

Streiflichter

■ Füchse ähnlich wie Hunde zähmbar

Von interessanten Domestizierungsversuchen mit Füchsen berichtet eine Forschergruppe um Lyudmilla TRUT vom Institut für Zellbiologie und Genetik der Universität Novosibirsk (TRUT et al. 2009). In einem über etliche Generationen andauernden Zuchtexperiment sollte die frühe Domestikation von Säugtieren reproduziert werden. Dabei wurde versucht, Rotfüchse (*Vulpes vulpes*) zu zähmen. Bei einem Teil der Tiere gelang die Zähmung und es stellte sich heraus, dass Hand in Hand mit der Zähmung (gleichsam als Nebenprodukt) viele Merkmale auftreten, wie sie aus der Hundezucht bekannt sind: weiße Flecken, Hängeohren, Ringelschwanz, aber auch Verhaltensmerkmale wie Kontaktsuche zum Menschen, Schwanzwedeln, Wimmern, Abschlecken. Diese Merkmale traten schon nach

wenigen Generationen auf. Die Autoren schildern, dass in der sechsten Generation einige Welpen eifrig Kontakt mit Menschen suchten und die eben genannten Verhaltensweisen zeigten, und beschreiben das Verhalten als „sehr ähnlich“ dem Haushund (S. 352).

Die Befunde von TRUT et al. sind auch für den Ansatz der polyvalenten Stammformen von Grundtypen interessant. Füchse und Hunde gehören zum selben Grundtyp (CROMPTON 1993) und man kann daher annehmen, dass sie ein ähnliches Variationspotential besitzen. Dieser Ansatz wird dadurch bestätigt, dass nach Darstellung der Autoren die Variabilität sich „in immensen Raten“ angesammelt habe, die nicht durch Zufallsmutationen erklärbar seien (S. 349). Das Variationspotential hat offenbar andere Quellen. So können viele Merkmale durch Neotenie (Stehenbleiben auf Jugendstadium) erklärt werden (breitere Schädel, verkürzte Schnauzen, Hängeohren, Ringelschwänze; S. 353f.; vgl. Abb. 1). Daher wurde schon lange vor dem Aufkommen von „Evo-Devo“ (evolutionäre Entwicklungsbiologie) vermutet, dass Änderungen bei Regulationsgenen eine große Rolle bei der Erzeugung der Variabilität der Zuchtformen spielen (S. 350, 353). Die Untersuchungen zeigten, dass die Selektion Gene betraf, die den neurohormonalen Status kontrollieren. Einige dieser Gene, die für die Verknüpfung von Zähmbarkeit und den Level von Hormonen und Neurotransmittern verantwortlich sind, dürften zusammengebracht und bereits nach 8-10 Generationen fixiert worden sein. Dies wiederum dürfte die Aktivität vieler nachgeschalteter Gene beeinflussen, was zur Veränderung im Timing der Entwicklung geführt haben könnte. Außerdem könnten auf diese Weise phänotypisch versteckte Potentiale freigesetzt worden sein (S. 358).

Die in kurzer Zeit erreichbare morphologische Variation ist enorm, so dass die Unterschiede nach dem äußeren Erscheinungsbild für sich alleine betrachtet durchaus Unterschieden zwischen verschiedenen Säugerordnungen entsprechen, wie TRUT et al. (2009, 349) vermerken.

Nicht alle Züchtungsmerkmale können jedoch als grundtypspezifisch betrachtet werden, so sind z. B. weiße Flecken an der Stirn oder Schlappohren auch von gezüchteten Arten vieler anderer Grundtypen bekannt. Solche Merkmale werden auch als „morphologische Marker der Domestikation“ bezeichnet. Die oben genannten *Verhaltensmerkmale* scheinen jedoch spezifisch für die untersuchten Hundeartigen zu sein.

[CROMPTON N (1993) A review of selected features of the family Canidae with reference to its fundamental taxonomic status. In: SCHERER S (Hg) Typen des Lebens. Neuhausen-Stuttgart, S. 217-224; TRUT L, OSKINA I & KHARLAMOVA A (2009) Animal evolution during domestication: the domesticated fox as a model. *BioEssays* 31, 349-360.]

R. Junker

■ Immer wieder „explosiv“: Fossilien des Kambriums

Im Jahr 2004 schrieb der Paläontologe James VALENTINE in seinem voluminösen Überblickswerk „On the origin of phyla“ (Über die Entstehung der Tierstämme): „Organismen mit den charakteristischen Bauplänen, die wir von den heute lebenden Stämmen kennen, erscheinen abrupt im Fossilbericht, viele von ihnen in einem engen geologischen Zeitfenster von vielleicht 5 bis 10 Millionen Jahren. ... Keiner dieser Stämme kann über fossile Zwischenformen zu einer Vorläufergruppe zurückverfolgt werden ... In keinem Fall wurde ein Formen-Kontinuum über ein breites Feld von Bauplangestalten gefunden; die Stämme ähneln einander auch nicht stärker während ihrer frühen Fossilgeschichte.“ Im



Abb. 1 Ähnliche Merkmale bei gezähmten Rotfüchsen (jeweils links) und Hunden. (Aus TRUT et al. 2009, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

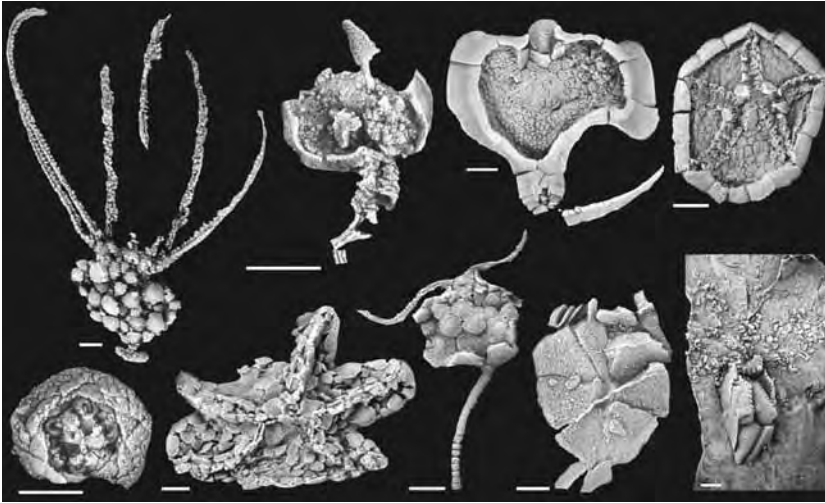


Abb. 1 Verschiedene Stachelhäuter-Gruppen (Echinodermen) aus dem Mittelkambrium Spaniens. Linie jeweils 2 mm. (Aus ZAMORA 2010, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)



Abb. 2 Süßwassermoostierchen (Wikimedia commons)

ganzen Werk spricht VALENTINE von der „Explosion“ der kambri-schen Vielfalt von Bauplänen. Seit-her gab es weitere Funde, die dieses Bild im Wesentlichen bestätigen (vgl. auch *Studium Integrale Journal* 17/2, S. 111 und 113). In der Zeit-schrift *Geology* erschienen im ver-gangenen Jahr zwei Artikel mit weiteren Beispielen für die Fülle der kambrischen Formenvielfalt. Im ersten Beitrag berichtet Samuel ZAMORA über eine Vielzahl von Fossilfunden verschiedenster Taxa von Stachelhäutern (Echinoder-men) aus dem untersten Mittel-kambrium Spaniens (Abb. 1). Sie erweitern das bekannte Formen-spektrum beträchtlich, sowohl was die räumliche als auch die zeitliche Verbreitung betrifft.

ZAMORA (2010, 509) stellt her-aus, dass schon im frühesten Mittelkambrium eine Mannigfal-tigkeit von neuen Bauplänen und ökologischen Strategien unter den Stachelhäutern existierte. Außer-dem seien die mittelkambrischen Stachelhäuter in Spanien die ver-schiedenartigste bekannte Verge-sellschaftung von Stachelhäutern überhaupt. Die acht verschiedenen Arten zeigten ganz verschiedene Baupläne und besetzten sehr un-terschiedliche ökologische Ni-schen.

Da viele dieser Taxa fast am Beginn des Mittelkambriums fos-sil erscheinen, muss ihr Ursprung wahrscheinlich ins Unterkambrium vorverlegt werden. Dies passt auch zu schon früher entdeckten

isolierten bruchstückhaften Fun-den in anderen Regionen.

Interessant ist auch die Feststel-lung, dass die Reihenfolge des fos-silen Erscheinens der Stachelhäu-ter-Gruppen bislang nicht zu derzeit vertretenen cladistischen Verwandtschaften passten (ZAMO-RA 2010, 507). Mutmaßliche Kro-nengruppen von Echinodermen tauchten früher als die Stamm-gruppen auf. Auch Daten von mo-lekularen Uhren deuteten darauf hin, dass es geologisch nicht über-lieferte Lebensräume von Echino-dermen in älteren Sedimenten ge-geben haben muss. Ob mit den neuen Funden eine bessere Passung erreicht wird, diskutiert der Autor nicht; einige Funde werden aber als „primitiv“ eingestuft. Die abrupt erscheinende mittelkambrische Viel-falt erfordert evolutionstheoretisch gesehen jedenfalls eine Vorgeschich-te, die fossil weitgehend nicht über-liefert ist.

Im zweiten Beitrag werden Funde von Bryozoen („Moostier-chen“) vorgestellt (LANDING et al. 2010). Dabei handelt es sich um mikroskopisch kleine, koloniebil-dende Tiere (vgl. Abb. 2). Bislang war diese Tiergruppe erst aus dem Ordovizium bekannt, fehlte also in der kambrischen Explosion. LAN-DING et al. (2010, 549) beschreiben die neu entdeckte Art *Pywackia bai-leyi* als einfach konstruiert, jedoch mit spezialisierten Zooiden. Mit diesem Fund aus dem oberen Kam-brium Mexikos kann nun auch diese Tiergruppe in die kambrische

Formenvielfalt aufgenommen wer-den.

[LANDING E, ENGLISH A & KEPPIE JD (2010) Cam-brian origin of all skeletalized metazoan phyla – Discovery of Earth’s oldest bryozo-ans (Upper Cambrian, southern Mexico). *Geology* 38, 547-550; VALENTINE JW (2004) On the origin of phyla. Chicago; ZAMORA S (2010) Middle Cambrian echinoderms from north Spain show echinoderms diversified earlier in Gondwana. *Geology* 38, 507-510.]

R. Junker

■ Landpflanzen bereits im Kambrium?

Viele Landpflanzen (Moose und Gefäßpflanzen) verbreiten sich mit Sporen. Die Sporen enthalten in ihrer äußeren Zellwand Sporopol-lenin, ein extrem widerstandsfähiges Polymer. Dadurch sind die Sporen effektiv gegen Verletzung, Austrocknung und Befall durch Mikroorganismen geschützt, kön-nen weit verbreitet werden und be-sitzen ein hohes Fossilisationspo-tential. Die Produktion von Sporen mit Sporopollenin wird allgemein als eindeutiger Hinweis gewertet, dass es sich bei den betreffenden Pflanzen um Embryophyten han-delt, dazu gehören Moose und Landpflanzen mit echten Leitge-fäßen (Farnartige, Blütenpflanzen).

Schon länger sind Sporen von Landpflanzen aus Sedimenten be-kannt, die bis zu 30 Millionen Jah-re älter datiert werden als die ersten Landpflanzen-Makrofossilien wie Sprosse, Blätter oder Sporangien (Sporenbehälter). Die ältesten Spo-renfunde, sog. Cryptosporen, stamm-ten bislang aus dem späten Mittel-