

## Vielfalt durch Kombination weniger Gene

Viele Hunderassen sind in wenigen hundert Jahren entstanden. Woher kommt ihre große Vielfalt? Vor einigen Jahren konnte gezeigt werden, dass ein einziges Gen, Igf-1 (insulin-like growth factor 1), eine entscheidende Bedeutung für die Körpergröße der Hunde hat (CHECK 2006). Wir hatten darüber in *Studium Integrale Journal* berichtet (Jg.14, 2007, S. 50f.). PARKER et al. (2009) fanden bei einer Untersuchung von 835 Hunden aus 76 Rassen heraus, dass das Retrogen fibroblast growth factor 4 (fgf4) eng mit der Ausbildung kurzer Beine (Chondrodysplasie) gekoppelt ist, die für mindestens 19 Hunderassen charakteristisch ist wie z. B. Dackel, Pekinese, Basset oder Corgi (vgl. Abb. 1). Retrogene entstehen durch Retrotransposition verdoppelter Gene. (Dabei wird RNA in DNA zurückübersetzt und diese an einer neuen Stelle im Erbgut eingebaut.) Die Autoren schließen aus ihren Untersuchungen, dass ein einzelnes evolutionäres Ereignis einen großen Einfluss auf die Richtung der phänotypischen (gestaltlichen) Vielfalt beim Hund haben kann.

In einer weiteren Studie untersuchten CADIEU et al. (2009) die genetischen Grundlagen der Variation der Fellfarbe und Fellbeschaffenheit an 1000 Hunden aus 80 Rassen. Sie identifizierten drei Gene (RSPO2, FGF5 und KRT71), die für die Mehrzahl der Farbmuster des Fells und Fellbeschaffenheit wie Länge und Kräuselung verantwortlich sind. Ein großer Teil der Variation kann demnach durch Kombination weniger Gene erzeugt werden.

Beide neuen Studien stützen die Hypothese, dass eine relativ geringe Anzahl von Genen ein großes Ausmaß an Variation ermöglichen kann. Diese Befunde lassen sich auch durch eine Vorprogrammierung von Variation durch Kombination und Mutation deuten.

[CADIEU E, NEFF M et al. (2009) Coat variation in the domestic dog is governed by variants in three genes. *Science* 326, 150-153; CHECK E (2006) One gene between tiny dogs and giant ones? <http://www.nature.com/news/2006/061009/full/061009-12.html>; PARKER, GH, VONHOLDT BM et al. 2009. An expressed Fgf4 retrogene is associated with breed-defining chondrodysplasia in domestic dogs. *Science* 325, 995-998.] R. Junker

## Auf den Kopf gestellt: Die Argumentation mit dem Wurmfortsatz

Der Wurmfortsatz (die Appendix) des Blinddarms galt lange Zeit als Paradebeispiel eines (nahezu) nutzlosen Organs, das nur durch Rückbildung im Verlaufe einer längeren Evolution verstehbar sei. Auch Charles DARWIN hielt ihn für überflüssig. Es gab zwar schon lange Hinweise auf eine Funktionalität der Appendix, ein definitiver Beweis dafür gelang aber erst vor wenigen Jahren. Es konnte gezeigt werden, dass die Appendix u.a. eine Art



Zufluchtsort („safe house“) und Rettungsstation für symbiotische Bakterien darstellt, die das Wachstum nützlicher Darmbakterien fördert und bei durchfallbedingten Darmentleerungen die Wiederbesiedlung mit diesen Bakterien ermöglicht bzw. erleichtert. Diesen Bakterien fällt die Aufgabe zu, die Ausbreitung gefährlicher Krankheitserreger im menschlichen Verdauungstrakt zu verhindern, was besonders nach Durchfallerkrankungen sehr wichtig ist. Besonders in Gegenden, wo die medizinische Versorgung nicht gut ist, ist diese Funktion der Appendix wichtig (BOLLINGER et al. 2007).

Gegen die Deutung des Wurmfortsatzes als rudimentäres Organ sprach auch dessen Vorkommen bei verschiedenen Säugetiergruppen. Dieses legte eher ein Neuauftreten des Organs, nicht jedoch seine Rückbildung im Verlauf der Evolution nahe. Eine phylogenetische Studie brachte eine weitere Bestätigung. SMITH et al. (2009) legen eine detaillierte Untersuchung über die Vielfalt des Wurmfortsatzes bei den Säugetieren vor. Etwa 80 Arten aus verschiedenen Familien wurden untersucht; eine Appendix kommt in den meisten Gruppen vor, sie fehlt aber auch einer Reihe von Organismen. Die Autoren fanden drei Morphotypen der Appendix und appendix-ähnliche Strukturen in Arten, die keinen echten Wurmfortsatz besitzen. Cladistischen Analysen zufolge muss für den Wurmfortsatz eine mindestens zweimal unabhängige Entstehung in der Evolution der Säugetiere angenommen werden. Das bedeutet, die Appendix verschiedener Arten lässt sich wegen ihrer konvergenten Entstehung nicht mehr sicher homologisieren, d. h. auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückführen. Außerdem muss im evolutionstheoretischen Rahmen angenommen werden, dass der Wurmfortsatz in einigen Gruppen über mindestens 80 Millionen erhalten blieb. Alle diese Befunde schließen die Deutung der Appendix als funktionsloses phylogenetisches Rudiment weiter aus. Viel-

Abb. 1: Kurzbeiniger Welsh Corgi („Walisischer Zwerghund“). (GNU Freie Dokumentationslizenz)

mehr stellt sich jetzt die Frage, wie der Wurmfortsatz oder ähnliche Strukturen mehrmals unabhängig entstehen konnten. Die Argumentation ist gegenüber früher somit auf den Kopf gestellt – oder besser: auf die Füße.

[BOLLINGER RR, BARBAS RS, BUSH EL, LIN SS & PARKER W (2007) Biofilms in the large bowel suggest an apparent function of the human vermiform appendix. *J. Theor. Biol.* 249, 826-831; OSTERKAMP J (2009) Wegoperierte Evolution. Entzündlicher Blinddarm-Anhang punktet bei vielen Säugertiergruppen. <http://www.wissenschaft-online.de/artikel/1005617>; SMITH HF, FISHER RE, EVERETT ML, THOMAS AD, RANDAL BOLLINGER R & PARKER W (2009) Comparative anatomy and phylogenetic distribution of the mammalian cecal appendix. *J. evol. Biol.* 22, 1984-1999. doi:10.1111/j.1420-9101.2009.01809.x] R. Junker

## Immer wieder neue Zweifel: Sind Dinosaurier Vorfahren der Vögel?

Schon mehrfach äußerten Paläontologen die Auffassung, dass die Abstammung der Vögel von Theropoden-Dinosauriern definitiv gesichert sei. Dennoch kommen kritische Stimmen nicht zur Ruhe (vgl. die Streiflichter in *Studium Integrale Journal* 16 [2009], 118f.). So wurden immer wieder konstruktive Gründe gegen die Möglichkeit eines Umbaus genannt. Kritik kommt nun aber auch aufgrund einer umfangreichen cladistischen Analyse. Dabei werden möglichst viele Merkmale verschiedener Arten analysiert und daraus computergestützt ein möglichst widerspruchsfreies Cladogramm erstellt. Ein Cladogramm kann auch als „Ähnlichkeitsbaum“ bezeichnet werden. Dabei gilt das Sparsamkeitsprinzip, d. h. das Cladogramm, welches die wenigsten Merkmalswidersprüche aufweist, gilt als die wahrscheinlichste Widerspiegelung der tatsächlichen Abstammungsverhältnisse. Die Cladogramme selber sind allerdings nur Darstellungen von Ähnlichkeitsbeziehungen, die nicht notwendigerweise Abstammungsverhältnisse widerspiegeln.

JAMES & POURTLESS (2009) stellen in Frage, ob die Hypothese der Abstammung der Vögel von der Theropoden-Untergruppe der Maniraptora wirklich so „überwältigend gesichert ist wie manche behaupten“. Sie unterzogen 46 Taxa und 208 Merkmale einer erneuten Analyse und prüften fünf evolutionäre Hypothesen anhand ihrer Ergebnisse. Drei Hypothesen erwiesen sich dabei als nahezu gleich gut durch die Daten unterstützt, nämlich die allgemein bevorzugte Abstammung von den Theropoden, die Abstammung der Vögel von den Archosauriern und die Abstammung von den Crocodylomorphen. Einige Untergruppen der Theropoden (Oviraptorosaurier, Dromaeosaurier, Troodontiden) sind möglicherweise sekundär flugunfähige Vögel. Die Autoren sind weiter der Auffassung, dass den Unsicherheiten über die Hypothese, dass die Vögel von Maniraptora-Theropoden abstammen, nicht genügend Aufmerksamkeit gewidmet würde. Für

die Verbindung Theropoden – Vögel gelten cladistische Analysen als eines der wichtigsten Argumente. Dieses ist mit der Untersuchung von JAMES & POURTLESS in Frage gestellt. Die Alternativen haben allerdings mit dem Problem zu kämpfen, dass die als Vorläufer der Vögel am ehesten passenden Formen gleichsam viel zu früh in der Fossilabfolge überliefert sind, so dass zwischen diesen und den ersten Vogelfossilien eine große zeitliche Lücke klafft (LUSKIN 2009).

Für manche Paläontologen ist angesichts dieser Unsicherheiten und Mehrdeutigkeiten also offen, von welcher Ausgangsgruppe im Rahmen des Evolutionsparadigmas die Vögel abzuleiten sind. Dass es Vorfahren unter irgendeiner Reptiliengruppe geben muss, wird damit natürlich nicht in Frage gestellt. Die Merkmalsverteilungen ergeben aber offenbar in jedem Fall ein widersprüchliches Bild, das heißt jede Hypothese erfordert die Annahme zahlreicher Konvergenzen, also das unabhängige Auftreten ähnlicher Merkmale. Diese können für sich alleine genommen keine sicheren Indizien für gemeinsame Abstammung sein.

[JAMES FC & POURTLESS IV JA (2009) Cladistics and the Origin of Birds: A Review and Two New Analyses. *Ornithological Monographs* 66, 1-78, doi:10.1525/om.2009.66.1.1; Kommentar aus evolutionskritischer Perspektive: LUSKIN C (2009) Old Theories Die Hard: Birds-Evolved-From-Dinosaurs Hypothesis Takes Big Hits With Two Recent Papers. [www.evolutionnews.org/2009/06](http://www.evolutionnews.org/2009/06)] R. Junker

## Mosaikform statt Übergangsform

Von den ältesten Vertretern fossiler Organismengruppen sollte man erwarten, dass sie möglichst viele „Primitivmerkmale“ besitzen. Das ist jedoch oft nicht der Fall. ZHU et al. (2009) beschrieben den bislang ältesten Knochenfisch *Guiyu oneiros* (Osteichthyes; Abb. 1). Die bisher bekannten frühesten Knochenfisch-Fossilien stammen aus der Ludlow-Stufe (Oberes Silur); sie waren nur bruchstückhaft erhalten. Der nun aus dem Ludlow von Yunnan (China) bekannt gewordene Fisch *Guiyu* gilt als primitiv und ist der älteste fast vollständig erhaltene Angehörige der Kiefermäuler (Gnathostomata). Vom postkranialen Skelett (unterhalb des Schädels) ist einerseits ein „primitiver“ Schultergürtel und ein medianer (in der Mitte liegender) Flossenstachel erhalten; beides ist ausgebildet wie bei Kiefermäulern, die nicht zu den Knochenfischen gehören. Andererseits seien die großen Schuppen („macromeric squamation“) abgeleitet wie bei den Kronen-Osteichthyern. Das ist ein „unerwarteter Mix“, wie er auch bei der Gattung *Psarolepis* entdeckt wurde, dem ältesten Fleischflosser. (Zu Kronengruppen gehören die in evolutionstheoretischer Deutung höher entwickelten Formen.) NICHOLLS (2009, 165) bezeichnet die neu entdeckte Gattung als „wirklich komplexen Fisch“. Damit müssten die meisten wichtigen evolutiven Schritte bei der Auf-