

ordovizium, während die ältesten Reste von Landpflanzen-Makrofossilien erst im mittleren Silur nachgewiesen wurden (vgl. GENSEL 2008, 461). Die den Moosen zugeordneten Cryptosporen besitzen keine klar abgegrenzte Öffnung und sind relativ dickwandig; sie gelten als primitiver als Sporen mit charakteristischen Öffnungen, die erst ab dem Silur bekannt sind. Die Cryptosporen sind geographisch weit verbreitet und ändern sich in ihrer taxonomischen Vielfalt kaum, so dass eine lange Phase evolutionären Stillstandes im oberen Ordovizium und unteren Silur vermutet wird.

Nun wurde in Argentinien eine Sporen-Vergesellschaftung entdeckt, die mit 472 Millionen Jahren um etwa 10 Millionen Jahre älter datiert wurde als die bisher frühesten bekannten Funde von Landpflanzen-Sporen aus dem unteren Mittelordovizium. Die entdeckten Cryptosporen hat man fünf verschiedenen Gattungen zugeordnet, sie repräsentieren eine beachtliche Vielfalt. Es handelt sich um sog. Monaden (einzelne Sporen) und Tetraden (Viergruppen) (RUBINSTEIN et al. 2010). Die Sedimente stammen aus dem Tidenbereich; eine Bestimmung des genauen Wuchsortes der Pflanzen ist aber nicht möglich.

Damit wird die Zeitspanne zwischen den ersten Mikro- und den frühesten Makrofossilien auf ca. 40 Millionen Jahre ausgedehnt. Aufgrund der Vielfalt der neuen Funde sind RUBINSTEIN et al. der Auffassung, dass der Ursprung der Embryophyten noch weiter in die Vergangenheit gelegt werden muss, möglicherweise sogar ins Kambrium, dem untersten geologischen System des Phanerozoikums (= „Zeitalter des sichtbaren Lebens“). Mit GENSEL (2008) bemerken die Autoren, dass eine „extrem langsame“ Evolution der Embryophyten in den ersten etwa 35–45 Millionen Jahren ihrer Diversifizierung abgelau- fen sein müsse.

Diese Befunde zeigen, dass es über große Zeiträume geologisch nicht überlieferte Lebensräume von Landpflanzen (wahrscheinlich Moosen) gibt. GENSEL (2008, 463) erwähnt u. a. die Idee, dass frühe

Pflanzen in Gegenden gelebt haben könnten, aus denen sie nicht in Ablagerungsräume transportiert wurden. Diese Idee ist schon alt und wurde bereits von AXELROD (1959) ins Spiel gebracht. Danach können in kontinentalen Sedimenten eingebettete Pflanzenreste eher durch nachfolgende Erosion zerstört worden sein als eine unweit des Wuchsortes eingebettete Küstenvegetation. Dieser Autor hält es für möglich, dass die Phasenabfolgen der ältesten Landpflanzen lediglich Abfolgen ökologischer Einheiten widerspiegeln, die von höheren in tiefere Wuchsgebiete gewandert sein könnten. Damit würden sie keine evolutionären Änderungen belegen, sondern nur eine Ablösung verschiedener ökologischer Einheiten (AXELROD 1959, 270; weiter auch anhand jüngerer Autoren diskutiert in JUNKER 1996, 76ff.).

Der enorme zeitliche Abstand zwischen dem Nachweis erster Mikrofossilien und erster Makrofossilien erscheint problematisch: Wie kann es sein, dass über etwa 40 Millionen Jahre hinweg keine Spuren einer geographisch verbreiteten Landpflanzenwelt nachweisbar sind? Möglicherweise kann dieser Befund als indirekter Hinweis auf viel kürzere Zeitdimensionen gewertet werden. Denn je größer der Zeitraum ist, in dem nicht überlieferte Organismen sich in unbekannten Refugien verbargen, umso weniger verständlich ist das *komplette* Aussetzen ihrer Fossilisation. Zwar ist aufgrund ihrer sehr viel größeren Anzahl zu erwarten, dass die Fossilüberlieferung von Sporen früher einsetzt als die von Makrofossilien, doch gilt das nicht für Zeitspannen von vielen Millionen Jahren. Auch der von den Autoren angenommene evolutionäre Stillstand ist irritierend und lässt ein evolutionäres Szenario fraglich erscheinen.

[AXELROD DI (1959) Evolution of the psilophyte paleoflora. *Evolution* 13, 264–275; JUNKER R (1996) Evolution früher Landpflanzen. *Neuhausen*; GENSEL P (2008) The earliest land plants. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 39, 459–477; RUBINSTEIN CV, GERRIENNE P, DE LA PUENTE GS, ASTINI RA & STEEMANS P (2010) Early Middle Ordovician evidence for land plants in Argentina (eastern Gondwana). *New Phytol.* 188, 365–369.] R. Junker

■ Neues von den Dinos

Jeder kennt *Tyrannosaurus rex*, den „König der Herrscherechsen“ und Inbegriff von „Dinosauriern“, den „schrecklichen Echsen“ (obwohl nicht sicher ist, ob er überhaupt ein *jagender* Räuber war). Sein gefährlicher Eindruck lässt leicht übersehen, dass seine Arme klein und nur zwei Finger ausgebildet waren. Aus der Verwandtschaft von *T. rex* wurde nun erstmals eine Art beschrieben, die nur einen einzigen Finger besaß – *Linhenykus monodactylus*. Sie gehört zur Gruppe der Alvarezsaurier, einem Zweig der fleischfressenden Theropoden, zu denen auch die Tyrannosauriden gehören. Die Forscher sind mehrheitlich der Auffassung, dass unter den Theropoden die Vorfahren der Vögel zu suchen sind.

Entdeckt wurde ein Teilskelett von *Linhenykus* in der zur Oberkreide gehörenden Wulansuhai-Formation nahe der Grenze zwischen Mongolei und China; die Formation wird auf 84–75 Millionen Jahre datiert. Erhalten sind Hals-, Rücken-, Sakral- und Schwanzwirbel, Vorder- und Hinterextremitäten sowie das Becken. Der kleine Dinosaurier war nur so groß wie ein Papagei – also nicht unbedingt zu fürchten – und benutzte seinen einzigen Finger wahrscheinlich zum Graben.

Die meisten Theropoden besitzen drei Finger; bei den Alvarezsauriden sind die beiden äußeren Finger reduziert. So gesehen müsste die einfingerige Gattung *Linhenykus* als abgeleitet bzw. spezialisiert angesehen werden; dafür würde auch das relativ geringe Alter sprechen. Dennoch gilt diese Gattung aufgrund cladistischer Analysen als ursprünglich (XU et al. 2011), z. B. wegen der schlanken Form des Fingers, während die Finger nah verwandter Formen sehr robust gebaut sind. XU et al. (2011) werten die „unerwartete Merkmalskombination“ als Hinweis auf ein komplexes Muster der Hand-Evolution bei den Alvarezsauriden; dabei sei der Verlust der äußeren Finger unabhängig von der Änderung der Form von Finger II verlaufen. Ein-

mal mehr führt die Annahme von Evolution in Merkmalswidersprüche.

Vom anderen Ende der Dinosaurier-Zeit stammt ein Fund von *Eodromaeus murphi*, einem zierlichen, etwa 1 m langen, zweibeinigen Dinosaurier (Abb. 1). Er wird von den Beschreibern MARTINEZ et al. (2011) als früher Vertreter der Theropoden betrachtet, gehöre also zur selben Gruppe wie *Linhenykus*, stammt jedoch mit 230 Millionen Jahren aus der Anfangszeit der Dinosaurier. Die neue Gattung wurde in der Obertrias Argentinens im Naturreservat Ischigualasto entdeckt und gehört zu den ältesten Dinosaurierfunden. Aus den Theropoden ausgegliedert wurde hingegen die ähnlich alt datierte Gattung *Eoraptor*, die die Forscher in derselben Fossilagerstätte entdeckt hatten. Sie wird nun aufgrund von Details im Schädelbau zu den Sauropoden, einer anderen Hauptgruppe der Dinosaurier, gestellt (andere Vertreter dieser Gruppe sind pflanzenfressende Giganten wie *Brachiosaurus* und *Apatosaurus*). Außerdem ist in der Obertrias auch die dritte Hauptgruppe der Dinosaurier, die Ornithischier, nachgewiesen (dazu gehört beispielsweise der bekannte *Stegosaurus*). Damit zeigen die Fossilien aus Ischigualasto, dass die frühen Dinosaurier sowohl verbreiteter als auch vielfältiger waren als bisher angenommen. Die großen Dinosaurierlinien starteten gemäß ihrer Fossilüberlieferung nach momentaner Datenlage also gleichzeitig, und zwar mit ihren jeweils typischen Ernährungs- und Fortbewegungsweisen (vgl. auch den Kommentar von BALTER 2011). Seltsamerweise dauerte es dann aber noch 30 Millionen Jahre, bis sie die Fauna dominierten. Die Autoren vermuten, dass die Dinosaurier freiwerdende ökologische Nischen einnahmen und sich nicht in Konkurrenz mit anderen Arten durchsetzten. Doch wäre ein solches ökologisches Szenario auch in einem viel kürzeren Zeitraum plausibel. Dazu würde auch das zwischenzeitliche längere Verschwinden bei praktisch sämtlichen Hauptgruppen der Dinosaurier passen – trotz ökologisch herausra-



Abb. 1 *Eodromaeus murphi*
(Zeichnung: Todd MARSHALL)

gender Stellung und stabiler Skelettelemente (vgl. STEPHAN 2010, 129f., 157f.)

[BALTER M (2011) Pint-sized predator rattles the dinosaur family tree. Science 331, 134; MARTINEZ RN, SERENO P, ALCOBER OA, COLOMBI CE, RENNE PR, MONTANEZ IP & CURRIE BS (2011) A basal dinosaur from the dawn of the dinosaur era in southwestern Pangaea. Science 331, 206-210; STEPHAN M (2010) Sintflut und Geologie. Holzgerlingen, 3. Aufl.; XU X, SULLIVAN C, PITTMAN M, CHOINIERE JN, HONE D, UPCHURCH P, TAN Q, XIAO D, TAN L & HAN F (2011) A monodactyl nonavian dinosaur and the complex evolution of the alvarezsaurid hand. Proc. Natl. Acad. Sci. 108, 2338-2342]

R. Junker

■ Langzeit-Experiment mit *Drosophila* – weniger Evolution als gedacht

Um genetische Veränderungen im Verlauf vieler Generationen experimentell zu untersuchen ist man auf Organismen angewiesen, die eine kurze Generationszeit aufweisen. Entsprechende Langzeitstudien mit Bakterien und Hefekulturen sind beschrieben. Diese sich asexuell fortpflanzenden Organismen stellen die bisherige empirische Basis für Modelle und Mechanismen von Langzeit-Evolutionsprozessen dar.

BURKE et al. (2010) stellten kürzlich eine Studie mit der Taufliege *Drosophila melanogaster* vor – einem klassischen „Haustier“ der Genetiker. Damit liegt erstmals eine umfangreiche genetische Studie eines Langzeit-Evolutionsex-

periments mit Organismen vor, die sich sexuell fortpflanzen.

Im Labor von M. ROSE werden die kleinen Zweiflügler seit 1991 inzwischen in mehr als 600 Generationen gezüchtet und auf schnellere Entwicklung selektiert. Die gezüchteten Populationen entwickeln sich im Verhältnis zu Tieren der Ausgangs- und Vergleichsgruppe ca. 20 % schneller vom Ei bis zum erwachsenen, fortpflanzungsfähigen Tier. Damit einher geht auch die Entstehung veränderter Phänotypen (äußeres Erscheinungsbild: etwa bezüglich Größe, Lebensdauer etc.).

Für die Untersuchung wurden Daten aus umfangreichen Genomanalysen erzeugt. Es wurden sowohl spezielle Gene analysiert (bezüglich Änderung in der Allelhäufigkeit: allele frequency differentiation) als auch komplette Genomdaten von *Drosophila*-Populationen aus dem Selektionsexperiment herangezogen. (Allele sind Varianten eines Gens.)

Bisher war man meist davon ausgegangen, dass bei sexueller Fortpflanzung wie auch bei der Entwicklung von Bakterienkulturen genetische Veränderungen (Mutationen) in einer Population auftauchen und dann in einem bestimmten Erbgutabschnitt fixiert werden. In ihrer Arbeit suchten BURKE et al. nach positiven (Punkt-)Mutationen, die ein neues Basenpaar und damit einen neuen sog. SNP (Ein-