKER 2003, 7–9; BRAUN 2012). Wichtig ist im Zusammenhang dieser Untersuchung nur die Tatsache, dass klar gegensätzliche Befunde ihren Platz im Evolutionsgebäude finden.

In Sachen „Konvergenzen“ geht der Paläontologe Simon CONWAY MORRIS sogar so weit, dass er eine schon metaphysisch zu nennende Zielorientierung postuliert, die er aber – dem Mainstream-Denken gemäß – nicht in den evolutionären Mechanismen sieht, sondern auf einer nicht näher beschriebenen tieferen Ebene (vgl. CONWAY MORRIS 2009).³ „Aus dem regelhaften und häufigen Vorhandensein von Konvergenzen schließt er schlicht, dass Merkmale, die konvergent erscheinen, eben einfach unvermeidbar sind, weil sie so erfolgreich sind“ (BRAUN 2012, 17). CONWAY MORRIS widmet der Suche nach Konvergenzen sogar eine Website <http://www.mapoflife.org> mit dem Untertitel „convergent evolution online“.

Das Dach des Evolutionsgebäudes ist so weit, dass auch früher für unmöglich gehaltene Konvergenzen von *Schlüsselmerkmalen* darunter Platz finden. Das sind komplexe Merkmale, die als charakteristisch für eine größere Organismengruppe gelten und bei der Radiation dieser Gruppe eine besondere Rolle gespielt haben sollen. Berühmte Beispiele sind die drei Gehörknöchelchen der Säugetiere oder Schwungfedern von Vögeln. Bei beiden Strukturen wird aufgrund ihrer widersprüchlichen Verteilung eine mehrfach unabhängige Entstehung angenommen oder mindestens diskutiert (ULLRICH 2012, FOTH et al. 2015).⁴



Hilfe durch molekulare Daten?

Die aufkommenden Möglichkeiten der molekularen Forschung gaben zu neuer Hoffnung Anlass. Mit den neuen molekularen Daten über Protein- und Gensequenzen sollten die Probleme der Stammbaumrekonstruktion gelöst werden können, die aufgrund widersprüchlicher morphologischer Daten auftraten. Auch hier gab es klar formulierte evolutionstheoretische Erwartungen: Bisher gut belegte „klassische“ Stammbäume (die auf der Basis der Körperbaupläne erstellt wurden) sollten durch die molekularen Daten bestätigt werden, während man sich bei unklaren Verhältnissen Antworten auf die offenen Fragen zu den Verwandtschaftsverhältnissen erhoffte. Zum Teil wurden die Erwartungen erfüllt, oft aber auch nicht. Vielmehr stellten molekulare Ähnlichkeiten (d. h. die auf Gensequenzen beruhenden Stammbäume) immer wieder auch sicher geglaubte Verwandtschaftsverhältnisse in Frage, anstatt unklare Fälle zu lösen. Im einleitenden Artikel des 2004 veröffentlichten Sammelbandes „Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa“ schreiben RICHTER & SUDHAUS (2004, 5f.): „Molekular-systematische und morphologische Analysen kommen zu unterschiedlichen Ergebnissen oder aber die molekularen Analysen widersprechen einander genauso, wie das auch bei unterschiedlichen morphologischen Analysen der Fall ist. Auch die Kombination morphologischer und molekularer Daten in einen einheitlichen Datensatz hat in den meisten

Abb. 3 Ähnlichkeitsbeziehungen unter Lebewesen können als Netzwerk dargestellt werden, hier am Beispiel der Verwandtschaftsverhältnisse der Arthropoden (Gliederfüßer). Je nach zugrunde gelegten Merkmalen (verschiedene Untersuchungen) ergeben sich unterschiedliche Gruppierungen. Die entsprechenden Untersuchungen stammen alle aus den 1990er Jahren. (Nach WÄGELE 2001)

Glossar

Cladogramm: Baumdiagramm, Ähnlichkeitsbaum mit gabeliger Verzweigung; auch als Dendrogramm bezeichnet.

Homologie: Bauplangleichheit, die als „abstammungsbedingt ähnlich“ interpretiert wird.

Konvergenz: gleichförmige Entwicklung

ähnlicher Strukturen und Funktionen einzelner Organe nicht abstammungsmäßig verwandter Organismen.

Ontogenese: Individuelle Entwicklung von der befruchteten Eizelle an.

Phylogenese: Stammesgeschichte (auf Evolution beruhend)

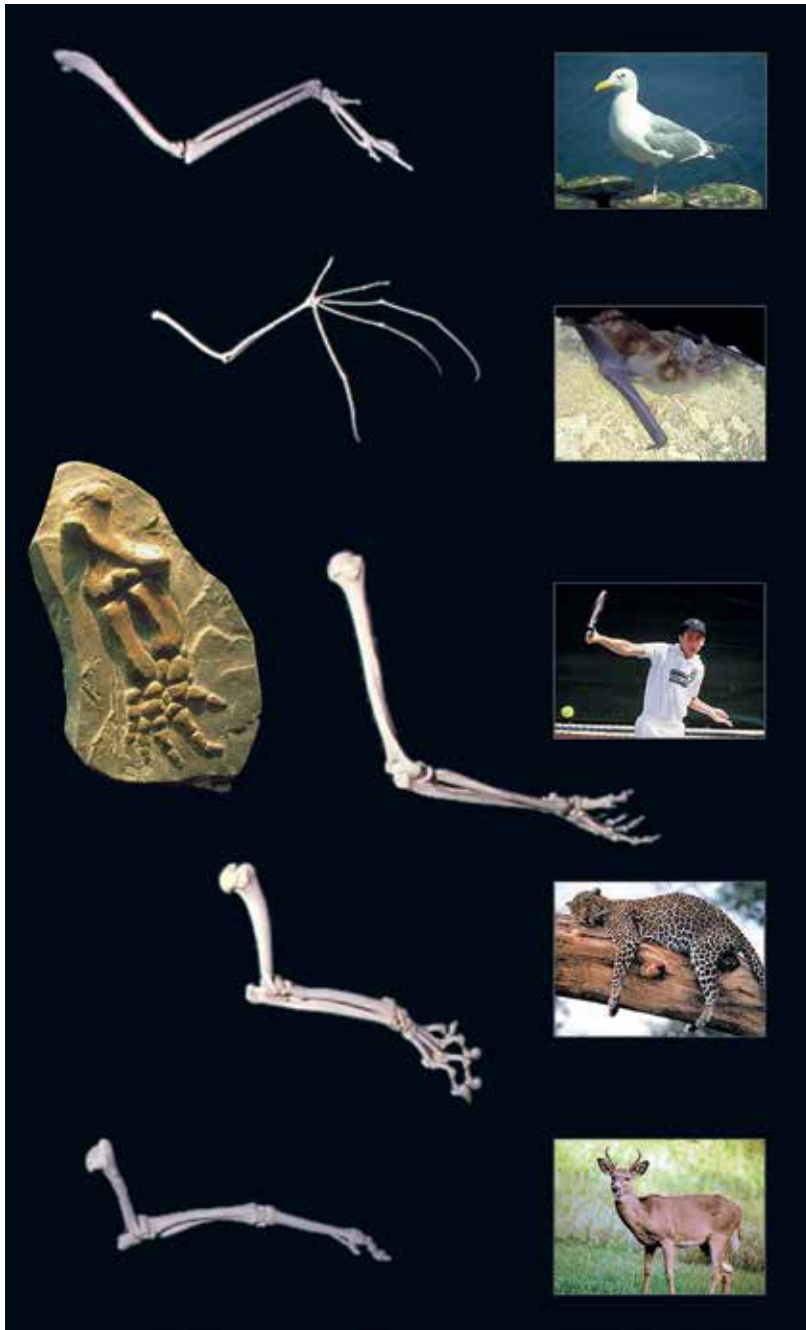


Abb. 4 Das klassische Beispiel der Vergleichenden Biologie, die Bauplanähnlichkeit der Extremitätenknochen der Wirbeltiere.

Fällen noch nicht zu wirklich überzeugenden Verwandtschaftshypothesen geführt.“ Auch bei Wirbeltiergruppen zeigten sich Probleme dieser Art, etwa bei Fledermäusen (z. B. TEELING et al. 2005), Schildkröten (z. B. ZARDOYA & MEYER 2001), Vögeln (FEHRER 2009) oder Säugetieren (ULLRICH 2012).

FEHRER (2009) zeigt am Beispiel der Vogelsystematik auf, dass es fundamentale Probleme der phylogenetischen Analyse gibt. So ist z. B. unklar, wie sich Verwandtschaft und Funktion in denselben Genen gegenseitig beeinflussen, wann genetische Ähnlichkeiten als Hinweise auf Verwandtschaft gelten können und wann sie einfach nur Ausdruck gleicher Funktionen sind. Es soll an dieser Stelle nicht behandelt werden, wie man mit den Problemen methodisch angemessen umgehen kann, sondern festgehalten werden, dass auch auf dem Gebiet

der molekularen Ähnlichkeiten in vielen Fällen sehr unterschiedliche Datenkonstellationen ins Evolutionsgebäude eingebaut werden können, sowohl das Zusammenpassen von molekularen und morphologischen Daten als auch deutliche Widersprüche zwischen den einzelnen Datensätzen. Die evolutionstheoretisch naheliegende Erwartung einer Passung verschiedener Datensätze wurde vielfach enttäuscht, ohne dass dies zu einem kritischen Rückfragen an den evolutionären Ansatz geführt hätte.

Gene und Entwicklungswege

Auf dem Gebiet der Vergleichenden Biologie hat sich eine weitere evolutionstheoretische Voraussage nicht erfüllt. Unter der Voraussetzung von Evolution wurde erwartet, dass homologen Organen homologe Gene und homologe ontogenetische* Entwicklungswege entsprechen. Die zugrunde liegende Argumentation lautet: Je früher die betrachteten ontogenetischen Stadien auftreten, desto stabiler sind sie gegenüber evolutiven Abwandlungen, da Änderungen in frühen Stadien weitaus gravierendere negative Folgen (Entwicklungsstörungen) haben dürften als Änderungen in späten Stadien. Es hat sich jedoch vielfach gezeigt, dass Homologien von fertig ausgebildeten Strukturen weder homologen Genen noch homologen ontogenetischen Entwicklungswegen entsprechen. Vielmehr können strukturelle Homologien erstaunlicherweise auftreten, auch wenn die zugrunde liegenden entwicklungsbiologischen, molekularen und genetischen Prozesse bzw. Vorgaben verschieden sind.

„Congruence between dates from molecular phylogenies and the fossil record is a rare thing, ...“ (THOMAS 2015).

Homologe Strukturen werden oft auf verschiedenen ontogenetischen Wegen ausgebildet; das gilt sogar für grundlegende Teile des Wirbeltierbauplans wie das Neuralrohr, die Vorniere oder den Verdauungstrakt (SHUBIN et al. 1994, 250). ALBERCH (1985, 51) hält solche Beispiele eher für die Regel als für die Ausnahme. Homologe Organe können bei verschiedenen Arten auch aus verschiedenen Körpersegmenten und aus verschiedenen Keimblättern gebildet werden. Sogar das klassische Beispiel der Vergleichenden Biologie, die Ähnlichkeit der Extremitätenknochen (Abb. 4), kann nicht durch Ähnlichkeiten im ontogenetischen Entwicklungsverlauf begründet werden. Denn die ähnlichen Knochenmuster entstehen in verschiedenen Arten aus verschiedenen Abfolgen von

Enkaptisches System, Ähnlichkeitshierarchie Seltenes Vorkommen von Konvergenzen Kongruenz molekularer und morphologischer Cladogramme Kongruenz molekularer und morphologischer Homologien Kongruenz von Genen und Entwicklungswegen Genetisch einfach ausgestatteter Vorfahr	Netzwerke von Ähnlichkeitsbeziehungen Häufiges Vorkommen von Konvergenzen Inkongruenz molekularer und morphologischer Cladogramme Diskrepanz zwischen molekularen und morphologischen Homologien Diskrepanz zwischen Genen und Entwicklungswegen Genetisch komplexer Vorfahr
Graduelles Auftreten fossiler Formen Geringe Verschiedenartigkeit zu Beginn der Fossilüberlieferung einer Formengruppe Rapide Änderungen in der Fossilüberlieferung Konstanz von Bauplänen („constraints“) Merkmalskontinuum Stasis wegen gleichbleibender Umweltbedingungen Identischer genetischer Code bei allen Lebewesen Modularer Aufbau der Lebewesen	Explosives Auftreten fossiler Formen Große Verschiedenartigkeit zu Beginn der Fossilüberlieferung einer Formengruppe Langanhaltende und häufige Stasis („Stehenbleiben“, Konstanz) Aufbrechen der <i>constraints</i> Markante Diskrepanzen zwischen Bauplänen Stasis trotz sich stark ändernder Umweltbedingungen Unterschiedliche Codes bei verschiedenen Taxa Nichtmodularer Aufbau der Lebewesen

Knorpelbildungen. Zahlreiche Beispiele dieser Art könnten angefügt werden (siehe JUNKER 2002, 52ff.). Eine eindeutige Zuordnung einzelner, früh auftretender ontogenetischer Strukturen mit einem einzelnen adulten Merkmal ist oft nicht möglich. So hat die Analyse der embryonalen Mittelohrentwicklung bei Säugetieren gezeigt, dass bei Berücksichtigung aufeinanderfolgender Phasen (Blastemphase, Knorpelphase) deutlich voneinander abweichende Homologiebeziehungen aufgestellt werden können, woraus unterschiedliche Stammbäume resultieren würden (ULLRICH 1994). Diese Befunde entsprechen nicht den traditionellen evolutionstheoretischen Erwartungen, aber das Rahmenparadigma Evolution bleibt davon unberührt.

Auch auf der *genetischen* Ebene findet sich bei weitem keine 1:1-Entsprechung zu homologen Strukturen. In vielen Fällen beeinflussen homologe Homeobox-Gene und andere Regulationsgene die Bildung nicht-homologer Strukturen. Beispielsweise besitzen Mäuse ein Gen, das demjenigen sehr ähnlich ist, das die Antenne einer Fliege in ein Bein verwandeln kann (*antennapedia*). Bei Mäusen beeinflusst das betreffende Gen den hinteren Gehirnteil. Umgekehrt: Obwohl Mäuse und Fliegen ein ähnliches Gen besitzen, das die Entwicklung des Auges initiiert, ist das Facettenauge der Fliege grundverschieden vom Kamerauge der Maus. Auch die Nicht-Entsprechung homologer Gene und homologer Organe widerspricht evolutionstheoretischen Erwartungen und wurde dennoch in zahlreichen Fällen festgestellt.

Die häufigen Nicht-Entsprechungen homologer Organe, Entwicklungswege und Gene haben zu einer Krise des Homologiekonzepts geführt, denn es ist unklarer denn je, woran Homologien als Indikatoren auf stammesgeschichtliche Verhältnisse überhaupt festgemacht werden können. Die Diskussion darüber ist bei weitem nicht abgeschlossen. Die Verhältnisse scheinen unübersehbar kompliziert zu sein.

Frühe Embryonalstadien

Zu diesem Zusammenhang gehört eine weitere Überraschung: Im Sinne der biogenetischen Grundregel war erwartet worden, dass die ersten Embryonalstadien in der Ontogenese* verschiedener Arten (bzw. höherer Taxa) besonders ähnlich sind. Bei den verschiedenen Wirbeltierklassen ist jedoch das genaue Gegenteil der Fall, offenbar ohne dass dies von Evolutionstheoretikern als ernsthaftes Problem empfunden wird. Bis zum sogenannten phylotypischen Stadium, bei dem die Embryonen verschiedener Wirbeltiere sich äußerlich vergleichsweise besonders stark ähneln (vgl. dazu aber RICHARDSON et al. 1997, ULLRICH 1998), gehen die Entwicklungsvorgänge sehr weit auseinander. RAFF (1999) schreibt dazu (in Übersetzung): „Der Prozess der frühen Entwicklung vom Ei bis zum phylotypischen Stadium sollte mindestens so konserviert sein wie die Form des phylotypischen Stadiums selbst. Man kann aus gutem Grund erwarten, dass die Mechanismen der frühen Ontogenese besonders gegen Änderungen gefeit sind, weil alle nachfolgenden Prozesse sich davon ableiten. Ursprünglich wurden Merkmale der frühen Ontogenese und konservierter Larvalstadien – auch bei verschiedenen Stämmen – als streng homologe Merkmale angesehen, um damit die Phylogenese zu erschließen.“ Die Tatsachen der Embryonalentwicklungen entsprechen diesen evolutionstheoretisch motivierten Erwartungen gerade nicht.

Komplexer Vorfahr

In den 1980er Jahren wurden die Homeobox-Gene und andere Masterkontrollgene entdeckt. Sie haben zentrale Regulationsaufgaben in der ontogenetischen Formbildung. Bald stellte sich heraus, dass auch entfernt verwandte Tiergruppen oft dieselben Regulationsgene besitzen. Beispielsweise wird die Bildung der Beine von

Tab. 1 Überblick über die in diesem Beitrag diskutierten widersprüchlich erscheinenden Befunde, die gleichermaßen durch Evolution „erklärt“ werden, sowie weitere hier nicht diskutierte Beispiele.



Abb. 5 Das Regulationsgen *dll* (*distalless*) bzw. das homologe Gen *dlx* codiert für ein Steuerprotein der Transkription (Übersetzung der DNA in RNA), das während der Embryonalentwicklung verschiedenster Tierstämme genutzt wird, in z. T. sehr verschiedenen, nicht homologen Strukturen. (Armskelett Fledermaus: Westfälisches Museum für Naturkunde Münster; Kamelhalsfliege: R. JUNKER; Stummelfüßer *Poliqueto*: GFDL, © Soniamartinez; Manteltier *Clavelina moluccensis*: CC BY-SA 3.0; Ringelwurm *Scoloplos*: CC BY-SA 4.0; Seeigel: CC BY-SA 3.0)

Wirbeltieren und von Gliederfüßern vom selben Regulationsgen *dll* reguliert (Abb. 5). AMUNDSON (2005, 5) spricht gar von „schockierenden genetischen Homologien“, die die Formbildung nicht-homologer Strukturen beeinflussen. Der Entwicklung auch morphologisch sehr verschiedener Organismen liegen häufig die gleichen oder sehr ähnliche genetische Mechanismen zugrunde. Das gilt nicht nur für einzelne Gene, sondern sogar für ganze Signalübertragungswege. Homologe Proteine sind in verschiedenen Organismen in einer homologen Weise arrangiert, üben aber z.T. verschiedene Funktionen in nicht-homologen Organen aus (GILBERT 2003, 763). CARROLL (2005) bezeichnet diese konservierten Gene als „tool kit-Gene“.

Da eine konvergente (unabhängige) Evolution von gleichen Regulationsgenen als äußerst unwahrscheinlich gelten muss (s. z. B. GILBERT 2003, 753), nimmt man an, dass die gemeinsamen Vorfahren bereits die entsprechenden Gene besaßen, die aber z.T. ursprünglich im Organismus andere Funktionen hatten als heute (ARTHUR 2002, 761). Da aber sehr viele grundlegend wichtige Regulationsgene in verschiedensten Tierstämmen nachgewiesen wurden, läuft dieser Befund auf einen unerwartet komplexen Vorläufer der Tierstämme hinaus (WRAY 2001, 2256; CARROLL 2005, 144).

Dies hat gravierende Folgen für das Verständnis von Evolution. Die Unterschiede zwischen den Tierstämmen liegen weniger in der Anwesenheit oder Abwesenheit von (Regulations-) Genen begründet, sondern mehr in deren *Nutzung* (AMUNDSON 2005, 7; CARROLL 2005, 78 u.v.a.).

Gegenüber früheren Ansätzen resultieren daraus ganz neue Fragen über Evolutionsmechanismen; unter dem Schlagwort „EvoDevo“ (evolutionäre Entwicklungsbiologie) ist u. a. dadurch eine ganz neue Forschungsrichtung entstanden (dieser und andere neue Ansätze sind hier nicht unser Thema, vgl. dazu JUNKER 2009). Ernst MAYR hatte 1963 in seinem bedeutenden Werk „Animal species and evolution“ aus evolutionärer Sicht noch die Erwartung formuliert, dass die Suche nach homologen Genen außer bei sehr nahe verwandten Formen ganz vergeblich sei.⁵ Seine Kollegen haben ihm damals sicher zugestimmt, doch es kam ganz anders: „Entgegen der Erwartung *aller* Biologen stellte sich heraus, dass die meisten Gene ..., die wichtige Aspekte des Bauplans der Taufolie steuern, bei den meisten Tieren ... genaue Entsprechungen besitzen, die dieselbe Aufgabe erledigen“ (CARROLL 2005, 9; Hervorhebung hinzugefügt; beide Zitate übersetzt). Die Befunde hätten den Erwartungen kaum gründlicher widersprechen können. Erstaunlicherweise wird nun aber diese höchst unerwartete Situation bei CARROLL zum unabwiesbaren Beleg für Evolution: „Die Entdeckung des uralten genetischen Baukastens ist ein unabwiesbarer Beleg für Abstammung und Veränderung von Tieren ... von einem gemeinsamen Vorfahren“ (CARROLL 2005, 10). Dies zeigt erneut eindrucksvoll, dass das Evolutionskonzept Sachverhalte und ihr Gegenteil zugleich „erklären“ kann.

Schlussfolgerungen

Einer der meistzitierten Sätze im Zusammenhang mit der Evolutionslehre ist DOBZHANSKY'S „Nichts in der Biologie macht Sinn, es sei denn im Licht der Evolution.“ Wie soll man diesen Satz angesichts der nicht enden wollenden Liste von „überraschenden“ Befunden bezeichnen, die bisherige evolutionstheoretische Vorstellungen in Frage gestellt oder sogar über den Haufen geworfen haben? RIEPPEL (1989, 13) hat ihn treffend analysiert: „Dieser Satz ist in zweierlei Hinsicht aufschlussreich. Zum einen handelt es sich nicht um einen Beobachtungssatz, sondern um eine Forderung, gar einen Imperativ, der gebietet und verbietet und damit das Forschungsprogramm der Biologie um die Mitte des 20. Jahrhunderts festschreibt. Zum anderen impliziert der Ausspruch, und das ist noch wesentlicher, zugleich sein Gegenteil, daß nämlich die Natur im Prinzip auch im Lichte anderer Theorien betrachtet werden könnte. ... Es wird darum gehen zu zeigen, daß die Welt aus verschiedenen Blickwinkeln betrachtet werden

kann und daß sie – je nach Sicht der Dinge – dem Betrachter auch unterschiedlich erscheint. Stellt der Forscher verschiedene Fragen an die Natur, so wird er unterschiedliche Antworten erhalten“ (RIEPEL 1989, 13).

Weiter stellt RIEPEL (1989) fest: „Wird die Idee der Evolution, oder einer speziellen Evolutionstheorie wie jener Darwins, der Beobachtung vorausgestellt, so wird die Welt im Licht jener Theorie erscheinen. Die Theorie wird sich nie als falsch erweisen können, sondern stets mit der Beobachtung in Einklang stehen.“ Der Umgang mit den vielen evolutionstheoretisch nicht vorhergesagten Befunden, die nach 1989 gemacht wurden, bestätigt diese Feststellung eindrucksvoll.

Es mag der Einwand kommen: Auch außerhalb der Evolutionsbiologie gibt es viele unge löste Probleme und ganz überraschende Befunde, die zur Theorieanpassung führen. Es sei ein ganz normaler Vorgang der empirischen Forschung, dass man eine Hypothese durch laufende Anpassung an neue und überraschende Daten so lange wie irgend möglich aufrecht erhält und sie nur im Notfall durch eine andere Hypothese ersetzt. Es gibt jedoch einen grundlegenden Unterschied beim Umgang mit dem Evolutionsparadigma: Dieses steht grundsätzlich nicht zur Disposition, während dem Paradigma untergeordnete Hypothesen durchaus bei nachhaltigen Problemen irgendwann aufgegeben und durch andere ersetzt oder Alternativen mindestens diskutiert werden. Wichtig ist auch: Es handelt sich bei den vorgestellten Beispielen um *systematische* Befunde, nicht um einzelne Anomalien. Und schließlich muss der Unterschied zwischen experimenteller Forschung und Ursprungsforschung beachtet werden. Eine (potentielle) Pluralität verschiedener Ansätze bzw. Hypothesen ist in der experimentellen Forschung unbestritten, dagegen gilt in der Ursprungsforschung das Evolutionsparadigma (wie eingangs definiert) als alternativlos.

Wissenschaftlern, die einen Schöpfungsansatz verfolgen (d. h. Planung und Zielsetzung in Ursprungsfragen erwägen), wird häufig vorgehalten, sei betrieben keine echte Forschung, sondern ihre Ergebnisse stünden von vornherein fest. Für die Ergebnisse von Labor- und Feldstudien trifft das mit Sicherheit nicht zu, genauso wenig wie für die Forschung im Rahmen des Evolutionsparadigmas. Am Schöpfungsansatz orientierte Forscher nehmen sich nur dasselbe Recht heraus wie Evolutionsbiologen: Selber zu entscheiden, in welchem Licht man die Ergebnisse der biologischen Forschung verstehen will. Wird dies nicht zugestanden und als unwissenschaftlich gebrandmarkt, könnte das auf die Evolutionstheoretiker zurückfallen, wie BRADY (1985, 177) anmerkt (in Übersetzung): „Wenn wir unsere Erklärung in die Bestimmung der zu erklärenden Bedingungen einfügen, bieten wir

keine wissenschaftliche Hypothese an, sondern Glauben. Wir sind so von der Wahrheit unserer Erklärung überzeugt, dass wir keine Notwendigkeit mehr sehen, die Erklärung selbst von der Situation zu unterscheiden, die wir zu erklären versuchen. Dogmatische Vorgehensweisen dieser Art müssen letztlich den Bereich der Wissenschaft verlassen.“ Dogmatische Elemente sind manchmal unvermeidbar, wichtig ist dabei allerdings, sie als solche zu kennzeichnen. (Die Frage, welche Befunde das Schöpfungsparadigma in Frage stellen oder unterstützen, sprengt den Rahmen dieser Abhandlung, vgl. dazu JUNKER 2004.)

Man mag darüber streiten, ob die vorgestellten Befunde grundsätzliche Anfragen an das Evolutionsparadigma stellen. Wenn aber unter allen Umständen Evolution als einzig zulässige konzeptionelle Vorgabe feststeht, sind Behauptungen, dass niemals ein Befund der Evolution widersprochen hätte, leer. Sie sind nur eine logische Folgerung aus der Festlegung auf Evolution als Rahmenparadigma, aber – wie die zahlreichen Beispiele zu grundlegenden Fragen der Biologie gezeigt haben – keinesfalls durch unabhängige Bestätigungen evolutionärer Hypothesen begründet.

Dank: Prof. Dr. Henrik ULLRICH und Prof. Dr. Siegfried SCHERER danke ich für wertvolle Hinweise.

Anmerkungen

- ¹ „... that Darwin later claimed, correctly, that his own theory predicts hierarchy.“ (Das Orig.-Zitat lautet: „it is a truly wonderful fact ... that all animals and all plants throughout all time and space should be related to each other in a group subordinate to group [...] On the view that each species has been independently created, I can see no explanation of this great fact in the classification of all organic beings; but to the best of my judgement, it is explained through inheritance and the complex action of natural selection“ (nach SOBER 2008, 124).
- ² Weiter gefasst wird von Homoplasien gesprochen: Ähnlichkeiten, die nicht unmittelbar auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt werden, neben Konvergenzen auch Parallelismen und Reversionen (Rückentwicklungen).
- ³ „Was andere Evolutionsbiologen in der Regel als lästige Irritationen beim Erstellen von Stammbäumen wahrnehmen und sie zu Adjektiven wie ‚unerwartet‘, ‚bizarr‘, ‚problematisch‘, ‚erstaunlich‘ greifen lässt, nämlich die Entdeckung weiterer Konvergenzen, ist für CONWAY MORRIS die erwartete Regel und allgegenwärtig. Er geht sogar so weit, Eigenschaften, die eigentlich schlüssig als vererbt, also homolog, erklärbar sind, auf mögliches Vorhandensein von Konvergenzen zu hinterfragen“ (BRAUN 2012, 15).
- ⁴ Unter diesen Umständen kann das Sparsamkeitsprinzip bei der Erstellung von Cladogrammen konsequenterweise nicht mehr angewendet werden.
- ⁵ „... the search for homologous genes is quite futile except in very close relatives.“

Literatur

- ALBERCH P (1985) Problems with the interpretation of developmental sequences. *Syst. Zool.* 34, 46–58.
- AMUNDSON R (2005) The changing role of the embryo in evolutionary thought. The roots of evo-devo. Cambridge Univ. Press.
- ARTHUR W (2002) The emerging conceptual framework of evolutionary developmental biology. *Nature* 415, 757–764.
- BRADY RH (1985) On the independence of systematics. *Cladistics* 1, 113–126.
- BRAUN HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. *Stud. Integr. J.* 19, 12–19.
- CARROLL SB (2005) Endless forms most beautiful. The new science of evo devo and the making of the animal kingdom. London.
- CLEVES PA, ELLIS NA, JIMENEZ MT, NÚÑEZ SM, SCHLUTER D, KINGSLEY DM & MILLER CT (2014) Evolved tooth gain in sticklebacks is associated with a cis-regulatory allele of *Bmp6*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 111, 13912–13917.
- CONWAY MORRIS SC (2009) The predictability of evolution: glimpses into a post-Darwinian world. *Naturwissenschaften* 96, 1313–1337.
- COYNE JA (2006) Intelligent Design: The faith that dare not speak its name. In: BROCKMAN J (ed) Intelligent thought. Science versus the Intelligent Design movement. New York.
- DARWIN C (1859) On the origin of species by means of natural selection. London.
- DOOLITTLE WF (1999) Phylogenetic classification and the universal tree. *Science* 284, 2124–2128.
- FEHRER J (2009) Eine neue Phylogenie der Vögel: Was sagen die Daten wirklich? *Stud. Integr. J.* 16, 3–16.
- GILBERT SF (2003) Developmental Biology. 7th ed. Sunderland, Mass.
- JORDAN M (2008) Intelligently discussing design: Jones and Reiss's teaching about scientific origins: Taking account of creationism. *Evo. Edu. Outreach* 1, 536–540.
- JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten – Rudimente – Atavismen. Design-Fehler oder Design-Signale? Holzgerlingen.
- JUNKER R (2003) Baum, Baukasten, Netzwerk. Ist die evolutionäre Systematik zirkelschlüssig? *Stud. Integr. J.* 10, 3–11.
- JUNKER R (2004) „Harter Kern“ und Hypothesen von Forschungsprogrammen in der Schöpfungsforschung. <http://www.wort-und-wissen.de/fachgruppen/wt/hartkern.pdf>.
- JUNKER R (2009) Evo-Devo: Schlüssel für Makroevolution? Wiederverwendung, Umfunktionierung und Neuprogrammierung. *Stud. Integr. J.* 16, 17–21.
- LEDON-RETTIG CC, PFENNIG DW & NASCONE-YODER H (2008) Ancestral variation and the potential for genetic accommodation in larval amphibians: implications for the evolution of novel feeding strategies. *Evol. Dev.* 10, 316–325.
- LEE MSY & WORTHY TH (2011) Likelihood reinstates *Archaeopteryx* as a primitive bird. *Biol. Lett.* 8, 299–303.
- LÜ J & BRUSATTE SL (2015) A large, short-armed, winged dromaeosaurid (Dinosauria: Theropoda) from the Early Cretaceous of China and its implications for feather evolution. *Sci. Rep.* 5:11775, doi: 10.1038/srep11775.
- MARTIN A, PAPA R, NADEAU NJ, HILL RI, COUNTERMAN BA, HALDER G, JIGGINS CD, KRONFORST MR, LONG AD, McMILLAN WO & REED RD (2012) Diversification of complex butterfly wing patterns by repeated regulatory evolution of a Wnt ligand. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 109, 12632–12637.
- MAYR E (1959) Darwin and the evolutionary theory in biology. In: MEGGERS BJ (ed) Evolution and anthropology: A centennial appraisal. Brooklyn, NY, pp 1–10.
- MAYR E (1963) Animal species and evolution. Cambridge, MA.
- MAYR E (2003) Das ist Evolution. München.
- MOCZEK AP (2008) On the origins of novelty in development and evolution. *BioEssays* 30, 432–447.
- MONTEIRO A & PODLAHA O (2009) Wings, horns, and butterfly eyespots: How do complex traits evolve? *PLoS Biology* 7:2, 0209–0216; doi: 10.1371/journal.pbio.1000037.
- NOVAS FE, SALGADO L, SUÁREZ M, AGNOLÍN FL, EZCURRA MND, CHIMENTO NSR, DE LA CRUZ R, ISASI MP, VARGAS AO & RUBILAR-ROGERS D (2015) An enigmatic plant-eating theropod from the Late Jurassic period of Chile. *Nature* 522, 331–334.
- PETERS DS & GUTMANN WF (1971) Über die Lesrichtung von Merkmals- und Konstruktions-Reihen. *Z. zool. Syst. Evolut.-forsch.* 9, 237–263.
- RAFF RA (1999) Larval homologies and radical evolutionary changes in early development. In: Homology. Novartis Foundation Symposium 222. Chichester, pp 110–124.
- FOTH C, RAUHUT O & TISCHLINGER H (2015) Als die Federn fliegen lernten. *Spektr. Wiss.* 4/2015, 28–33.
- 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.
- RICHTER S & SUDHAUS W (Hg, 2004) Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa. Sitzungsbericht der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin. *N.F.* 43, 1–221.
- RIEPEL O (1989) Unterwegs zum Anfang. Zürich, München.
- RUDEL D & SOMMER RJ (2003) The evolution of developmental mechanisms. *Dev. Biol.* 264, 15–37.
- SAENKO SV, MARALVA MSP & BELDADE P (2011) Involvement of the conserved Hox gene *Antennapedia* in the development and evolution of a novel trait. *EvoDevo* 2011, 2:9; doi: 10.1186/2041-9139-2-9.
- SHUBIN NH (1994) History, ontogeny, and evolution of the archetype. In: HALL BK (ed) Homology: The hierarchical basis of comparative biology. San Diego, pp 249–271.
- SOBER E (2008) Evidence and evolution. The logic behind the science. Cambridge.
- TEELING EC, SPRINGER MS, MADSEN O, BATES P, O'BRIEN SJ & MURPHY WJ (2005) A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. *Science* 307, 580–584.
- THOMAS GH (2015) An avian explosion. *Nature* 526, 516–517.
- ULLRICH H (1994) Embryologie und Homologie: Die Reichert-Gaupp'sche Theorie. *Stud. Integr. J.* 1, 15–24.
- ULLRICH H (1998) Die Wiederentdeckung eines Irrtums. Individualität und Variabilität von Wirbeltierembryonen im Konflikt mit phylogenetischen Konzeptionen. *Stud. Integr. J.* 5, 3–6.
- ULLRICH H (2010) Evolution und Evolutionstheorien: Irrtümliche Selbstverständnisse und Fehldarstellungen naturalistischer Ursprungsmodelle. *Stud. Integr. J.* 17, 76–87.
- ULLRICH H (2012) Verwirrende Konvergenzen. Zur Evolution des Mittelohres der Säugetiere. *Stud. Integr. J.* 19, 20–31.
- WÄGELE JW (2001) Grundlagen der Phylogenetischen Systematik. München (2. Aufl.).
- WAGNER GP (2014) Homology, genes, and evolutionary innovation. Princeton University Press.
- WRAY GA (2001) Development: Resolving the Hox paradox. (Book reviews.) *Science* 292, 2256–2257.
- XU X, YOU H, DU K & HAN F (2011) An *Archaeopteryx*-like theropod from China and the origin of Avialae. *Nature* 475, 465–470.
- ZARDOYA R & MEYER A (2001) The evolutionary position of turtles revisited. *Naturwissenschaften* 88, 193–200.
- ZRZAVY J, STORCH D & MIHUKLA S (2009) Evolution. Ein Lese-Lernbuch. Heidelberg. Spektrum Akad. Verlag.

Anschrift des Verfassers:

Dr. Reinhard Junker, Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn; E-mail: sg@wort-und-wissen.de