

Wissenschaftler berichtete nun jedoch in *Nature* über einen spektakulären Fund, der ein erhebliches Umschreiben der Geschichte der Flugfähigkeit unter Säugern erfordert: ein zum Gleiten befähigtes Säugetier aus der Unterkreide. *Volaticotherium antiquum* (etwa „altes Flugtier“) heißt das gerade einmal 12-14 cm lange und 70g schwere, heutigen Flughörnchen ähnelnde und sich allem Anschein nach von Insekten ernährende Tier, dessen Fossil bei Daohugou in der Inneren Mongolei Chinas gefunden wurde (vgl. Abb. 1). (Die Namensbezeichnung wurde nachträglich von *antiquus* auf *antiquum* geändert: *Nature* 446, 102.) Die von den Forschern zwischen Vorder- und Hinterextremitäten ausgemachte, dicht mit Haaren besetzte Struktur wurde als Flughaut identifiziert. Mit einem geologischen Alter von 125 Millionen Jahren beweist dieser Fund, dass schon im Erdmittelalter durch die Luft gleitende Säugetiere lebten. Völlig unabhängig von der Entstehung der Fledermäuse und Flughunde hätten damit einige Kleinsäuger folglich schon mindestens 70 Millionen Jahre früher die Fähigkeit des Gleitfluges erworben.

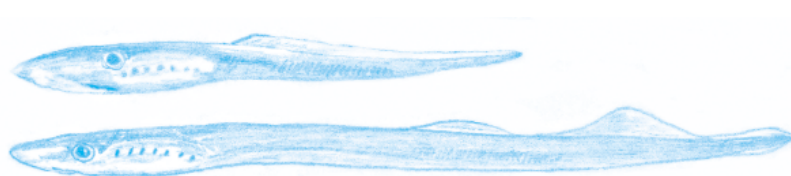
Der Fund demonstriert einmal mehr, dass frühe Säuger in ihren Fortbewegungsstrategien und Lebensstilen äußerst verschiedenartig waren. Diese erstaunliche Diversifikation in einem solch frühen Stadium der Geschichte der Säugetiere war evolutionstheoretisch früher nicht erwartet worden und reiht sich ein in eine ständig länger werdende Liste von Bauplantypen, die bereits zu Zeiten der „primitiven“ Säuger hochspezialisiert waren (MARTIN 2006; LUO & WIBLE 2005; vgl. JUNKER 2005; JUNKER & SCHERER 2006, 230f.).

Bemerkenswert ist nicht nur, dass durch diese Entdeckung eine neue Ordnung („Volaticotheria“) geschaffen wurde; sie wirft auch eine in der Schulwissenschaft bislang unangebrachte Frage auf: Waren es tatsächlich die Vögel oder nicht doch sogar die Säuger, welche den Luftraum als erste eroberten? Das häufige unabhängige (konvergente) – und nun auch äußerst frühe – Auftreten der Fähigkeit zum Gleitflug stellt evolutionstheoretische Deutungen auf eine harte Probe.

[MARTIN T (2006) Early Mammalian Evolutionary Experiments. *Science* 311, 1109-1110; LUO ZX & WIBLE JR (2005) A late Jurassic digging mammal and early mammalian diversification. *Science* 308, 103-107; MENG J et al. (2006) A Mesozoic gliding mammal from northeastern China. *Nature* 444, 889-893; JUNKER R & SCHERER S (2001) Evolution – ein kritisches Lehrbuch; JUNKER R (2005) Alte Termitenfresser. *Stud. Int. J.* 12, 88.] CH

„Modernes“ Neunauge aus dem Devon

Neunaugen (Petromyzontida) sind fischähnliche Wirbeltiere mit aalartigem langgestrecktem Körper. Zusammen mit den Schleimfischen (Myxinoidea) werden sie zu den Rundmäulern (Cyclostomata) zusammengefasst, die insgesamt ca. 60



Arten umfassen. Sie besaßen keine Kiefer und auch keine paarigen Flossen, sondern einen flossenartigen Rücken- und Schwanzsaum. Unter anderem aus diesen Gründen gelten sie als stammesgeschichtlich primitiv. Andererseits sind sie ausgesprochen spezialisiert und leben als Parasiten, die sich mit ihrem rundlichen, mit Hornzähnen gesäumten Maul an Fischen festaugen, Blut trinken und Fleischstücke herausraspeln. Der Name „Neunauge“ entstand durch den augenartigen Eindruck, den die Nasenöffnung und die sieben seitlichen Kiemenspalten erwecken. Fossilien von ihnen sind kaum bekannt, die bislang ältesten Formen beider Untergruppen stammten aus dem Karbon.

Bis zum Ende des 20. Jahrhunderts wurden die Rundmäuler als „degenerierte“ Abkömmlinge der gepanzerten Kieferlosen (als Ostracodermi zusammengefasst) betrachtet, die aus dem Ordovizium bis zum Devon fossil überliefert sind (JANVIER 2006, 921).

Nun haben Wissenschaftler ein gut erhaltenes Fossil eines Neunauges (*Priscoomyzon riniensis*) in marinen (meerischen) Ablagerungen des Oberdevons in Grahamstown/Südafrika gefunden (GESS et al. 2006; Abb. 1). Es weist alle typischen spezialisierten Merkmale heutiger Neunaugen auf und unterscheidet sich von diesen nur in geringfügigen Details. Der Körperbau der Neunaugen erweist sich damit als außerordentlich stabil, was für einen Zeitraum von 360 Millionen Jahren im evolutionstheoretischen Deutungsrahmen „erstaunlich“ ist (JANVIER 2006, 923) – es handelt sich um ein ausgeprägtes „lebendes Fossil“. *Hardistiella montana* aus dem Unterkarbon der USA war zuvor der geologisch früheste Angehörige der Neunaugen (THENIUS 2000, 118). Damit wird das Auftauchen des evolutionstheoretisch ältesten Wirbeltiers, das mit seinen heutigen Verwandten praktisch identisch ist, geologisch noch einmal zurückverlegt.

Mit diesem unerwartet frühen fossilen Auftreten müssen nun die Vorstellungen über die Abstammungsverhältnisse deutlich revidiert werden. Denn der Ursprung der Neunaugen muss soweit vorverlegt werden, dass die bisherige Ableitung von den kieferlosen Ostracodermen aufgegeben werden muss. Ihr Ursprung bleibt somit im Dunkeln.

JANVIER weist in seinem Kommentar darauf hin, dass die Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den heutigen Schleimfischen, Neunaugen und kiefertragenden Wirbeltieren „heiß debattiert“ wird, weil gestaltliche und physiologische Merkmale mit Sequenzdaten von DNA und RNA im Konflikt stehen – einmal mehr, möchte man ergänzen. Die

Abb. 1: Rekonstruktion of *Priscoomyzon riniensis* (oben) im Vergleich mit dem heute lebenden Neunauge *Lampetra fluviatilis* (unten). (Nach Gess et al. 2006)

anatomischen Merkmale sprechen für eine nähere Verwandtschaft der Neunaugen mit den kiefertragenden Wirbeltieren, während die molekularen Daten die Neunaugen und die Schleimfische als Schwestergruppen nahelegen. Das nun entdeckte Fossil kann hier nicht weiterhelfen, da es keine neuen Merkmalskombinationen aufweist.

Der praktisch identische Körperbau der Neunaugen seit dem Devon ist in der Tat erstaunlich (so JANIVER; s.o.), denn während ihrer nachgewiesenen Lebenszeit hat sich im Sinn von Evolution mehrfach eine neue Fischwelt entwickelt und ist ganz überwiegend wieder verschwunden. Um nur die bedeutendsten, sehr vielgestaltigen Großgruppen zu nennen: Neben den (schon erwähnten) paläozoischen panzertragenden, kieferlosen Schalenhäutern (Ostracodermi) mehrere paläozoische Fischgruppen wie Stachelhaie (Acanthodii) oder gepanzerte Plattenhäuter (Placodermi). Sodann die jungpaläozoisch-mesozoischen Knorpelganoiden (Chondrostei) und mesozoischen Knochenganoiden (Holostei), die wiederum durch die in Trias und Jura auftauchenden „modernen“ Knochenfische (Teleostei) – endgültig in der Kreide – abgelöst wurden. Auch Quastenflosser (Crossopterygii) und Lungenfische (Dipnoi), etwas später auch Haie (Selachii) oder Seedrachen (Chimären) treten mit Formen auf, die ihren heutigen Nachkommen sehr ähneln, aber bei keiner Fischgruppe ist dieses Phänomen so auffällig wie bei Neunaugen (und Schleimfischen). An ihnen ging der Selektionsdruck, der *in den gleichen Biotopen* die genannten, sehr verschiedenen Fischwelten hervorgebracht haben soll, am längsten vollständig vorbei – kein gutes Indiz für ein umfassendes Vermögen der Selektion. Wenn also die Selektion die Neunaugen nicht nennenswert verändert hat, war dann Selektion überhaupt die Triebfeder, die zur gleichen Zeit zu den verschiedenen Fischgruppen geführt hat? [GESS RW, COATES MI & RUBIDGE BS (2006) A lamprey from the Devonian period of South Africa. *Nature* 443, 981-984; JANIVER P (2006) Modern look for ancient lamprey. *Nature* 443, 921-924; THENIUS E (2000) Lebende Fossilien. München] RJ & MS

Schnelle Anpassung bei Miesmuscheln

Wenn eine Art in neue Lebensräume verschleppt wird oder sie erobert, muss sie in der Regel neue Lebensbedingungen bewältigen. Oder die bisher bereits einheimischen Arten stehen beim Eindringen neuer Arten vor entsprechenden Herausforderungen. Und die Reaktion bzw. Anpassung muss *schnell* erfolgen, sonst ist das Überleben ernsthaft gefährdet. Dies ist nur möglich, wenn die Arten eine gewisse Flexibilität mitbringen. Ein schönes Beispiel dafür liefern Miesmuscheln in Neuengland (Nordosten der USA), die mit Krabben fertig werden mussten, die aus Asien eingeschleppt und seit 1988 an den Küsten von New Jersey beobachtet

worden waren. Von dort aus breiteten sie sich nach Norden aus. Die Muscheln waren in der Lage, in kurzer Zeit ihre Schalen dicker werden zu lassen. Auf eine unbekannte Weise, vielleicht durch Wahrnehmung chemischer Substanzen, merken die Muscheln, wenn die Krabben in ihre Nähe kommen, und verdicken daraufhin im Laufe einiger Monate ihre Schalen um 5-10% (FREEMAN & BYERS 2006; STOKSTAD 2006). Das genügt, um den Krabben das Öffnen der Schalen soweit zu erschweren, dass sie den Öffnungsversuch häufiger aufgeben, um sich leichter Beute zuzuwenden. Dies war schon früher bei einer bereits um 1800 eingeschleppten Krabbenart festgestellt worden. Nun zeigte sich, dass die Muscheln binnen 15 Jahren „lernten“, sich durch Verdickung ihrer Schalen des neuen Räubers zu erwehren.

Die Untersuchungen von FREEMAN & BYERS geben den Biologen Hoffnung, dass das Einschleppen von Arten nicht notwendigerweise eine massive Gefährdung der einheimischen Lebewelt bedeuten muss; die einheimischen Arten sind offenbar nicht unbedingt hilflos. Solche Befunde passen gut zum Konzept polyvalenter Stammformen, einem Konzept, das im Rahmen der Schöpfungslehre vertreten wird. Demnach weisen die Stammformen der heutigen Grundtypen ein vielseitiges Erbgut auf, das ihnen Anpassungsfähigkeit und Flexibilität verleiht.

[FREEMAN AS & BYERS JE (2006) Divergent Induced Responses to an Invasive Predator in Marine Mussel Populations. *Science* 313, 831-833; STOKSTAD E (2006) Native mussel quickly evolves fear of invasive crab. *Science* 445, 745.] RJ

Groß oder klein

Der Grundtyp der Hundeartigen bietet ein breites Spektrum an Variationen und eine besonders augenfällige Vielfalt auf phänotypischer (gestaltlicher) Ebene. Dass die zum Teil sehr großen morphologischen Unterschiede (Unterschiede in der äußeren Erscheinung) jedoch nicht auf ebenso ausgeprägte Unterschiede im Erbgut zurückzuführen sind, demonstriert eine neue Studie von SUTTER (2006), wonach einem einzigen Gen, Igf-1 (insulin-like growth factor 1), eine entscheidende Bedeutung für die Körpergröße der Hunde zukommt. Zu diesem Ergebnis kamen SUTTER und sein Team, nachdem sie 500 portugiesische Wasserhunde aufgrund von Röntgenaufnahmen und Skelettmessungen in die Kategorien „groß“ und „klein“ aufgeteilt und nach zwischen den beiden Gruppen bestehenden Erbgutunterschieden gesucht hatten (CHECK 2006).

Die Sequenzierung und Veröffentlichung des Hundegenoms waren bereits im Vorjahr von einem Team, dem auch SUTTER angehört hatte, vorgenommen worden. Diese Datenbasis erleichterte die Suche der Forscher sehr, weil das Igf-1-Gen im