

Die Evolution der Fledertiere aus Sicht von WORT UND WISSEN

Was wissen wir über die Entstehung der Fledermausflügel?

HANSJÖRG HEMMINGER, MARTIN NEUKAMM, ANDREAS BEYER

Zusammenfassung: Die Fledertiere treten im Eozän fast ohne fossile Übergangsformen auf – für Kreationisten ein Argument gegen Evolution. Auch Reinhard JUNKER, Geschäftsführer von WORT UND WISSEN, macht seine Evolutionskritik an der Fluganpassung dieser Säugerordnung fest. Er stellt es so dar, als hätten alle Anpassungen an das Fliegen *gleichzeitig* stattfinden müssen, als sei der Bauplan der Fledertiere im Sinne eines "intelligenten Designs" nicht reduzierbar komplex. Weiterhin behauptet er, die Taxonomie der Fledermäuse mache die evolutionäre Entstehung ihrer Echoortung unwahrscheinlich. Seine Kritik enthält jedoch gravierende Fehler, und er verschweigt wichtige Informationen. Erstens ist die Evolution des Echoortungssystems nicht so unplausibel wie er es darstellt. Zweitens ist es gelungen, die entwicklungs-genetischen Mechanismen weitgehend aufzuklären, die aus den Vordergliedmaßen eines Säugetiers Flügel entstehen lassen: Sowohl die Bildung von Flughäuten als auch die funktionale Verlängerung der Fingerknochen kann durch relativ einfache Veränderungen der *Genregulation* hervorgerufen werden. Beteiligte Untermerkmale wie Muskeln, Nerven, Blutgefäße usw. können automatisch mitwachsen und sich reorganisieren. Weitreichende morphologische Veränderungen, die einen Gleitflug ermöglichen, könnten sich also vergleichsweise einfach und rasch vollzogen haben, was auch das Fehlen fossiler Übergangsformen erklären würde. Weitergehende Spezialisierungen (z.B. Erwerb der Echoortung, der leichten Knochen usw.) sind als das Ergebnis schrittweiser Optimierung der Funktion bestehender Strukturen interpretierbar.

Inhalt

- The same procedure als last year? - The same procedure as *every* year
- Fossilien und Baupläne
- Was braucht es zum Fliegen?
- Die Entwicklungssteuerung der Fledermausflügel: Erklärt sie die Evolution?
- Das Echoortungssystem der Fledermäuse
- Stammbäume: Konvergenz oder Rückbildung der Echoortung?
- Scheinprobleme: Homologien und Konvergenzen
- Zusammenfassung: Welcher Methoden bedient sich Reinhard JUNKER, um evolutionsbiologische Erkenntnisse verzerrt darzustellen?
- Literatur
- Anhang 1: Von der Pfote zum Flügel. Entstand zuerst die Gleitflughaut?
- Anhang 2: Flipper lässt grüßen

The same procedure as last year? – The same procedure as every year

Anlass für den Artikel von Reinhard JUNKER mit dem Titel "Entstehung der Fledermäuse" (JUNKER 2011) sind die Fortschritte, die beim Verständnis der Evolution des Fledertierfluges¹ erzielt wurden. JUNKERS Artikel soll dagegen zeigen, dass das Flugvermögen der Fledertiere nicht reduzierbar komplex ist, oder zumindest von der Evolutionstheorie, trotz aller Fortschritte, nicht erklärt werden kann. Das Gleiche gelte, so JUNKER, für das Echoortungssystem der Fledermäuse. Dabei geht WORT UND WISSEN seit vielen Jahren nach gleicher Methodik vor²:

- Der Stand der Forschung wird teilweise korrekt dargestellt, jedoch nie vollständig und wird mit einem ständigen Grundton des Zweifels referiert. (Dennoch heben sich diese Texte zugegebenermaßen positiv von anderen kreationistischen Erzeugnissen ab).
- Das Ziel der Studiengemeinschaft, den Evolutionsprozess zu leugnen, bestimmt die Interpretation der Daten und ihre Auswahl. *Offene Fragen* werden wie *Gegenargumente* behandelt, ohne zu berücksichtigen, dass der Prozess der Wissenschaft stets aus der Bearbeitung offener Fragen besteht (vgl. NEUKAMM 2009, 62–64), so dass diese keine Evidenz gegen eine Theorie sein können.
- Wenn eine Rekonstruktion nicht jedes Detail erkläre, erkläre sie – so wird suggeriert – nichts oder nicht genug (NEUKAMM 2009, 68f). Wo zum Beispiel fossile oder rezente Zwischenformen fehlen, die von einem Bauplan zum nächsten vermitteln, spricht dies nach Ansicht von WORT UND WISSEN gegen die Evolution. Und wenn es solche Formen gibt, seien sie nicht so, wie sie angeblich sein müssten, um den Evolutionsprozess zu belegen (NEUKAMM 2009, 118–129).

¹ Fledertiere bzw. Flattertiere (Ordnung Chiroptera) lautet der übliche deutsche Begriff; die Ordnung besteht aus den Fledermäusen im engeren Sinn (Unterordnung Microchiroptera) und den Flughunden (Unterordnung Megachiroptera).

² siehe die weiteren Beispiele auf dieser Web-Seite zur Evolution des Schildkrötenpanzers, zur Evolution der Tetrapoden, zum Design des Wirbeltierauges sowie zur Entstehung des Bauplans der Buckelzirpen:

- http://ag-evolutionsbiologie.net/html/2009/HH_Schildkroeten.html
- <http://ag-evolutionsbiologie.net/html/2006/tiktaalik.html>
- <http://ag-evolutionsbiologie.net/pdf/2012/Design-Linsenauge-Netzhaut.pdf>
- <http://ag-evolutionsbiologie.net/html/2011/evo-devo-buckelzikade.html>

- Wenn auch dieses Argument nicht mehr überzeugt, bleibt immer noch die Möglichkeit, zwischen der evolutionären Ahnenform und der betreffenden Zwischenform, sowie zwischen der Zwischenform und den heute lebenden Arten weitere Zwischenformen einzufordern. Dieses Spiel lässt sich *ad infinitum* weiter treiben.
- Grundsätzlich werden die Evolutionsprozesse nicht so dargestellt, wie sie die Biologie rekonstruiert. Stattdessen werden unrealistische Prozesse bzw. Grundannahmen vorausgesetzt, um sie anschließend zu verwerfen (konkrete Beispiele finden sich etwa in NEUKAMM 2009, 102–105; 160–162; 250–262 usw.).
- Zitate werden selektiv genutzt und tendenziös gedeutet, nicht selten gegen die ausdrückliche Absicht der zitierten Autoren. Zum Teil entstehend dadurch Zitatreihen, die den Eindruck erwecken, die von WORT UND WISSEN genährten Zweifel würden von vielen Wissenschaftlern geteilt. Das ist in aller Regel aber nicht der Fall.

Wenn man – um wieder zu den Fledertieren (Abb. 1) zu kommen – zum Beispiel behauptet, dass alle Merkmale, die zu deren heutigen Flugapparat gehören, mehr oder weniger *gleichzeitig* entstanden sein müssten, weil evolutionäre Vorstufen angeblich funktionslos seien und somit durch Selektion ausgemerzt würden, wäre eine Evolution natürlich sehr unplausibel. Aber es gibt eben keinen Grund anzunehmen, dass es so gewesen sein müsse (siehe unten).



Abb. 1: Townsend-Langohr (*Corynorhinus townsendii*). Zu den auffälligsten Merkmalen der Fledermäuse zählen die verlängerten Finger (Phalangen) sowie die Flugmembran. Beide Merkmale befähigen sie zum aktiven Fliegen. Quelle: Wikipedia.

Eine kreationistische Alternative zum Evolutionsprozess wird so gut wie nie angeboten, denn bei WORT UND WISSEN hat man schon lange begriffen, was dann

geschieht: Fachleute zerreißen die von WORT UND WISSEN vorgebrachten Scheinargumente in der Luft. So war es mit den angeblich fossilen Menschenspuren neben Saurierfährten, so war es mit dem klassischen Argument aus "The Genesis Flood", dass die Thermodynamik eine Evolution unmöglich mache, so war es mit der angeblich veränderlichen Lichtgeschwindigkeit, um den Zeitrahmen der Weltgeschichte zu stauchen – und so weiter und so fort. JUNKER (2011) behandelt das Flugvermögen der Fledertiere und ihre Echoortung, ohne den Begriff "unreduzierbar komplex" zu benutzen und damit offen zu behaupten, es läge "intelligentes Design" vor. Er zielt zwar genau darauf ab, vermeidet aber die klare Positionierung. Die Studiengemeinschaft weiß, warum sie sich hier und anderswo konsequent defensiv verhält. Allerdings wissen viele ihrer Klienten das nicht und missverstehen den Schutzwall aus Zweifeln als Rechtfertigung dafür, aus dem biologischen Wissen nicht das zu folgern, was offenkundig daraus folgt, nämlich eine Herkunft der Lebewesen aus einem hervorragend beschriebenen und zunehmend kausal erklärbaren Evolutionsprozess.

Wenn man die lange Reihe derartiger Texte von WORT UND WISSEN überblickt, nimmt man mit einer gewissen Bewunderung zur Kenntnis, wie die Studiengemeinschaft das Gebäude der Evolutionstheorie mit hohem Arbeitsaufwand hartnäckig als ein Potemkinsches Dorf behandelt (also als eine Fassade, hinter der nichts oder wenig steckt). Da dem aber nicht so ist, bleibt ihr nichts anderes übrig, als die solide, wissenschaftliche Konstruktion hinter den Evolutionsphänomenen nicht zur Kenntnis zu nehmen, und auch ihrer Klientel den Blick darauf zu verstellen. Man kann sich fragen, ob es hilfreich ist, dies von evolutionsbiologischer Seite noch einmal anhand der Fledertierevolution zu begründen – für Experten wird es diese Notwendigkeit nicht geben. Mehr oder weniger gut vorgebildete Laien werden hingegen kaum erahnen und erst recht nicht verstehen, dass und warum die "Fachleute" von WORT UND WISSEN aus ihrem Kenntnisstand seit 25 Jahren systematisch falsche Schlüsse ziehen. Schließlich kennzeichnet "gut informiert" in unserer Welt der Experten und Spezialisten in der Regel die verlässliche Autorität. Dass dies für die Studiengemeinschaft nicht gilt, wird im Folgenden am Beispiel "Fledertiere" detailliert zu zeigen sein.

Fossilien und Baupläne

JUNKER (2011) stellt in Bezug auf die Fledertiere fest:

Mit der Flugfähigkeit sind zahlreiche Besonderheiten des Bauplans gekoppelt, die das Achsenskelett, den Schultergürtel, die seitliche Orientierung der Hinterbeine und die kopfstehende, hängende Ruhestellung betreffen... Fast alle Besonderheiten der Fledermäuse hängen in irgendeiner Weise mit ihrer Fähigkeit zu fliegen zusammen.

Das ist aus evolutionsbiologischer Sicht zu erwarten. Die Unterordnung der Fledermäuse besetzt seit mindestens 50 Millionen Jahren fast exklusiv die ökologische Nische der nächtlichen Flugjagd auf Insekten u. a. Kleintiere. Diejenigen Arten, die sich vegetarisch ernähren, zum Beispiel tropische Blütenbestäuber, sind abgeleitete (also später aus Nachtjägern entstandene) Formen. Dies gilt vermutlich sogar für die Unterordnung der Flughunde, über die noch mehr zu sagen sein wird. Die Fledertiere haben sich anatomisch und physiologisch an diese Nischen angepasst. Aus evolutionstheoretischer Sicht wäre also genauer nach der Art der Anpassung zu fragen, beispielsweise:

- Tauchen spezifische Strukturen auf, die man von Gruppen kennt, die den aktiven Flug unabhängig von den Säugetieren erworben haben (Vögel, Insekten, Flugsaurier)?
- Gibt es evolutionär schwer erklärbare Besonderheiten im Bauplan der Fledermäuse, oder wird der prinzipielle Säuger-Bauplan lediglich durch "Tinkering" (Flickschusterei) variiert und angepasst?
- Sind (zum Beispiel im Rahmen der evolutionären Entwicklungsbiologie) Prozesse bzw. Mechanismen bekannt, welche die betreffenden Bauplanänderungen oder –anpassungen erklären können?
- Sind lebende oder fossile Zwischenformen bekannt?

Die letzten beiden Fragen werden auch von JUNKER gestellt, die ersten beiden allerdings nicht. Die Fossilfunde kommen aus seiner Sicht der Evolutionskritik entgegen, weil die Fledermäuse im unteren Eozän bereits weitgehend in ihrer heutigen Gestalt auftreten und schon aktive Flieger waren. *Icaronycteris index* (Abb. 2) zum Beispiel ist nur in wenigen Details ursprünglicher als heutige Arten. Allerdings wurde 2008 die ca. 52,5 Millionen Jahre alte Gattung *Onychonycteris* beschrieben. Das Tier war voll flugfähig, trug jedoch Krallen an allen fünf Fingern. Es wies relativ kurze Vorderarme und Flügel, aber sehr lange Hinterfüße auf. Rezenten Fledermäuse haben nur die Kralle des verkürzten Daumens beibehalten, die Flughunde tragen noch eine Kralle am zweiten Finger. *Onychonycteris* ist auch insofern ursprünglich, als ihm die Strukturen des Kehlkopfs fehlen, die eine spezialisierte, hochleistungsfähige Echoortung ermöglichen (siehe unten). Ob künftig noch ältere Formen oder gleitfliegende Vorfahren aufgefunden werden, bleibt abzuwarten.

Es gibt Beispiele genug, wonach ein "Vorfahrentypus" für einen innovativen Bauplan fossil überliefert wurde. Ursprüngliche Fleischflosser, die Vorfahren der Tetrapoden, leben zum Teil heute noch und sind durch zahlreiche Fossilien bekannt. Der fossil überlieferte *Basilosaurus* ist als Übergangsform in der Evolution der Wale gut belegt. Die Geschichte der Paläontologie zeigt, dass es entschei-

dend darauf ankommt, die richtigen Fundstellen zu ermitteln, falls es sie für ursprüngliche Fledertiere geben sollte.



Abb. 2: *Icaronycteris index*. Foto: Andrew Savedra / CC BY-SA-2.0

In manchen Fällen hat die Natur uns Zwischenformen als Versteinerung hinterlassen, in anderen nicht: das lässt selbstverständlich keine Schlüsse gegen die Evolution zu. Die derzeitigen Evolutionsmodelle sind dort, wo Zwischenformen bekannt sind, gut untermauert, bei den Fledertieren eben weniger gut. Im Übrigen ist die Aussicht gering, fossile Zwischenformen zu finden, die bereits aktiv, aber aufgrund noch fehlender Anpassungen schlecht flogen: Denn wenn eine innovative Fähigkeit sich ausbildet, ist der Selektionsdruck stark, sie zu perfektionieren. Sobald es eine Population gab, die den Gleitflug durch aktives Flattern unterstützte, eröffneten sich Adaptationsmöglichkeiten, die (geologisch gesprochen) schnell genutzt wurden. Was bisher an Fossilien bekannt ist, spiegelt die adaptive Radiation³ des neuen Bauplans wider, nachdem der Schlagflug eine gewisse Effektivität erreicht hatte.

³ "Adaptive Radiation" ist ein evolutionsbiologischer Fachbegriff: Wenn sich eine grundlegende Neuerung entwickelt – etwa die Luftatmung bei den ersten Amphibien, Trockenresistenz bei Reptilien, Flugfähigkeit bei Insekten etc. – eröffnen sich damit oftmals auf einen Schlag eine Vielzahl neuer, vorher nicht erreichbarer, ökologischer Nischen. Das führt dazu, dass aus der Stammgruppe mit der neuen Eigenschaft sehr schnell viele Untergruppen entstehen, die sich jeweils auf die betreffenden Nischen spezialisieren. Dieses Phänomen nennt man *adaptive Radiation*. Adaptive Radiation tritt auch dann ein, wenn nach einem Massenaussterben viele ökologische Nischen plötzlich (wieder) frei werden.

Was braucht es zum Fliegen?

Als Modelle eines funktionierenden Gleitflugs können einige heutige Kleinsäuger dienen. Sehr gute Segler sind zum Beispiel die tropischen Riesengleiter, die eine eigene Ordnung bilden und nicht nur eine Flughaut zwischen den Extremitäten (Plagiopatagium) aufweisen, sondern auch zwischen Schwanz und Hinterbeinen (Uropatagium). Bei Nagetieren (Gleithörnchen und Dornschwanzhörnchen) entstand der Gleitflug in der Evolution zweimal parallel (konvergent), bei den Beuteltieren sogar dreimal in drei unterschiedlichen Familien. Diese Tiere sind mit den Fledertieren nicht näher verwandt, und die Flughäute befinden sich nicht zwischen den Fingern, sondern zwischen den Extremitäten. Die Fledermäuse weisen ein solches Plagiopatagium ebenfalls auf. Ob es bei ihren Vorfahren die ursprüngliche Gleitfläche bildete, oder das so genannte Dactylopatagium zwischen den vier verlängerten Fingern ursprünglicher ist, könnten nur Fossilfunde zeigen. In jedem Fall demonstrieren die heutigen Gleitflieger eine Reihe von Präadaptationen⁴ von Kleinsäugetieren für den Schlagflug.

Es gibt auch einige Amphibien, die hervorragende Gleiter sind, so z.B. der WALLACE-Flugfrosch (*Rhacophorus nigropalmatus*) oder der Java-Flugfrosch (Abb. 3). Diese Frösche können allein mit Hilfe von Flughäuten zwischen den Zehen bzw. Fingern bis zu 20 Meter weit segeln. **Diese Tatsache beweist, dass für einen passiven Gleitflug Häute zwischen den Fingern (Dactylopatagium) grundsätzlich ausreichen.** Wir kennen inzwischen die Mechanismen, die in der Entwicklungssteuerung der Vorfahren heutiger Fledermäuse die Bildung solcher Häute sowie die Verlängerung der Finger hervorriefen, s. u. sowie "Anhang 1".

Dass JUNKER (2011) den Gleitflug nirgends als Vorstufe des Schlagflugs erwähnt, muss man als Verfälschung des Wissensstands der Evolutionsbiologie bewerten. Denn dadurch entsteht der Eindruck, eine Reihe komplexer Anpassungen hätten in unwahrscheinlicher Weise zusammen kommen bzw. simultan entstehen müssen, damit ein auf Bäumen lebender Insektenfresser sich in ein Flugtier verwandelte. Um diesen Eindruck zu verstärken, nennt JUNKER (2011) als "notwendige Voraussetzungen des Fledermausflugs":

...elastische, mit Muskeln und Bändern ausgestattete, reißfeste und reparierbare Flughaut, zusammenklappbare Flughaut, spezielle Fähigkeiten des Gehirns und des Verhaltens, Leichtbauweise des ganzen Skeletts, reduzierte Elle

So führte beispielsweise das Aussterben der Dinosaurier vor 65 Mio. Jahren zu einer raschen adaptiven Radiation der Säugetiere, wie z.B. die Grube Messel zeigt.

⁴ "Präadaptation" bedeutet das Vorhandensein von Eigenschaften, die sich später für eine andere Funktion als nützlich erwiesen haben. Federn wurden ursprünglich zur Wärmeisolation entwickelt, sie erwiesen sich geeignet zur Entwicklung des aktiven Fluges. Ebenso kann die Fähigkeit zum Gleitflug oder zum Abbremsen des freien Falls eine Präadaptation zum aktiven Schlagflug darstellen.

und weitere Gewichtsersparnisse, Flughäute nicht nur zwischen den Fingern, sondern auch am Körper entlang, biegsame, abgeflachte Fingerknochen, Form der Knochen für jeden Finger passend gestaltet, spezielle Flugmuskeln und deren Koordination [Reihenfolge verändert; die Autoren]

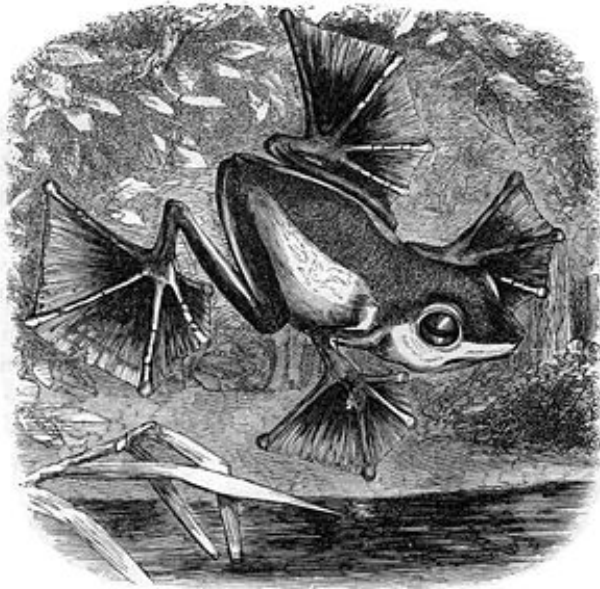


Abb. 3: Der WALLACE-Flugfrosch (*Rhacophorus nigropalmatus*) ist eine Art aus der Gattung der *Eigentlichen Ruderfrösche*. Mit Hilfe der Flughäute zwischen seinen Zehen kann er bis zu 20 Meter weit segeln. Zeichnung nach A.R. WALLACE.

Wenn man von Evolutionsbiologie und der Physiologie des Fliegens wenig versteht, wirkt die Aufzählung beeindruckend. Tatsächlich hat sie mit der Realität wenig zu tun. JUNKER schreibt so, als hätten alle Merkmale gleichzeitig evolvieren müssen, um den Schlagflug zu ermöglichen. Unerwähnt bleibt, dass

- alle wesentlichen Strukturen, wie Muskeln, Bänder, biegsame Finger, Gehirn und Bewegungskoordination bereits bei den flugunfähigen Ahnenarten vorhanden waren, so dass sich der *notwendige* "makroevolutive" Schritt hauptsächlich auf die sukzessive **Optimierung** der bestehenden Strukturen konzentriert. Zum Beispiel kann ein kleines, baumlebendes Säugetier, das den Gleitflug entwickelte, seine Vorderextremitäten schon vorher aktiv bewegen.
- für einen passiven *Gleitflug* weder eine spezifisch agierende Schlagmuskulatur, noch eine ausgeklügelte Form oder Lage der Fingerknochen, noch eine Leichtbauweise des Skeletts, noch "Ganzkörperflughäute" (z.B. Plagiopatagium), noch zusammenklappbare Häute etc. erforderlich sind. Das alles sind ebenfalls Optimierungsschritte (**Spezialisierungen**) auf dem Weg zu einem *perfekten* Gleit- oder Schlagflug.

- zu den morphologischen und ethologischen Spezialisierungen der Flughörnchen, der Riesengleiter, der gleitfliegenden Beuteltiere Australiens usw. neben den funktionalen und faltbaren Flughäuten auch die zum Gleitfliegen nötigen Verhaltensweisen gehören, zum Beispiel eine sehr gute Steuerfähigkeit. Eine Leichtbauweise des Skeletts ist für den Gleitflug ebenfalls vorteilhaft, genau genommen schon für die arboreale Lebensweise. Solche Präadaptationen machen den Schritt zum Schlagflug sehr viel kleiner, als JUNKER ihn darstellt.
- eine enorme Plastizität unter den Wirbeltieren herrscht, was die Fähigkeit zum Fliegen anbelangt. Für die Flugtauglichkeit ist eine Vielfalt von – zum Teil wenig spektakulär wirkenden – Tragflächen-Konstruktionen ausreichend.

Es ist deshalb eine grobe Irreführung zu behaupten, die von JUNKER aufgezählten Merkmale seien in ihrer Gesamtheit notwendige Voraussetzungen für den ursprünglichen Fledermausflug. Sie sind, wenn überhaupt, nur für den heutigen, effektiven Flug der Fledertiere "notwendig", aber nicht einmal darin können wir sicher sein.

Entwicklungssteuerung der Fledermausflügel: Erklärt sie die Evolution?

Im weiteren Text geht JUNKER auf die Fortschritte hinsichtlich der kausalen Erklärung der Evolutionären Entwicklungsbiologie ein und zitiert die wichtigsten Arbeiten zur Ontogenese (individuelle Entwicklung) der Flughaut⁵.

Wie lässt sich die Evolution der Fledermausflügel aus entwicklungsgenetischer Sicht erklären? Der sogenannte BMP-Signalweg verursacht während der Embryonalentwicklung normalerweise zwischen den Fingern den Zelltod der Hautzellen. Bei den Fledertieren wird jedoch die Genaktivität gehemmt, so dass die Haut zwischen den Fingern erhalten bleibt, aus ihr entwickelt sich die Flughaut. Weiterhin sind inzwischen Gene bekannt, von denen die Länge der Armknochen und Finger reguliert wird. Auch ihre Aktivität ist in der Entwicklung der Fledertiere verändert. Obwohl diese Ergebnisse sehr gut in das evolutionäre Szenario passen, bringt JUNKER wieder Kritik vor:

Die Änderungen des *BMP*-Signalwegs scheinen also (unter anderem) eine wichtige Voraussetzung für die größere Länge der Finger und die Ausbildung der Flughäute der Fledermäuse zu sein. Allerdings ist die Länge der Finger nur *ein* Parameter, der für die Flugtauglichkeit der Flügel angepasst werden muss. Auch die *Form* und die *unterschiedliche Länge* der einzelnen Finger müssen passend ausgebildet und die Finger müssen flexibel sein (s. o.).

⁵ SEARS et al. (2006); WEATHERBEE et al. (2006); SEARS (2008).

Offenbar ist JUNKER mit den Experimenten von SEARS et al. (2006) nicht vollständig vertraut. Sie zeigten nämlich, dass BMP2 nicht nur eine (beliebige) Verlängerung der Finger verursacht. Wurden Mäuse-Embryonen der Wachstumsfaktor künstlich verabreicht, verlängerten sich vielmehr all ihre Finger genau so, wie sie dies in der Embryonalentwicklung der Fledermäuse tun. **Es ist damit schlüssig gezeigt, dass die Veränderung der Konzentration eines einzigen Faktors ausreicht, um sowohl die form- als auch die lagegerechte Entwicklung des Skeletts und der Häute zu verursachen, wie sie bei Fledermäusen vorliegen.** Ein solcher für die Evolution relativ schneller Übergang vom nicht fliegenden Vorfahren zur fliegenden Fledermaus erklärt auch, warum – wie bereits gesagt – Fossilien von Tieren aus einem Übergangsstadium mit kurzen Flügeln kaum zu erwarten sind.

JUNKER kritisiert im Weiteren, dass die Flughäute an anderen Körperteilen und ihre für den Flug notwendigen speziellen Eigenschaften mit dem bisher untersuchten BMP-Signalwegen nicht erklärt werden. Das *könnte* so sein, genau wissen wir es (noch) nicht. **Wie erläutert ist aber punktuelles Nichtwissen an anderer Stelle kein Argument gegen die Erklärungskraft der derzeitigen Rekonstruktion.** JUNKER suggeriert, ohne es klar zu sagen, dass die bisherigen Ergebnisse die Evolutionstheorie nicht stützen, solange nicht jedes einzelne Detail in der Flügelentwicklung vollständig beschrieben und erklärt wurde. Das ist schlicht falsch. (Im Anhang wird der derzeitige Wissenstand detaillierter erläutert.) Niemals laufen sämtliche Entwicklungen, die einen neuen Bauplan hervorbringen, zeitlich parallel ab. Zwischenformen (wie im Fall der Evolution des Vogelflugs *Archaeopteryx*, *Confuziusornis*, *Sinornis* etc.) sind immer Mosaik, bei denen etliche Merkmale ursprünglich sind (hier also reptilienartig), andere modern (hier also vogeltypisch). Nur wenige Merkmale sind tatsächlich ein Intermediat. Nichts spricht dagegen, dass die Merkmale des Flugapparats der Fledertiere ebenso nacheinander entstanden. "Saltationistische" Szenarien der Evolution (wonach sich Eigenschaften parallel und schlagartig ändern) werden aus guten Gründen nicht mehr vertreten, sondern nur noch von Kreationisten unterstellt: Die evolutive Entwicklung vollzieht sich in kleinen und von Zeit zu Zeit etwas größeren Schritten. Wenn wichtige Schritte aufgeklärt werden, ist das ein Erfolg der Evolutionsforschung. Die noch fehlenden Erklärungen anderer Schritte ändern daran nichts.

In der ausführlichen pdf-Version (Abschnitt: "Was ist eine Erklärung?", p.17)⁶ geht JUNKER sogar so weit, den Wert entwicklungsbiologischer Erkenntnisse für die kausale Erklärung der Evolution generell zu leugnen. So behauptet er, entwicklungsgenetische Mechanismen, z.B. zur Ontogenese der Flughaut, lieferten keinerlei Hinweise über die Mechanismen der Evolution:

⁶ http://www.genesisnet.info/pdfs/Der_Ursprung_der_Fledermaeuse.pdf

Selbst mit einer besseren Aufklärung der Faktoren der *ontogenetischen* Entwicklung könnte damit noch keine Aussage über die *Phylogenese* und ihre Mechanismen gemacht werden [...] Schritte zur Aufklärung der Ontogenese [sind] noch keine Schritte zur Aufklärung der *Mechanismen und des Verlaufs der Phylogenese* [...] Denn zum einen kann nicht davon ausgegangen werden, dass die hypothetische Phylogenese nach demselben Modus verläuft wie die Ontogenese – im Gegenteil: Es ist eher anzunehmen, dass das wegen ganz anderer Rahmenbedingungen nicht der Fall ist. Dies führt in die grundsätzliche Frage nach dem Zusammenhang von Ontogenese und Phylogenese, die an dieser Stelle nicht aufgerollt werden soll. Zum anderen muss über mögliche *Mechanismen* gesondert Rechenschaft abgegeben werden. Es genügt nicht, einfach nur *beschreibend* Änderungen in der Regulation von Genen zu konstatieren.

Hier setzt vollends der wissenschaftstheoretische (und nebenbei bemerkt auch der entwicklungsbiologische) Herzsschlag aus. Offensichtlich scheint JUNKER der wechselseitige Zusammenhang zwischen Ontogenese und Phylogenese, wie ihn bereits S.J. GOULD (1977) beschrieben hat, entgangen zu sein. Es ist evolutionsbiologisches Grundlagenwissen: Da biologische Komplexität im Laufe der Ontogenese in jedem Lebewesen neu aufgrund ihrer Entwicklungsprogramme entsteht und sich Evolution im Laufe der Genealogien durch *Abwandlung* eben dieser Entwicklungsprogramme vollzieht, kann die Phylogenese nur eine endlose Folge abgewandelter Ontogenesen sein (und vice versa). **Mit anderen Worten: Mechanismen der Abwandlung von Ontogenesen sind immer Evolutionsmechanismen!** Wenn also nachgewiesen wird, dass eine bestimmte hormonelle Veränderung (etwa die des BMP-Signalwegs) die Pfote einer Maus in vielen Einzelmerkmalen einem Fledermausflügel angleichen lässt, dann bietet die damit korrelierende, erbliche Ursache eben dieser Veränderung einen Mechanismus, mit dem die evolutionäre Transformation erklärt werden kann.

Weshalb im schärfsten Kontrast zu dieser Erklärung "anzunehmen" sei, dass die "hypothetische [sic!] Phylogenese" nicht "nach demselben Modus" verlaufen sei (woraus folgen würde, dass bereits die Grundlagen der Evolutionären Entwicklungsbiologie im Ansatz verfehlt wären!), bleibt das wohl gehütete Geheimnis Reinhard JUNKERS. Er verweist auf nebulöse "Randbedingungen", die angeblich eine Erklärung vereiteln, kann aber keine konkreten Einwände vorbringen. Stattdessen zieht er es vor, einen Vertreter der von ihm geschmähten Disziplin zu zitieren, nämlich SEARS (2008), der darauf hinweist, dass die Änderung des BMP-Signalwegs "nicht notwendigerweise der einzige" Mechanismus sei und dass diese Änderung (nur) *eine Rolle* spiele. Die Anmerkung ist zwar korrekt, aber inwiefern unterstreicht sie JUNKERS Position? Erklärungen lassen sich stets in beliebiger Begründungstiefe einfordern, dies ist kein Einwand gegen die Erklärung der Entstehung wesentlicher Bauplanmerkmale wie Skelett und Flughäute.

Das Echoortungssystem der Fledermäuse

JUNKER behandelt die Echoortung von Fledermäusen (Abb. 4) so, dass der Zweck seines Bemängelns bei genauerer Betrachtung von vornherein deutlich wird. Er schreibt:

Über die Entstehung der Echoortung bzw. des Echo-Bildsehens kann noch weniger gesagt werden als über die Entstehung der Flügel. Fossilfunde können insofern indirekte Hinweise geben, als anhand bestimmter morphologischer Merkmale auf die Fähigkeit der Echoortung geschlossen werden kann. Und auch im Falle des Echoortungssystems gibt es Versuche, aufgrund genetischer Befunde auf die Entstehungsweise zu schließen.

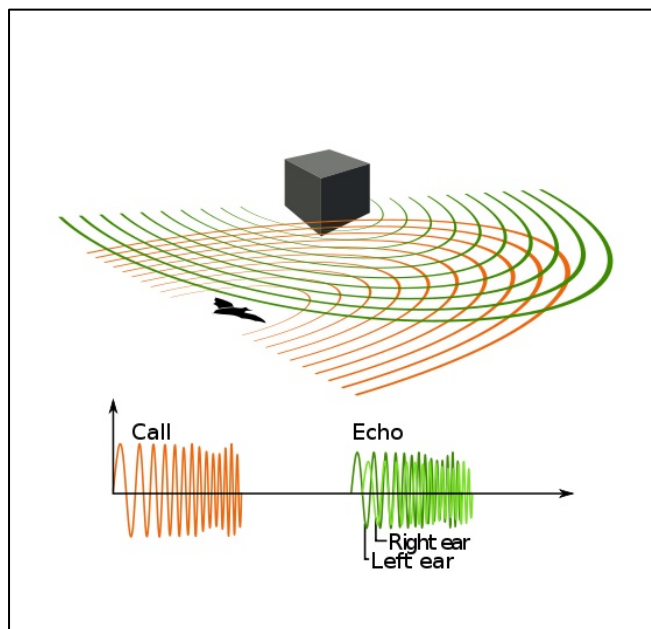


Abb. 4: Echo-Ortung. Orange: Ultraschall-Ruf. Grün: Echo eines getroffenen Objekts.

Da der Fossilbefund insgesamt wenig über die Vorfahren der Fledertiere aussagt und da weiche Gewebe bis auf Ausnahmen nicht fossilisieren, kann man weder die äußeren Ohren, noch die Weichteile der Nasen, noch das Gehirn der frühen Fledermäuse direkt untersuchen. Lediglich die Gehörknöchelchen, knochige Hilfsstrukturen sowie die Form der knöchigen Schnecke (Innenohr) lassen sich auf Anpassungen an die Echoortung prüfen. Wenig überraschend weisen die meisten eozänen Fledermausfossilien bereits diejenigen speziellen Anpassungen auf, die bei heutigen Arten die Echoortung unterstützen. Das gilt allerdings nicht für die älteste Gattung *Onychonycteris*, der diese Anpassungen größtenteils zu fehlen scheinen! Der Befund ist zwar nicht eindeutig, aber er spricht dafür, dass *Onychonycteris* noch nicht über eine hoch spezialisierte Echoortung verfügte. Daher

sieht es momentan so aus, als sei diese Art eine **Zwischenform** mit einem Merkmalsmosaik aus einem bereits weit entwickelten (wenn auch noch nicht modernen) Flugapparat, aber ohne das für heutige Fledermäuse typische Ortungssystem. Wie dieses entstand, lässt sich bisher nicht entwicklungsgenetisch nachvollziehen.

Aber auch so lässt sich die Evolution der Echoortung wesentlich plausibler rekonstruieren, als JUNKER es tut. Gene, die am Echoortungssystem (und der Entwicklung der Lauterzeugung und Hörfähigkeit allgemein) mitwirken, sind bereits bekannt. Dazu merkt JUNKER mit Recht an, dass die Entdeckung für eine Fähigkeit oder deren Entwicklung relevanter Gene noch nicht viel über den Evolutionsprozess aussagt. Allerdings behauptet das auch niemand. Er zitiert TEELING (2009, 351) mit der Bemerkung, dass es schwierig sei, "Echoortungs-Gene" zu finden, und LI et al. (2008, 13962), der davon ausgeht, dass am Echoortungssystem viele hundert Gene beteiligt seien. In der Tat sind genetische Steuerungsmechanismen für die Ontogenese komplexer Merkmale oft selbst komplex; in solchen Fällen steht die Biologie erst am Beginn des Verständnisses. Es gibt andere Fälle, in denen einfache Mutationen komplexe Veränderungen der Gesamtgestalt bewirken. In solchen Fällen können auch komplexe Merkmale konvergent entstehen, und die Evolution des Merkmals lässt sich entwicklungs- und systembiologisch klären. Allerdings ist zweifelhaft, ob eine erste, einfache Echoortung überhaupt so komplexe Veränderungen erforderlich machte, wie JUNKER behauptet:

Beim Echoortungssystem handelt es sich um ein ungewöhnlich komplexes Merkmal, dessen mehrmalige evolutive Entstehung mit vielfach ähnlichen Details noch schwerer verstehbar wäre als es eine einmalige Entstehung ohnehin schon ist.

Damit führt JUNKER seine Leser in die Irre. Erstens waren bei den *Vorfahren* der Fledermäuse fast alle an der Echoortung beteiligten Strukturen schon vorhanden: Stimmbildung, Ohren, Gehirn, Bewegungskoordination. Die notwendige evolutive Veränderung beschränkte sich hauptsächlich auf die **Optimierung** der Funktion dieser Strukturen. Auch die Verschiebung der Stimmbildung in den Ultraschallbereich ist, sofern sie nicht bereits präadaptiert war, im Prinzip stufenlos möglich.

Zweitens ist das "Design" des Ortungsapparats extrem plastisch und nicht an eine bestimmte Lauterzeugung gekoppelt, auch nicht an bestimmte Frequenzen, Amplituden oder Pulsdauern (MAP OF LIFE 2010). Es existieren z.B. Arten, die durch den Mund Rufe ausstoßen ("call echolocation") und solche, die sich der nasalen Echoortung bedienen. Mindestens sechs Fledermauslinien entwickelten darüber hinaus die genannte Flüster-Echoortung ("whispering echolocation"), wonach Signale mit nur geringer Intensität emittiert werden. (Dies hat den Vor-

teil, dass die Beute schlechtere Chancen hat, den Fressfeind zu bemerken.) Wie JUNKER selbst schreibt, gibt es darüber hinaus Gattungen, die ihre Laute mit Zungenschmalzern produzieren sowie eine Art, die möglicherweise Flügelschläge zur Erzeugung von Lauten nutzen (VESELKA et al. 2010, 939). Dies alles belegt eindrucksvoll die Flexibilität und Vielseitigkeit biologischer Ortungssysteme, was eine konvergente Evolution begünstigt. Offenbar können viele präadaptierte Strukturen problemlos für die Lauterzeugung heran gezogen ("rekrutiert") und dann optimiert werden. Selbst *innerhalb* einzelner Spezies können die Laute je nach Habitat variieren, was wiederum belegt, dass konvergente Spezialisierungen relativ einfach vonstatten gehende Anpassungen an verschiedene Lebensräume sind und weniger das Resultat gemeinsamer Abstammung (MAP OF LIFE 2010).

Hier zeigt sich wieder das evolutionäre Prinzip des "Tinkerings" ("evolutionäre Flickschusterei"): Bestehende Strukturen werden in ihrer Funktion abgewandelt und optimiert. Oder es wird eine Doppelfunktion ausgenutzt wie etwa die Lauterzeugung beim Flügelschlag. **Im Endergebnis sind die optimierten Strukturen heute zwar relativ komplex, doch wie alle funktionellen Optimierungen konnte sie sich schrittweise (graduell) vollziehen.** Somit ist es auch kein prinzipielles Problem, falls dies mehrmals unabhängig geschieht. Einfache (und im Fall der Zahnwale komplexe) Formen der Echoortung sind dementsprechend auch bei anderen Tieren konvergent entstanden. Viele Zahnwale sind zu ähnlichen sensorischen Leistungen fähig wie Fledermäuse. Einige Arten der Salangen (tropische Vögel, die den einheimischen Mauerseglern ähneln) sind imstande, in dunklen Höhlen ihr Nest durch eine einfache Echoortung zu finden. Für die Insektenjagd reicht das System nicht aus, die Beute wird optisch geortet. Eine ähnliche Echoortung betreibt der südamerikanische Fettschwalm, die einzige nachtaktive, Früchte fressende Vogelart, die man kennt. Spitzmäuse und Tenreks verfügen über eine sehr einfache Echoortung, die sie zur Orientierung im Gelände nutzen, nicht aber um Futter zu lokalisieren. Allein dies zeigt schon eindrucksvoll, dass Echoortungssysteme, die alles andere als perfekt sind, dennoch sinnvoll und funktional sein können. Es ist ohne weiteres möglich, dass es bei den Vorfahren der Fledermäuse ebenso begann – immerhin stehen ihnen die letztgenannten Gruppen stammesgeschichtlich nahe.

Sogar blinde Menschen können lernen, mit Hilfe von Schnalzlauten zu erkennen, wenn ein Hindernis vor ihnen steht, obwohl sie überhaupt keine Adaptationen an die Echoortung zur Verfügung haben! Und möglicherweise bedurfte es gar keiner gesonderten Mutationen, damit das Gehirn der Fledertiere die Information der Echoortung korrekt verarbeitete. **Das Säugergehirn ist plastisch genug, um die neuen Informationen zu interpretieren bzw. durch Lernprozesse richtig zu deuten (siehe das Beispiel blinder Menschen!).** Von daher sieht die evolutionsbiologische Rekonstruktion der Echoortung bei Fledermäusen viel solider aus, als JUNKER vorgibt.

Stammbäume: Konvergenz oder Rückbildung der Echoortung?

Die heutige Taxonomie und ihre Begriffe sind abstrakt; ihre Kladogramme haben mit dem schön gezeichneten Stammbaum eines Ernst HAECKEL (immer noch die bekannteste Abbildung dieser Art) nicht mehr viel gemeinsam. JUNKER scheint indes Probleme mit taxonomischen Begriffen zu haben, denn der Begriff "paraphyletisch" wird von ihm falsch verwendet:

Über mehr als ein Jahrhundert waren die Monophylie der Fledermäuse und ihre Unterteilung in Kleinfledermäuse (Mikrochiroptera) und Flughunde (Megachiroptera) unstrittig... Molekulare Analysen führten jedoch zu einer überraschenden Wendung: Die Kleinfledermäuse erwiesen sich als paraphyletisch, d. h. sie können nicht auf einen gemeinsamen Vorläufer zurückgeführt werden. Stattdessen gruppieren einige Kleinfledermausfamilien mit den Flughunden. Für diesen Zweig wurde das Taxon Yinpterochiroptera eingeführt. Die verbleibenden Kleinfledermäuse werden als Yangochiroptera klassifiziert (Teeling et al. 2005; Springer et al. 2001).

Anders als JUNKER behauptet, besagt der Begriff "paraphyletisch", dass die Organismen der betreffenden Gruppe sehr wohl einen unmittelbaren gemeinsamen Vorfahren haben, wobei (im Gegensatz zur monophyletischen Gruppe) nur **ein Teil** seiner Nachkommen der Gruppe selbst zugeordnet wird.⁷ "Monophylie" wäre unter zwei Bedingungen gegeben: Wenn die Arten der Gruppe einen gemeinsamen Ursprung hätten (was bei den Kleinfledermäusen zutrifft!), und wenn die Gruppe **alle** Nachfahren des gemeinsamen Vorfahrens enthalten würde. Das ist bei den Kleinfledermäusen *nicht* erfüllt, da die Flughunde in eine eigene Unterart gestellt werden. Die Fledermäuse sind nach den von JUNKER zitierten genetischen Befunden also eine paraphyletische Gruppe, weil die Flughunde als eigene Gruppe auf gleichem taxonomischen Niveau klassifiziert werden, aber nicht von der Wurzel aller Fledertiere abzweigen, sondern von einer frühen Form der Kleinfledermäuse. Dennoch haben alle einen gemeinsamen phylogenetischen Ursprung. Das ist für die Evolutionsbiologie unproblematisch, auch wenn JUNKER meint:

Die neue Klassifikation hat zur Folge, dass entweder eine zweimalige unabhängige Entstehung des Echoortungssystems angenommen werden muss

⁷ Z.B. KNOOP, V./MÜLLER, K. (2009, 368): "Paraphylum, paraphyletisch: Gruppe von Organismen aus einem unmittelbaren gemeinsamen Vorfahren und einem Teil seiner Nachfahren. Bsp. Reptilien, von deren unmittelbarem gemeinsamen Vorfahren auch die Vögel abstammen oder Algen, von deren unmittelbarem gemeinsamen Vorfahren auch die Pflanzen abstammen."

oder dass die Flughunde die Fähigkeit zur Echoortung verloren haben. Beide Möglichkeiten sind mit großen evolutionstheoretischen Problemen verbunden.

Die behaupteten Probleme gibt es nicht. Wie bereits gesagt wäre eine konvergente Entstehung der Echoortung in zwei Taxa, möglicherweise auf der Grundlage einer Präadaptation wie bei Spitzmäusen, nicht überraschend. Ein Verlust dieser Fähigkeit ist schon gar kein Problem. Auch die folgende Behauptung, die JUNKER zweimal wiederholt, ist indiskutabel, weil sie auf Anfängerfehlern beruht:

Es ist nicht nachvollziehbar, dass eine derartig nützliche Fähigkeit verloren gehen sollte (Rayner 1991, 184). ... auch der Verlust dieser Fähigkeit ist sehr problematisch, da mit dieser Fähigkeit über 20 verschiedene anatomische Spezialisierungen gekoppelt sind, die bei den Megachiropteren nicht vorhanden sind und allesamt verlorengegangen sein müssten (Simmons 2005, 527).

Die Zitierweise legt nahe, SIMMONS (2005) sei mit JUNKER völlig einer Meinung. Schlägt man in der angegebenen Quelle nach, findet man jedoch lediglich die Andeutung, dass die traditionelle Lehrmeinung bezüglich der (einmaligen) stammesgeschichtlichen Entwicklung der Echoortung mit den rund 20 anatomischen Untermerkmalen einer Revision bedarf. Davon, dass der Verlust dieser Fähigkeit "sehr problematisch" sei, ist nirgendwo die Rede.

Wenn eine Fähigkeit unter gegebenen ökologischen Bedingungen nicht mehr oder nicht mehr genügend nützt, um ihre ökologischen "Kosten" zu decken, entfällt der stabilisierende oder optimierende Selektionsdruck; das ist evolutionsbiologisches Grundwissen. Wenn nicht durch Selektion, so können entsprechende "Verlustmutationen" (insbesondere in kleinen Populationen) auch durch "genetische Drift" fixiert werden, ohne dass dies funktionelle Nachteile bringt. Betrifft die Mutation ein "Master-Gen", welches die Expression vieler einzelner, nachgeordneter Gene steuert, lässt sich auch zwanglos erklären, wie etliche zu einer funktionellen Einheit verschaltete Untermerkmale *gleichzeitig* rückgebildet werden können.⁸ Beispielsweise verloren viele in Grotten lebende Tiere (z.B. Grottenolme, Höhlenfische) ihre Sehfähigkeit, also ein mindestens ebenso komplexes Merkmal wie die Echoortung, in geologisch sehr kurzer Zeit.

Die Tatsache, dass die Flughunde (mit Ausnahme der Rosettenflughunde) keine Echoortung mehr verwenden, lässt sich durch ihre Lebensgewohnheiten und den dadurch begünstigten, sekundären Verlust dieser Fähigkeit plausibel erklären: Als Fruchtfresser bewohnen die Flughunde (Abb. 5) die tropischen und

⁸ Hier wäre seitens der Evolutionsforschung noch zu prüfen, ob Teile der ursprünglichen Merkmalsanlagen des Echoortungssystems in der Embryonalentwicklung der Flughunde noch rekapituliert werden. Dies wäre ein überzeugender Beleg für die Hypothese, dass das Echolotsystem tatsächlich sekundär zurückgebildet wurde.

subtropischen Zonen der "Alten Welt". Sie sind dämmerungs- und nachtaktiv und orientieren sich (anders als die Fledermäuse) fast ausnahmslos mit Hilfe ihrer lichtstarken Augen und ihrem ausgezeichneten Geruchssinn. Eine Echoortung ist unter diesen Umständen entbehrlich, zumal mit hohen energetischen Kosten verbunden. Die visuelle Orientierung ist bei noch ausreichenden Lichtverhältnissen der besten Echoortung überlegen. Da die Echoortung der Rosettenflughunde vergleichsweise simpel zu sein scheint und deshalb ursprünglicher als die der heutigen Kleinfledermäuse sein dürfte, könnte sie sehr wohl ein Reliktmerkmal dieser Großgattung sein, das ansonsten in der Unterordnung verschwunden ist.



Abb. 5: Kalong-Flughund (*Pteropus vampyrus*). Foto: Dmitrij Rodionov / CC BY-SA–3.0

Scheinprobleme: Homologien und Konvergenzen

Um den falschen Eindruck eines Erklärungsproblems zu verstärken, behauptet JUNKER:

Es zeigt sich auch bei den Verwandtschaftsbeziehungen mit anderen Gruppen, dass morphologische und molekulare Daten weit auseinandergehende Verwandtschaftsverhältnisse nahelegen können und oft nicht ohne Weiteres zusammenpassen. Außerdem erweist sich einmal mehr die Homologie von Merkmalen (also ihre "Qualität" als "Verwandtschaftsanzeiger") als nicht objektiv bestimmbar (vgl. Artikel 'Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie'). Denn immer wieder muss aufgrund neuer Befunde die Deutung von

Merkmalen als Homologien in die Deutung als Konvergenzen umgewandelt werden...Die Verteilung der Echoortung kann folglich nicht als Wegweiser für stammesgeschichtliche Zusammenhänge dienen, sondern folgt anderen Kriterien.

Allerdings erweisen sich umgekehrt scheinbare Konvergenzen immer wieder als Homologien; das vergisst JUNKER in aller Regelmäßigkeit zu erwähnen. Im Ergebnis werden taxonomische Probleme im Lauf der Zeit meist gelöst, keineswegs neu geschaffen, wie JUNKER meint. Beispielsweise war bis vor wenigen Jahrzehnten noch weitgehend unklar, mit welchen großen Menschenaffen (Orang Utans, Gorillas, Schimpansen, Bonobos) die Menschen am nächsten verwandt sind und wann sich die zu den Menschen führende Linie abgespalten hat. Durch molekularbiologische Untersuchungen konnte mittlerweile gezeigt werden, dass die nächsten Verwandten des Menschen unter den Tieren die Schimpansen und Bonobos sind und dass der letzte gemeinsame Vorfahr vor etwa 5–7 Mio. Jahren lebte (T. JUNKER 2009, 331).

Ein anderes Beispiel: Die einheimischen madagassischen Karnivoren zeigen ein Mosaik aus gemeinsamen, meist den Mangusten (zum Beispiel Mungos und Erdmännchen) ähnlichen morphologischen Merkmalen auf der einen Seite, und divergenten Spezialisierungen auf der anderen Seite. Traditionell wurden sie mit vielen Unsicherheiten zwei oder mehr verschiedenen Gruppen der Katzenartigen (Feloidea) zugeordnet⁹. Die Analyse einiger Gene hat aber gezeigt, dass sie alle von einer einzigen Ahnenpopulation abstammen, die vor 18 bis 24 Millionen Jahren die Insel erreichte (YODER et al. 2003). Die nächsten Verwandten sind Mangusten, die Ähnlichkeiten mit ihnen sind demnach Homologien und nicht – wie man bisher annehmen musste – zum Teil konvergent. Die Ähnlichkeiten mit anderen Feloidea (Schleichkatzen, Katzen, Hyänen u. a.) sind dagegen Konvergenzen, die sich der Einnischung in entsprechende Inselhabitate verdanken. Man entdeckt immer wieder solche unerwarteten Konvergenzen, die gut in ein evolutionäres Szenario passen, was JUNKER dann jedoch nicht einräumen will. Ein solcher Fall wird in Anhang 2 vorgestellt.

Die genannten Beispiele belegen, dass JUNKERS Pauschalkritik am Homologiekonzept nicht zutrifft. In den meisten Fällen passen morphologische, physiologische, fossile und molekulargenetische "Stammbäume" sehr gut zusammen (NEUKAMM 2009, 98f). Überraschungen gibt es meist nur in wenigen Details und meist nur dort, wo die Verwandtschaft von vornherein unklar war. Wenn nicht *Einzelmerkmale*, sondern *synapomorphe*¹⁰ Merkmalskomplexe betrachtet wer-

⁹ Alle einheimischen Karnivoren Madagaskars bilden eine monophyletische, endemische Gruppe, nämlich die Familie Eupleridae mit bisher 10 Arten in 7 Gattungen.

¹⁰ "Synapomorphe" Merkmal sind Eigenschaften, die in einer Abstammungslinie entstanden sind und später, nach Aufspaltung der Linien, an alle Gruppen weiter gegeben wer-

den, ist die phylogenetische Zuordnung mit Regelmäßigkeit eindeutig – zumindest aber reduziert sich die Zahl der möglichen Alternativen drastisch. Je mehr Merkmale man berücksichtigt, desto mehr verringert sich die Zahl der Stammbaumalternativen!

Im Fall von *Gensequenzen* bestreitet niemand, dass eine hohe Übereinstimmung nur durch gemeinsame Abstammung (Homologie) erklärbar ist. Zufällige Übereinstimmungen scheiden aus Wahrscheinlichkeitsgründen aus, und für konvergente Veränderungen gibt es keinen Mechanismus. Morphologische und physiologische Merkmalskomplexe werden nicht grundsätzlich anders bewertet. Sie lassen jedoch meist mehr Interpretationsmöglichkeiten zu; entsprechend wird die Anwendung der klassischen Homologiekriterien¹¹ in der Taxonomie zum Teil kontrovers diskutiert. Daraus kann man aber kein grundsätzliches Argument gegen den Ähnlichkeitsbeleg der Evolutionsbiologie ableiten, wie JUNKER regelmäßig behauptet. Da Flora und Fauna im Ganzen betrachtet eine hierarchische Ordnung aufweisen, die von Konvergenzen zwar gestört, aber keineswegs aufgehoben wird¹², gibt es genügend "phylogenetische Signale", auch wenn im Einzel-

den. Synapomorphien weisen also alle Träger als Mitglieder eines monophyletischen Taxons aus. Die Frage, wie gut bestimmte Merkmale zur taxonomischen Einordnung taugen, ist eine andere: Einzelmerkmale – meist wenig komplex – können einmal oder mehrfach entstanden sein, können also fälschlich als synapomorph gedeutet werden: Daher sind sie keine guten Kandidaten zur taxonomischen Bestimmung. Anders synapomorphe Merkmalskomplexe wie z.B. die Vogelflügel mit ihrer Befiederung und den charakteristischen Umbauten der Tetrapoden-Vorderextremität. Solche komplexen Merkmale sind als Verwandtschaftsanzeiger hochgradig zuverlässig.

¹¹ Gemäß dem Zoologen Adolf REMANE (1898-1976) können homologe Merkmale anhand folgender Kriterien ermittelt werden: 1.) Kriterium der Kontinuität: Verbindung von Merkmalen durch Übergänge / Zwischenmerkmals bei anderen Arten. 2.) Kriterium der spezifischen Qualität: homologe Merkmale müssen in ihrem inneren Aufbau "gleichartig" sein, also in vielen Sonder- bzw. Untermerkmalen übereinstimmen. Die Sicherheit wächst mit dem Grad der Komplexität der verglichenen Struktur. 3.) Lagekriterium: Homologe Merkmale müssen die gleich relative Lage im Organismus aufweisen. Diese Kriterien gelten prinzipiell immer noch; eine endgültige Bewertung ermöglichen sie aber erst im Rahmen der Methoden der modernen Kladistik. Zudem sind auch verstärkt die Kenntnisse der modernen Entwicklungsbiologie, Ökologie usw. zu berücksichtigen.

¹² Wären die Merkmale nach einem kreationistischen Baukastenprinzip "frei kombinierbar", wären also Homologien und Stammbäume nur eine Fiktion, dann müsste man in Abhängigkeit davon, welche Merkmale man betrachtet, jeweils zu völlig verschiedenen Stammbäumen gelangen. So sind beispielsweise bei 10 Taxa theoretisch 34 Millionen verschiedene Stammbäume denkbar, bei 14 Taxa bereits mehr als 1 Billion! Die Praxis sieht völlig anders aus: Rekonstruiert man die Verwandtschaftsverhältnisse von 10 Taxa anhand verschiedener Merkmale, gelangt man im ungünstigen Fall vielleicht zu einigen Dutzend Stammbäumen, die in einigen *Details* verschieden sind, im Großen und Ganzen aber übereinstimmen. Gäbe es kein übergeordnetes evolutionäres Prinzip, wäre es angesichts der enormen Anzahl möglicher Alternativ-Stammbäume statistisch aber so gut wie unmöglich, durch Auswertung verschiedener Merkmale zufällig zu zwei auch nur halb-

fall nicht immer klar ist, welche Merkmale *tatsächlich* als Homologien anzusehen sind. Grundsätzlich sind Lebewesen aber umso näher miteinander verwandt, je ähnlicher sie sich sind (und umgekehrt) – daran ändern alle argumentativen Winkelzüge nichts. Bei der Ermittlung von Homologien liegt auch kein Zirkelschluss vor, wie Kreationisten (allen voran JUNKER) gerne behaupten. Die sukzessive Annäherung an die Fakten im Forschungsprozess durch Rückkopplung von Beobachten und Theoretisieren ist kein Zirkel wechselseitiger Selbstbestätigung, da die Zusatzannahmen unabhängig von der jeweiligen Verwandtschaftshypothese auf Plausibilität getestet werden können. Ferner ist es möglich, Vorhersagen abzuleiten: Ein einmal etablierter und durch Daten gut gestützter Stammbaum erlaubt nach Vergleich weiterer Merkmale eben keine beliebige Verteilung der Ähnlichkeitsmuster – und damit gibt es unabhängige Prüfkriterien.

Dabei liegt es selbstverständlich in der Natur dieses erkenntnistheoretischen Rückkopplungsprozesses, dass immer wieder Fehldiagnosen möglich sind, dass also ein bisher als homolog angenommenes Merkmal unter Hinzuziehung von biologischem Zusatzwissen als Parallelbildung gewertet werden muss und umgekehrt. Aber genau dies ist ein klares Indiz dafür, dass prüfbare Verwandtschaftshypothesen erstellt werden können, die sich unter Einbeziehung des gesamten biologischen Hintergrundwissens (von funktioneller Morphologie, Entwicklungsbiologie usw.) bewähren müssen.

Um zu den Fledermäusen zurück zu kommen: Als die Echoortung als (anfangs noch relativ simples) System entwickelt wurde, erzeugte dies wie im Fall des Schlagflugs einen starken Selektionsdruck zur Optimierung. Ebenso ist klar, dass die Beschaffenheit des Systems nur bestimmte Arten von Optimierung zuließ. Daher sind Konvergenzen von Teilsystemen nicht verwunderlich, sondern (in bestimmten Grenzen) evolutionstheoretisch sogar zu erwarten. Das gilt nicht nur für die Fähigkeit der Echoortung an sich, sondern auch für die verschiedenen Ruf-Frequenzgänge und -Abfolgen usw. Daher ist es kein Problem, dass auch bei anderen Merkmalen eine konvergente Entstehung angenommen werden muss. Beispielsweise müssten innerhalb der Flughunde anatomische Spezialisierungen für Pollen- und Nektar-Ernährung bis zu fünfmal entstanden oder wieder verloren gegangen sein (KIRSCH et al. 1995, 396). Solche Anpassungen betreffen (praktisch immer) wenige komplexe Merkmale. Sie können sich, ebenso wie Körpergröße, Körperfarbe, Karnivorie oder Herbivorie, Schwimm- oder Kletterfähigkeit etc. durch viele unterschiedliche Prozesse verändern. Daher wird man Konvergenzen – insbesondere bei sich entwickelnden Systemen – erwarten. JUNKER be ruft sich mit seiner Kritik zwar auf EICK et al. (2005, 1869), aber zu Unrecht. Die Autoren bewerteten 195 morphologische Merkmale im Licht ihrer Kern-DNA-

wegs ähnlichen oder gar identischen Stammbaumhypothesen zu gelangen. Homologien sind also alles andere als fiktiv, wir sind uns nur im Einzelfall nicht immer im Klaren darüber, welche Merkmale homolog sind!

Phylogenie. Außer 24 Merkmalen waren alle homoplastisch verteilt, d. h. es müssen Konvergenzen oder Rückbildungen angenommen werden. Aber erstens erscheinen den Autoren diese Homoplasien nicht problematisch, denn – wie gesagt – wird man erwarten (müssen!), dass solche Merkmale nicht bei allen Taxa erhalten blieben. Zweitens werden die allermeisten, bisher beschriebenen Gruppen taxonomisch korrekt abgebildet. Drittens ergab sich sogar eine evolutionsbiologische Klärung: Der Ursprung der Fledertiere lag wahrscheinlich in Afrika. Viertens wurden die taxonomischen Großgruppierungen von den Ergebnissen bestätigt.

Zusammenfassung: Welcher Methoden bedient sich Reinhard JUNKER, um evolutionsbiologische Erkenntnisse verzerrt darzustellen?

Um es wieder einmal zu sagen: WORT UND WISSEN kann nicht liefern, was die Studiengemeinschaft zu liefern vorgibt: naturwissenschaftliche Gründe, um die Evolutionstheorie in Zweifel zu ziehen. Die Biologie wird vermutlich nie imstande sein, die Stammesgeschichte der Fledertiere (oder anderer Lebewesen) *vollständig* aufzuklären. Sie ist aber sehr wohl dazu imstande zu erklären, welche Prozesse diese Geschichte ausmachen und welche nicht. JUNKER präsentiert den wissenschaftlichen Sachverhalt unvollständig und manipulativ, um die Erklärungskraft und Reichweite der modernen Evolutionsbiologie zu verschleiern. Um nur die eindeutigen Manipulationen in seinem Text noch einmal zu benennen:

- Er verschweigt *vollständig* den passiven Gleitflug als möglichen Übergang zum aktiven Schlagflug.
- Er verschweigt in diesem Zusammenhang, wie häufig Gleitfliegen bei Wirbeltieren ist.
- Er behauptet in diesem Zusammenhang weiterhin, dass das Fliegen eine Reihe spezieller Anpassungen erfordere und übergeht dabei, dass viele der von ihm genannten Merkmale für das Fliegen keineswegs unverzichtbar sind, sondern nachträgliche ("mikroevolutive") *Optimierungen* der Flugfähigkeit darstellen.
- Er lässt in seinen Betrachtungen außer acht, dass bei den *Vorfahren* der Fledermäuse fast alle an der Echoortung beteiligten Strukturen (wie Stimmbildung, Ohren, Gehirn, Bewegungskoordination) schon vorhanden waren, woraus folgt, dass sich die notwendige ("makro-") evolutive Veränderung hauptsächlich auf die **Optimierung** der Funktion dieser Strukturen beschränkte.
- Er leugnet den Zusammenhang zwischen ontogenetischen und phylogenetischen Mechanismen und erweckt so den Eindruck, als könnten die

- Mechanismen der Entwicklungssteuerung der Fledermausflügel nicht zur Erklärung des evolutionären Sachverhalts herangezogen werden.
- Er suggeriert, die *Unvollständigkeit* einer Erklärung sei gleichbedeutend mit dem *Fehlen* einer Erklärung. Z.B. soll die Tatsache, dass der BMP-Signalweg die Entstehung wesentlicher - *aber nicht aller* - Merkmale des modernen Fledermausbauplans erklären kann, evolutionäre Erklärungen, die sich auf diesen Signalweg berufen, generell entwerten.
 - Er erweckt den Eindruck, eine zwei- oder mehrfache konvergente Entstehung der spezialisierten Echoortung bei Fledertieren sei unwahrscheinlich, was aber weder vom Sachverhalt noch von der Literatur, die er zitiert, gedeckt wird.
 - Er verschweigt, wie häufig einfache Formen der Echoortung sind, und dass es eine parallele Entwicklung eines hoch leistungsfähigen Systems bei Zahnwalen gibt.
 - Er berichtet über die Ähnlichkeit des Motorproteins Prestin bei Zahnwalen und Fledermäusen so, als ob es sich um eine unerklärte Anomalie handelt (Anhang 2), und verschweigt auch in diesem Zusammenhang das Echoortungssystem der Zahnwale.
 - Er behauptet wider besseres Wissen und mit einer offensichtlich falschen Begründung, dass der Verlust der Echoortung in der Evolution der Flughunde schwer erklärbar sei.

Es ist bedauerlich, dass solche Texte geschrieben und publiziert werden, und dass sich Leserinnen und Leser davon in die Irre führen lassen.

Literatur

- CASTOE, T.A.; DE KONING, A.P.; KIM, H.M.; GU, W.; NOONAN, B.P.; NAYLOR, G.; JIANG, Z.J.; PARKINSON, C.L.; POLLOCK, D.D. (2009) Evidence for an ancient adaptive episode of convergent molecular evolution. PNAS 106, 8986–8991.
- EICK, G.N.; JACOBS, D.S.; MATTHEE, C.A. (2005) A nuclear DNA phylogenetic perspective on the evolution of echolocation and historical biogeography of extant bats (Chiroptera). Mol. Biol. Evol. 22, 1869–1886.
- JUNKER, R. (2011) Entstehung der Fledermäuse.
www.genesisnet.info/artikel/artikel.php?Sprache=de&Artikel=42846&l=2.
Zugr. a. 20.12.11.
- JUNKER, T. (2011) Kreationisten erklären die Evolution. Das "kritische Lehrbuch" von R. Junker und S. Scherer. In: NEUKAMM, M. (Hg, 2009), 321–338.

- KIRSCH, J.A.W.; FLANNERY, T.F.; SPRINGER, M.S.; LAPOINTE, F.J. (1995) Phylogeny of the Pteropodidae (Mammalia: Chiroptera) based on DNA hybridisation, with evidence for bat monophyly. *Aust. J. Zool.* 43, 395–428.
- LI, G.; WANG, J.; ROSSITER, S.J.; JONES, G.; COTTON, J.A.; ZHANG, S. (2008) The hearing gene prestin reunites echolocating bats. *PNAS* 105, 13959–13964.
- LI, Y.; LIU, Z.; SHI, P.; ZHANG, J. (2010) The hearing gene Prestin unites echolocating bats and whales. *Curr. Biol.* 20, R55–R56.
- MAP OF LIFE (2010) Echolocation in bats.
www.mapoflife.org/topics/topic_574_Echolocation-in-bats/
- NEUKAMM, M. (Hg, 2009) Evolution im Fadenkreuz des Kreationismus. Darwins religiöse Gegner und ihre Argumentation. Göttingen.
- RAYNER, J.M.V. (1991) Complexity and a coupled system: Flight, echolocation and evolution in bats. In: Schmidt-Kittler, N.; Vogel, K. (Hg.) *Constructional morphology and evolution*. Berlin, Heidelberg, New York, 173–191.
- SEARS, K.E. (2008) Molecular determinants of bat wing. *Cells Tissues Organs* 187, 6–12.
- SEARS, K.E.; BEHRINGER, R.R.; RASWEILER, J.J.; NISWANDER, L.A. (2006) Development of bat flight: Morphologic and molecular evolution of bat wing digits. *PNAS* 102, 6581–6586.
- SIMMONS, N.B. (2005) An Eocene big bang for bats. *Science* 307, 527–528.
- SPRINGER, M.S.; TEELING, E.C.; MADSEN, O.; STANHOPE, M.J.; DE JONG, W.W. (2001) Integrated fossil and molecular data reconstruct bat echolocation. *PNAS* 98, 6241–6246.
- TEELING, E.C. (2009) Hear, hear: the convergent evolution of echolocation in bats? *Trends Ecol. Evol.* 24, 351–354.
- TEELING, E.C.; SPRINGER, M.S.; MADSEN, O.; BATES, P.; O'BRIEN, S.J.; MURPHY, W.J. (2005) A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. *Science* 307, 580–584.
- VESELKA, N.; MCERLAIN, D.D. et al. (2010) A bony connection signals laryngeal echolocation in bats. *Nature* 463, 939–942.
- WEATHERBEE, S.D.; BEHRINGER, R.R.; RASWEILER, J.J.; NISWANDER, L.A. (2006) Interdigital webbing retention in bat wings illustrates genetic changes underlying amniote limb diversification. *PNAS* 103, 15103–15107.
- YODER, A.D.; BURNS, M.M.; ZEHR, S.; DELEFOSSE, T.; VERON, G.; GOODMAN, S.M.; FLYNN, J.J. (2003) **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** *Nature* 421, 734–737.
www.biology.duke.edu/yoderlab/reprints/2003YoderBurnsNature.pdf
- ZHANG, J. (2006) Parallel adaptive origins of digestive RNases in Asian and African leaf monkeys. *Nat. Genet.* 38, 819–823.
- ZHANG, J.; KUMAR, S. (1997) Detection of convergent and parallel evolution at the amino acid sequence level. *Mol. Biol. Evol.* 14, 527–536.

Anhang 1: Von der Pfote zum Flügel. Entstand zuerst die Gleitflughaut?

Die Fachwelt geht heute davon aus, dass die Gleitflughautbildung der Flügelbildung **vorausging**. Zum einen gab und gibt es viele Säugetiere, die mit Hilfe von Flughäuten zwischen Vorder- und Hinterbeinen den Gleitflug praktizieren und z.T. unterschiedliche (molekulare und morphogenetische) Mechanismen des Gleitflughautaufspannens zeigen. Phylogenetische Befunde sprechen dafür, dass die Gleitflughaut innerhalb der Säugetiere sieben- bis achtmal *unabhängig* voneinander evolvierte. Erst *nach* der Evolution der Flughaut sind die Fledermausflügel entstanden, woran sich wiederum die Flügelverlängerung anschloss. Eine *Kopplung* von Verlängerung der Fingerknochen und Bildung der Flughaut ist dafür nicht erforderlich.

Dieses Szenario kann anhand der Abbildungen 2 und 3 bei WEATHERBEE et al. (2006) verdeutlicht werden: Embryonal befindet sich bei allen Säugetieren zwischen den Fingeranlagen (eventuell auch zwischen Extremitäten, Rumpf und Schwanz) Gewebe. Dieses Gewebe wird, wie oben gesagt, anschließend durch induzierten Zelltod (Apoptose) abgebaut. Die Apoptose wird induziert durch *bonemorphogenetic proteins* (BMPs). Das heißt, je mehr BMPs, desto weniger Häute. BMP2, welches den Abbau der Haut in der Ontogenese veranlasst, wird auch zwischen den Fingern (also in den "zukünftigen" Flughäuten) synthetisiert (Abb. 6 A), seine Wirkung jedoch bei den Fledermäusen durch die ebenfalls dort anwesenden BMP-Inhibitoren namens *Gremlin* (Abb. 7 A) und Fgf8 (Fig. 7 E) gehemmt. Deshalb bleibt das Apoptose-Signal aus und die Haut bleibt bestehen; es entsteht zwischen den Fingern eine Gleitflughaut.

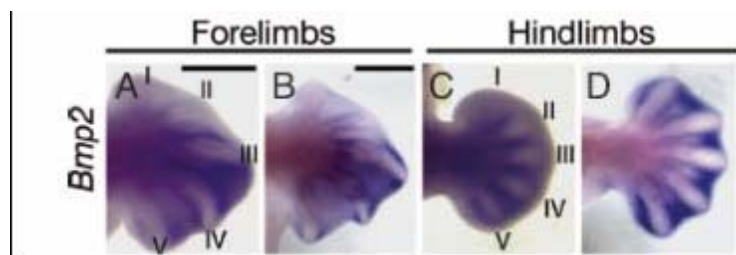


Abb. 6: Expression des Morphogens BMP2 in Vorderextremität (A,B) und Hinterextremität (C,D) der Fledermaus (WEATHERBEE et al. 2006).

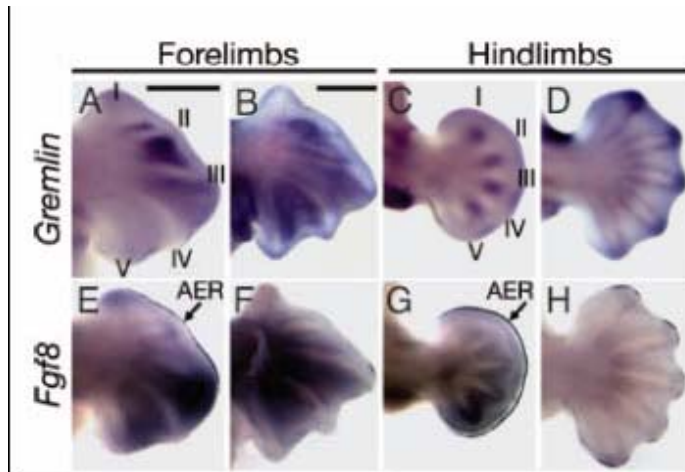


Abb. 7: Expression des BMP-Inhibitors *Gremlin* (A-D) und Fgf8-Signalwegs (E-H) in den Extremitäten der Fledermaus. (WEATHERBEE et al. 2006)

Der eigentlich interessante Punkt ist nun, dass BMP2 nicht nur den induzierten Zelltod, sondern auch eine Fingerverlängerung bewirkt. Dieses wird in den Fingerspitzen der Fledermäuse gehäuft synthetisiert. Diese wachsen dann weiter und ziehen die Flughaut mit. Wenn aber dieses BMP2 unmittelbar um die Fingerspitzen herum apoptotische Wirkung hätte (also dort *nicht* durch Gremlin und Fgf8 gehemmt werden würde), könnten die Flughäute dieses Wachstum nicht mitmachen. Folglich konnte die Fledermausflügelbildung erst stattfinden, *nachdem* die Inhibition der Häutchen-Apoptose durch Fgf8 und/oder Gremlin bereits etabliert war. Das heißt, dass die Vorfahren der Fledermäuse bereits Gleitflughäute besessen haben müssen.

Anhang 2: Flipper lässt grüßen

In der ausführlicheren pdf-Version des behandelten Textes (a.a.O., p. 11-12) finden sich die folgenden Abschnitte:

Zwei Gene, die beim Echoortungssystem eine Rolle spielen, sind bislang ermittelt worden: *FoxP2* und *Prestin*:... *Prestin* wird beim Hörvorgang benötigt und kodiert für ein Transmembran-Motorprotein, welches das elektrisch vermittelte Bewegungsvermögen der äußeren Haarzellen in der Schnecke steuert und damit für die Sensitivität der Schnecke im Säugerohr verantwortlich ist. Es scheint von besonderer Bedeutung für die Wahrnehmung höherer Frequenzen und für selektives Hören zu sein; beides ist für die Echoortung wichtig (TEELING 2009,353; LI et al. 2008, 13959).TEELING diskutiert die Verteilung der Sequenzen dieser Gene bei verschiedenen Arten mit der Fragestellung, ob daraus Rückschlüsse bezüglich einer einmaligen oder zweifachen Entstehung der Echoortung bei Fledermäusen gezogen werden können. Diese Frage ist

aufgrund genetischer Daten in evolutionstheoretischer Perspektive nicht sicher entschieden. Die Verteilung der *FoxP2*-Varianten innerhalb der Fledermäuse gibt diesbezüglich keine klare Auskunft, ebenso wenig wie die Verteilung von *Prestin* (TEELING 2009, 353); allerdings sind LI et al. (2008) der Auffassung, dass *Prestin* eine zweimalige Entstehung begünstigt...

Es stellte sich weiterhin heraus, dass die Sequenzen des Prestin-Proteins bei Zahnwalen und echoortenden Fledermäusen nahezu identisch sind, so dass Wale und Fledermäuse in einem auf Prestin-Daten basierenden Dendrogramm (Ähnlichkeitsbaum) als eine gemeinsame Gruppe erscheinen, obwohl beide Gruppen unter den Säugetieren sonst überhaupt nicht näher verwandt sind (LI et al. 2010; LIU et al. 2010). Nach den DNA-Nukleotid-Sequenzdaten des Prestin-Gens gruppieren sich die Wale und Fledermäuse dagegen weitgehend gemäß dem Arten-Stammbaum.

Die Sequenzen des Prestin-Proteins sind bei Zahnwalen und echoortenden Fledermäusen also ähnlicher, als von ihrer Verwandtschaft her zu erwarten wäre. JUNKER übertreibt die Ähnlichkeit ganz erheblich, wie die nachstehenden Abbildungen zeigen, aber sie ist vorhanden. Nachdem die Autoren LI et al. alle anderen Artefakte ausgeschlossen haben, kommen sie zu dem Schluss, dass bei Zahnwalen und Fledermäusen eine konvergente Evolution stattgefunden hat, was den Befund zwar gut erklärt, aber wiederum begründungsbedürftig ist. JUNKER verschweigt nicht nur dieses Argument, er verschweigt auch dessen Grundlage: Fledermäuse und Zahnwale sind zwar nicht näher verwandt, haben aber eine wichtige, mit Sicherheit konvergent entstandene, Gemeinsamkeit: Sie sind die einzigen Säugergruppen mit einer hoch spezialisierten Echoortung. Er hätte diese Information in den oben fett hervorgehobenen Absatz ohne weiteres einfügen können. Er lässt sie weg und zwingt er seiner Leserschaft damit den Eindruck einer evolutionären Anomalie auf.

Schauen wir uns einmal die Ähnlichkeiten der Prestine im Detail an: Das Dendrogramm von Prestinen verschiedener Tiere¹³ (Abb. 8) entspricht den Erwartungen. Am weitesten außen liegt (d.h. am wenigsten ähnlich ist) das Insekt,

¹³ Die Sequenzen sind über Internet am NCBI (National Center for Biotechnology Information) verfügbar (www.ncbi.nlm.nih.gov/protein). Das Alignment wurde mit ClustalW durchgeführt [Zitat: THOMPSON, J.D. et al. (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Res. 22, 4673-4680]. Das Programm ist auf verschiedenen Bioinformatik-Servern auch als Windows-Version öffentlich verfügbar. Die Dendrogramme wurden mit dem neighbor-Joining Algorithmus berechnet. Zur Vollständigkeit muss vermerkt werden: Eine ausführliche Analyse dieses Alignments würde verschiedenste Verfahren ("Bootstrapping", Even-odd-Analyse, Domänenanalyse u.v.a.) umfassen; erst dann kann man statistisch fundierte Aussagen machen. Die Interpretation solcher Sequenzdaten ist eine mathematisch höchst anspruchsvolle Aufgabe, die hier nicht abgehandelt werden kann.

unter den Wirbeltieren wiederum ist das Gen beim Fisch das unähnlichste, gefolgt vom Huhn. Ebenfalls wie erwartet gruppieren sich die Säuger zusammen, wobei das Schnabeltier "außen" liegt.

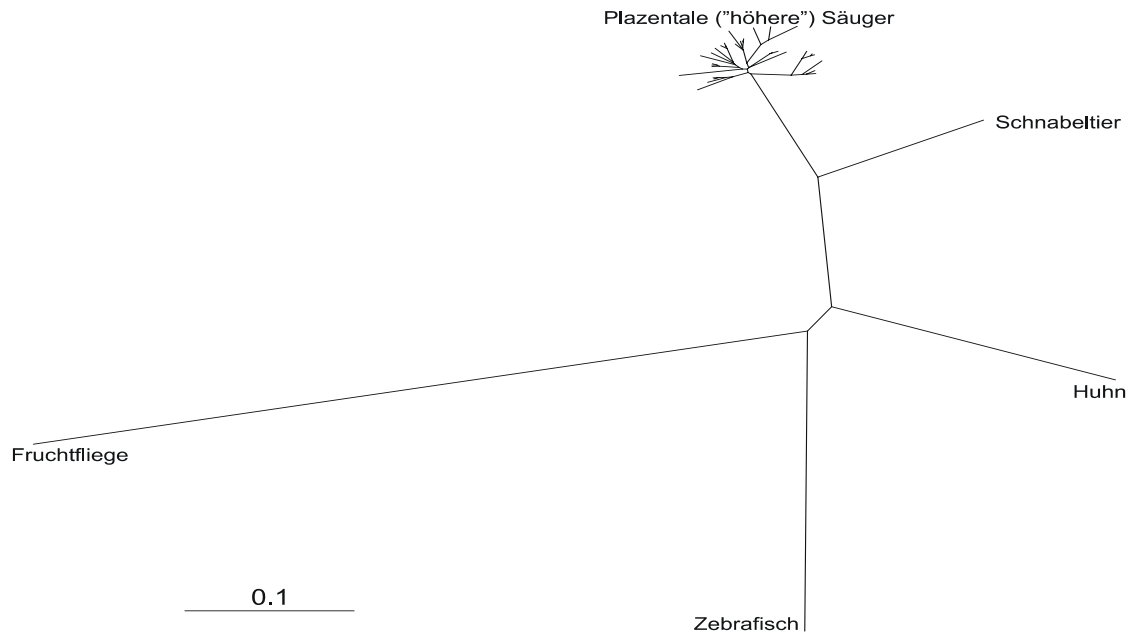


Abb. 8: Dendrogramm der Prästine verschiedener Tiergruppen (Zahlreiche Säuger-Vertreter wurden verglichen; von den anderen Gruppen – Insekt, Fisch, Vogel, Monotremen – wurde der besseren Übersichtlichkeit halber jeweils nur ein Vertreter einbezogen).

Lässt man die weniger ähnlichen Sequenzen weg, so erhält man das Dendrogramm von Prästinen bei Säugetieren (Abb. 9). Es zeigt, dass die Prästine hier insgesamt sehr hoch konserviert (d.h. einander sehr ähnlich) sind, daher eignet sich dieses Protein nicht, um die Verwandtschaft innerhalb der Säuger aufzuklären. Dafür ist die statistische Unsicherheit bei derartiger Ähnlichkeit zu hoch. Trotz alledem gruppieren sich die meisten Fledertiere immer noch in einem gemeinsamen Ast.

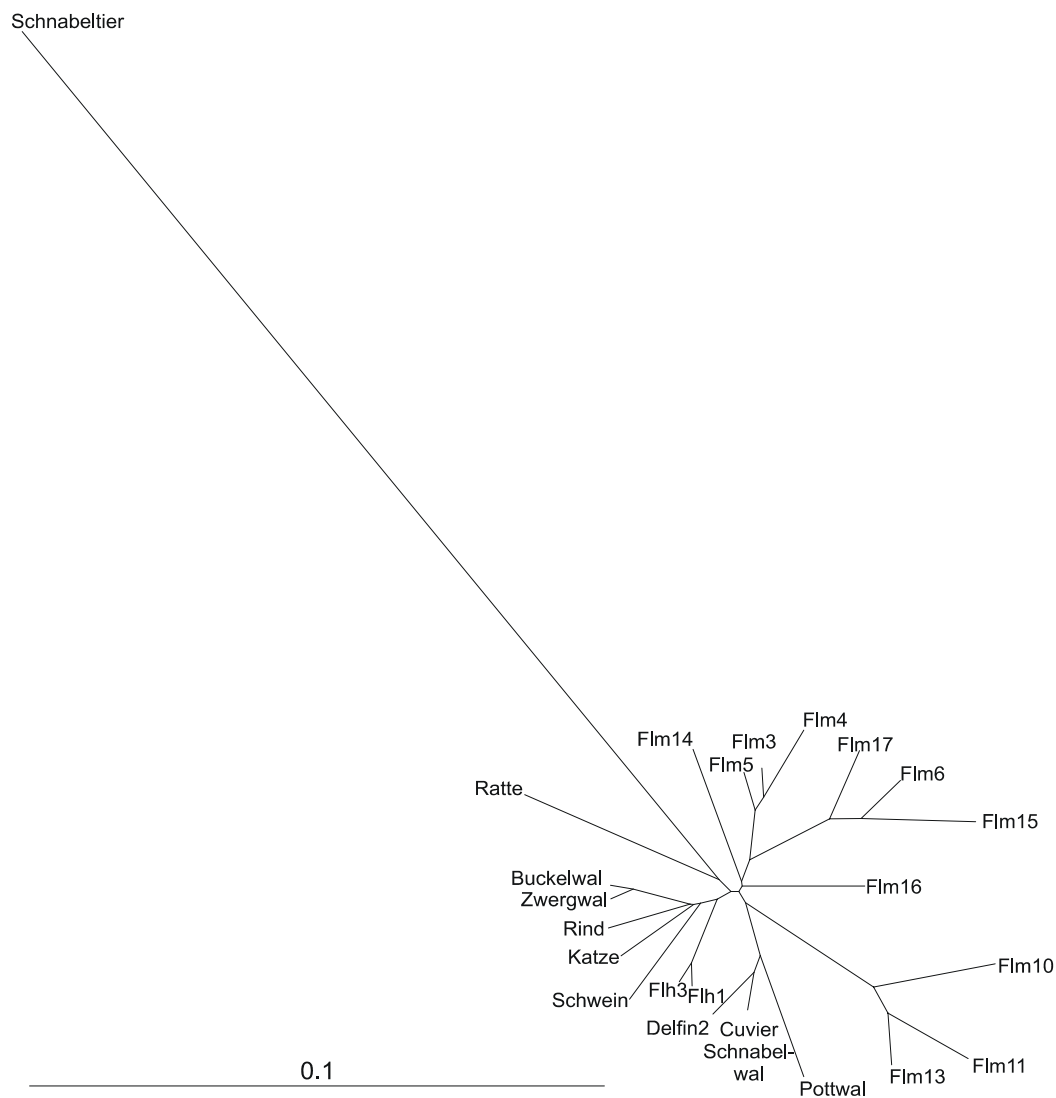


Abb. 9: Dendrogramm der Säuger-Prestine (somit eine Ausschnittvergrößerung aus Abb.4). "Flm": Fledermaus-Spezies; "Flh": Flughund-Spezies.

Wie sind nun diese Fakten im Zusammenhang mit der Prestin-Evolution zu interpretieren? – Auf jeden Fall gibt es eine schier unerschöpfliche Anzahl verschiedener Proteinstrukturen, welche dieselbe Aufgabe erfüllen. Für viele Enzymfunktionen kennen wir etliche unterschiedliche Proteinfamilien mit derselben Funktion. Aus diesem Grunde sind konvergente Parallelentwicklungen von Aminosäure-Sequenzen auf der Ebene von Proteinen nicht zu erwarten. Für anatomische Strukturen hingegen gilt etwas vollkommen anderes: Ein Wirbeltier hat wegen seiner Größe praktisch nur eine einzige physikalische Möglichkeit zu fliegen, nämlich Tragflächen oder Flügel zu entwickeln. Daher ist es kein Wunder, dass sich Tragflächen bei ihnen etliche Male konvergent gebildet haben – zumal es viele zwanglose Wege stetiger Entwicklung dorthin gibt. Anders bei Proteinen: Da – wie gesagt – unzählige, verschiedene Proteinstrukturen dieselbe Funktion erfül-

len können und da weiterhin in ein und derselben Struktur wiederum unzählige, funktionale Varianten erlaubt sind, kommt es üblicherweise nicht zu Konvergenzen in der Sequenz.

Beim *Prestin* allerdings liegt die Sache anders: Erstens sind alle Säuger-*Prestine* einander sowieso schon sehr ähnlich (Abb.4 und 5). Zweitens erfüllen sie dieselbe Aufgabe in (drittens) einer stark konservierten Struktur, nämlich der Hörschnecke. Viertens sind die *Prestine* insbesondere an der Wahrnehmung hoher Frequenzen beteiligt, wodurch sie (fünftens) bei Fledermäusen und Zahnwalen unter identischen Selektionsdruck gerieten. Diese fast einmalige Konstellation sorgte dafür, dass tatsächlich einmal auf Proteinebene konvergente Evolution ablief, weil (a) ein stark richtender und kanalisierender Selektionsdruck in (b) dieselbe Richtung im Kontext (c) einer bereits existenten, komplexen und fertig differenzierten Struktur bestand. Dass dieses Szenario der Realität entspricht und nicht eine "Rettungshypothese" ist, lässt sich anhand mehrerer Befunde zeigen:

1. entspricht das DNA-Dendrogramm der *Prestine* dem Standard-Stammbaum
2. sind nur etwa 10 Positionen in einem Protein von über 700 Aminosäuren von der konvergenten Entwicklung betroffen – das ist nicht gerade viel.
3. befinden sich diese Positionen allesamt im letzten, zytoplasmatischen Drittel des Proteins, was ebenfalls die Hypothese konvergenter Entwicklung durch richtende Selektion stützt.

Es handelt sich also um eine klar umrissene Ausnahme von der sonstigen Regel, dass keine konvergente Evolution bei Proteinsequenzen auftritt. Die Ausnahme wird von den Autoren Li et al überzeugend dargelegt.¹⁴ Was macht JUNKER aus diesem interessanten Fall konvergenter Evolution? Er verschweigt ihn seinen Leserinnen und Lesern schlichtweg. Das ist kein Versehen, denn er erwähnt die möglicherweise konvergente Evolution von *Prestinen* kurz darauf an anderer Stelle:

LI et al. (2008) zeigten, dass in Phylogenien, die auf dem *Prestin*-Gen beruhen, die Kleinfledermäuse monophyletisch sind, entgegen einer großen Zahl von genetischen Befunden, wonach die Microchiroptera paraphyletisch sind, also zu zwei Untergruppen gehören, die nicht auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgeführt werden können (vgl. Abschnitt „Phylogenetische Analysen“). Dieser Widerspruch wird auf konvergente Evolution aufgrund gleicher Selektionsdrücke in den beiden Untergruppen zurückgeführt...

¹⁴Vgl. ZHANG/KUMAR (1997); ZHANG (2006); CASTOE et al. (2009).

Dazu ist bereits im Haupttext angemerkt worden, dass JUNKER durch die falsche Verwendung des Begriffs "paraphyletisch" einen Widerspruch konstruiert, der nicht existiert. Dass JUNKER wenig später (S.14) einige molekulargenetische Arbeiten zitiert, nach denen die Kleinfledermäuse monophyletisch sind (hier ist wohl gemeint, dass sie doch gemeinsame Vorfahren haben) sei als Kuriosität am Rand vermerkt. Die erwähnten Gründe für die Annahme einer Konvergenz im Fall des Prestins gelten natürlich auch innerhalb der Fledertiere. Wenn man sie nicht kennt und nicht weiß, dass die Zahnwale eine spezialisierte Echoortung verwenden, kommt man gar nicht erst auf die Idee zu prüfen, ob ein Motorprotein ausnahmsweise einmal konvergent adaptiert sein könnte. Dann scheint die Ähnlichkeit der Prestine von Fledermäusen und Zahnwalen eine evolutionäre Anomalie zu sein, während sie in Wirklichkeit sehr gut erklärbar ist.

