

untersucht. Die Forscher kamen zum Schluß, daß das verlängerte Sesambein nicht als zusätzlicher Finger angesehen werden könne, da es nicht unabhängig von den anderen Fingern bewegt werden kann. Vielmehr bildet es mit dem Handwurzelknochen und dem Mittelhandknochen eine Einheit und kann nur zusammen mit diesen bewegt werden. Außerdem muß die Funktionsweise des Pseudodaumens im Zusammenspiel mit einer weiteren anatomischen Besonderheit verstanden werden: „An der Außenkante der Hand liegt ein länglicher, mit der Elle verbundener akzessorischer Handwurzelknochen, dessen Spitze nach hinten weist. Krümmt der Panda nun alle seine fünf Finger seiner Tatze ein, so wird damit auch der Pseudodaumen bewegt. Schließlich liegt er parallel zum akzessorischen Handwurzelknochen. Es entsteht somit eine zangenartige Struktur, die sich mit der Greifhand eines Roboters vergleichen läßt. Die fünf gekrümmten Finger stehen parallel zueinander und finden in dem Pseudodaumen und dem akzessorischen Handwurzelknochen ein Widerlager. Mit diesem Zangengriff kann der Panda mit großer Geschicklichkeit und Genauigkeit zu seiner Lieblingsnahrung greifen“ (BISCHOF 1999 in einer Zusammenfassung der Ergebnisse von ENDO et al.; vgl. Abb. 2). ENDO et al. (1999) schreiben: „We have shown that the hand of the giant panda has a much more refined grasping mechanism than has been suggested in previous morphological models.“ Angesichts dieser Ergebnisse und der Tatsache, daß die Pandabären ihre Tatze offenbar sehr gekonnt und zweckmäßig einsetzen, bleibt wenig Raum für den Nachweis einer „Unvollkommenheit“. Das „theologisch“ begründete „Panda-Prinzip“ steht auf schwachen empirischen Füßen.

Da die Pandabären ihre Tatze sehr gekonnt und zweckmäßig einsetzen, bleibt wenig Raum für den Nachweis einer „Unvollkommenheit“.

Eine „Extra-Extremität“. Eine weitere Voraussetzung, die dem Panda-Prinzip zugrunde liegt, ist im evolutionstheoretischen Kontext ebenfalls fragwürdig, nämlich die Behauptung, es könnten nur vorhandene Strukturen umgebaut werden, so daß später Spuren dieses Umbaus erkennbar sind. Dies zeigt ein zum Gleitflug befähigtes ausgestorbenes Reptil (*Coelurosauravus jaekeli*), dessen vollständiges Skelett vor ein paar Jahren entdeckt worden ist. Es besaß einen Gleitschirm, dessen Gerüst nicht wie bei anderen zum Gleitflug und aktiven Fliegen befähigten Wirbeltiere die übliche Modifikation des Extremitätenbauplans der Landwirbeltiere aufwies. Das Gerüst bestand auch nicht aus umgebildeten Rippen oder anderen sonst bereits vorhan-

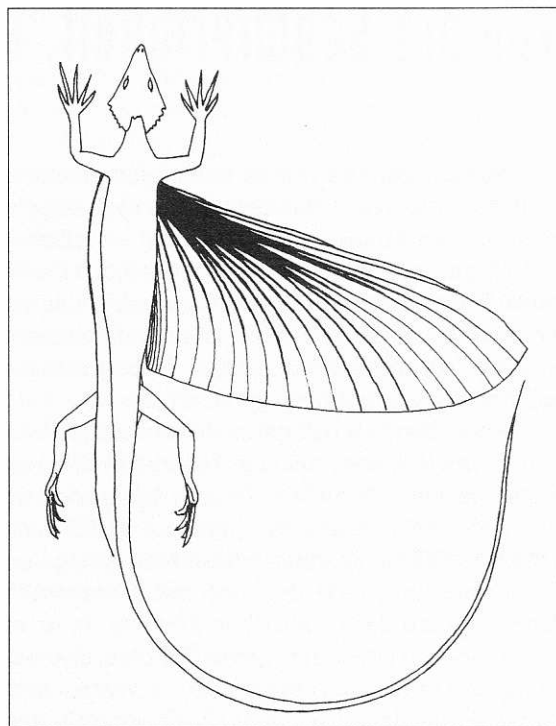


Abb. 3: Der Gleitflieger *Coelurosauravus jaekeli*, dessen Gleitmembran durch hohle Knochenstäbe von dermalem (Haut) Ursprung gestützt wurde. (Nach FREY et al. 1997)

denen Elementen des Skeletts; auch handelte es sich nicht um ein Duplikat der Extremitäten. Vielmehr stellte der Flügel eine komplette Neukonstruktion dar (FREY et al. 1997; Abb. 3). Die seitlich ansitzende Gleitmembran wurde durch radial angeordnete, stark verlängerte hohle Knochenstäbe von dermalem (Haut) Ursprung gestützt, also nicht durch innere Knochen. Die Stützstäbe waren nicht mit dem Brustkorb verbunden.

Dieser Gleitflieger stellt das Panda-Prinzip in Frage. Interpretiert man diesen Fund im evolutionstheoretischen Kontext, so bedeutet dies, daß eine *de novo*-Entstehung neuer Strukturen möglich ist und nicht nur auf der Basis des Vorhandenen umgebaut wird. Das Argument, die Evolution konnte nicht anders verfahren, als eine bereits vorhandene Struktur umzubilden (beim Panda-Daumen das Sesambein), erweist sich zumindest als nicht zwingend. Damit fehlt dem Panda-Prinzip eine weitere Voraussetzung, um es als Beleg für das Vorliegen eines Design-Fehlers verwenden zu können.

Reinhard Junker

Literatur

- BISCHOF A (1999) Pseudodaumen beim Panda. *Nat. Rdsch.* 52, 412-413.
 ENDO H, YAMAGIWA D, HAYASHI Y, KOIE H, YAMAYA Y & KIMURA J (1999) Role of the giant panda's 'pseudo-thumb'. *Nature* 397, 309-310.
 FREY E, SUESS H-D & MUNK W (1997) Gliding mechanism in the late Permian reptile *Coelurosauravus*. *Science* 275, 1450-1452.
 FUTUYMA D (1998) *Evolutionsbiologie*. Basel.
 GOULD SJ (1989) *Der Daumen des Panda*. München.

Von der Schwierigkeit, Evolution zu rekonstruieren

Es gab eine Zeit, da war es noch relativ einfach, sich ein Protein (z. B. das Cytochrom c) vorzunehmen, dessen Aminosäuresequenz bei verschiedenen Organismen zu bestimmen und aus den Daten einen Baum zu errechnen, der wunderbar mit der vermuteten Evolution der Lebewesen übereinstimmte, wenn man das richtige Protein und die richtigen Organismen ausgesucht hatte.

Inzwischen beschäftigen sich Hunderte, ja Tausende von Arbeiten mit der Rekonstruktion von Verwandtschaftsbeziehungen auf der Basis von Makromolekül-Sequenzen (Proteine, RNS und DNS), so daß sich daraus mittlerweile ein eigenes Fachgebiet innerhalb der Systematik entwickelt hat. Aufgrund des technischen Fortschritts ist es sogar möglich geworden, ganze Genome, also das komplette Erbgut von Organismen, zu vergleichen. Auf jeder bis dato erreichten Ebene vergrößerten sich die Erwartungen an die Aussagekraft von noch mehr Daten. Die Situation hat sich jedoch im Gegenteil erheblich verkompliziert. Denn nahezu jedes Gen evolviert mit einer anderen Rate, hat andere Substitutionsmuster und -wahrscheinlichkeiten. Widersprüche auf breiter Front sind die Folge. Doch daran hat man sich inzwischen sogar gewöhnt. Immer spitzfindigere Verfahren werden entwickelt, mit deren Hilfe man diese Probleme in den Griff bekommen möchte.

Der wissenschaftliche Nutzen dieser Anstrengungen ist erheblich: durch Sequenzähnlichkeiten kann z.B. auf ähnliche Funktionen geschlossen

werden; Mechanismen der Genregulation, Prinzipien der Embryonalentwicklung oder Vorgänge im Genom (und damit auch Krankheitsursachen etc.) können wesentlich besser verstanden werden.

Ein Beispiel dafür ist eine Studie (MUSHEGIAN et al. 1998), in der versucht wurde, durch solche Vergleiche Einsichten in die Funktion menschlicher Gene und Proteine zu gewinnen. Hierzu wurden 36 Proteine von Mensch, Fruchtfliege, einem Fadenwurm und einer Hefe verglichen (die Daten stammen aus Genomsequenzierungsprojekten). Drei prinzipielle Möglichkeiten, aus diesen vier Arten einen Baum (Kladogramm) zu konstruieren, existieren – vorausgesetzt, man setzt die Hefe an die Wurzel des Baumes (Abb. 1). Nun sprachen 24 Proteine für Möglichkeit A, 11 für B und ein Protein für C. Möglichkeit A entspricht der konventionellen Interpretation der Stammesgeschichte. Handelte es sich dann bei den anderen Ergebnissen nur um „störendes Rauschen“? Eine genauere Betrachtung der Daten zeigte, daß die homogen, also mit ähnlicher Rate evolvierenden Proteine, Baum B ergaben, heterogen evolvierende dagegen Baum A. Dies würde bedeuten, daß ungleiche Evolutionsraten (und nicht Abstammungsverhältnisse) dafür verantwortlich waren, daß die Mehrzahl der Proteine Baum A unterstützte. Welcher ist nun der „richtige“?

Auch die Erbinformation der Mitochondrien ist heute schon für zahlreiche Organismen komplett bekannt, und immer mehr Untersuchungen benutzen diese Daten für Rekonstruktionen der Stammesgeschichte. Ein jüngerer Beispiel dafür ist eine Studie über Fische (RASMUSSEN & ARNASON 1999).

Zum Basiswissen der Lehrbücher über Evolution gehört, daß Knorpelfische (z. B. Haie) älter sind als Knochenfische (fast alle übrigen, heute noch lebenden Fische) und ihnen in vieler Hinsicht nur oberflächlich gleichen. Der Vergleich des kompletten mitochondrialen Genoms läßt jedoch einen Knorpelfisch mitten in den Knochenfischen (inklusive Neunauge, Lungenfisch und Quastenflosser) auftauchen. Hierbei ist zu beachten, daß ein wesentlicher Aspekt solcher Analysen die Auswahl eines möglichst nahe verwandten Organismus ist, der außerhalb der untersuchten Arten steht, und mit dessen Einbeziehung die Wurzel des Baumes gefunden werden soll – der subjektivste Teil der Analyse. Vielfach hängt die Topologie eines Verwandtschaftsdiagramms von der Wahl dieser sogenannten Außengruppe ab (TAKEZAKI & GOJOBORI 1999) sowie von der Methode, die benutzt wurde, um den Baum zu erstellen. Auch „biologisch falsche“, d.h. aller sonstigen Evidenz widersprechende und offenbar unsinnige Phylogenien können dabei hohe statistische Absicherung erfahren.

Abb. 1: Widersprüchliche Kladogramme je nach zugrundeliegenden Proteinen.

