

das Erbgut dieser Tiere äußerst plastisch wäre und der Phänotyp, also das Erscheinungsbild, eine große Umweltkomponente beinhaltet (vgl. JUNKER 1993). Diese Vermutung sollte experimentell testbar sein.

Klaus Neuhaus

Literatur

- CARSON HL & TEMPLETON AR (1984) Genetic revolutions in relation to speciation phenomena: the founding of new populations. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 15, 97-131.
- COKER WC (1905) The Bahama islands (ed. SHATTUCK GB), MacMillan, New York, pp 185-270.
- FEHRER J (1997) Explosive Artbildung bei Buntbarschen in ostafrikanischen Seen. *Stud. Int. J.* 4, 51-55.
- GRANT PR (1991) Aktuelle Selektion bei Darwinfinken. *Spektrum Wiss.* 12/91, 64-72.
- JUNKER R (1993) Prozesse der Artbildung. In: SCHERER S (Hg.) *Typen des Lebens*. Berlin, S. 31-45.
- JUNKER R & SCHERER S (1992): Entstehung und Geschichte der Lebewesen. Gießen, S. 25-27.
- LOSOS JB, IRSCHICK DJ & SCHOENER TW (1994) Adaptation and constraint in the evolution of specialization of Bahamian *Anolis* lizards. *Evolution* 48, 1786-1798.
- LOSOS JB, WARHEIT KI & SCHOENER TW (1997) Adaptive differentiation following experimental island colonization in *Anolis* lizards. *Nature* 387, 70-73.
- SCHERER S (Hg, 1993) *Typen des Lebens*. Berlin.
- WELLER AA (1995) Strategien und mikroevolutionäre Entwicklungen des Zugverhaltens von Singvögeln. *Stud. Int. J.* 2, 12-15.

Vögel – keine „verkappten“ Schuppentiere

Über die Herkunft der Federn

Der Besitz von Federn kennzeichnet die Vögel gegenüber allen anderen Wirbeltierklassen. Bekanntermaßen ist das Gefieder sowohl für die Wärmeregulation als auch die Fähigkeit des Fliegens von entscheidender Bedeutung. Bisher wurde die Frage nach der evolutiven Herkunft der Federn unter der Annahme der Abstammung der Vögel von den Reptilien gedeutet. Die Federn wurden dabei als von Reptilienschuppen abgeleitet betrachtet. Damit wurden bereits subjektive Rahmenbedingungen für stammesgeschichtliche Deutungen geschaffen. Die angenommene Homologisierung (→ Kasten) von Federn und Schuppen beruht nach BRUSH (1996) ausschließlich auf dem morphologischen Erscheinungsbild, das man als „grobe“ Bauplan bezeichnen könnte; der hohe Grad an Spezialisierung bei Vogelfedern (z.B. aerodynamische Eigenschaften) wurde jedoch bislang kaum berücksich-

tigt. So ist evolutionstheoretisch unklar geblieben, in welchem funktionalen Zusammenhang Federn phylogenetisch erstmals aufgetreten sein könnten (HECHT et al. 1985) und ob beispielsweise frühe Vogelformen überhaupt flugfähig waren (vgl. z. B. RAYNER 1991). Eine Homologisierung würde außerdem Ähnlichkeiten auf allen Ebenen der Organisation der beiden Strukturen verlangen, von molekularen Ebene bis zur Ebene der äußeren Gestalt.

Daher versuchte BRUSH (1996) einen anderen als den kausalen bzw. originären Ansatz (d.h. warum Federn evolvierten bzw. woher sie stammen), indem er unabhängig von phylogenetischen Aspekten die mechanistischen Grundlagen des plötzlichen Auftauchens von Federn erforschte. Das Problem der ursprünglichen Funktion der Federn ergibt sich nach BRUSH vor allem aus der Tatsache, daß Federn übergangslos, d.h. ohne „missing links“ zu den Schuppen und damit quasi als modernes Merkmal bereits bei den sog. Urvögeln erscheinen. Zudem bestehen erhebliche Unterschiede in allen Organisationsaspekten beider Strukturen, von der molekularen Ebene über regulatorische Vorgänge bis hin zur Morphogenese (Formbildung) und gewebsspezifischen Expression, woraus sich die einzigartige Stellung der Federn begründet.

Das Hauptaugenmerk der Studie lag auf der Untersuchung der Federstrukturproteine. Federn sind aus Grundbausteinen, den sog. ϕ -Keratinen, aufgebaut. Die Keratine werden in speziellen Follikelzellen gebildet, wo sie zu Mikrofilamenten bzw.

Homologie

Unter Homologie wird die Gleichwertigkeit von Strukturen oder Organen im Bau und in der Lage im Organismus verstanden, unabhängig von deren Funktion. Der Homologiebegriff wird auch oft im Sinne der Abstammungslehre interpretierend verwendet und meint dann Organe oder Strukturen, die von einem postulierten gemeinsamen Vorläuferstadium phylogenetisch ableitbar sind. Auf die grundsätzliche Problematik des Homologiebegriffs wird hier nicht eingegangen (vgl. JUNKER 1995).

Abb. 1: Feinstruktur der Vogelfeder, oben: rasterelektronenmikroskopische Aufnahme, ca. 200fach vergrößert. Der Verhakungsmechanismus der Federstrahlen funktioniert nach dem Prinzip des Reißverschlusses. (Die Bogenstrahlen sind teilweise abgeschnitten.) Unten: Reptilschuppen (von einer Schlange) im rasterelektronenmikroskopischen Bild. (Aufnahmen: Brigitte FRIEDRICH)



Fasern, den Strukturelementen der Federn, zusammenlagert werden. Die Regulation der beteiligten Tandemgene sowie die weitere Morphogenese erfolgt in verschiedenen Geweben auf unterschiedliche Weise. Grundsätzlich erscheinen als Genprodukte aber Keratinmonomere in zwei verschiedenen Größen, wobei sich die Tertiärstruktur der Moleküle spontan bildet. Die anschließende Filamentbildung unterscheidet sich auch grundsätzlich von der Morphogenese der z.B. bei Säugetieren, aber auch bei Vögeln auftretenden α -Keratine (z.B. der Haare). So begünstigen vielfache Cystinreste den Filamentaufbau und bewirken die Unlöslichkeit der ϕ -Keratine.

Als eine Konsequenz dieser seriellen Synthese und Regulation der Federproteine, an der auch Adhäsionsmoleküle beteiligt sind, erscheinen die Federästchen im Feinaufbau äußerst homogen. Hieraus ergibt sich auch ein besonders flexibler, aber dennoch relativ stabiler Aufbau der Mikrofilamente bzw. Fasern. Raum-Zeit-Veränderungen des Gefieders, z.B. bei Mauser oder altersbedingtem Wechsel, unterliegen zusätzlicher hormoneller Kontrolle.

Faßt man die Aussagen von BRUSH zusammen, bleibt damit die Kernfrage, woher Federn eigentlich stammen, unbeantwortet. Zwar wird aufgrund gemeinsamer Aminosäure- und Gensequenzen vermutet, daß alle Keratingene einen gemeinsamen Vorläufer haben könnten. Doch gibt die Entstehung der Genstruktur (vermutlich wurden ϕ -Keratingene ursprünglich aus Teilen dreier anderer Gene zusammengelagert) keinen Aufschluß über phylogenetische Zusammenhänge, da zwingende Übereinstimmungen von Proteinsequenzen bei Federn gegenüber Schuppen oder anderen epidermalen Ausprägungen wie Klauen oder Schnäbel nicht existieren. Somit erweist sich aufgrund signifikanter

Federn sind höchst ungeeignet, eine phylogenetische Abstammung der Vögel von den Reptilien zu begründen.

Unterschiede in der Genstruktur, Proteinsequenzen und -struktur, Morphogenese und follikelspezifischen Entwicklung die Bildung der Federn in jeder Hinsicht als andersartig gegenüber Reptilienschuppen. Der morphologisch-funktionale Aspekt als Homologiekriterium ist somit nicht länger zu rechtfertigen. Daraus muß die Schlußfolgerung gezogen werden, daß Federn höchst ungeeignet sind, eine phylogenetische Abstammung der Vögel von den Reptilien zu begründen. Möglicherweise ist dieser Befund auch auf andere Synapomorphien der Vögel (abgeleitete, „höherentwickelte“ vogelspezifische Strukturen, z.B. der Hornschnabel) übertragbar.

André Weller

Literatur

- BRUSH AH (1996) On the origin of feathers. *J. Evol. Biol.* 9, 131-142.
- HECHT MK, OSTROM JH, VIOHL G & WELLNHOFER P (eds, 1995) The beginnings of birds. *Proc. Internat. Archaeopteryx Conf.* Eichstatt, 1984.
- JUNKER R (1995) Der Ähnlichkeitsbeweis der Evolution – ein Zirkelschluß? *Stud. Int. J.* 2, 19-26.
- RAYNER JMV (1991) Avian flight evolution and the problem of *Archaeopteryx*. In: JMV RAYNER & RJ WOOSTEN (eds.), *Soc. Exptl. Biol. Seminar Series* 36, pp 183-211.