

in früheren Arbeiten *auch* ohne berichtete Kreuzungen zu einem Grundtyp gerechnet, da Gattungen aufgrund großer morphologischer Übereinstimmung gruppierte Art-Verbände darstellen. In diesem Kontext ist interessant, was HERREL (2007, 228) über eine andere *Podarcis*-Art zu sagen hat: „Der Allesfresser *Podarcis lilfordi* aus der Familie der Lacertidae [...] weist deutliche Abänderungen des Dickdarms, einschließlich Falten im Blinddarm auf, die vermutlich den Weitertransport der Nahrung verlangsamen sollen.“ Der spezifischen Konstruktion einer Klappe ist das noch nicht gleich, dennoch kann diese Beobachtung zumindest als Indiz für eine polyvalente Ausstattung des Verdauungstrakts der Vorfahren von *Podarcis* gewertet werden, welche Vor-Anpassungen verschiedenen Grades für die Verdauung von Pflanzenmaterial bereitstellte.

⁹ Siehe dazu WOOD (2008). Eine frühere Version des Programms – BDIST (WOOD 2001) – ist im Internet mit Anleitung frei verfügbar.

¹⁰ Die kalkulierten Datensets können beim Autor angefordert werden und sind in der online-Version des Artikels auf www.wort-und-wissen.de/sij einsehbar.

¹¹ Es kann hier eingewendet werden, dass meine Einschätzung bezüglich des Anteils an der Population zu optimistisch sein könnte, falls die Auswahl von HERREL et al. nicht zufällig erfolgte. Die Wissenschaftler untersuchten schließlich nur bereits tote Individuen. Es wäre möglich, dass Individuen mit Blinddarmklappen eine höhere Sterblichkeit aufweisen, weil ihnen die Struktur in irgendeiner Weise schadet. Damit würde der Anteil von Blinddarmklappen-Trägern an toten *P. sicula*-Vertretern nicht dem Anteil an der lebenden und sich fortpflanzenden Population entsprechen. Für eine solche Annahme besteht jedoch keine empirische Basis.

¹² Theoretisch möglich ist es jedoch schon: Wenn von der Gründerpopulation bereits ein Pärchen die Struktur aufgewiesen hätte und alle anderen – ohne Nachkommen zu hinterlassen – sofort gestorben wären, so hätte die gesamte Population von Anfang an die Blinddarmklappen gehabt. In diesem rein spekulativen Fall könnte jedoch auch nicht mehr von einer *Entstehung* der Struktur auf Pod Mrčaru gesprochen werden, da sie ja bereits in der Ausgangspopulation vorhanden gewesen wäre.

K U R Z B E I T R Ä G E

Neues zum explosionsartigen Auftreten der Bedecktsamer

Zusammenfassung: Molekularbiologische Untersuchungen der Bedecktsamigen Blütenpflanzen (Angiospermen) bestätigen im Wesentlichen das aus morphologischer und paläobotanischer Sicht schon lange bekannte Problem des schlagartigen Auftretens der Mehrzahl der zugehörigen Gruppen. Die aus den DNA-Sequenzvergleichen abgeleiteten „Stammbäume“ sind deutlich strauchartig. An der Basis stehen verschiedene kleinere und meist wenig bekannte, zweikeimblättrige Vertreter (= Basale Angiospermen), dicht gefolgt von den praktisch gleichzeitig erscheinenden und sich rasch auffächernden Einkeimblättrigen (= Monocots) und dem Rest der Zweikeimblättrigen (= Eudicots).

Das plötzliche Auftreten der Bedecktsamigen Blütenpflanzen (Angiospermen) zu Beginn der Kreideformation in großer Formenfülle und ohne Übergangsformen zu einer angenommenen gemeinsamen Ausgangsgruppe, das DARWIN in einem Brief als „abscheuliches Geheimnis“ bezeichnet hat, ist ein bis heute ungelöstes Problem der Evolution. Wir hatten im Studium Integrale Journal ausführlich darüber berichtet (KUTZELNIGG 2000, 2001).

Neue molekularbiologische Untersuchungen zur Systematik der Angiospermen aufgrund des Vergleiches einer größeren Zahl von Plastidengenen.

Neue umfangreiche molekularbiologische Untersuchungen zweier Arbeitsgruppen bestätigen nunmehr das schnelle, ja explosionsartige Auftreten dieser mit knapp 300.000 Arten größten Pflanzengruppe (JANSEN et al. 2007, MOORE et al. 2007). Die Basis für die Untersuchungen war denkbar groß, indem die Gensequenzen von 81 bzw. 61 Plastidengenen (vgl. Kasten) bei 64 bzw. 45 ausgewählten rezenten Vertretern der Angiospermen verglichen wurden. Wegen der großen Anzahl untersuchter Gene scheint der für einige vorgehende Analysen zutreffende Vorwurf, es würde statt der Stammesgeschichte lediglich das Schicksal eines einzigen Gens oder weniger Gene verfolgt, zu entfallen. Dennoch muss kritisch eingewandt werden, dass weder Gene des Zellkerns noch solche der Mitochondrien und auch keine morphologischen Merkmale berücksichtigt wurden. Außerdem mag zwar eine größere Anzahl von Plastidengenen die Auflösung der verwandtschaftlichen Beziehungen

erhöhen, da mehr Merkmale untersucht werden können, aber es ist zu beachten, dass das Plastidengenom nur aus einem einzigen Molekül besteht, und daher die Daten nicht voneinander unabhängig sind, sondern lediglich einen einzigen, wenn auch umfangreichen Merkmalskomplex darstellen.

Bemerkenswert ist in dem Zusammenhang ein Artikel über die genannten Arbeiten in der Online-Zeitschrift *spektrumdirekt* (MARTY 2007), in welchem der Autor einem größeren Leserkreis die Situation des „abscheulichen Geheimnisses“ nochmals eindrücklich bewusst macht. So heißt es u.a. „... Ihren außerordentlichen Artenreichtum hätten die Bedecktsamer also schlagartig hervorbringen müssen ... Vermutlich entfalteten sie den Großteil ihrer grünen Pracht innerhalb weniger Millionen Jahre – im Maßstab der Evolution nicht mehr als ein Wimpernschlag ... Warum die Artenvielfalt so plötzlich explodierte, wissen die Forscher allerdings immer noch nicht. Darwins Wissen ist damit zwar überholt – sein ‘abscheuliches’ Geheimnis bleibt aber wohl noch eine Weile ungelüftet.“

Nun zu den Ergebnissen der Arbeitsgruppen um Robert K. JANSEN (JANSEN et al. 2007) und Douglas E. SOLTIS (MOORE et al. 2007): Das Plastidengenom der Angiospermen umfasst 129 Gene, von denen 16 zweimal vorhanden sind. 18 Gene besitzen Introns, das sind nicht codierende DNA-Abschnitte innerhalb eines Gens. Von 15 Genen und einer Gruppe von 11 Genen ist bekannt, dass sie bei einzelnen Arten fehlen können. Gelegentlich fehlen mehrere gleichzeitig. Den bisherigen Rekord hält die Passionsblume, der 9 Plastidengene + 2 Introns fehlen. Viele Arten aber verfügen über das volle Gensortiment. Die Annahme, dass sich die fehlenden Plastidengene im Kerngenom wiederfinden, konnte bisher in zwei Fällen nachgewiesen werden.

Welche Gene fehlen und wie viele, korrespondiert im Allgemeinen nicht mit dem aufgestellten Stammbaum, d.h. es gibt diesbezüglich zahlreiche Konvergenzen. So ist z.B. das Gen *clpP* dreimal und das Gen *infA* elfmal „verloren gegangen“. Das heißt, wir haben auch hier wieder die bei „Stammbäumen“ so häufig auftretende Situation, dass man unter der Annahme einer gemeinsamen Abstammung das mehrfache unabhängige Entstehen solcher Verluste postulieren müsste. Auffällig ist, dass die „Genverluste“ nicht die basalen Gruppen der Bedecktsamer betreffen, sondern sich auf die mehr abgeleiteten Gruppen innerhalb der Einkeimblättrigen und Zweikeimblättrigen beschränken. Was dieses Phänomen zu bedeuten hat, ist derzeit offenbar noch ungeklärt.

Grundsätzlich geht man bei allen molekularbiologischen Untersuchungen im evolutionstheoretischen Rahmen davon aus, dass die festgestellten Ähnlichkeitsbeziehungen, die man als Kladogramm (gabeliges Verzweigungsschema) darstellen kann,



Abb. 1: Zweigstücke des Gewöhnlichen Hornblatts (*Ceratophyllum demersum*), einer heimischen Unterwasserpflanze. Ihre Stellung im System ist unklar. Aber auf jeden Fall unterscheidet sie sich von allen Zweikeimblättrigen Pflanzen in morphologischer ebenso wie in molekularer Hinsicht. (Wikipedia, Public Domain)

als Stammbaum der betreffenden Gruppe interpretiert werden können. Welche Probleme mit der Auswertung solcher Daten verbunden sind, wird ausführlich in Kapitel 10.2 des Lehrbuchs von JUNKER und SCHERER (2006) erläutert (siehe auch Kasten). Dennoch sind die Ergebnisse solcher Vergleiche oftmals aufschlussreich, vor allem wenn sie wie im vorliegenden Fall auf eine relativ breite Basis gestellt wurden.

Die Ergebnisse bzw. ihre Interpretation bestätigen in groben Zügen die ersten Ergebnisse entsprechender molekularbiologischer Studien, wie sie bereits von CHASE et al. (1993) vorgelegt wurden und die auch Aufnahme in die 34. Auflage (1998) des von STRASBURGER begründeten Lehrbuchs der Botanik gefunden hatten. In weiten Abschnitten gehen sie auch mit Einteilungen aufgrund der Morphologie einher. Bei genauerem Betrachten zeigen sich aber doch auch deutliche Unterschiede, und manche Abzweigungen im Kladogramm fallen auch heute noch je nach verwendetem Auswertungsverfahren und je nach zugrunde gelegten Datensätzen unterschiedlich aus. Besonders auffällig sind die Diskrepanzen bei der auch in Deutschland vertretenen isolierten Ordnung der Ceratophyllales mit der einzigen Gattung *Ceratophyllum* (Hornblatt), einer hornartig versteiften, untergetaucht lebenden Wasserpflanze (Abb. 1). Diese Gattung nimmt in den acht alternativen Kladogrammen, die MOORE et al. (2007) exemplarisch darstellen, auch acht verschiedene Positionen ein, darunter aber bemerkenswerterweise nicht die im STRASBURGER (1998) herausgestellte Position als Schwestergruppe aller übrigen Bedecktsamer (siehe auch Kasten, Stichwort Kladogramm).

Betrachten wir die neu vorgelegten „Stammbäume“ etwas genauer, so fällt zunächst auf, dass wir wegen geringer Unterschiede der basalen Gruppen (d.h. der als ersten von den anderen abzweigenden Gruppen) keine Bäume, sondern eher Sträucher vorfinden. Dieses Bild ist auch von anderen Organismengruppen bekannt.

Bei den Angiospermen ist auffällig, dass die „Sträucher“ stark asymmetrisch sind, indem eine ganze Reihe von isolierten, meist wenig artenrei-

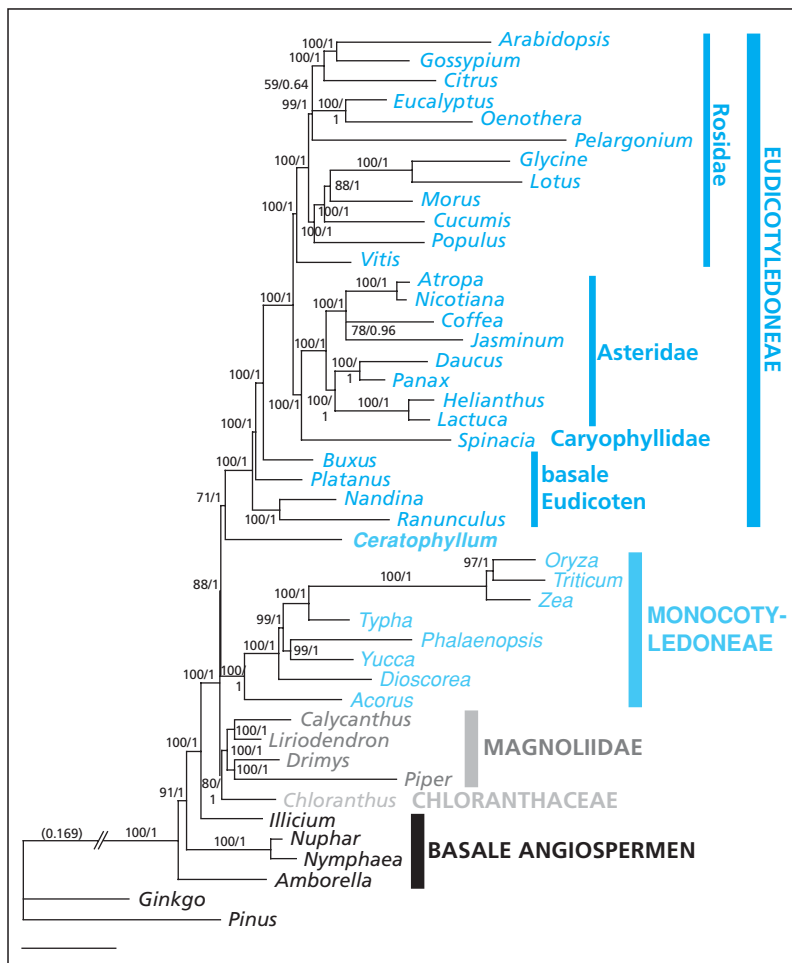


Abb. 2: Phylogramm der Angiospermen auf der Basis des Vergleichs von 61 Plastidengenen bei 45 ausgewählten Pflanzen nach MOORE et al. (2007). Die Zahlen an den Verzweigungen geben auf verschiedene Weise berechnete statistische Absicherungen an und können trotz teilweise extrem kurzer horizontaler Astlängen (z.B. nach der Abzweigung der basalen Angiospermen) mit nur einer Ausnahme (der Verbindung der drei obersten Arten im Baum mit dem Rest) als signifikant angesehen werden. Die Strichlänge unten links ist das Maß für die Astlängen und bedeutet 0.05 Austausche pro Nukleotidposition oder, als grobe Annäherung, ca. 5% Sequenzunterschied.

chen und meist nur dem Spezialisten bekannten Ordnungen an der Basis steht und sich jeweils vom ganzen Rest absetzt (Abb. 2). Die erste Abzweigung dieser Art wird durch die Ordnung der Amborellales gebildet, zu der nur die eine Art *Amborella trichopoda* (Abb. 3) gehört, ein immergrüner Strauch, der in seiner Verbreitung auf die vor Australien gelegene Inselgruppe Neukaledonien beschränkt ist. Vom verbleibenden Rest hebt sich die Seerosenverwandtschaft (Nymphaeales) mit den Gattungen *Nymphaea* (Seerose) und *Nuphar* (Teichrose, Abb. 4) ab. Es folgen die artenarmen Ordnungen Austrobaileyales mit z.B. der Gattung *Illicium* und Chloranthales mit der Gattung *Chloranthus*. Die Länge der Gabeläste als Maß für die Unterschiede (in der Grafik durch die Länge der Striche in der Horizontale bis zur Abzweigung dargestellt) sind teilweise minimal.

Aus praktischen Gründen werden die kleinen asymmetrischen Verzweigungen zusammengefasst. So werden z. B. in Abb. 2 die „untersten Äste“ mit

Amborella, *Nymphaea* + *Nuphar* und *Illicium* als „basale Angiospermen“ bezeichnet. Davon abweichend schließen JANSEN et al. (2007) noch weitere Gruppen wie etwa *Chloranthus* und die Magnoliidenverwandten (Magnoliids) mit in die basalen Angiospermen ein.

Für alle, die sich in den letzten Jahren nicht mit neueren Ergebnissen der Systematik der Blütenpflanzen beschäftigt haben, zeigt Abb. 2 weitere Überraschungen. So ist vor allem die altbekannte Zweiteilung der Bedecktsamer in die klar getrennten Äste der Einkeimblättrigen (Monocotyledoneae) und Zweikeimblättrigen (Dicotyledoneae) aufgehoben, was sich allerdings auch vorher schon zunehmend aufgrund von morphologischen Kriterien abzeichnete. Stattdessen „erscheinen“ praktisch gleichzeitig drei Gruppen (Klassen) mit jeweils starker basaler Verzweigung, nämlich die bereits genannten „basalen Angiospermen“ unter Einschluss der Magnoliidae (Magnoliopsida oder „Einfurchenpollen-Zweikeimblättrige“), aus denen sowohl die Eigentlichen Dikotylen (Rosopsida = Eudicots) als auch die Monokotylen (Liliopsida = Monocots) hervorgehen. Im Groben ist diese Gliederung schon seit einigen Jahren bekannt (vgl. STRASBURGER 1998). Bei den hier vorgestellten Untersuchungen ging es hauptsächlich darum, die im Detail noch unklaren basalen Verzweigungen besser aufzulösen. Dies ist auch für manche Bereiche geglückt, aber z.B. die genaue Stellung der drei großen Gruppen zueinander ist nach wie vor unklar, da sie selbst bei gleicher Datengrundlage von den verwendeten Auswertungsverfahren abhängig sind, z.B. ob man die Unterschiede sog. schneller oder langsamer Gene miteinander vergleicht.

Aus molekularbiologischer Sicht kann man die vorgelegten Ergebnisse für den Augenblick so zusammenfassen, dass die methodischen Probleme bei der Rekonstruktion der Beziehungen der basalen Linien noch heftig diskutiert werden, auch wenn in der einen oder anderen Frage sich ein Konsens herauszubilden scheint, so z.B. in Bezug auf die basale Position von *Amborella* oder das Schwestergruppenverhältnis von Einkeimblättrigen (Monocots) und Eigentlichen Zweikeimblättrigen (Eudicots) (siehe auch Kasten, Stichwort Phylogramm).

Was kann man aus dem neuen „Stammbaum“ der Angiospermen schließen? Was aber bedeutet darüber hinaus dieser merkwürdige „Stammbaum“? Aus evolutionstheoretischer Sicht ist abgesehen von dem bereits besprochenen explosionsartigen Auftreten fast aller Gruppen mindestens überraschend, dass es in so großer Zahl primitive Ausgangsformen gibt, die sich bis heute weitgehend unverändert gehalten haben. Aus schöpfungstheoretischer Sicht stellt sich die interessante Frage, was die Ähnlichkeiten und Unterschiede der DNA-

Erläuterungen zu den molekularbiologischen Untersuchungen

Plastidengenom: Die in typischen Pflanzenzellen als Organellen enthaltenen Plastiden besitzen ein eigenständiges, vom Zellkern unabhängiges Erbgut. Die bekannteste Zustandsform (Modifikation) der Plastiden stellen die photosynthetisch aktiven Chloroplasten dar. Deshalb spricht man auch vom Chloroplastengenom. Die DNA der Plastiden ist ringförmig angeordnet und umfasst im vollständigen Satz 129 Gene. Das Plastidengenom wird meist mütterlicherseits übertragen. Es gibt aber auch Fälle, wo es von beiden Eltern und sogar solche, wo es nur väterlicherseits (also durch den Pollen) vererbt wird.

Mitochondriengenom: Auch die winzigen, sowohl in pflanzlichen als auch in tierischen Zellen vorhandenen Mitochondrien besitzen ein eigenes Erbgut. Mitochondriengene wurden in den hier besprochenen Arbeiten nicht untersucht.

Kladogramm: Das ist allgemein die grafische Darstellung genetischer Unterschiede in Form eines Baumes, bei dem sich im Idealfall jede Linie in zwei Tochterlinien aufspaltet. Ein Kladogramm gibt also nur die Art und Reihenfolge der Verzweigungen an (d.h. die Topologie des Baumes). Diese Anordnung ist aber wesentlich von den für die Rekonstruktion des Baumes verwendeten Kriterien abhängig. Unterschiedliche Auswertungsverfahren desselben Datensatzes können zu unterschiedlichen Bäumen führen. Dies gilt z. B. auch für die im Text erwähnten acht verschiedenen Kladogramme in MOORE et al. (2007), in denen z. B. die Gattung *Ceratophyllum* (Hornblatt) acht verschiedene Plätze einnimmt; sie beruhen alle auf den gleichen Daten. – Zu weiteren Problemen der Interpretation von Kladogrammen vgl. JUNKER & SCHERER (2006, Kapitel 10.2).

Phylogramm: Es enthält über das Kladogramm hinaus Informationen über die Länge der Äste als Maß für die Größe der jeweiligen Unterschiede. Beispiel für ein Phylogramm stellt Abb. 2 dar. Sind die horizontalen Äste sehr kurz, gibt es mehrere Interpretationsmöglichkeiten. Zum Beispiel können sich mehrere Linien innerhalb kurzer Zeit aufgespalten haben (so auch die Interpretation von MOORE et al. 2007), oder inkongruente Merkmale legen alternative Topologien nahe, so dass die kurzen internen Äste eher auf widersprüchliche Information als auf tatsächliche Artaufspaltungs-Ereignisse zurückzuführen sind. Selbst eine ausgezeichnete statistische Absicherung solcher Äste kann irreführend sein im Hinblick auf die „wirkliche“ Phylogenie (vgl. ROKAS & CARROLL 2006). Einige der generellen Probleme in Bezug auf die phylogenetische Rekonstruktion, insbesondere bei weit entfernter Verwandtschaft, diskutieren MARTIN et al. (2005).

Sequenzen tatsächlich bedeuten. Im Rahmen des Grundtypkonzepts ist es immer von Interesse zu wissen, welche Kriterien außer der Kreuzbarkeit für die Isolierung einer Gruppe bzw. umgekehrt für Ähnlichkeiten zwischen verschiedenen Arten sprechen. Mindestens in diesem Sinne bergen die vorgelegten Daten wertvolle Informationen.

Nachtrag: neue Erkenntnisse zur Herkunft der Angiospermen aus morphologisch-paläobotanischer Sicht.

An dieser Stelle sei kurz darauf hingewiesen, dass 2007 auch ein Review-Artikel erschien, der neue Erkenntnisse zur Herkunft der Angiospermen behandelt (FROHLICH & CHASE 2007). Die Zusammenfassung geht bereits aus dem Titel der Arbeit hervor: „Nach einem Dutzend Jahren des Fortschritts ist die Herkunft der Angiospermen weiterhin ein großes Geheimnis“. Der größte Teil der Arbeit befasst sich mit der Bewertung von Theorien über die Herkunft der typischen Fortpflanzungsorgane der Angiospermen, ohne hier Abschließendes sagen zu können. Bemerkenswert ist der Hinweis,

Die Magnoliengewächse gelten nun
nicht mehr als ursprünglich,
sondern als relativ abgeleitet.

dass der berühmte Fossilfund *Archaeofructus*, der seinerzeit Anlass gab, eine neue Unterabteilung der Angiospermen zu etablieren (vgl. KUTZELNIGG 2000,



Abb. 3: Blühender Zweig von *Amborella trichopoda*. Dieser nur in Neukaledonien vorkommende Strauch gilt (neben den Nacktsamern) als die primitivste Blütenpflanze überhaupt. (http://www.nsf.gov/news/mmg/media/images/amborella_lvs_h1.jpg, T. J. LEMIEUX, University of Colorado)



Abb. 4: Die Gelbe Teichrose (*Nuphar lutea*) bildet mit weiteren Vertretern der Seerosengewächse eine der untersten Abzweigungen im „Stammbaum“ der Bedecktsamigen Blütenpflanzen. Sie ist eine auch bei uns heimische Schwimmblattpflanze. Man erkennt die typische Blüte und eine dem Wasser aufliegende Spreite. (Foto: R. JUNKER)

S. 55), inzwischen neu interpretiert wurde (die gefundene Reproduktionseinheit ist ein Blütenstand und keine Einzelblüte), sodass die früher angenommene Sonderstellung entfällt. Die beliebte Vorstellung, ursprüngliche Blütenmerkmale bei den Magnoliengewächsen zu suchen, ist fraglich geworden, da diese nun als relativ abgeleitet gelten. Neuere Untersuchungen haben auch Licht auf die Frage geworfen, von welcher Gruppe der Nacktsamer sich die Bedecktsamer ableiten. Die Antwort ist, dass sie von keiner davon abstammen, sondern mit diesen eine gemeinsame und entsprechend weit zurückliegende Wurzel haben. Der Artikel schließt mit den Worten: „Wir hoffen fest, dass spektakuläre paläobotanische Entdeckungen die Ursprünge der Blüten klären werden, aber falls das nicht erfolgt, sind es Evo-Devo-Studien (entwicklungsbiologische Studien), die die wichtigsten neuen Daten liefern werden, sowohl durch Hinweise als auch durch Testen von Theorien über den Ursprung der Blüten.“

Herfried Kutzelnigg

Danksagung. Frau Dr. Judith FEHRER danke ich für wichtige Hinweise.

Literatur

- CHASE MW et al. (1993) Phylogenetics of seed plants: An analysis of nucleotide sequences from the plastid gene *rbcL*. *Ann. Miss. Bot. Garden* 80, 528-580.
- FROHLICH MW & CHASE MW (2007) After a dozen years of progress the origin of angiosperms is still a great mystery. *Nature* 450, 1184-1189.
- JANSEN RK et al. (2007) Analysis of 81 genes from 64 plastid genomes resolves relationships in angiosperms and identifies genome-scale evolutionary patterns. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 19369-19374.
- JUNKER R & SCHERER S (2006) Evolution. Ein kritisches Lehrbuch. Gießen.
- KUTZELNIGG H (2000, 2001) Das „abscheuliche Geheimnis“. Woher kommen die Angiospermen? *Stud. Int. J.* 7, 51-58; 8, 10-15.
- MARTIN W, DEUTSCH D, STAWSKI N, GRÜNHEIT N & GOREMYKIN V (2005) Chloroplast genome phylogenetics: why we need independent approaches to plant molecular evolution. *Trends Plant Sci.* 10, 203-209.
- MARTY C (2007) Darwin überholt. *spektrumdirekt*. <http://www.wissenschaft-online.de/artikel/913106>.
- MOORE MJ, BELL CD, SOLTIS PM & SOLTIS DE (2007): Using plastid genome-scale data to resolve enigmatic relationships among basal angiosperms. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 19363-19368.
- ROKAS A & CARROLL SB (2006) Bushes in the tree of life. *PLoS Biol.* 4, 1899-1904.
- STRASBURGER E (Begr., 1998): *Lehrbuch der Botanik*. 34. Aufl. Stuttgart: Fischer.

Die Geburt der Geburt

Zusammenfassung: Ein aus der Gogo-Formation in Australien geborgenes Fossil der neu beschriebenen Panzerfisch-Art *Materpiscis attenboroughi* stellt den bisher ältesten Beleg für Viviparie (Lebendgeburt) innerhalb der Wirbeltiere dar. Es zeigt, dass damit schon 200 Millionen Jahre früher (nach herkömmlicher Datierung) als bisher bekannt Lebendgeburten stattgefunden haben. Der Fund wird kurz vorgestellt und seine Bedeutung für die Ursprungsfrage diskutiert. Er belegt aufs Neue die Existenz einer Vielfalt komplexer Problemlösungen schon zu einem frühen Zeitpunkt der Erdgeschichte. Daraus ergeben sich interessante Deutungsmöglichkeiten im Rahmen der teleologischen Ursprungssicht für das Paradigma der Grundtypenbiologie und das Konzept des „Frontloadings“.

Die Panzerfische

Die Panzerfische (Placodermi) stellen eine heute ausgestorbene Klasse der kiefertragenden Wirbeltiere (Gnathostomata) dar, die im Mittleren Erdaltertum (Paläozoikum) weit verbreitet war und in diesem Zeitraum die „dominante Gruppe der Wirbeltiere“¹ (LONG et al. 2008a, 650) darstellt. Die

stammesgeschichtliche Position der Placodermi innerhalb der Gnathostomata wird kontrovers diskutiert (GARDINER 1984; YOUNG 1986; GOUJET & YOUNG 2004; MILES & YOUNG 1977). Wie LONG et al. (2008a, 650) jedoch anmerken, ist diese zu erheblichen Teilen auf unterschiedliche Interpretationen der Fortpflanzungsbiologie der Placodermi zurückzuführen. Der hier vorgestellte neue Fossilfund aus dem Jahr 2005 aus der Familie der Ptyctodontida liefert wichtige Informationen zu diesem Aspekt und könnte daher aus evolutionsbiologischer Sicht Licht ins Dunkel der systematischen Debatten bringen. Fossile Funde von Vertretern der besagten Familie waren schon früher für die Forschung wichtig geworden, da sie die ältesten eindeutigen Hinweise auf Kopulation bei Wirbeltieren geliefert haben (MILES 1967).

Das Fossil

Das genannte Fossil wurde in der devonischen Gogo-Formation in Australien entdeckt, die für spektakuläre (Fisch-)Fossilfunde und vor allem deren außergewöhnliche Erhaltung bekannt ist