

viele Sequenzen vergleichbarer Mikroorganismen sowie funktionale Analysen. Auch dürften die Autoren diese „minimale Genomgröße“ auf eine Situation beziehen, in der die Zelle mit anderen, ähnlich leistungsfähigen Organismen konkurrieren muß. In einer solchen Situation werden sicherlich mehr Gene benötigt als beim Wachstum einer einzelnen Art im Labor unter abgeschirmten Bedingungen. Bisherige Versuche mit anderen Mikroorganismen zur systematischen Zerstörung von Genen (z.B. KOBAYASHI et al. 2003) deuten jedenfalls darauf hin, daß man wohl auch bei *Prochlorococcus marinus* noch zahlreiche Gene ausschalten kann, ohne die Überlebensfähigkeit der Zellen im Labor zu stören. Welche Konsequenzen solche Genverluste im natürlichen Umfeld haben, vermag derzeit aber niemand zu sagen.

Heute nimmt man aufgrund von kleinsten Genomen parasitisch lebender Bakterien und Geninaktivierungsexperimenten an mehreren Arten an, daß der minimale Genset einer freilebenden Bakterienzelle bei 500-600 Genen liegt (KOONIN 2003), doch für einen minimal komplexen, autotrophen Photosynthetiker muß man vermutlich eine größere Zahl von Genen veranschlagen. Allerdings ergeben sich selbst aus 500 Genen als minimalem Genom für den berühmten LUCA („Last Universal Common Ancestor“) unüber-

windlich scheinende Hindernisse für eine kausale Theorie zur Entstehung der ersten Zelle, wenn sich diese Zahl nicht mit plausiblen Argumenten noch deutlich reduzieren läßt.

Siegfried Scherer

Literatur

- DUFRESNE A et al. (2003) Genome sequence of the cyanobacterium *Prochlorococcus marinus* SS120, a nearly minimal oxyphototrophic genome. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 100, 10020-10025.
- FRASER et al. (1995) The minimal gene complement of *Mycoplasma genitalium*. Science 270, 397-403.
- GOGARTEN JP, DOOLITTLE WF & LAWRENCE JG (2002) Prokaryotic evolution in light of gene transfer. Mol. Biol. Evol. 19, 2226-2238.
- KOBAYASHI K et al. (2003) Essential *Bacillus subtilis* genes. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 100, 4678-4683.
- KURLAND CG, CANBACK G & BERG OG (2003) Horizontal gene transfer: a critical review. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 100, 9658-9662.
- PALENIK B et al. (2003) The genome of the motile marine *Synechococcus*. Nature 424, 1037-1042.
- RAPPE MS et al. (2002) Cultivation of the ubiquitous SAR11 marine bacterioplankton clade. Nature 418, 630-633.
- ROCAP G et al. (2001) Genomic divergence in two *Prochlorococcus* ecotypes reflects oceanic niche differentiation. Nature 424, 1042-1047.

Die ältesten Salamander sind „modern“

Die heutigen Amphibien werden in drei Gruppen unterteilt: Frösche (Anura), Salamander (Urodela) und Blindwühlen (Gymnophiona); sie werden als Lissamphibien zusammengefaßt. Ihre evolutive Herkunft liegt im Dunkeln, ebenso gehören ihre Verwandtschaftsbeziehungen zu den größeren ungelösten Problemen der Wirbeltierphylogenie (SCHOCH & CARROLL 2003, 314; CLACK 2002, 275). Lücken von 80-100 Millionen Jahre trennen die ältesten bekannten Vertreter der heutigen Ordnungen von irgendwelchen denkbaren Vorfahren im späten Paläozoikum (SCHOCH & CARROLL 2003, 314; CLACK 2002, 274). Die ältesten bekannten Fossilien der Stammgruppen-Frösche, Blindwühlen und Salamander aus Unter- bis Oberjura sind den lebenden Nachfahren im wesentlichen ähnlich. Es sind keine Fossilien aus dem Paläozoikum bekannt, die offenkundig als Vorfahren in Frage kämen (SCHOCH & CARROLL 2003, 314). Das Fehlen von Fossilfunden sei überraschend, meint CLACK (2002, 274f.), da es in der fraglichen Zeit viele Fossilien von Amnioten (Reptilien) gebe; dies gelte erst recht, wenn man bedenke, daß Amphibien in Wassernähe lebten und starben, weshalb die Chance

ihrer Erhaltung eigentlich besonders groß sei. Demnach müßten die zwischen den paläozoischen und mesozoischen Arten vermittelnden Formen längere Zeit in geologisch nicht überlieferten Lebensräumen gelebt haben (vgl. STEPHAN 2002).

Die ältesten Fossilien, die zu einer der Lissamphibien-Gruppen gestellt werden können, stammen aus der Untertrias; sie weisen wenig Ähnlichkeit mit irgendwelchen paläozoischen Formen auf.

In seltenen Fällen scheinen Lebensräume, die gewöhnlich geologisch nicht überliefert sind, doch einmal ein „Geheimnis“ preiszugeben. 1963 fand P.P. VAUGHN in einem Koprolithen (= Kotstein; fossiler Kot) des Unteren Perm von New Mexiko (USA) einen lepospondylen Wirbel (Hülsenwirbel). VAUGHN betont ausdrücklich, daß sich sein Caudalwirbel kaum von dem eines *Cryptobranchus* unterscheidet. Der Wirbeltierpaläontologe O. KUHN bezeichnet ihn als *Vaughniella urodeloides* (MÜLLER 1985, 494). Wenn die Bestimmung zutrifft und dieser unterpermische Wirbel große Ähnlichkeit mit dem eines heutigen amerikanischen Riesensalamanders (*Cryptobranchus*) aufweist, dann erfüllt er nicht die Erwartungen, die man an evolutive Vor-



Abb. 1: Holotyp von *Chunerpeton tianyiensis* gen. et sp. nov. von der Bauchseite.
© Mick ELLISON, Abdruck mit freundlicher Genehmigung. Originalveröffentlichung: GAO K-Q & SHUBIN N (2003) Earliest known crown-group salamanders. *Nature* 422, 424-428.

läufer der Salamander stellt – obgleich er aus Schichtfolgen stammt, die ca. 100 Millionen Jahre (!) älter als die nächstjüngeren Gesteine mit Salamanderfossilien eingestuft werden (Jura; s.o.). Dieser Riesensalamander aus dem Unterperm ist einem Freßfeind zum Opfer gefallen; sein spärlicher Überrest im Exkrement des Räubers wurde offenbar nur durch besonders glückliche Umstände entdeckt.

Im März 2003 berichteten GAO & SHUBIN (2003) über den ältesten Fund eines Kronengruppe-Salamanders aus dem Mitteljura. (In Kronengruppen werden die heutigen Vertreter einer Gruppe und ihre nächsten Verwandten zusammengefaßt.) Die

neue etwa 18 cm lange Art *Chunerpeton tianyiensis* (Abb. 1) aus der Familie der Cryptobranchidae wurde in vulkanischen Ablagerungen der Jiulongshan-Formation der inneren Mongolei gefunden. Fossilien aus dieser Familie waren bislang erst aus Sedimenten bekannt, die etwa 100 Millionen Jahre jünger datiert werden. Die nächst verwandten Salamander aus der Familie der Hynobiidae sind fossil erst seit dem Miozän (ca. 5 Millionen Jahre) bekannt. Aufgrund des neuen Trias-Fundes muß evolutionstheoretisch angenommen werden, daß die Vorfahren der Cryptobranchidae und Hynobiidae vor dem Mitteljura gelebt haben. Für beide Gruppen, insbesondere für die Hynobiidae, muß daher für die meiste Zeit ihrer Existenz wiederum angenommen werden, daß sie in geologisch nicht überlieferten Lebensräumen gelebt haben.

GAO & SHUBIN (2003, 428) stellen fest, daß die neue Cryptobranchiden-Art ihren lebenden Verwandten außerordentlich ähnlich ist. Diese Ähnlichkeit unterstreiche die Stasis (Stillstand) in der anatomischen Evolution der Salamander. Die Cryptobranchiden könnten daher als lebende Fossilien betrachtet werden, deren Bau sich während 160 Millionen Jahren nur geringfügig verändert hat.

Solche Beispiele mehren sich. Sie zeigen, daß nicht nur eine schöpfungsorientierte, sondern auch die evolutionsorientierte Paläontologie zunehmend geologisch nicht überlieferte Lebensräume in Rechnung stellen muß, um die fossilen Befunde zu erklären (vgl. STEPHAN 2002). Das gilt vor allem, wenn aufgrund molekularer Stammbäume sehr große, nicht überlieferte „Vorläuferzeiten“ postuliert werden. Das ist besonders vor der Präkambrium-Kambrium-Grenze der Fall. Hier können die angenommenen „Vorläuferzeiten“ mehrere Hundert Millionen Jahre (!) betragen (vgl. JUNKER 2001a; b).

Reinhard Junker & Manfred Stephan

Literatur

- CLACK JA (2002) *Gaining ground*. Bloomington & Indianapolis.
- GAO K-Q & SHUBIN N (2003) Earliest known crown-group salamanders. *Nature* 422, 424-428.
- JUNKER R (2001a) Erste Landpflanzen und molekulare Uhren. *Stud. Int. J.* 8, 42f.
- JUNKER R (2001b) Das Präkambrium-Kambrium-Problem: Molekulare Uhren und Fossilien. *Stud. Int. J.* 8, 83-85.
- MÜLLER AH (1985) *Lehrbuch der Paläozoologie*, Bd. III, Teil 1: Fische im weiteren Sinn und Amphibien. 2. Aufl. Jena.
- SCHOCH RR & CARROLL RL (2003) Ontogenetic evidence for the Paleozoic ancestry of salamanders. *Evolution & Development* 5, 314-324.
- STEPHAN M (2002) *Der Mensch und die geologische Zeittafel*. Holzgerlingen.