

Mythos „Konstruktionsfehler“

Die durch FRANZE et al. beschriebenen Funktionen der Müller-Zellen zeigen eindrucksvoll, dass auch die inverse Retina (Netzhaut) für sich selbst als ein optimiertes optisches System beurteilt werden muss. Die Retina ist darüber hinaus integraler Bestandteil in einem anatomisch und funktionell hochleistungsfähigen System.

Nicht nachvollziehbar ist es, dass HEMMINGER in dem o.g. Text einerseits auf diese Entdeckung von FRANZKE hinweist, aber dennoch beharrlich dabei bleibt, die Retina mit Struktur- und Funktionsmängeln behaftet zu präsentieren. Die jetzt bekannten empirischen Fakten entziehen einer solchen Argumentation die Grundlage. Der durch wissenschaftliche Erkenntnislücken bisher am Leben erhaltene Mythos vom „Konstruktionsfehler“ des Wirbeltierauges ist damit nicht mehr nötig, um die Funktion und den Aufbau der Netzhaut, die sich „ingeniously designed“ präsentiert, zu charakterisieren.

Die Evolutionsbiologie wird so ein weiteres Mal durch den Erkenntnisfortschritt herausgefordert, plausible Erklärungen ihrer Grundthese zu geben, dass biologische Strukturen wie die Netzhaut zwar „designed“ *erscheinen*, aber dennoch nicht *designed*

sein. Die Inanspruchnahme von Nichtwissen funktioneller Zusammenhänge erweist sich dabei wohl als das schlechteste aller möglichen Argumente.

Henrik Ullrich

Literatur

- ADLER R & FARBER D (1986) The Retina. New York.
 FERNALD RD (2006) Casting a Genetic Light on the Evolution of Eyes. *Science* 313, 1914-1918.
 FRANZE K et al. (2007) Müller cells are living optical fibers in the vertebrate retina. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 8287-8292. (online: <http://www.pnas.org/cgi/reprint/104/20/8287>)
 GUTMANN M (1996) Die Evolutionstheorie und ihr Gegenstand. Berlin: Verlag für Wissenschaft und Bildung.
 GUTMANN M (2005) Begründungsstrukturen von Evolutionstheorien. In: KROHS U & TOEPFER G (Hg) Philosophie der Biologie. Frankfurt/M, S. 249-266.
 HEMMINGER H (2007) Mit der Bibel gegen die Evolution. EZW-Texte Nr. 195. Berlin.
 KUTSCHERA U (2006) Evolutionsbiologie. Stuttgart.
 NEUKAMM M (2006) Das Auge und die inverse Lage der Netzhaut – ein Design-Signal? www.evolutionsbiologen.de/inversauge.html
 ULLRICH H, WINKLER N & JUNKER R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. *Studium Integrale Journal* 13, 3-14.
 WINKLER N & ULLRICH H (2000) Das Wirbeltierauge – Ein Konstruktionsfehler ohne funktionellen Sinn? *Studium Integrale Journal* 7, 3-11.

Trilobiten: Radiation von Grundtypen?

Zusammenfassung: Trilobiten („Dreilappkrebse“) erscheinen plötzlich im Kambrium im Fossilbericht. Eine Analyse von 982 Trilobitenarten aus allen 9 Ordnungen zeigte, dass die innerartliche Variabilität bei den älteren Formen größer ist als bei den jüngeren. Dies passt gut zur Vorstellung der Grundtypenbiologie, dass sich wenige Trilobiten-Grundtypen mit einem großen genetischen Potential unter rascher adaptiver Radiation und Genverlust an die vielen vorhandenen ökologischen Nischen auf der frühen Erde anpassten.

Die meeresbewohnenden Trilobiten waren eine Klasse der Gliederfüßer (Arthropoden) mit 9 Ordnungen. Sie erscheinen plötzlich fossil im Kambrium vor 545 Millionen Jahren und finden sich bis ins Perm vor 250 Millionen Jahren (nach konventioneller Zeitrechnung). Trilobiten hatten einen abgeflachten Körper, der aus dem Kopfschild, dem Cephalon, einem gelenkigen Körperbereich, dem Thorax mit den bauchseitigen Beinen sowie einem Schwanzschild, dem Pygidium bestand. Form und Größe des Cephalons, die Anzahl der Segmente des Thorax sowie die Form Pygidiums variieren von Art zu Art. In der Längsachse weisen Trilobiten

einen jeweils durch Furchen begrenzten Mittelteil (Spindel oder Raphis) und zwei Seitenlappen (Pleural-Lobi) auf, daher die frühere Bezeichnung „Dreilappkrebse“. Trilobiten sind in großer Anzahl und Formenfülle fossil überliefert und viele Arten dienen als Leitfossilien bestimmter geologischer Schichtfolgen, vor allem im Kambrium.

Schon lange ist bekannt, dass Trilobiten zu Beginn ihres fossilen Auftretens morphologisch verschiedener waren als später. Die größte Varia-



Abb. 1: Trilobit *Phacops africanus* mit trilobiten-typischer Dreiteilung in Cephalon (Kopfschild), Thorax (Brustschild; bestehend aus Einzelsegmenten) sowie Pygidium (Schwanzschild). (Alnif, Marokko; Sammlung R. WISKIN)

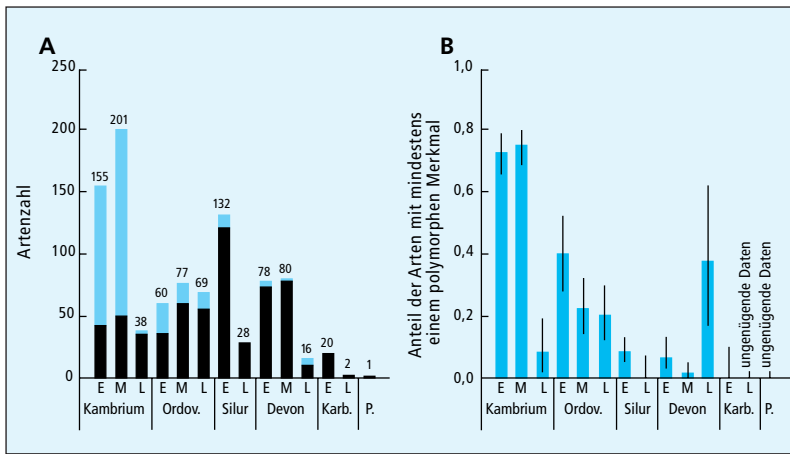


Abb. 2: Zeitliches Muster der Häufigkeit (A) und des relativen Anteils von Trilobitenarten mit mindestens einem polymorphen Merkmal (B). Blau in A: polymorphe Arten, schwarz: monomorphe Arten. Ordov. = Ordovizium; Karb. = Karbon, P. = Perm. (Nach WEBSTER 2007)

bilität der Anzahl der Thorakalsegmente bestand im Kambrium (HUNT 2007). WEBSTER (2007) untersuchte nun systematisch das Ausmaß der innerartlichen Variabilität bei 982 Trilobitenarten (etwa 5% aller beschriebenen Trilobitenarten) aus allen Trilobitenordnungen, die in 49 Fachpublikationen beschrieben sind (die Liste ist im Online-support einsehbar). Aus jeder Ordnung wurden mehr als 100 Arten in die Untersuchung aufgenommen, mit Ausnahme der Redlichiida (79 Arten), der Corynexochida (50 Arten) und der Asaphida (26 Arten). Eine Art wird im Rahmen kladistischer Verfahren durch eine bestimmte Anzahl von Merkmalen sowie die jeweils möglichen Ausprägungen dieser Merkmale beschrieben. Ein Merkmal ist beispielsweise die Zahl der Thorakalsegmente oder der Beine. Eine Art ist hinsichtlich eines Merkmales polymorph, wenn dieses Merkmal innerhalb einer Art in verschiedenen Ausprägungen vorkommt. So ist eine Trilobitenart beispielsweise polymorph, wenn ihre Angehörigen nicht immer dieselbe Anzahl von Beinpaaren oder Thorakalsegmenten besitzen.

WEBSTER erfasste 40.957 verschiedene Merkmale bei den 982 untersuchten Arten. Eine Trilobitenart wurde meist durch etwa 30 bis 70 Merkmale beschrieben, in Einzelfällen wurden minimal nur 3 und maximal 140 Merkmale erfasst. Mehr als 35% der 982 untersuchten Trilobitenarten waren zumindest bezüglich eines Merkmals polymorph. Die polymorphen Arten waren weder gleichmäßig noch zufällig über die Zeit des fossilen Auftretens der Trilobiten verteilt. Vielmehr fand man, dass 70% der untersuchten Trilobitenarten aus dem frühen und mittleren Kambrium polymorph waren, während das in allen anderen Zeitabschnitten bis einschließlich Perm für weniger als 40% (und oft weniger als 20%) der Arten zutrifft (Abb. 2).

Die größte innerartliche Variabilität zeigte sich ebenfalls im frühen und mittleren Kambrium, wo einige Arten in mehr als 20% ihrer Merkmale polymorph waren. Durchschnittlich waren sie das zu

dieser Zeit in 3% ihrer Merkmale. Keine der 588 nachkambrischen Arten war in mehr als 15% ihrer Merkmale polymorph, und durchschnittlich sogar nur in weniger als einem Merkmal. In den 3 Ordnungen Redlichiida, Ptychopariida und Agnostida, die sich früher aufspalteten und/oder ein stratigraphisch höheres Alter hatten, war ein signifikant größerer Teil der Arten polymorph (Redlichiida 53%, Ptychopariida 79%, Agnostida 88%) als in den übrigen jüngeren Ordnungen (Corynexochida 10%, Proetida 17%, Phacopida 7%, Lichida 13%, Asaphida 4% und in der umstrittenen Ordnung Burlingtoniida sogar nur 0%). Die zeitliche Abnahme der Variabilität ist also in erster Linie eine Folge der Unterschiede zwischen den zeitlich aufeinander folgenden einzelnen Ordnungen. Allerdings zeigten die Proetida und Phacopida auch innerhalb der Ordnung eine begrenzte Abnahme der Variabilität mit der Zeit. Für die anderen jüngeren Ordnungen liegen nach WEBSTER nicht genügend Funde vor.

WEBSTER verweist auf viele andere fossile Taxa, die eine bemerkenswert asymmetrische Naturgeschichte hätten: zu Beginn ihres Auftretens eine große morphologische Vielfalt, gefolgt von einer Abnahme der Vielfalt oder des „evolutionären Erfindungsreichtums“ (GOULD 1989). Unter der Bezeichnung „Rosa’s Rule“ wird dies seit dem 19. Jahrhundert diskutiert. Eine hohe Variabilität könne offenbar die Richtung und Geschwindigkeit der Evolution beeinflussen. WEBSTER räumt ein, dass die Bedeutung von innerartlicher Variabilität für das Verständnis der (makro-)evolutionären Entstehung qualitativ neuer Strukturen unklar sei; theoretisch sei zu erwarten, dass eine erhöhte Variabilität die Entstehung neuer Strukturen und Funktionen begünstige. Aber seine Arbeit führe in dieser Frage nicht weiter, da sie nur untersuche, ob eine Art für ein bestimmtes Merkmal polymorph sei, unabhängig davon, ob dieses evolutionär als ursprünglich, abgeleitet oder konvergent anzusehen sei.

WEBSTER sieht 2 Ursachen für die Abnahme der Variabilität mit der Zeit: 1. Zunehmende Einschränkung in den genetischen Entwicklungsprogrammen der jeweiligen Trilobiten: die offenbar zu Beginn „offeneren“ oder „instabileren“ Genome „stabilisierten“ sich mit der Zeit und verloren die Fähigkeit zur Hervorbringung veränderter Organismen ohne negative Effekte auf die Überlebensfähigkeit. 2. Mit der Zeit zunehmende Besetzung freier ökologischer Nischen ließ eine größere Variabilität zu einem Überlebensnachteil statt einem Vorteil werden. Die unbekannten zugrundeliegenden molekulargenetischen Mechanismen, z.B. zur Entstehung von qualitativ neuen Genen, müssten durch weitere Forschung aufgeklärt werden.

Im Rahmen der Grundtypenbiologie könnten die Befunde wie folgt gedeutet werden: Einige wenige polyvalente Stammformen („Grundtypen“)

trafen nach einer großen Katastrophe auf günstige Lebensbedingungen in einer verhältnismäßig „leeren“ Erde mit zunächst wenigen und dann im Laufe der Wiederbesiedlung zahlenmäßig rasch zunehmenden ökologischen Nischen. Ausgehend von dem vorhandenen reichen genetischen Potential der Trilobiten-Grundtypen bildeten sich rasch „Spezialisten“, die sich unter Verlust von genetischer Vielfalt an die einzelnen Nischen anpassten. Ähnliches ist aus jüngster Zeit bei Buntbarschen, Guppys oder Darwinfinken bekannt, die sich unter Veränderung nur weniger „Schaltergene“ rasch in neue Umgebungen mikroevolutiv anpassen konnten (FEHRER 1997, BRÜGGEMANN 1998, JUNKER 2006). Auch bei kambrischen Brachiopoden (Armfüßer) und Sauriern des Mesozoikums finden sich offenbar die komplexeren und variableren Formen fossil zu Beginn (STEPHAN 2006). Die Studie von WEBSTER ist somit ein weiteres Argument für die seit Jahrzehnten diskutierte Alternativdeutung (STEPHAN 1994) der „kambrischen Explosion des Lebens“: Rasche Radiation unter mikroevolutiver Variation

und Genverlust, ausgehend von wenigen Stammformen.

Wolfgang B. Lindemann

Literatur

- BRÜGGEMANN U (1998) Beschleunigte Mikroevolution bei Guppys. *Stud. Int. J.* 5, 38-39.
- FEHRER J (1997) Explosive Artbildung bei Buntbarschen in ostafrikanischen Seen. *Stud. Int. J.* 4, 51-55.
- GOULD SJ (1989) *Wonderfull life. The burgess shale and the nature of history.* New York.
- HUNT G (2007) Variation and early evolution. *Science* 317, 459-460.
- JUNKER R (2006) Schnabelvariation bei Darwinfinken: Nur ein Schalter. *Stud. Int. J.* 13, 50-51.
- STEPHAN M (1994) Neuere Forschungen zur Lebewelt im Kambrium und Jung- Präkambrium – ein Überblick. *Stud. Int. J.* 1, 4-11.
- STEPHAN M (2006) Konvergenzen oder komplexe Ausgangsform? Brachiopoden (Armfüßer) und Saurier. *Stud. Int. J.* 13, 98-99.
- WEBSTER M (2007) A cambrian peak in morphological variation within trilobite species. *Science* 317, 499-502.

Molekulare Uhr: Die Zeiten ändern sich

Zusammenfassung: Anhand der Unterschiede in der Aminosäure-Sequenz homologer Proteine versuchen Evolutionsbiologen den Zeitpunkt zu ermitteln, an dem der letzte gemeinsame Vorfahr der zugehörigen Arten gelebt hat. Berechnungen mit dieser so genannten Molekularen Uhr bergen einige Herausforderungen, die in dem Artikel „Dates from the molecular clock: how wrong can we be?“ von Mario PULQUERIO und Richard NICHOLS (2007) diskutiert und hier zusammengefasst werden. Vor allem die Frage der Übertragbarkeit relevanter Befunde in einer Organismengruppe und die Eichung der Molekularen Uhr stellen bisher ungelöste Probleme dar.

„Ganz die Mutter!“ An solchen oder ähnlichen Bemerkungen wird deutlich, dass wir eine Verwandtschaft vor allem an ähnlichem Aussehen festmachen. Auf die Tierwelt übertragen scheint ein Pferd denn auch eher mit einem Zebra verwandt zu sein als mit einer Ratte. Für Molekularbiologen erweitert sich dieser Zusammenhang von Ähnlichkeit und Verwandtschaft auf die Sequenz (Abfolge) von Aminosäuren in Proteinen und Basen in der DNA. In Abb. 1 ist der Vergleich einer Aminosäure-Sequenz mit zwei anderen dargestellt. Da Sequenz A sich von Sequenz B an weniger Stellen unterscheidet als A und C, würde man intuitiv vermuten, dass A und B näher verwandt sind als A und C.

Das Attraktive an dem Sequenzvergleich gegenüber einem morphologischen (gestaltlichen) Vergleich ist, dass er besser quantifizierbar ist. Während sich anhand der Morphologie von Pferd, Zebra und Ratte schwer abschätzen lässt, wie weit entfernt die Tiere verwandt sind, scheint die Aminosäure-Sequenz hier hilfreicher zu sein. Wenn der Austausch von Aminosäuren mit einer konstanten Rate abläuft, könnte man im Falle der Sequenzen in Abb. 1 sagen, dass Art A von C dreimal weiter entfernt ist als von B. Im ersten Fall unterscheiden sich die Sequenzen nämlich an 15 Stellen und im zweiten nur an 5. Der Austausch von Aminosäuren stellt somit scheinbar eine zählbare Methode dar, um die evolutionäre Verwandtschaft der entsprechenden Arten zu bestimmen. Dies ist die Grundlage der so genannten „Molekularen Uhr“. Sie wird benutzt, um aus der Anzahl von Aminosäure-Austauschen homologer Proteine den Zeitpunkt der Auftrennung der zugehörigen Arten aus einem gemeinsamen Vorfahren zu berechnen.

Für eine funktionierende Molekulare Uhr sind zwei Bedingungen entscheidend. Erstens muss die Austauschrate von Aminosäuren konstant sein. Zweitens braucht man geeignete Eichpunkte, um eine Beziehung von Aminosäure-Austauschen und der dafür benötigten Zeit herzustellen. In den sechziger Jahren wurde tatsächlich eine lineare Beziehung von Aminosäure-Austauschen und der an