

kodilarten mit globulären Zähnen in den Familien Crocodylidae (z.B. *Osteolaemus*) und Alligatoridae (z.B. *Allognathosuchus*) vor, wobei der artenmäßige Schwerpunkt bei den Alligatoriden liegt. Extrem langschnauzige Krokodile wie die Ghariale (z.B. *Gavialis*) und Sunda-Ghariale (z.B. *Tomistoma*) zeigen keinerlei morphologische Tendenzen in Richtung Knackzähne. Warum von einer vorgeschichtlich reichen Vielfalt an Krokodilarten mit jener globulären Bezahnungsform mit *Osteolaemus* nur eine Art überlebt hat, die außerdem zu einer anderen Krokodilfamilie als die der meisten fossilen Formen gehört, bleibt eine ungelöste Frage.

Torsten Rossmann

Literatur

- BERG DE (1966) Die Krokodile, insbesondere *Asiatosuchus* und aff. *Sebecus*?, aus dem Eozän von Messel bei Darmstadt/Hessen. Abh. Hess. L.-Amt Bodenforsch. 52, 1-105.
- BROCHU CA (1999) Phylogenetics, taxonomy, and historical biogeography of Alligatoroidea. Mem. Soc. Vert. Paleont. 6, 9-100.
- RAUHE M (1993) Postkranialskelett und Taxonomie des Alligatoriden *Allognathosuchus haupti* (Mitteleozän von Messel, Darmstadt) unter Berücksichtigung der Anatomie und Altersvariationen von *Allognathosuchus cf. haupti*. Unveröffentl. Dissertation, Universität Mainz; 153 S.
- RAUHE M (1995) Die Lebensweise und Ökologie der Geiseltal-Krokodilier – Abschied von traditionellen Lehrmeinungen. Hall. Jb. Geowiss. B 17, 65-80.
- RAUHE M & ROSSMANN T (1995) News about fossil crocodiles from the Middle Eocene of Messel and Geiseltal, Germany. Hall. Jb. Geowiss. B 17, 81-92.
- TRUTNAU L (1994) Krokodile: Alligatoren, Kaimane, echte Krokodile und Gaviale. Magdeburg (Westarp Wiss.).
- WERMUTH H (1953) Systematik der rezenten Krokodile. Mitt. Zool. Mus. Berlin, 29, 375-514.

Ein möglicher Neandertal-Hybrid und seine Folgen

Überblick

Aufs neue beschäftigt der Neandertaler (Abb. 1) die Gelehrten. In der Paläanthropologie gibt es nach wie vor zwei Strömungen, die sich an der Frage der Artabgrenzung zerstritten haben. Die eine plädiert beim Neandertaler für eine eigene Art, gestärkt unter anderem durch die neuen DNA-Untersuchungen zweier Neandertaler, die eine große Divergenz zum modernen Menschen aufweisen, und damit eine sehr alte eigene Linie nahelegen. Die andere Position nimmt an, daß der Neandertaler nichts weiter als eine merkwürdige Unterart des *Homo sapiens* auf der evolutiven Reise ins Heute war. Für diese Position spricht ein möglicher Hybrid zwischen Neandertaler und anatomisch modernen Menschen aus Portugal.

Diese Auseinandersetzung hat einen alten Streit zweier Schulen neu angefacht: die *Multi-regionalisten* glauben, daß der anatomisch moderne Mensch zeitgleich und unabhängig voneinander nicht nur in Afrika, sondern auch in Europa, Vorder- und Südost-Asien aus frühen *erectus*-artigen *Homo*-Formen entstanden ist (das sogenannte Kandelaber-Modell; der Neandertaler ist ein „Durchgangsstadium“ und hat seine Gene in uns hinterlassen).

Dagegen glauben die *Monozentristen*, daß erst relativ unlängst Vorfahren des modernen Menschen Afrika verließen und vor Ort alle früheren Formen (eben auch den Neandertaler) ohne Kompromisse verdrängten (das Arche-Noah-Modell;

der Neandertaler hat keinerlei genetische Spuren in uns hinterlassen). Die Implikationen der neuen Ergebnisse auf die Herkunftsmodelle sind in Tab. 1 zusammengefaßt.

Ein möglicher Hybrid

Der Neandertalexperte Eric TRINKAUS beschrieb zusammen mit anderen (DUARTE et al. 1999) die Entdeckung eines menschlichen Grabes in Abrigo do Lagar Velho, Portugal, das auf ca. 24.500 radiometrische Jahre (rJ) datiert wird. Ein ungefähr 4-jähriges Kind war dort mit einer durchbohrten Muschel begraben und mit Ocker bestreut worden. Einige Schädelmerkmale und die Skelettproportionen werden als Hinweis auf einen Hybriden mit Neandertalern angesehen. Merkmale früher anatomisch moderner Menschen (Zahngrößen und -proportionen, Kinn, Unterkieferast, Morphologie der Elle, Beckenproportionen), von Neandertalern (Extremitätenproportionen, die zurückweichende Symphyse am Unterkiefer, und die Muskelansatzstellen am Oberarm) und ein intermediäres Merkmal (mittlere Mastoidgröße am Schläfenbein) werden angeführt. Die Autoren interpretieren den Fund als Hinweis auf eine regionale Vermischung von späten Neandertalern mit nachdrängenden anatomisch modernen Menschen in der Rückzugsregion der Iberischen Halbinsel. Handelt es sich bei der Entdeckung in Lagar Velho in Portu-

gal tatsächlich um Hinweise einer Hybridisierung zwischen Neandertalern und anatomisch modernen Menschen, wäre dies aufgrund der zeitlichen Verhältnisse ein Indiz für eine Hybridisierung mit späten Folgen, da der Neandertaler dort vor mindestens 27.000 rJ endgültig verschwunden zu sein scheint. DISTOLL (1999) dagegen hält es für unwahrscheinlich, daß sich die Neandertalmerkmale über 200 Generationen gehalten haben sollen.

Als Kommentar zu dieser Veröffentlichung in der renommierten Zeitschrift PNAS erschien TATTERSALLS engagierte Gegenposition (TATTERSALL 1999), der eine hitzige Kontroverse folgte. TATTERSALL hängt der Überzeugung an, daß der Neandertaler eine eigene Art war. Seiner Meinung nach ist der Neandertaler mehr als nur ein Anhängsel und ein uninteressanter Seitenast auf dem Weg zum anatomisch modernen Menschen. Für die allgemeine Beurteilung der menschlichen Evolution sei es nicht unbedeutend, ob man den Neandertaler als eine eigene Art oder nur als eine Subspezies betrachtet. Zudem bestimme eine solche Vorentscheidung die selektive Wahrnehmung nicht unerheblich und beeinflusse wesentlich den Informationsgehalt: Betrachtet man den Neandertaler als eine eigene Art, wird man mehr auf das Besondere achten, umgekehrt würde man sein Augenmerk eher auf das Verbindende richten, hielte man ihn nur für eine Unterart oder gar „Rasse“.

Da man in der Evolutionsbiologie davon ausgeht, daß nur innerhalb einer Art, d.h. zwischen Unterarten, dauerhaft Hybride gebildet werden können, wäre für TATTERSALL ein Neandertal-Hybrid schwer zu verkraften. Deshalb geht seine Argumentation dahin, alle beschriebenen Merkmale als für einen anatomisch modernen Menschen dieses Zeithorizontes typisch zu entkräften. Nach TATTERSALL fehlen alle Hinweise auf einen neandertalartigen Einschlag.

Die Einzigartigkeit des Neandertalers

Der Neandertaler wird als ein europäischer Nachfahre eines *erectus*-ähnlichen Auswanderers (*Homo heidelbergensis*) angesehen. Je nach Vorstellung ist er direkte Übergangsform zum anatomisch modernen Menschen oder dessen Seitenzweig mit wenig oder keinem Genfluß (siehe auch Tab. 1). Er bevölkerte zwischen 200.000 und weniger als 30.000 rJ vor unserer Zeit Europa und den Vorderen Orient. Der Neandertaler besitzt tatsächlich eine einzigartige Merkmalskombination, unter Umständen sogar einzelne autapomorphe („einmalige“) Merkmale, die ihn morphologisch von den modernen Menschen abgrenzen. Diese mögen sich schätzungsweise seit ca. 500.000 rJ herausgebildet haben, je nach Hypothesenlage entweder durch eine Neuzuwanderung über den Nahen Osten oder



direkt aus den hochvariablen mittelpleistozänen Mischformen (*Homo heidelbergensis*), die Europa bevölkerten.

Einige Merkmale wie z.B. die enorm hohe Knochenwand-Robustizität, die nur die Armknochen betrifft, stellen die Anthropologen weiterhin vor ein Rätsel (war er ein Schwergewichtler?). Für TATTERSALL (1999) und viele andere waren deswegen die Ergebnisse der DNA-Vergleiche der vergangenen Jahre keine Überraschung (siehe Kasten). Die großen Unterschiede zwischen Neandertaler-DNA und der des heutigen Menschen werden auf die lange getrennte Geschichte zurückgeführt – und damit auf die Existenz getrennter Arten. Doch die auf den ersten Blick frappierend groß erscheinenden DNA-Unterschiede verlieren angesichts der großen Unterschiede innerhalb von Menschenaffen-Arten wieder etwas an Gewicht: die Variabilität, die innerhalb einzelner Populationen von wildlebenden Zwergschimpansen festgestellt wurde, ist höher als die der gesamten (!) heutigen Menschheit (GAGNEUX 1999).

Abb. 1: Neandertaler (links) und Cro-Magnon-Mensch (*Homo sapiens sapiens*; rechts, Staatliches Museum für Naturkunde Karlsruhe).

DNA-Analysen vom Neandertaler

Die Sequenzierung des kurzen mtDNA-Stücks (mitochondriale DNA) des Feldhofer-Exemplars des Neandertalers durch die Arbeitsgruppe PÄÄBO (KRINGS et al. 1997) ergab eine unerwartet geringe Ähnlichkeit mit dem des heutigen Menschen. Die Sequenz falle demnach außerhalb der Variationsbreite des heutigen Menschen und lege einen letzten gemeinsamen Vorfahren vor etwa 600.000 rJ nahe (zuvor war anhand der mtDNA ein vergleichsweise junges Alter von ca. 150.000 rJ für den anatomisch modernen Menschen angenommen worden). Forscher wie TATTERSALL werten dies als eine Bestätigung für die Einzigartigkeit dieser Form, die eine eigene Art mit langer eigenständiger Entwicklungsgeschichte notwendig macht. Auch die zweite mtDNA-Analyse um die Arbeitsgruppe von GOOD-

WIN, die an einem auf 29.000 rJ datierten Neandertaler-Kind aus der Mezmaiskaya-Höhle des nördlichen Kaukasus durchgeführt wurde, bestätigte dies (OVCHINNIKOV et al. 2000). Diese erst kürzlich veröffentlichte DNA-Teilsequenz gehört sowohl zu einer am weitesten östlich gelegenen als auch zu einer der spätesten Neandertaler-Populationen und zeigt eine Divergenz von 3,48 % zur Feldhofer Neandertaler-DNA. Phylogenetische Analysen platzieren beide Neandertal-Populationen zusammen auf einen Ast, der sich von den modernen Menschen unterscheidet. Auch nach OVCHINNIKOV et al. (2000) haben die Neandertaler also nicht zum DNA-Material der heutigen Menschen beigetragen. Zudem sei dieses Ergebnis ein weiteres Indiz gegen die Multiregional-Hypothese (Kontinuitätsmodell) (siehe Text).

Beurteilung des Neandertalers	1 Ausgeprägte Form des Multiregional-Modells (Regionale Kontinuität, Kandelaber-Modell)	2 Monozentrisches Modell (Verdrängungsmodell, Arche-Noah-Modell)	3 Mischform aus 1 und 2	4 Grundtypenbiologie
Phylogenetische Stellung	Übergangsform von <i>Homo (sapiens) erectus</i> zu <i>Homo sapiens sapiens</i>	Seitenzweig ohne Genfluß (d.h.: kein Beitrag zur Evolution des <i>H. sapiens sapiens</i>)	Seitenzweig mit Genfluß	Abkömmling des Grundtyps <i>Homo</i> ; vermutlich mit Genfluß
eigene Art?	nein (Unterart)	ja	möglich	möglich
Hybrid?	eher Übergangsform	nein	denkbar	denkbar – erwartet
erwartete DNA-Unterschiede	klein	groß	kleiner als bei 2 größer als bei 1	variabel

Tab. 1: Vier Modelle zur Entstehung des modernen Menschen: Zur Beurteilung des Neandertalers im Licht der neuen Ergebnisse (möglicher Hybride, große DNA-Unterschiede) siehe Text. Die neuen DNA-Ergebnisse sind gut kompatibel mit 2, 3 und 4, der mögliche Hybrid mit 1, 3 und 4.

Der Bewertungsmodus von morphologischen und molekularbiologischen Unterschieden bleibt weiterhin problematisch.

Verschafft dieser Hybrid den Multiregionalisten Aufwind?

Die eigentliche Brisanz des portugiesischen Fundes liegt in dem genannten jahrzehntelangen Streit über den Modus der Evolution zum modernen Menschen (Tab.1). Die Schule der *Multiregionalisten* sieht die Entstehung des modernen Menschen als einen graduellen Prozeß, der bei der ersten echten *Homo*-Form begonnen hat und dann gleichzeitig an mehreren Orten der Alten Welt relativ unabhängig voneinander den modernen Menschen, d.h. die jeweils ansässigen Populationen („Rassen“) herausgebildet habe. Diese Hypothese (*Multiregional-Modell*, *Regionale Kontinuität* oder auch *Kandelaber-Modell* genannt) hat u. a. wegen potentiell rassistischer Fehlinterpretationen Gegenwind erhalten. Die Befürworter dieser Hypothese, die der synthetischen Evolutionsvorstellung nähersteht als die Alternativen, aber von den Daten nicht gut gestützt wird, halten dementsprechend alle Vertreter der Gattung *Homo* – einschließlich *Homo erectus* – für monospezifisch: die einzige Art *Homo sapiens* habe sich zwar als Chronospezies im Evolutionsverlauf verändert, lasse darin aber keine Artabgrenzung erkennen. Irgendwo auf diesem Weg zum modernen Menschen lebte auch der Neandertaler als Glied dieser Kette. Für die Multiregionalisten (Regionale Kontinuität) waren die DNA-Ergebnisse weniger leicht zu verdauen, während der mögliche Hybrid eher bestätigend wirkte.

Eine evolutionäre Übergangsform wäre für die Regionale Kontinuität zwar wesentlich interessanter als dieser viel zu junge Hybrid, doch würde dieser zumindest als Beleg für die genetische Nähe der beiden diskutierten Formen dienen. Zuvor hatten schon einige Multiregionalisten verschiedene Fossilien aus dem kritischen Zeitraum zwischen 30.000 und 40.000 rJ als Übergangsformen zwi-

schen Neandertaler und anatomisch modernen Menschen deklariert, doch TATTERSALL wies alle diese Behauptungen mit Argumenten wie Fehldatierungen bzw. -diagnosen zurück. Die angeführten Kandidaten seien entweder reine Neandertaler oder reine anatomisch moderne *sapiens*-Formen.

Für strenge *Monozentristen*, die von zwei völlig getrennten Arten mit längerer getrennter Entwicklungsgeschichte ausgehen, ist ein Hybrid problematisch, während ihnen die großen genetischen Unterschiede zwischen dem Neandertaler und dem anatomisch modernen Menschen sehr willkommen sind.

Die beiden neuen Befunde – große DNA-Unterschiede bei gleichzeitiger Hybridisierungsmöglichkeit – stärken bzw. schwächen die zwei ersten Modelle gleichermaßen (Tab. 1), können dagegen von einer Mischform der beiden Modelle als auch vom Grundtypmodell (SCHERER 1993) gleichermaßen gut integriert werden.

Das Schicksal des Neandertalers

Wenn man die Neudatierung der Neandertal-Funde in Kroatien zugrundelegt (RICHARDS 2000), sollte es dort genügend Gelegenheit für Hybridisierungen gegeben haben. Dort lebten noch um 28.000 rJ echte Neandertaler, während schon seit mehreren Tausend rJ anatomisch moderne Menschen durchzogen, die mindestens seit 32.000, wahrscheinlich schon seit 36.000 rJ aus dem Nahen Osten über Zentral-Europa nach Europa einwanderten.

Im Zeitraum zwischen 150.000 und 36.000 rJ scheint der Neandertaler in Europa die einzige überlebende archaische *sapiens*-Form zu sein, bis schließlich nach 40.000 rJ der anatomisch moderne Mensch („Cro-Magnon“, Abb. 1) aus dem Nahen Osten in sein „Revier“ hineindrängte. Nach nur ca. 10.000 rJ war der Neandertaler vollständig verschwunden, in Rückzugsgebieten hielt er sich bis zu 4000 rJ länger (auf der Iberischen Halbinsel kennt man um 27.000 ¹⁴C-Jahre alte Mousterien-Kulturen aus dem Südspanischen Zafarraya).

In den meisten Gebieten Europas läßt sich auch ein entsprechend abrupter Bruch zwischen der Neandertaler Mousterien-Kultur und dem Aurignacien oder anderer Kulturen feststellen, die dem anatomisch modernen Menschen zugeordnet werden. An gewissen Orten jedoch scheinen um 36-33.000 rJ die Neandertaler einige kulturelle und Verhaltensmerkmale der Cro-Magnon-Menschen durch Angleichung (Akkulturation) übernommen zu haben. Ob es tatsächlich eine Akkulturation mit ausführlicher Hybridisierung oder nur ein Berühren zweier Kulturen ohne biologische Folgen war, bleibt offen.

Sequenzdaten aus vier Y-Chromosom-Genen heutiger Menschen weisen interessanterweise darauf hin, daß die Populationsgröße des anatomisch modernen Menschen um 28.000 rJ exponentiell zugenommen haben soll: die Schätzung dieses Ereignisses wird mit dem Aussterben/Verschwinden der Neandertaler und der rapiden Ausbreitung des Aurignacien in Verbindung gebracht (SHEN 2000).

Die verschiedenen Hypothesen, wie und warum es zu einem abrupten Verschwinden des Neandertalers gekommen ist, werden auch zum Teil dadurch geprägt, ob man ihm eine eigene Art zubilligt oder ihn nur als eine Unterart behandelt.

Folgende Denkmöglichkeiten werden erörtert: Vom Neandertaler fehlt nach 27.000 rJ jede Spur, weil **a.** er im kriegerischen Konflikt mit der neuen Menschenform aus dem Nahen Osten unterlegen war, **b.** er aufgrund geringerer Konkurrenzfähigkeit seine Lebensgrundlage einbüßte, **c.** er sich durch schnelle Evolution in den anatomisch modernen Menschen verwandelte, **d.** sein Erbmaterial durch Hybridisierung in dem des eindringenden modernen Menschen aufging.

Wer sich für zwei Arten stark macht und das Regionale-Kontinuitäts-Modell für falsch ansieht, hält a oder b für wahrscheinlich. Ein strenger Multi-regionalist dagegen hält c für wahrscheinlich, während momentan die meisten Multiregionalisten entsprechend dem Vorschlag von SMITH & SPENCER (1984) d als am wahrscheinlichsten ansehen.

Ausblick

Wie auch immer die mosaikartige Natur des Lagar Velho-Kindes in Zukunft gedeutet werden wird und die DNA-Unterschiede bewertet werden, beides ist gut mit den Erwartungen des Grundtypmodells kompatibel. Wie bei der Evolution bleiben auch hier ähnliche Fragen offen: ist das abrupte Verschwinden der Neandertaler Zeichen von genetischer Absorption, Veränderung oder Verdrängung? Die für den Evolutionsbiologen relevante Frage, in welchem Maße die Neandertaler am Genpool des heutigen Menschen beteiligt waren, muß für die Grundtypenbiologie umformuliert werden:

Welchen Grad an genetischer Diversität erreichten Neandertaler und *Homo sapiens sapiens* im Laufe ihrer Geschichte und welche Folge hatte das z.B. für Fertilität oder Sterilität bei Hybridisierung?

Der Hybrid und die Ergebnisse der DNA-Analysen sind mit den Erwartungen des Grundtypmodells kompatibel.

Ein Nachweis für eine Hybridisierung wäre eine Stärkung der Vorstellung, daß alle fossilen Vertreter der Gattung *Homo* (sensu WOOD & COLLARD 1999) zu einem Grundtyp gehören, wobei das Fehlen desselben gleichermaßen auch als Ausdruck verloren gegangener Hybridisierungsfähigkeit gedeutet werden kann.

Ein auch von den Gegnern akzeptierter „Nachweis“ von Hybridisierung ist schwer zu führen – es sei denn man findet eine mit mehreren Skelettfunden gesegnete Grabung, die innerhalb eines sehr kurzen Zeitraumes das ganze Kontinuum von reinen Neandertalern, reinen Cro Magnons und der ganzen Schattierung von Hybrid-Merkmalen dazwischen vorweisen kann. Eine schöner Traum für jeden Anthropologen – aber wer weiß?

Sigrid Hartwig-Scherer

Literatur

- DISTOLL TR (1999) Human evolution: origins of modern humans still look recent. *Curr. Biol.* 9, R647-650.
- DUARTE C, MAURICIO J, PETTITT PB, SOUTO P, TRINKAUS E, VAN DER PLICHT H, et al. (1999) The early upper Paleolithic human skeleton from the Abrigo do Lagar Velho (Portugal) and modern human emergence in Iberia. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96, 7604-7609.
- GAGNEUX P, WILLS C, GERLOFF U, TAUTZ D, MORIN PA, BOESCH C, FRUTH B, HOHMANN G, RYDER OA & WOODRUFF DS (1999) Mitochondrial sequences show diverse evolutionary histories of African hominoids. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96, 5077-5082.
- KRINGS M, STONE A, SCHMITZ RW, KRAINITZKI H, STONEKING M & PÄÄBO S (1997) Neanderthal DNA sequences and the origin of modern humans. *Cell* 90, 19-30.
- OVCHINNIKOV IV, GOTHERSTROM A, ROMANOVA GP, KHARITONOV VM, LIDEN K & GOODWIN W (2000) Molecular analysis of Neanderthal DNA from the northern Caucasus. *Nature* 404, 490-493.
- RICHARDS MP, PETTITT PB, TRINKAUS E, SMITH FH, PAUNOVIC M & KARAVANIC I (2000) From the Cover: Neanderthal diet at Vindija and Neanderthal predation: The evidence from stable isotopes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 97, 7663-7666.
- SCHERER S (Hg, 1993) Typen des Lebens. Berlin.
- SHEN P, WANG F, UNDERHILL PA, FRANCO C, YANG WH, ROXAS A, SUNG R, LIN AA, HYMAN RW, VOLLRATH D, DAVIS RW, CAVALLI-SFORZA LL & OEFNER PJ (2000) Population genetic implications from sequence variation in four Y chromosome genes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 97, 7354-7359.
- SMITH FH & SPENCER F (eds, 1984) The Origins of Modern Humans: A World Survey of the Fossil Evidence. New York, Alan R. Liss.

TATTERSALL I & SCHWARTZ JH (1999) Hominids and hybrids: the place of Neanderthals in human evolution. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96, 7117-7119.

WOOD BA & COLLARD M (1999) The genus *Homo*. Science 284, 65-71.

Wächst der „Stammbaum der Evolution“ jetzt im Vorgarten der Schöpfungslehre?

„Je mehr Daten, desto mehr Widersprüche“ war eine Voraussage von FEHRER (2000), wenn es darum geht, eine Evolutionsgeschichte der Lebewesen zu rekonstruieren. Fast zeitgleich erschien ein Artikel von DOOLITTLE (2000) im Aprilheft von *Spektrum der Wissenschaft*, der sich genau mit diesem Problem auseinandersetzt: „Die Vorstellung eines einzigen universellen Stammbaums – mit fast überall säuberlich getrennten Ästen – hat nach neuesten genetischen Erkenntnissen teilweise ausgedient. Damit wird auch der postulierte erste gemeinsame Vorfahr allen Lebens hinfällig.“ Wie kommt DOOLITTLE zu dieser Einschätzung?

Vor dem Zeitalter der Molekularbiologie wurden Stammbäume ausschließlich aus physiologischen und anatomischen Ähnlichkeiten konstruiert. Dies funktionierte für die „höheren“ Lebewesen (z.B. Wirbeltiere) relativ gut, war aber auf Mikroben nicht anwendbar. Dies war umso unerfreulicher, weil Einzeller wie Bakterien als die ursprünglichsten Lebewesen galten. ZUCKERKANDL & PAULING schlugen schon 1965 vor, Gene und Proteine zu untersuchen, um aus deren Ähnlichkeiten einen universellen Stammbaum inklusive der Mikroorganismen abzuleiten. Erste Untersuchungen an den Proteinen Ferredoxin und Cytochrom stützten zunächst zu einem großen Teil die bereits vorhandenen Stammbäume und erweiterten sie schließlich im Bereich der Mikroorganismen. Die sogenannte Endosymbiontentheorie erfuhr hier schon eine frühe Stütze. Diese Theorie besagt, daß

Mitochondrien (die Kraftwerke der Zellen) und Chloroplasten (die Orte der Photosynthese in Pflanzenzellen) ursprünglich selbständige Mikroorganismen waren, die von anderen Zellen verschluckt und als Symbionten rekrutiert wurden statt verdaut zu werden.

Mitte der 70er Jahre richtete Carl WOESE das Blickfeld der Systematiker auf die Ribosomen, welche die Proteinfabriken aller Zellen darstellen. WOESE erstellte Datenbanken möglichst vieler Lebewesen mit der kleinen Untereinheit der ribosomalen RNA. Der heutzutage akzeptierte universelle Stammbaum beruht letztlich auf diesen Sequenzdaten. Nach diesem Standardmodell zergliedert sich das Reich der Organismen in drei Domänen: Bakterien, Eukarya und Archaea, die alle aus einer gemeinsamen Urzelle abstammen (Abb. 1). Bakterien sind Einzeller ohne echten Kern (z.B. *Salmonella*), Eukarya sind Ein- oder Mehrzeller mit echtem Kern (z. B. Pilze, Pflanzen und Tiere). Archaea sind Einzeller mit einer Mischung aus bakteriellen und eukaryontischen Eigenschaften (z.B. *Pyrococcus*).

Diese bislang etablierte Sichtweise geriet aber zunehmend in Bedrängnis, denn je mehr Daten man anhäufte, um so mehr Widersprüche ergaben sich. Im Zeitalter der modernen Molekularbiologie ist man mittlerweile in der Lage, komplette Genome von Organismen zu vergleichen. Es zeigte sich immer deutlicher, daß sehr viele Ausnahmen von der bisher etablierten Sicht des Evolutionsstammbaumes vorkommen. Es gibt eine erhebliche, nicht zu vernachlässigende Anzahl von Genen, mit denen sich jeweils ein komplett anderer Stammbaum erstellen ließe.

Kurz gesagt findet man ein buntes Flickmuster von Genen verschiedenster Herkunft in den einzelnen Organismen. Dieser Befund ist zwar nicht unbedingt neu (vgl. HILARIO & GOGARTEN 1993), wurde aber in seiner Bedeutung bislang unterschätzt. So finden sich z.B. in Archaea Proteine bakterieller Herkunft und eukaryontischer Herkunft. Als Beispiel mag hier das Archaea *Methanococcus jannaschii* stehen. Etwa 13% der Gene sind ähnlich zu Genen aus Eukaryonten und etwa 44% der Gene ähnlich zu solchen aus Bakterien (KOONIN et al.

Abb. 1: Der bisher akzeptierte Stammbaum der Lebewesen. Er hat einen gemeinsamen Ursprung (Urzelle) und spaltet sich schon bald in die drei Domänen des Lebens (Bakterien, Eukarya und Archaea) auf. Bei Mitochondrien und Chloroplasten soll es sich um verschluckte Bakterien handeln, die aber nicht verdaut, sondern als Symbionten übernommen wurden. (Modifiziert aus DOOLITTLE 1999)

