

Originalzitate

- ¹ „Darwin claimed that a unique inclusively hierarchical pattern of relationships between all organisms based on their similarities and differences [the Tree of Life (TOL)] was a fact of nature, for which evolution, and in particular a branching process of descent with modification, was the explanation“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2043).
- ² „The only data sets from which we might construct a universal hierarchy including prokaryotes, the sequences of genes, often disagree and can seldom be proven to agree“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2043).
- ³ „Hierarchical structure can always be imposed on or extracted from such data sets by algorithms designed to do so, but at its base the universal TOL rests on an unproven assumption [...]“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2043).
„Arguably, our systematic practices today (especially in microbiology) might look quite different had Darwin (or someone else) not formulated a branching theory of evolution“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2045).
- ⁴ „[...] molecular data sets substantially disagree at many levels of analysis, particularly because of LGT“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2046).
- ⁵ „[H]omologies are more often deduced from trees than trees are from homologies. Thus, *explanans* melds with *explanandum*, and neither is tested“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2045).
- ⁶ „If genotype causes phenotype, then it should not be surprising that trees derived from the former resemble trees based on the later. ... it might be going too far to claim that an independent ‘proof of the reality of macroevolution’ could be obtained by the usual

sorts of sequence-based phylogenetic analyses“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2045).

- ⁷ „But we now have ample other evidence supporting the reality of evolution. We could thus dispense with the tree (and such semicircular reasoning), should this particular historical premise about branching fall short, without weakening the solid edifice of evolutionary biology“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2044).

Literatur

- CONWAY MORRIS S (2003) Life's solution. Inevitable Humans in a Lonely Universe. Cambridge.
- DOOLITTLE WF (1999) Phylogenetic classification and the universal tree. *Science* 284, 2124-2128.
- DOOLITTLE WF (2000) Stammbaum des Lebens. *Spektr. Wiss.* 4/2000, 52-57.
- DOOLITTLE WF & BAPTESTE E (2007) Pattern pluralism and the Tree of Life hypothesis. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 2043-2049.
- JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Holzgerlingen.
- JUNKER R (2003) Baum, Baukasten, Netzwerk. Ist die evolutionäre Systematik zirkelschlüssig? *Stud. Int. J.* 10, 3-11.
- JUNKER R & SCHERER S (2006) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen, 6. Aufl.
- MAHNER M (2002) Kreationismus. In: SAUERMOST R & FREUDIG D (Red.) *Lexikon der Biologie*, Bd. 8. Heidelberg, S. 202-203.
- RICHTER S & SUDHAUS W (Hg. 2004) Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa. Sitzungsbericht der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin. *N. F.* 43, 1-221.
- SHUBIN NH (1998) Evolutionary cut and paste. *Nature* 394, 12-13.
- WÄGELE JW (2001) Grundlagen der Phylogenetischen Systematik. München (2. Aufl.).

Programmierte Mikroevolution bei Inselfinken?

Zusammenfassung: Einige Finkenvögel wurden von Südamerika auf zwei benachbarte Atlantikinseln verdriftet. Auf beiden Inseln gibt es ähnliche Lebensbedingungen und dementsprechend entwickelten sich auf beiden Inseln ähnliche Unterarten der ursprünglichen Finken. Es handelt sich um ein klassisches Beispiel eines Vorganges, der als Mikroevolution im Kurzzeitrahmen gedeutet werden kann.

Finken standen Pate bei DARWINS Evolutionstheorie und sind auch heute immer wieder für evolutionäre Überraschungen gut, wie RYAN et al. (2007) über Vögel des britischen Tristan da Cunha-Archipels berichten.

Dieses Archipel liegt im Südatlantik – es wird von St. Helena aus verwaltet, wo Napoleon bis zu seinem Tode interniert war, und besteht u.a. aus den unbewohnten Inseln „Inaccessible Island“ und

„Nightingale Island“ (Abb. 1A). Dort sind, neben vier weiteren Vogelarten, die Wilkins-Ammer (*Nesospiza wilkinsi*) und die Acunha-Ammer (*N. acunhae*) endemisch, d. h. diese Arten kommen nur dort vor. Diese beiden Arten gehören, wie auch die Darwinfinken zur Ordnung Passeriformes, Sperlingsvögel. Gleichermäßen wie die Darwinfinken von Galápagos stammen sie von südamerikanischen Ahnen ab, die von den vorherrschenden Westwinden über 3000 km weit über den Ozean verdriftet wurden. Die Acunha-Ammer ist ein sehr häufig vorkommender Nahrungsgeneralist mit kleinem Schnabel, während die Wilkins-Ammer in geringer Anzahl vorkommt und mit ihrem großem Schnabel auf die harten verholzten Früchte der Baumart *Phyllica arborea* spezialisiert ist.

Beide Ammer-Arten kommen auf beiden Inseln mit jeweils getrennten Unterarten vor: Auf der Nightingale Island die Wilkins-Ammer mit der



Die Wilkins-Ammer auf einer Briefmarke

Unterart Wilkins und die Acunha-Ammer mit der Unterart Questi, die sich in ihrer Größe deutlich unterscheiden (Abb. 2). Auf Inaccessible Island leben die Wilkins-Ammer mit der Unterart Dunnei und die Acunha-Ammer mit der Unterart Acunha.

Nightingale Island ist eine relativ flache (<300m) Insel und die kleinere der beiden mit 2,6 km², deren vorherrschender Bewuchs aus dem Schlickgras *Spartina arundinacea* und vereinzelten *Phylica arborea*-Bäumen besteht. Inaccessible Island ist mit 10 km² größer und besitzt ein ausge-dehtes Plateau von 300 bis 600m über dem Meeresspiegel. Das küstennahe Flachland wird ebenfalls von *Spartina arundinacea* und vereinzelten *Phylica arborea*-Bäumen besiedelt, es gibt aber noch zwei weitere Landschaftsformen: Das geschütztere östliche Plateau hat Waldland aus *Phylica arborea*, während auf dem angrenzenden höheren westlichen Plateau keine *Phylica*-Bäume wachsen, sondern der Baumfarn *Blechnum palmiforme* beherrschend ist. Diese größere Zahl von

Lebensräumen spiegelt sich auch in einer größeren Vielfalt von Unterarten bei den Finken wieder, aber die Größenunterschiede sind aufgrund von Hybridisierungen auf dem östlichen Plateau geringer (Abb. 1A).

Die Schnabelgröße bei Finken ist stark genetisch bedingt und direkt korreliert mit der maximal möglichen zerbeißen Kraft und damit der Größe der Samen, die die Vögel verwerten können.

Das Grasland mit einzelnen Bäumen hat eine zweigipflige Verteilung der Samengröße, d.h. es gibt entweder kleine (Gras) oder große (*Phylica*) Samen, aber keine mit mittlerer Größe. Dies begünstigt die Entstehung von neuen Arten, die sich jeweils auf eine Samengröße spezialisieren. Eine solche vollständige Artbildung konnte auf Nightingale Island nachgewiesen werden: jede der beiden Arten *Nesospiza wilkinsi questi* und *Nesospiza wilkinsi wilkinsi* hat einen eigenen Gesang, verteidigt ihre Reviere nur gegen Artgenossen und es gibt keine Hinweise auf Hybridisierung. Im Küstenland von Inaccessible Island ist die Lage ähnlich: Von *Nesospiza wilkinsi dunnei* und *Nesospiza acunhae acunhae* wurde nur ein artlich gemischt verpaartes Vogelpaar beobachtet (<0,1 % aller Paare) sowie einige Mischlinge von *N. w. dunnei* und *N. a. acunhae*. Auf dem westlichen Plateau gibt es, wie erwähnt, keine *Phylica*-Bäume mit großen Samen und folglich wenige großschnabelige Vögel. Schlickgras dominiert mit kleinen Samen als *Spartina*-Schlickgras, so dass die Entwicklung eines kleinschnabeligeren Vogels begünstigt wird (sogenannten „Lowland“ Acunha-Ammern) gegenüber den größeren „Upland“ Acunha-Ammern. Im östlichen Plateau dominieren großschnabelige Vögel besonders dort, wo es viele *Phylica*-Bäume gibt. Hier wurden nur Vögel mit Schnabellängen über 10,4 mm bei der Verwertung der *Phylica*-Früchte beobachtet. In den anderen Bereichen der Inseln treten Mischlinge auf, die kleinere Samen und Insekten verwerten.

Die im Vergleich kleinere Schnabelgröße der Wilkins-Ammer, Unterart Dunnei auf Inaccessible Island mit der Wilkins-Ammer, Unterart Wilkins auf Nightingale Island könnte entweder eine Anpassung auf die dort durchschnittlich kleineren Früchte oder Folge der unvollständigen Arttrennung durch weiter stattfindende innerartliche Hybridisierung sein.

Zwei denkbare Entstehungswege. Theoretisch könnte die auf den beiden Inseln vorhandene Artensituation auf zwei Weisen entstanden sein (Abb. 1B und 1C): Die beiden Finkenarten entstanden jeweils anderswo an geographisch getrennten Orten (allopatrisch) und wurden dann auf die Inseln verdriftet, wo sie seitdem zusammen im selben Lebensraum, d.h. sympatrisch vorkommen. Oder sie könnten sympatrisch auf den Inseln selbst aus den erstmals dorthin verschlagenen Fin-

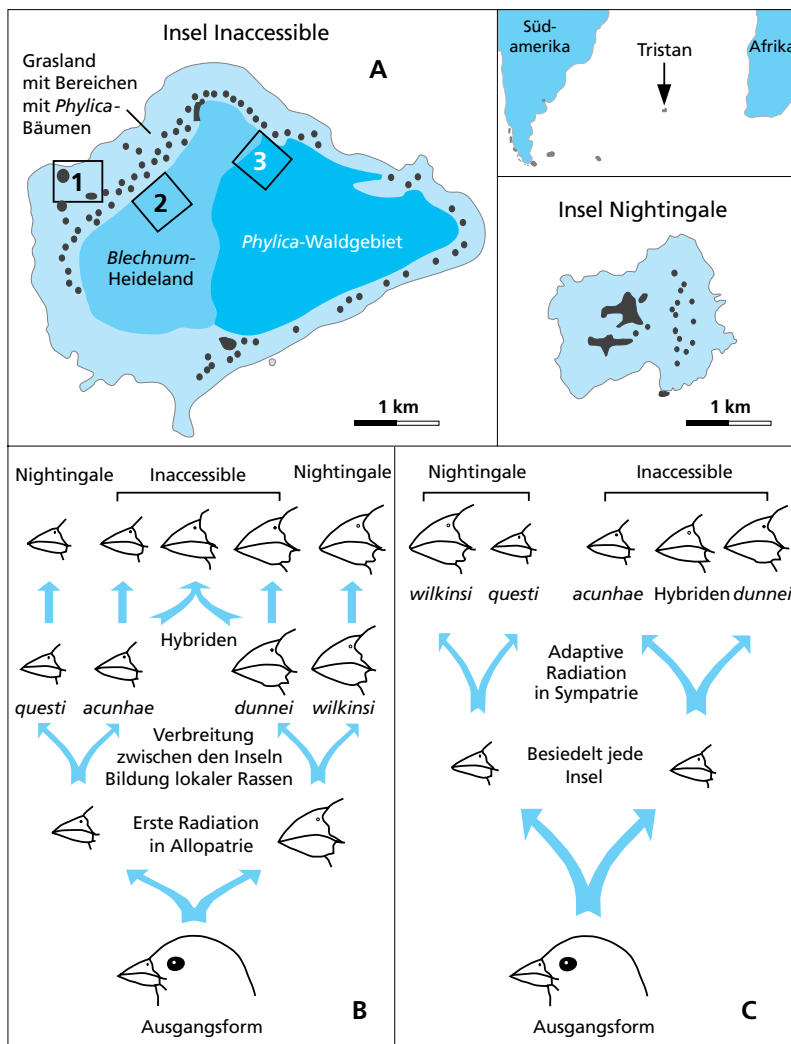


Abb. 1: **A** Die zum Tristan da Cunha Archipel gehörenden Inseln Inaccessible Island und Nightingale Island. **B** und **C**: die beiden prinzipiell möglichen Ursprünge der auf den Inseln endemischen Ammer-Arten: **B** Ausgehend von einer gemeinsamen Stammform erfolgte die Artenspaltung außerhalb der Inseln in zwei getrennten Habitats mit anschließender Verdriftung der neuen Arten auf die Inseln. **C** Ausgehend von einer auf die Inseln verdrifteten Stammform erfolgte die Artenspaltung parallel auf beiden Inseln.

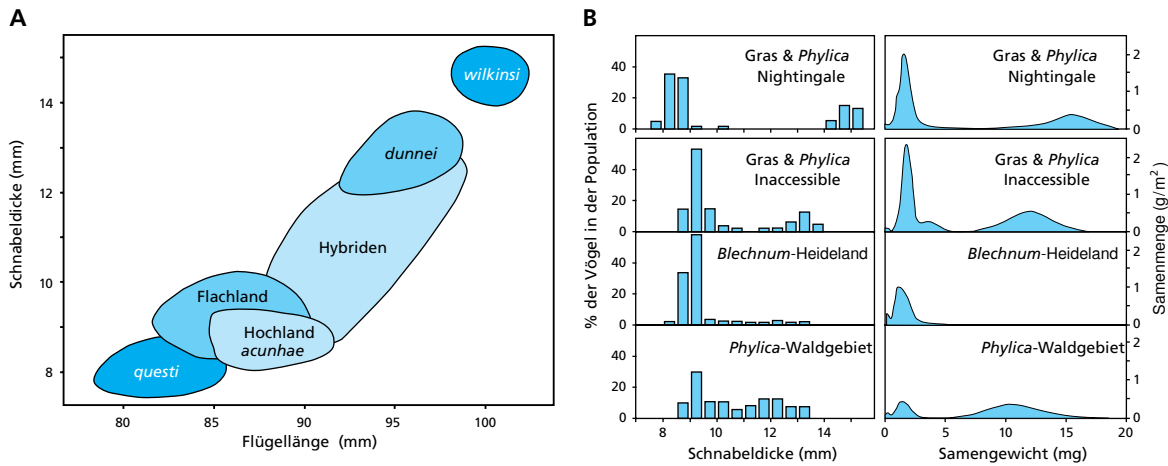


Abb. 2: **A** Körpergröße und Schnabellänge der verschiedenen Ammerarten: *N. acunhae*, *questi* und *N. wilkinsi* leben auf Nightingale Island, die übrigen Arten auf Inaccessible Island.

B Die Verteilung der Schnabelgröße (links) entspricht gut der Häufigkeit verschiedener Samenmengen (rechts). Die Inseln sind mit 212 beobachteten Pflanzenarten artenarm, so dass einzelne Futterpflanzen eine große Bedeutung erlangen können.

kenvögeln entstanden sein.

RYAN und Mitarbeiter (2007) geben als die nächsten Verwandten der beiden Inselammern die Gattung *Sicalis* auf dem südamerikanischen Festland an und bieten folgende Argumente für eine sympatrische Entstehung der Arten bzw. Unterarten:

- Die DNA-Sequenz des mitochondrialen Gens für Cytochrom B von 386 Individuen unterscheidet sich: Auf jeder der beiden Inseln bestehen zwei (fast) vollständig getrennte Linien. Nur ein Vogel von Nightingale Island besaß ein gemeinsames Allel mit Vögeln von Inaccessible Island. Dieser Vogel war größer als seine Artgenossen auf Nightingale Island, was nahelegt, dass er von Inaccessible Island verdriftet wurde. Dies war der einzige Fall einer feststellbaren möglichen Verdriftung zwischen den Inseln bei allen 925 untersuchten Vögeln.

- Ein weiteres Argument betrifft Mikrosatelliten. Das sind Bereiche in der DNA, die nicht für ein Protein kodieren, sondern einfach in der z.T. hundertfachen Aneinanderreihung derselben Buchstabenabfolge bestehen. Die Anzahl der Wiederholungen unterscheidet sich zwischen Individuen verschiedener Gruppen. Bei 372 Vögeln wurden 7 verschiedene Mikrosatelliten untersucht. Die ermittelten Sequenz-Vergleiche von Mikrosatelliten-DNA sprechen für eine sympatrische Entstehung der Arten auf den Inseln.

Sympatrische Artbildung erfordert ein selektives Verpaaren der zunächst im gleichen Gebiet vorkommenden Individuen; die Vögel dürfen sich also nicht wahllos paaren. Wenn sich beispielsweise kleine Vögel bevorzugt mit anderen kleinen Vögeln verpaaren, und große mit großen, können sie sich dadurch in Unterarten auftrennen. Dies wird hier durch drei Faktoren gewährleistet: Jungvögel siedeln nahe ihrer Geburtsregion (niedrige Durchmischung), die Gefiederfärbung wird von der Nahrung bestimmt, die in den verschiedenen Habitaten variiert, und unterschiedliche Gesangsarten sind mit der Körpergröße korreliert: kleine Vögel haben schnellere, höherfrequente Gesänge. Da Gefiederfärbung und Gesangsstruktur die Partnerauswahl wesentlich bestimmen, kann es hier zu einer Aufspaltung kommen.¹

Damit sind auf zwei benachbarten Inseln mit vergleichbaren Lebensräumen parallel aus denselben Vorfahren jeweils zwei neue, sehr ähnliche Biospezies entstanden. Offenbar wurde hier „vorprogrammiertes“ genetisches Potential abgerufen – ein schönes Beispiel für Design im Sinne von auf „Zukunft“ hin angelegter Variabilität. Es ist bereits bekannt, dass bei den Darwinfinken nur ein einzelner „Gen-Schalter“ die Schnabelgröße maßgeblich bestimmt: Je nachdem wo und wann das sogenannte Bmp4-Protein während der Embryonalentwicklung eingeschaltet wird, entstehen verschiedene Formen von Schnäbeln (lang und breit versus kurz und dick) und dieser Mechanismus ist auch für die Schnabelvariation bei 6 verschiedenen Darwinfinkenarten verantwortlich (JUNKER 2006, WU et al 2004, ABZHANOV et al 2004).

Zeitlicher Rahmen. RYAN et al. datieren anhand eines Sequenzunterschiedes von 0,7% zwischen den Inaccessible- und Nightingale-Ammer-Arten im Cytochrom B-Gen deren letzten gemeinsamen Vorfahren auf 300 000 bis 400 000 Jahre vor heute. (Man geht bei Vögeln von einer genomischen Mutationsrate von 2% pro eine Million Jahre aus). Aber zum einen braucht es keine hunderttausende Jahre, um die Expression eines einzigen Gens zu ändern. Vielmehr gibt es genügend Beispiele für viel raschere Mikroevolution in verschiedensten Tiergruppen (z.B. LINDEMANN 2001) und sogar bei Finken (LINDEMANN 2002). Bei den schon genannten Darwinfinken genügt die Mutation eines einzigen Gens. Weiterhin geben RYAN et al. im online-support unter Berufung auf die Fachliteratur eine sehr niedrige Wanderungsrate von etwa 10^{-6} Migranten pro Jahr an – also ein Tier pro eine Million Jahre. Aber sie diskutieren nicht, warum sie offenbar gerade den einen Vogel gefunden haben, der pro eine Million Jahre von Insel zu Insel wandert. Die Befunde von RYAN lassen sich alternativ auch in einem kurzzeitigen Szenario deuten, denn schnelle Artbildungen sind in der Literatur zur Genüge berichtet worden.

Anmerkung

- ¹ Die 14 Darwinfinkenarten auf den Galapagosinseln stammen nach molekularen Stammbäumen, basierend auf dem Cytochrom b sowie aus der „control region“ der Mitochondrien auch von einer einzigen Ausgangsart ab (SATO et al. 1999).

Literatur

- ABZHANOV A, PROTAS M, GRANT BR, GRANT PR & TABIN CJ (2004) Bmp4 and morphological variations of beaks in Darwin's finches. *Science* 305, 1462-1465.
JUNKER R (2006) Schnabelvariation bei Darwinfinken: Nur

- ein Schalter. *Stud. Int. J.* 13, 50-51.
LINDEMANN W (2001) Schnelle Artbildung ohne geographische Trennung bei Fruchtfliegen und Lachsen. *Stud. Int. J.* 8, 31-32.
LINDEMANN W (2002) Rasche Mikroevolution bei Finken. *Stud. Int. J.* 9, 53.
RYAN PG, BLOOMER P, MOLONEY CL, GRANT TJ & DELPORT W (2007) Ecological speciation in South Atlantic island finches. *Science* 315, 1420-1422 (9. März 2007) mit online-support www.sciencemag.org/cgi/content/full/315/5817/1420
SATO A, O'HUIGIN C, FIGUERA F, GRANT PR, GRANT BR, TICHY H & KLEIN J (1999) Phylogeny of Darwin's finches as revealed by mtDNA sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96, 5101-5106.
WU P, JIANG TX, SUKSAWEANG S, WIDELITZ RB & CHUONG CM (2004) Molecular shaping of the beak. *Science* 305, 1465-1468.

Großer Meersaurierfriedhof – Zeugnis für Massensterben

Vergiftung als Ursache der ausgedehnten Umweltkatastrophe?

Zusammenfassung: Im Verlauf einer mehrjährigen Grabungskampagne stellte sich heraus, dass die als Meersaurierfriedhof bezeichnete starke Anreicherung vor allem von Fischesaurierskeletten und -knochen in einer Schicht im Oberen Unterjura bei Eislingen an der Fils (Württemberg) eine Fläche von mindestens 20 Quadratkilometern umfasst. Die Entstehung dieser Fossilagerstätte im Oberen Unterjura wird auf eine große Umweltkatastrophe zurückgeführt: Der Zerfall von Methanhydraten in tiefmeerischen Sedimenten des einstigen südostfranzösischen Dauphiné-Beckens habe bis ins süddeutsche Flachmeer zu einer großräumigen Vergiftung der Lebewelt geführt. Diese Ursache ist jedoch zweifelhaft. Denn Methanhydrate sind nur bei niedrigen Temperaturen und/oder hohen Drücken stabil. Gegen den dafür notwendigen Kaltwasserzufluss ins Dauphiné-Becken sprechen aber sowohl Daten, die auf eisfreie Pole zur Zeit des Unteren Jura hindeuten, als auch der weitgehende Flachmeercharakter im damaligen europäischen Raum, der (kalte) Tiefenströmungen verhinderte. Die Befunde, die auf eine rasche Entstehung der Fossilagerstätte hinweisen, bleiben von der Methanhydrat-Hypothese jedoch unberührt.

Mindestens 20 Quadratkilometer große knochenreiche Schicht – nach und nach entdeckt. Beim Bau der neuen B10-Trasse wurden im Jahr 2002 im Oberen Unterjura bei Eislingen reichlich Knochen von Fischesauriern (Ichthyosaurier), aber auch von anderen Meersauriern entdeckt (HAVLIK et al. 2003, 203-204). Die anschließende Grabungskampagne führten Forscher der Kreisarchäologie Göppingen und des Instituts für Geowissenschaften der Universität Tübingen durch. Sie erbrachte

eine große Menge an Wirbeltierfunden, insbesondere viele Fischesaurierknochen (Überblick über die gefundenen Lebewesengruppen bei RADEMACHER 2006, 53-82). Nach dem gegenwärtigen Stand der Forschung wird angenommen, dass der Meersaurierfriedhof durch eine Umweltkatastrophe im Jura-Meer entstanden ist (vgl. BINDER & STEPHAN 2005, 81-82); das wird im letzten Abschnitt diskutiert.

Sehr bedeutsam ist, dass die Schicht mit dem Meersaurierfriedhof nicht nur an mehreren Fundstellen an der B 10-Trasse (Fundstellen Eislingen I-VI), sondern – wie im Verlauf der mehrjährigen Grabungen entdeckt wurde – auch etwa 6 km weiter nordnordwestlich (Fundstellen Bartenbach II/IV) und sogar noch ca. 2 km weiter nordwestlich bei Birenbach vorkommt (Fundstellen Bartenbach I/III; Abb. 2). Deshalb nimmt man inzwischen an, dass der Meersaurierfriedhof über „eine Fläche von mindestens 20 km²“ ausgedehnt ist! (HAVLIK et al. 2006, 11-12; RADEMACHER 2006, 39-48). Die Grabungen, die vorläufig abgeschlossen sind, haben über 2000 Knochen zutage gefördert (RADEMACHER 2006, 84; HAVLIK et al. 2006, 13). Dieser Beitrag konzentriert sich im Wesentlichen auf die Befunde, die zum Verständnis der Entstehung des Fischesaurierfriedhofs notwendig sind.

Saurier-Friedhof liegt im „Belemniten-Schlachtfeld“. Die Schicht, in der die Wirbeltierreste eingebettet sind, ist nur bis zu 10 cm mächtig (RADEMACHER 2006, 39). Das Besondere ist, dass in ihr unzählige Belemniten angereichert sind (das sind fingerförmige, meist spitz zulaufende Innenskelett-Elemente ausgestorbener Tintenfische; vgl. Abb. 1),