

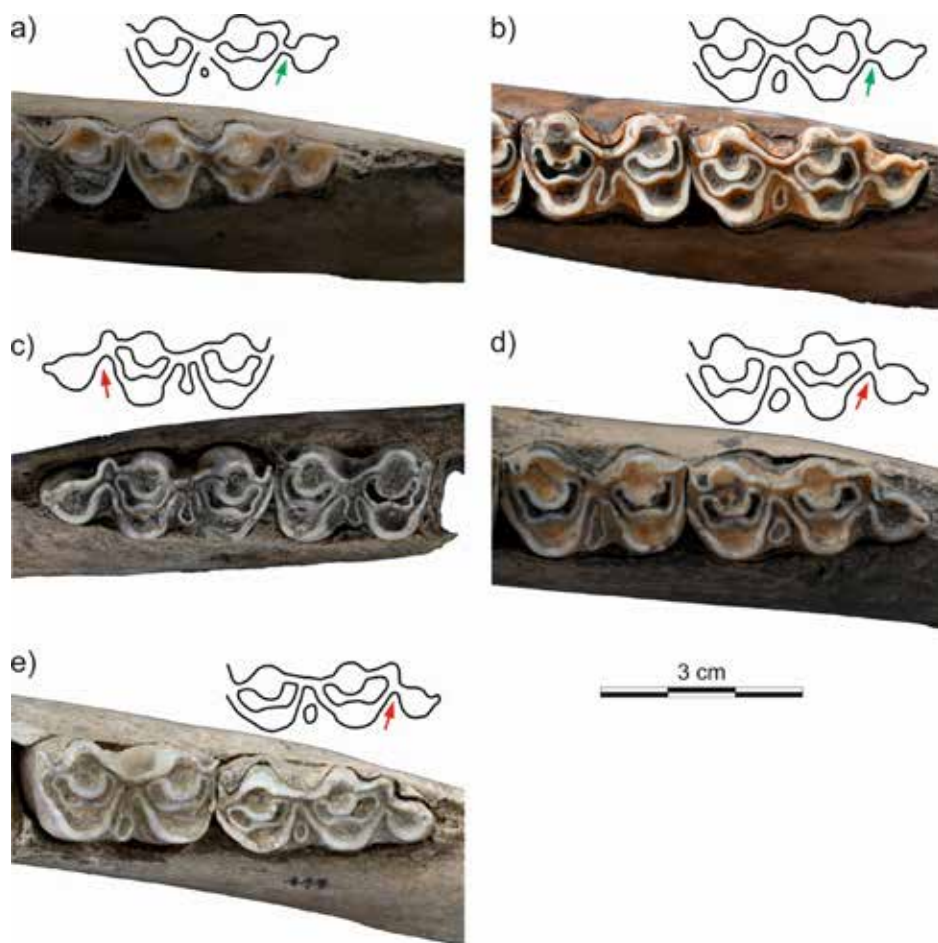
Forschung an Rinderknochen gibt neue Aufschlüsse über die Eisenzeit in Österreich

Magdalena Reuss, Presse und Marketing Naturhistorisches Museum Wien

In einer neuen wissenschaftlichen Studie des NHM Wien wurde erforscht, dass bereits in der Eisenzeit zwischen 450 v. Chr. und dem Ende des 1. Jahrhunderts v. Chr. Rinder aus dem Mittelmeerraum in Gebiete des heutigen Österreich kamen. Die Ergebnisse liefern erstmals genetische Hinweise für die Mobilität und den Import von Rindern aus südlichen Regionen und ermöglichen neue Aufschlüsse über die sozioökonomischen Strukturen der Bevölkerung der Eisenzeit.

Insgesamt 14 Proben von Rinderknochen aus der Eisenzeit wurden für eine gross angelegte archäozoologische Studie untersucht und liefern neue Erkenntnisse über die Vorkommen und Mobilität von grosswüchsigen Rindern. Teile von Unterkiefern (Knochen und Zähne), Mittelhandknochen und Schienbeine, die zwischen 1992 und 2011 in Wien, Niederösterreich (Roseldorf) und dem Burgenland (Nickelsdorf, Bruckneudorf) gefunden wurden und sich heute in den archäozoologischen Sammlungen des Naturhistorischen Museum Wien befinden, wurden im Laufe des letzten Jahres von einem Forschungsteam unter der Leitung von Dr. Konstantina Saliari (Archäozoologin am NHM Wien) wissenschaftlich untersucht. Dabei wurden am NHM Wien die Knochen vermessen und makroskopische Analysen durchgeführt (sogenannte morphometrische Untersuchungen) und DNA-Analysen am Institut für Gerichtliche Medizin an der Medizinischen Universität Innsbruck durchgeführt.

Untersuchungsdaten von römischen Rinderknochen aus Fundstellen im heutigen Österreich weisen auf das



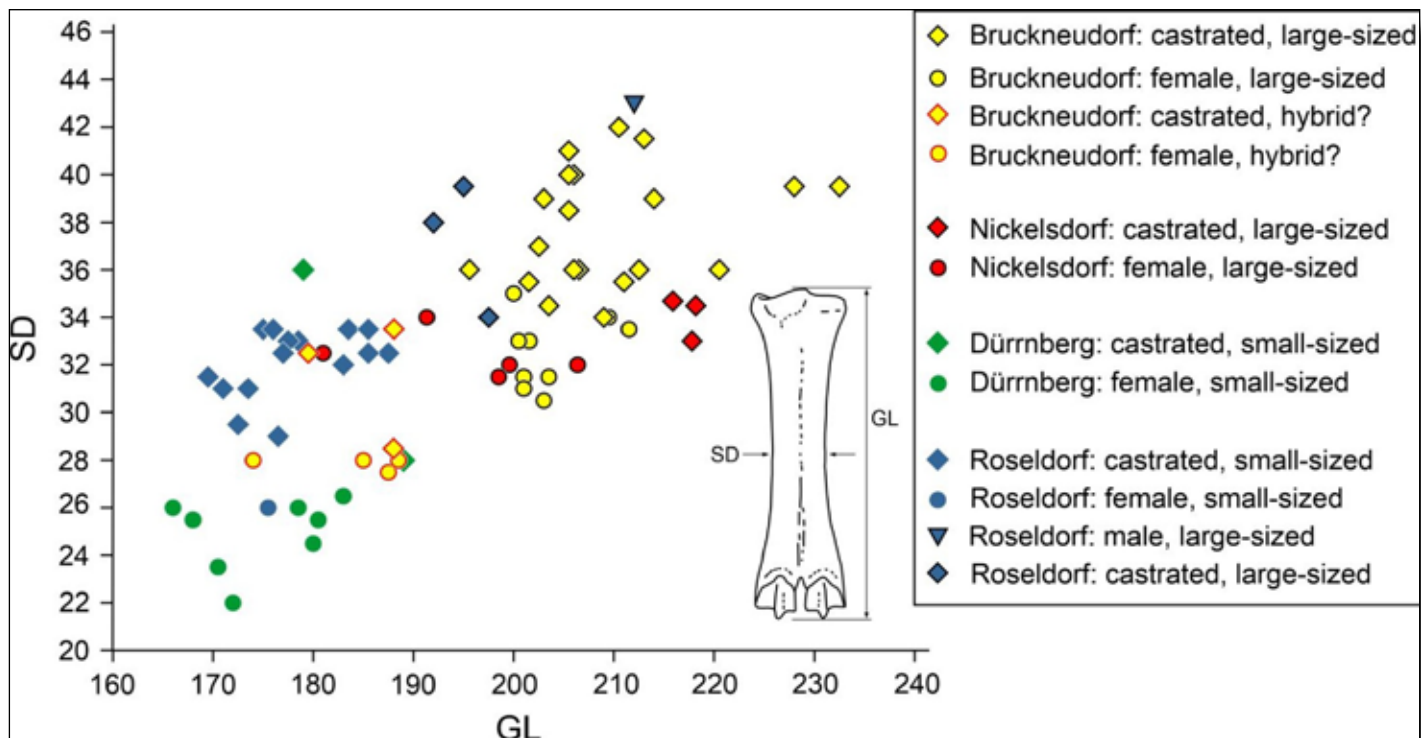
Fotografische Details von Rinderunterkiefern aus den verschiedenen Fundstellen © NHM Wien



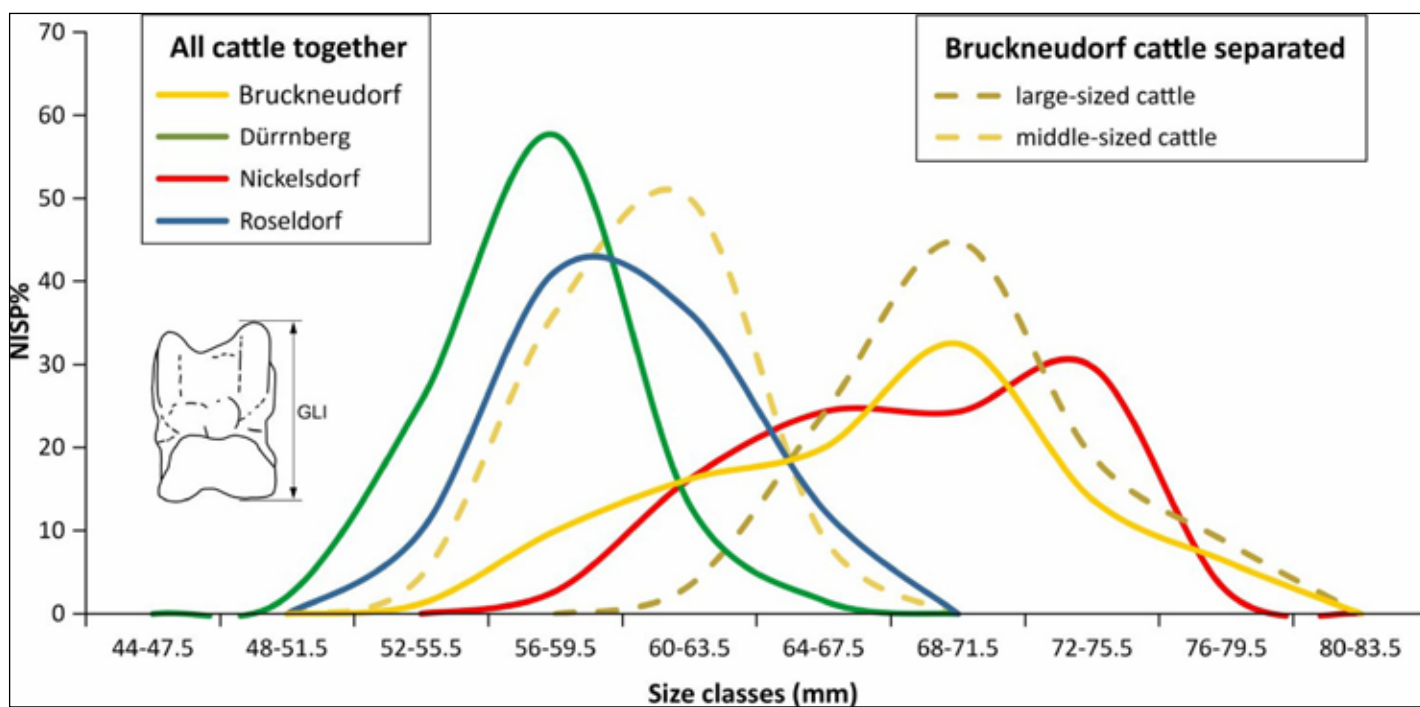
Naturhistorisches Museum
Wien © C.Stadler/Bwag

Vorkommen einer grosswüchsigen Rinderpopulation hin. Bisher wurde angenommen, dass diese Population mit den Römern aus dem Mittelmeerraum gekommen war.

Die neuen Untersuchungen der Knochen aus spät-eisenzeitlichen Fundstellen belegen nun jedoch weitaus frühere Importe. Neben dem Vorkommen einer weitverbreiteten europäischen Grup-



Vergleich der maximalen Länge und der geringsten Breite des Röhrenknochens des Rindermittelhandknochens in Millimeter © E. Draganits



Vergleich zwischen den Standorten © E. Draganits

pe von Rindern mit einem ähnlichen genetischen Profil, Haplogruppe genannt, konnte die Studie nun anhand von untersuchten Zähnen und Knochen auch erstmals zwei genetische Gruppen aus südlichen Regionen im heutigen Österreich nördlich der Alpen nachweisen. Eine der beiden genetischen Gruppen (Haplogruppe T1) ist in Europa nur in Griechenland, Italien, Spanien und Portugal verbreitet, die an-

dere (Haplogruppe T5) ist bisher nur in Italien und Kroatien dokumentiert.

Das bedeutet, dass grosswüchsige Rinder aus dem Mittelmeerraum bereits vor der Ankunft der Römer (ca. 15 v. Chr.) in der Frühen Eisenzeit in diese Gebiete importiert wurden.

Diese Studie zeigt zum ersten Mal anhand genetischer Hinweise, dass Mo-

bilität grosswüchsiger Rinder und der Import über eine grössere Distanz stattgefunden hat. «Weiters zeigen diese neuen Forschungen das grosse Potential der Kombination morphometrischer und archäogenetischer Untersuchungen an Tierresten, um die komplexen sozioökonomischen Strukturen und Netzwerke der Vergangenheit beleuchten zu können», betont Dr. Konstantina Saliari. ◆

Hausrind und Gesellschaft: Eine gemeinsame Entwicklungsgeschichte

Noëmi Kern, Universität Basel

Fleisch, Milch, Arbeitskraft: das Hausrind hat viel zu bieten. Entsprechend eng ist seine Geschichte mit jener des Menschen verwoben. Forschende der Universität Basel haben die genetische Entwicklung dieses Nutztiers in der Schweiz untersucht. Sie ist mit gesellschaftlichen Entwicklungen verknüpft.

Die Kuh gehört zum Schweizer Landschaftsbild. Ihr Fleisch, die Milch und die Erzeugnisse daraus sind aus der traditionellen Schweizer Küche nicht wegzudenken. Ursprünglich aus dem Nahen Osten stammend, ist das Hausrind seit der Jungsteinzeit auch auf dem Gebiet der heutigen Schweiz das wichtigste Haustier und wird auf verschiedene Arten genutzt. «Seine Milch ist seit dem 4. Jahrtausend vor Christus Teil der menschlichen Ernährung, als Zugtier kam es bis ins 20. Jahrhundert nach Christus zum Einsatz», sagt Sabine Deschler-Erb, Professorin für Integrative Prähistorische und Naturwissenschaftliche Archäologie (IPNA).

Im Laufe der Zeit haben sich die land-

wirtschaftlichen Praktiken und die Anforderungen an die Leistung der Tiere immer wieder gewandelt – mit Einfluss auf die genetische Vielfalt. Die Archäozoologin und ihr Team wollten diese Entwicklungen nachvollziehen und haben dafür Tierknochen aus verschiedenen Gebieten der Schweiz näher untersucht. Dabei konnten die Forschenden auf die Fundstücke und die Informationen verschiedener Kantonsarchäologien zurückgreifen. Die Resultate veröffentlichten sie im Fachjournal «Diversity».

Frisches Blut aus Rom

Die Vermessung der Knochen gibt Aufschluss über den Wuchs der Rinder. «Die durchschnittliche Körpergrösse war

nicht zu allen Zeiten gleich. Wie es dazu kam, zeigt ein Blick auf die Genetik», sagt Dr. José Granado, spezialisiert auf DNA-Untersuchungen und Erstautor der Studie. Analysen von mitochondrieller DNA, die im Gegensatz zum Erbgut der Chromosomen nur über die Mutter weitergegeben wird, lassen die genetische Abstammung der Tiere erkennen. Die Vielfalt des Genpools nimmt im Laufe der Zeit mal zu, dann wieder ab.

Einen Anstieg an Diversität gab es im 1. Jahrhundert vor Christus. «Diese lässt sich am besten durch den Import neuer Tiere erklären, die in den lokalen Bestand eingekreuzt wurden», so Granado. Das ist kein Zufall: In dieser Zeit liessen sich die Römer nördlich der Alpen nie-



Das Evolèner Rind ist eine jener Rassen, für deren Erhalt sich die Stiftung Pro Specie Rara einsetzt. In dieser Rasse hat sich die sonst nördlich der Alpen sehr seltene mitochondrielle Mutterlinie T2 bis heute erhalten. In der Schweiz ist T2 mindestens seit der Schnurkeramik (Neolithikum) über die Bronzezeit und die Römerzeit nachgewiesen. (Foto: Adobe Stock)

der und brachten Rinder aus der Heimat mit. Eine intensivere Form der Landwirtschaft sollte die wachsende Bevölkerung ernähren. Es brauchte grössere Ackerbauflächen sowie kräftigere und entsprechend grössere Arbeitstiere, um sie zu pflügen und zu düngen. «Durch Züchtung wollte man diese Eigenschaften pushen», erklärt Granado.

Im 3. und 4. Jahrhundert nach Christus zogen sich die Römer dann wieder zurück. «Im folgenden Frühmittelalter wurde die Landwirtschaft wieder kleinteiliger, die Menschen waren wieder vermehrt Selbstversorger», sagt Sabine Deschler-Erb. «Grosse Rinder, die viel Platz und Futter brauchen, waren da eher ein Nachteil für einen einzelnen Hof. Die möglicherweise bessere Wahl waren Schweine, denen man auch Speisereste füttern oder die man für das Fressen von Eicheln in den Wald schicken konnte.» Zwar hielten die Menschen weiterhin Rinder, züchteten aber mit dem bestehenden Material. Die genetische Vielfalt sank in der Folge, mit der Zeit war auch der Wuchs der Tiere wieder kleiner.

Tierknochen als verkannte Fundgrube

Wie sich Rinder innerhalb einer bestimmten Region entwickelten, ist bisher kaum untersucht. Die Basler Studie ist die erste, die dies leistet, überdies über einen so langen Zeitraum – von der Steinzeit bis ins frühe Mittelalter.



Bronzefigur eines Stiers, Datierung unbekannt. Fundort: Augusta Raurica. (Foto: Susanne Schenker, Augusta Raurica)

Bisherige Studien betrachteten die geografische Verbreitung des Hausrinds.

«Gerade weil Nutztiere so eng mit den Menschen zusammenlebten, sind ihre Überreste eine Fundgrube für Informationen zu sozio-kulturellen Veränderungen: neue Wohnformen, Ernährungsweisen, Bevölkerungsgrösse, landwirtschaftliche Praxis», sagt Sabine Deschler-Erb. DNA-Analysen von Knochenmaterial seien allgemein beliebt, um mehr über vergangene Populationen zu erfahren. Allerdings fokussierte man stark auf menschliche Knochen, die aus Gräbern stammen. «Davon gibt es aber vergleichsweise nur sehr wenig, Knochen von Haustieren sind in grösserer Zahl vorhanden.»

Die Arbeit geht den Forschenden also nicht aus. Auch weil sich die Methoden zur Auswertung von archäologischem Material laufend entwickeln. «Wenn man verschiedene Techniken miteinander kombiniert, lässt sich das bereits vorhandene Archiv weiter untersuchen, zum Beispiel im Hinblick auf die Milchleistung oder den Fleischsertrag», sagt José Granado.

Hoffnung für mehr Diversität

Die Wellenbewegungen in der Genetik des Hausrinds sind bis heute zu beobachten. «Will man wie in den letzten Jahren mit regelrechten Milchmaschinen die Produktivität hochhalten und befruchtet Tausende Kühe mit den Samen eines guten Zuchtbullen, schrumpft der Genpool», so Granado. Es gibt aber auch Gegenbewegungen: Die Stiftung Pro Specie Rara setzt sich für den Erhalt selten gewordener Nutztierassen ein und auch im Biolandbau gelten andere Massstäbe. «Es ist denkbar, dass künftige Entwicklungen eher wieder weg kommen von der einseitigen intensiven Nutzung, weil sich zum Beispiel das Konsumverhalten oder die ethischen Massstäbe verändern», sagt Deschler-Erb.

Auch das passt in die Geschichte des Hausrinds: «Es gab immer wieder



Bronzefigur eines Stiers aus dem 1.-2. Jahrhundert nach Christus. Fundort: Augusta Raurica. (Foto: Susanne Schenker, Augusta Raurica)

Zeiten, in denen die Diversität gesunken ist», so Granado. Einen solchen Flaschenhals gab es etwa in der Eisenzeit: «Da tendierte die Vielfalt gegen Null.» Seither hat sich die Genvielfalt wieder vergrössert. Ein solcher Trend lässt sich also auch wieder umkehren.

Molekulare Archäologie hat Tradition in Basel

Die Archäozoologie beschäftigt sich mit den Überresten von Tieren aus archäologischen Grabungen. Die Integrative Prähistorische und Naturwissenschaftliche Archäologie (IPNA) der Universität Basel untersucht Tierknochen und bringt sie in einen geschichtlichen Zusammenhang. Die Haustierhaltung in der Eisen- und Römerzeit gehört zu den Schwerpunkten des Fachbereichs.

Die archäologische DNA-Analytik gehört dabei zu den wichtigen Forschungsmethoden. Dr. Angela Schlumbaum, wissenschaftliche Mitarbeiterin am Fachbereich IPNA, etablierte sie in den 1990-Jahren in Basel, als die Genetik in der Archäologie ein Novum war und erst am Anfang stand. Schlumbaum forschte unter anderem zur Geschichte und wirtschaftlichen Bedeutung des Hausrinds in der Schweiz von der Jungsteinzeit bis ins frühe Mittelalter. ◆

Fossilien zeigen Evolutionsgeschichte der Wirbelsäulenentwicklung

Kathrin Anna Kirstein, Kommunikation, Marketing und Veranstaltungsmanagement Humboldt-Universität zu Berlin

Forschende des Museums für Naturkunde Berlin untersuchten die Entwicklung der Wirbelsäule von vierbeinigen Wirbeltieren anhand eines grossen Datensatzes moderner und fossiler Wirbeltiere. Einbezogen wurden neue Daten des 300 Millionen Jahre alten Reptils *Mesosaurus tenuidens*. Obwohl Wirbeltiere extrem vielfältige Körperformen und Lebensweisen haben, sind die Verknöcherungsmuster der Wirbelsäule viel einheitlicher als erwartet. Die Studie ist ein weiteres grossartiges Beispiel dafür, wie Daten von Fossilien und modernen Tieren zusammengeführt werden können, um die Evolution von Körperbauplänen zu verstehen.

Die Wirbelsäule ist das charakteristische und namensgebende Merkmal der Wirbeltiere. Allgemein versteht man die zugrundeliegenden Mechanismen der Entwicklung der Wirbelsäule während der Embryonalentwicklung und das Zusammenspiel mit der Evolution verschiedener Wirbeltier-Baupläne bereits recht gut, doch einige entscheidende Teile dieser Entwicklungsgeschichte blieben bisher rätselhaft. Forschende des Museums für Naturkunde Berlin und der Humboldt-Universität zu Berlin fanden nun neue Puzzesteine für die Komplettierung dieser Entwicklungsgeschichte.

Dazu schaute sich Antoine Verrière, Paläontologe und Erstautor der Studie (Humboldt-Universität zu Berlin / Museum für Naturkunde), die im Rahmen seiner Doktorarbeit am Museum durchgeführt wurde, zuerst aussergewöhnlich gut erhaltene Fossilien des Reptils *Mesosaurus tenuidens* an. Mesosaurier waren die ersten Reptilien, die sich nach dem Landgang erneut an das Leben im Wasser angepasst haben. Mit ihrer langen Schnauze und kräftigen Schwimmschwänzen lebten Mesosaurier in einem Binnenmeer des Superkontinents Pangäa.

«Bei einigen jungen Exemplaren beobachteten wir, dass die Neuralbögen, das heisst die stachelartigen Fortsätze auf den Wirbeln, sich im Laufe des Wachstums der Tiere vom Kopf zum Schwanz hin schlossen, ähnlich wie bei einem Reissverschluss. Wir wollten verstehen, wie dieses Muster in die

Evolutionsgeschichte der Landwirbeltiere passt, stellten aber schnell fest, dass es nur wenig Informationen darüber gab. Also beschlossen wir, dies selbst zu erforschen!»

Das Team untersuchte vier der wichtigsten Entwicklungsschritte in der Verknöcherung der Wirbelsäule: (1) die Verknöcherung des Wirbelzentrums, d.h. des Hauptkörpers eines Wirbels, (2) die Verknöcherung der paarigen Neuralbögen, (3) die Verschmelzung der zunächst paarig angelegten Neuralbogenelemente zu einem einzigen Element und (4) die Verschmelzung der Neuralbögen mit dem Zentrum. Mit Hilfe statistischer Modelle konnten die Forschenden rekonstruieren, wie sich diese verschiedenen Muster im Laufe der rund 300 Millionen Jahre langen Evolutionsgeschichte der Landwirbeltiere veränderten und welches Entwicklungsmuster der gemeinsame Vorfahr aller Landwirbeltiere hatte.

«Am meisten überraschte uns, dass diese Muster in den letzten 300 Millionen Jahren relativ stabil waren», so Mitautor Prof. Jörg Fröbisch, Professor für Paläontologie und Evolution (Humboldt-Universität zu Berlin / Museum für Naturkunde).

«Lebende und ausgestorbene vierfüssige Wirbeltiere sind enorm vielfältig in Bezug auf ihre Körperformen und Lebensweisen. Die Elemente ihrer Wirbelsäulen sind in komplexen Einheiten organisiert, die sich zwischen

den Gruppen innerhalb der vierfüssigen Wirbeltiere stark unterscheiden. Dennoch sind die Verknöcherungsmuster viel einheitlicher, als es die grosse morphologische Vielfalt erwarten lässt.»

Obwohl die untersuchten Muster während der gesamten Evolution relativ stabil waren, traten einige Abweichungen auf. Vor allem Vögel, Säugetiere und Schuppenkriechtiere (Echsen und Schlangen) entwickelten jeweils ihre eigenen spezifischen Formen der Wirbelverknöcherung. Innerhalb dieser Gruppen waren die Muster wieder erstaunlich stabil.

«Strausse und Möwen zum Beispiel haben eine sehr unterschiedliche Anatomie und Lebensweise, aber ihre Wirbelsäulen verknöchern auf ähnliche Weise. Dies zeigt, dass zwischen den Hauptlinien der Landwirbeltiere einige Veränderungen zu beobachten sind, aber innerhalb jeder der Hauptlinien die Wirbelsäulenentwicklung wiederum ziemlich stabil blieb», so Mitautorin Prof. Nadia Fröbisch, Professorin für Entwicklung und Evolution (Humboldt-Universität zu Berlin / Museum für Naturkunde).

«Unsere Studie ist ein weiteres grossartiges Beispiel dafür, wie Daten von Fossilien und modernen Tieren zusammengeführt werden können, um ein viel tieferes Bild von der Entwicklung und Evolution der wichtigsten Körperstrukturen zu erhalten», sagt Antoine Verrière. ♦

Jurassic Shark» – Hai aus der Jurazeit «bereits hochentwickelt

Molekularbiologischer Stammbaum liefert neue Einblicke in die Evolution von Knorpelfischen

Alexandra Frey, Öffentlichkeitsarbeit Universität Wien

Knorpelfische haben sich im Laufe der Evolution wesentlich stärker verändert als bisher angenommen. Beweise für diese These lieferten molekularbiologische Daten zu fossilen Überresten von *Protospinax annectans*, einem bereits hochentwickelten Hai aus dem späten Jura. Das ist das Ergebnis einer aktuellen Studie einer internationalen Forschungsgruppe um den Paläobiologen Patrick L. Jambura am Department für Paläontologie der Universität Wien, die kürzlich im Fachjournal *Diversity* veröffentlicht wurde.

Knorpelfische wie Haie und Rochen sind evolutionär eine sehr alte Tiergruppe, die bereits vor den Dinosauriern vor über 400 Millionen Jahren auf der Erde gelebt und bisher alle fünf Faunenwechsel durch Massenaussterben überstanden hat. Ihre fossilen Überreste sind weltweit zahlreich zu finden – allerdings bleiben meist nur die Zähne erhalten, während das knorpelige Skelett gemeinsam mit dem restlichen Körper verweset.

Ein einzigartiges Fenster zur Vergangenheit

Im Solnhofener Archipel, einer sogenannten Konservat-Lagerstätte in Bayern, sind aufgrund der speziellen Lagerungsbedingungen jedoch Skelettreste und sogar Abdrücke von Haut und Muskeln der jurazeitlichen Knorpelfische erhalten geblieben. Diesen Umstand nutzte das Forschungsteam, um sich die bisher unklare Rolle der bereits ausgestorbenen Art *Protospinax annectans* in der Evolution von Haien und Rochen auch mit Hilfe moderner molekularbiologischer Methoden näher anzuschauen.

«*Protospinax* trug Merkmale, die sich heute sowohl bei Rochen als auch bei Haien finden», erklärt Studien-Erstautor Patrick L. Jambura. Die Fossilien von *Protospinax* sind 150 Millionen Jahre alt. Als 1,5 m langer, flacher Knorpelfisch mit ausgebreiteten Brustflossen und zwei prominenten Stacheln vor jeder Rückenflosse stellte die phylogene-

tische Stellung von *Protospinax* die Forscher schon seit der Erstbeschreibung 1918 vor ein Rätsel. «Besonders interessant ist», so Jambura weiter, «ob *Protospinax* als ‚missing link‘ einen Übergang zwischen Haien und Rochen darstellt – eine Hypothese, die in letzten 25 Jahren unter den Experten grossen Anklang gefunden hat.» Alternativ dazu könnte *Protospinax* allerdings auch ein sehr ursprünglicher Hai, ein Vorfahre von Rochen und Haien oder aber ein Ahne einer bestimmten Gruppe von Haien, denen heute z.B. der Weisse Hai angehört, gewesen sein – alles spannende Ideen, deren Plausibilität nun von den Wissenschaftler geklärt werden konnte.

Ein Rätsel gelöst – ein Rätsel geblieben

Unter Einbeziehung der neuesten Funde rekonstruierten Jambura und sein internationales Team anhand genetischer Daten (mitochondrialer DNA) den Stammbaum von noch heute lebenden Haien und Rochen und betteten fossile Gruppen – darunter auch *Protospinax annectans* – mittels morphologischer Daten ein. Das Ergebnis der Analyse verblüffte: *Protospinax* war weder ein «missing link» noch ein Rochen noch ein ursprünglicher Hai – sondern ein hochentwickelter Hai.



Protospinax annectans im Paläontologischen Museum München © High Contrast

«Wir tendieren dazu, die Evolution wie eine hierarchische Leiter zu betrachten, in dem ältere Gruppen am Anfang dieses Systems stehen. Tatsächlich ist die Evolution aber auch für diese urtümlichen Vertreter nie stehen geblieben, sondern auch sie entwickelten sich Tag für Tag über Veränderungen in ihrer DNA weiter, um sich einer sich ständig ändernden Umwelt anzupassen und bis heute zu überleben», so Paläobiologe Jambura.

Auch wenn Knorpelfische bis heute als Gruppe überlebt haben, verschwanden die meisten Arten im Laufe der Evolution, so auch *Protospinax*. Warum *Protospinax* an der Grenze zwischen Jura und Kreidezeit ausstarb und es heute keine vergleichbare Hai-Art mehr gibt – während die ökologisch ähnlich angepassten Rochen relativ unverändert bis heute existieren – bleibt zum jetzigen Zeitpunkt ein Mysterium. ♦

Forschende lösen ein 150 Jahre altes Rätsel

Johannes Seiler, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Aetosaurier hatten einen kleinen Kopf und einen krokodilartigen Körper. Die Landbewohner waren bis zu sechs Meter lang und geographisch weit verbreitet. Am Ende der Trias starben sie vor rund 204 Millionen Jahren aus. In Kaltental bei Stuttgart wurde 1877 eine Ansammlung von 24 *Aetosaurus ferratus*-Individuen entdeckt, die nur zwischen 20 und 82 Zentimeter lang sind. Seitdem rätselt die Wissenschaft, ob es sich um Jungtiere oder kleine Erwachsene handelt. Ein Team um Elżbieta M. Teschner von der Universität Bonn hat nun das Rätsel gelüftet: Eine Knochenuntersuchung an zwei Exemplaren zeigt, dass es Jungtiere sind.

In einem Steinbruch bei Kaltental, heute ein Stadtteil von Stuttgart, wurden Reptilien der Gattung *Aetosaurus ferratus* entdeckt, die vor fast 150 Jahren erstmals beschrieben wurden. Die Ansammlung von etwa 24 Individuen wurde auf ein Alter von rund 215 Millionen Jahre datiert. «Auffällig war, dass die Gesamtkörperlänge nur zwischen 20 und 82 Zentimeter betrug», sagt Elżbieta M. Teschner, die in der Paläontologie der Universität Bonn promoviert und zugleich an der Universität Opole (Polen) forscht. «Interessanterweise waren es auch die einzigen Fossilien, die in diesem Gebiet gefunden wurden», fügt sie hinzu.

Oscar Fraas lieferte im Jahr 1877 die erste Beschreibung der Skelette und vermutete, dass sie zusammen angeschwemmt worden waren. Vor 16 Jahren veröffentlichte Rainer R. Schoch vom Staatlichen Naturkundemuseum in Stuttgart eine detailliertere morphologische Studie. Anhand von Merkmalen, die mit bloßem Auge erkennbar sind, stellte er fest, dass es sich um Jung-

tiere handeln müsse. Zusammen mit Julia B. Desojo, einer argentinischen Paläontologin vom CONICET am Museo de La Plata, beschrieb Schoch später einen Schädel vom größeren Skelett einer anderen *Aetosaurierart* (*Paratyphothorax andressorum*). Bei dem mehr als 50 Kilometer von Kaltental entfernten Fund könne es sich potenziell um die erwachsene Form der aus der Ansammlung bekannten kleinen Aetosaurierart handeln, vermuteten sie.

Paläohistologie ermöglicht Altersbestimmung

Aus der Vermutung wurde erst vor kurzem Gewissheit: Mit Hilfe der Wissenschaft vom Gewebewachstum (Paläohistologie) ist es

nun möglich geworden, die Knochen des Kaltentaler Funds zu untersuchen. «Langknochen sind ein gutes Modell für die Berechnung des Alters von Tieren, da sie während ihres Lebens Wachstumsringe ablagern, die gezählt werden können – ähnlich wie die Wachstumsringe



Die Ansammlung von *Aetosaurus ferratus*-Skeletten ausgestellt im Staatlichen Naturkundemuseum in Stuttgart.
© E.M. Teschner

in Baumstämmen», sagt Dr. Dorota Konietzko-Meier, Paläontologin an der Universität Bonn. Auf der Grundlage dieser Methode konnte das relative individuelle Alter der untersuchten Individuen ermittelt werden.

Das Team unter der Leitung von Elżbieta M. Teschner, untersuchte das Wachstum der Oberarmknochen des kleinsten und eines der größten Exemplare aus der Ansammlung. Die Ergebnisse zeigen, dass beide Tiere nicht älter als ein Jahr alt waren. «Dieses junge Alter kann für alle Mitglieder dieser Ansammlung extrapoliert werden», sagt die Doktorandin. Das Forschungsteam führt die Ansammlung der Skelette auf das Sozialverhalten von Jungtieren zurück, das zum ersten Mal für Aetosaurier beobachtet wurde. «Die Tiere schlossen sich aus irgendeinem Grund zusammen», so Teschner. «Höchstwahrscheinlich um ihre Überlebenschancen zu vergrößern und Fressfeinde abzuhalten.» ♦



Histologisches Wachstum des Oberarmknochens von *Aetosaurus ferratus*.
© E.M. Teschner

Virtuelle Wüstenwelten – h_da digitalisiert Kulturdenkmäler in Jordanien

Simon Colin, Hochschulkommunikation Hochschule Darmstadt

Lehrende und Studierende aus den Fachbereichen Informatik und Media der Hochschule Darmstadt (h_da) haben im Nahen Osten ein zukunftsweisendes Projekt gestartet: Gemeinsam mit der TH Brandenburg und der German Jordanian University in Amman haben sie damit begonnen, jahrtausendealte jordanische Kulturstätten zu digitalisieren. Dazu zählt neben antiken Sehenswürdigkeiten in Jordaniens Hauptstadt Amman auch die Nabatäerstadt Petra. Ziel ist es, 3D-Zwillinge dieser Orte zu erstellen, um sie digital zu bewahren.

Mit diesem Auftrag schickten Informatik-Professorin Bettina Harriehausen und Virtual-Reality-Professor Paul Grimm ihre Studierenden in Wüste – nach Jordanien. Eine Woche lang war dort im November 2022 eine Gruppe von sieben h_da-Studierenden unterwegs. Im Team mit Kolleginnen und Kollegen der TH Brandenburg und der German Jordanian University in Amman erkundeten sie alte Festungen, römische Ruinen und die berühmte Felsenstadt Petra.

Aufgabe der Studierenden aus den Studiengängen «Data Science» und «Expanded Realities» der h_da war es, mit Hilfe von Handys, Spiegelreflexkameras und 360-Grad-Kameras 3D-Scans von einzelnen Objekten und Gebäuden zu erstellen. Dafür machten sie Zehntausende Fotoaufnahmen von Säulen, Tempelfasaden und umgebender Landschaft – aus allen Perspektiven und von jedem noch so winzigen Detail. Um daraus virtuelle Wüstenwelten entstehen zu lassen, werden die Bilder nach und nach in eine



Korinthisches Säulenkapitell in Jerash: Für den digitalen Zwilling werden hunderte von Bildern benötigt. Sie werden in eine Software eingespeist, die dann ein 3D-Modell des Objekts berechnet. h_da-Studentin Krista Plagemann bei den Fotografie-Arbeiten.
© h_da/Paul Grimm

kommerzielle Software eingespeist, die dann die 3D-Modelle errechnet. Je präziser und umfangreicher das Bildmaterial, desto plastischer das Ergebnis. Ungenauigkeiten und Lücken werden aufwändig von Hand nachgearbeitet.

Photogrammetrie nennt sich das Verfahren, das heute schon in vielen Bereichen zum Einsatz kommt. «Diese Technologie wird in der Entertainmentbranche genutzt, in der Spiele-Entwicklung, im Städtebau, in der Werbung, aber auch in der Lehre, um realistische aussehende Kopien realer Gegenstände zu erzeugen.», erklärt Paul Grimm vom Fachbereich Media der h_da. «Museen nutzen solche 3D-Modelle für interaktive Ausstellungen, die Automobilindustrie in der Entwicklungsarbeit. Das Spektrum ist also sehr breit.»

Bis zum Ende des Wintersemesters 2022/23 hatte das bunte Studierenden-Team aus Darmstadt, Amman und Magdeburg Zeit, die ersten 3D-Modelle fertigzustellen. Eine Erfahrung, die den Blick der deutschen Gäste auf den Nahen Osten verändert hat:

«Für mich war Jordanien ein Augenöffner für den Nahen Osten», sagt Data-Science-Student Felix Glockengiesser. Dieser interkulturelle Aspekt ist für Informatik-Professorin Bettina Harriehausen mindestens ebenso wichtig wie der fachliche: «Wir möchten als Hochschullehrende nicht nur Fachwissen vermitteln, sondern den ganzen Menschen bilden», sagt die Wissenschaftlerin. Dazu gehöre der Mut, sich auf eine ganz andere Kultur einzulassen. «Mir persönlich liegt die Partnerschaft mit dem Nahen Osten besonders am Herzen. Jordanien ist ein



h_da-Student Sebastian Kostur hat sich auf Oberflächen spezialisiert. Wer eine ganze Landschaft digital abbilden möchte, muss die Beschaffenheit aller Flächen und Strukturen aus allen Winkeln und in unterschiedlichen Lichtverhältnissen einfangen.
© h_da/Paul Grimm

friedliches Land, der Nahe Osten ist wunderschön. Es ist mir wichtig, dass die Studierenden das sehen und erleben.»

Seit die German Jordanian University vor 18 Jahren nach dem Vorbild der deutschen Fachhochschulen gegründet wurde, unterstützt Informatikerin Harriehausen die Zusammenarbeit. Der Fokus der deutsch-jordanischen Kooperation, die vom DAAD gefördert wird, liegt im Bereich Informatik derzeit auf der Digitalisierung von Kulturstätten. Aus naheliegenden Gründen: Im Nachbarland Syrien hat die Terrormiliz «IS» Weltkulturerbestätten wie Palmyra, die Kreuzritterburg Krak des Chevaliers und die Altstadt von Aleppo zerstört. Und selbst wenn ein solches Szenario für Jordanien derzeit undenkbar ist: Die Zerstörungswut, der Kulturdenkmäler in Kriegen und Konflikten regelmässig zum Opfer fallen, führt die Fragilität dieser kostbaren Orte vor Augen. Auch das haben die Lehrenden der h_da im Blick, wenn sie die nächsten Studierenden-Teams in die Wüste schicken. ◆

Ältestes menschliches Genom aus Südspanien

Sandra Jacob, Presse- und Öffentlichkeitsarbeit Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie

In einer neuen Studie präsentieren Forschende das Genom eines 23'000 Jahre alten Menschen, der während der kältesten Zeitperiode der letzten Eiszeit am wahrscheinlich wärmsten Ort Europas lebte. Das älteste menschliche Genom vom Süzipfel Spaniens fügt der genetischen Geschichte Europas ein wichtiges Puzzlestück hinzu.

Ein internationales Forschungsteam hat alte menschliche DNS-Daten von mehreren archäologischen Fundplätzen in Andalusien in Südspanien analysiert. Die Studie berichtet über das bisher älteste Erbgut aus der Cueva del Malalmuerzo im Süden Iberiens sowie über die 7000 bis 5000 Jahre alten Genome früher Bauern aus anderen bekannten Fundstätten wie der Cueva de Ardales.

Die Iberische Halbinsel spielt bei der Rekonstruktion der genetischen Menschheitsgeschichte eine wichtige Rolle. Als geografische Sackgasse im Südwesten Europas gilt sie einerseits als Rückzugsgebiet während der letzten Eiszeit, die mit drastischen Temperaturschwankungen einherging. Andererseits gilt sie als eine der Ausgangspunkte für die Wiederbesiedlung Europas nach der Maximalvereisung. Frühere Studien hatten bereits über die 13'000 bis 18'000 Jahre alten Genome von Jägern und Sammlern von der Iberischen Halbinsel berichtet und lieferten Belege für das Überleben und den Fortbestand einer viel älteren steinzeitlichen Abstammungslinie, die in anderen Teilen Europas ersetzt wurde und nicht länger nachweisbar ist.

Das Erbgut bleibt nach dem Tod eines Organismus nur über einen bestimmten Zeitraum und unter sehr günstigen klimatischen Bedingungen erhalten. Alte DNS von Organismen aus heißen und trockenen Klimazonen zu gewinnen, stellt Forschende daher vor eine grosse Herausforderung. In Andalusien,



Blick ins Innere der Cueva de Malalmuerzo. © Pedro Cantalejo

en, im heutigen Südspanien, herrschen heute ähnliche klimatische Bedingungen wie in Nordafrika, – von dort gelang es allerdings schon, alte menschliche DNS aus 14'000 Jahre alten Funden aus einer Höhle in Marokko zu gewinnen. Die neue Studie füllt daher auch entscheidende zeitliche und räumliche Lücken. Speziell die Rolle der südlichen Iberischen Halbinsel als Zufluchtsort für eiszeitliche Populationen aber auch mögliche Bevölkerungskontakte über die Strasse von Gibraltar während der letzten Eiszeit, als der Meeresspiegel viel niedriger war als heute, konnten nun direkt untersucht werden.

Zur richtigen Zeit am richtigen Ort

Das genetische Profil von Menschen

aus Mittel- und Südeuropa, die vor der Maximalvereisung (24'000 bis 18'000 Jahre vor unserer Zeit) gelebt haben, unterscheidet sich von denen, die danach Mitteleuropa wiederbesiedelten. Die Situation in Westeuropa war bisher jedoch nicht eindeutig, da es an genomischen Daten aus kritischen Zeiträumen mangelte. Das 23'000 Jahre alte Individuum aus der Cueva del Malalmuerzo bei Granada liefert nun endlich Daten aus genau der Zeit, als grosse Teile Europas von massiven Eisschichten bedeckt waren. Die neue Studie beschreibt eine direkte genetische Verbindung zwischen einem 35'000 Jahre alten Individuum aus Belgien und dem neuen Genom aus Malalmuerzo. «Dank der guten Datenqualität konnten wir Spuren von einer der ersten genetischen Abstammungslinien aufspüren, die Eurasien vor

45'000 Jahren besiedelten, und zudem Verbindungen zu einem 35'000 Jahre alten Individuum aus Belgien herstellen, welche sich nun bis zum 23'000 Jahre alten Individuum aus Süds Spanien verfolgen lassen», erklärt Erstautorin Vanessa Villalba-Mouco vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie.

Das Individuum aus der Cueva del Malalmuerzo schlägt nicht nur eine Brücke zu früheren Besiedlungsperioden sondern auch zu den Jägern und Sammlern Süd- und Westeuropas, die lange nach der letzten Eiszeit lebten. Zudem bestätigt es die wichtige Rolle der Iberischen Halbinsel als Zufluchtsort für menschliche Populationen während der letzten Eiszeit. Von dort ausgehend migrierten die Menschen nach dem Rückgang der Eisschichten wieder nord- und ostwärts. «Mit Malalmuerzo haben wir den richtigen Ort und die richtige Zeitperiode erwischt und eine Gruppe von altsteinzeitlichen Menschen an diesem vermuteten Zufluchtsort aufgespürt. Das lang anhaltende genetische Kontinuum auf der Iberischen Halbinsel bis lange nach der Eiszeit ist wirklich bemerkenswert, zumal das voreiszeitliche Profil in anderen Teilen Europas bereits längst verschwunden war», fügt Hauptautor Wolfgang Haak vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie hinzu.

Weitere Puzzleteile der Menschheitsgeschichte

Interessanterweise konnten die Autorinnen und Autoren keine genetische Verbindung zwischen der südlichen Iberischen Halbinsel und Nordafrika feststellen – trotz einer Entfernung von nur 13 Kilometern über das Mittelmeer und trotz Parallelen im archäologischen Fundgut beider Regionen. «In Malalmuerzo fanden wir keine Hinweise auf einen genetischen Beitrag nordafrikanischer Abstammungslinien und auch umgekehrt fanden wir bei den 14'000 Jahre alten Individuen aus der Taforalt-Höhle in Marokko keine Hinweise auf einen genetischen Beitrag aus dem altsteinzeitlichen Süds Spanien», ergänzt Gerd C. Weniger von der Universität Köln. «Warum die Strasse von Gibraltar am Ende der letzten Eiszeit eine Barriere



Menschlicher Zahn aus der Cueva de Malalmuerzo. © Pedro Cantalejo

war, gehört noch zu den ungelösten Fragen der archäologischen Forschung im westlichen Mittelmeergebiet.»

Die Studie umfasst auch eine Anzahl an jüngeren Individuen aus der Jungsteinzeit, dem Zeitraum als die ersten Bauern aus dem Nahen Osten nach Europa kamen. Die charakteristische genetische Abstammung von anatolischen jungsteinzeitlichen Gruppen ist bei den Individuen aus Andalusien tatsächlich nachweisbar, was darauf hindeutet, dass sich diese frühen Bauern über grosse geografische Entfernungen hinweg ausgebreitet haben. «Jungsteinzeitliche Menschen aus Südiberien weisen allerdings einen höheren Anteil an Jäger- und Sammler-Li-

nien auf. Die Interaktion zwischen den letzten Jägern und den frühen Bauern im südlichen Iberien scheint also viel enger gewesen zu sein als in anderen Regionen», sagt Co-Autor Jose Ramos-Muñoz von der Universidad de Cádiz. Die besondere Rolle, die die Iberische Halbinsel während der Eiszeit gespielt hat, wirkt auch noch viele Jahrtausende später nach. «Überraschenderweise ist das genetische Erbe aus der Altsteinzeit über den Beitrag der Jäger-Sammler auch bei frühen Bauern der südlichen Iberischen Halbinsel noch schwach nachweisbar, was damit auf eine lokale Vermischung der zwei Bevölkerungsgruppen mit sehr unterschiedlichen Lebensstilen hindeutet», ergänzt Villalba-Mouco. ♦

Virtuelle Wüstenwelten

Kulturdenkmäler in Jordanien digitalisiert

Simon Colin, Hochschulkommunikation Hochschule Darmstadt

Lehrende und Studierende aus den Fachbereichen Informatik und Media der Hochschule Darmstadt (h_da) haben im Nahen Osten ein zukunftsweisendes Projekt gestartet: Gemeinsam mit der TH Brandenburg und der German Jordanian University in Amman haben sie damit begonnen, jahrtausendealte jordanische Kulturstätten zu digitalisieren. Dazu zählt neben antiken Sehenswürdigkeiten in Jordaniens Hauptstadt Amman auch die Nabatäerstadt Petra. Ziel ist es, 3D-Zwillinge dieser Orte zu erstellen, um sie digital zu bewahren.

Mit diesem Auftrag schickten Informatik-Professorin Bettina Harriehausen und Virtual-Reality-Professor Paul Grimm ihre Studierenden in Wüste – nach Jordanien. Eine Woche lang war dort im November 2022 eine Gruppe von sieben h_da-Studierenden unterwegs. Im Team mit Kolleginnen und Kollegen der TH Bran-

denburg und der German Jordanian University in Amman erkundeten sie alte Festungen, römische Ruinen und die berühmte Felsenstadt Petra.

Aufgabe der Studierenden aus den Studiengängen «Data Science» und «Expanded Realities» der h_da war es, mit Hilfe von Handys, Spiegelre-

flexkameras und 360-Grad-Kameras 3D-Scans von einzelnen Objekten und Gebäuden zu erstellen. Dafür machten sie Zehntausende Fotoaufnahmen von Säulen, Tempelfassaden und umgebender Landschaft – aus allen Perspektiven und von jedem noch so winzigen Detail. Um daraus virtuelle Wüstenwelten entstehen zu las-



h_da-Student Sebastian Kostur hat sich auf Oberflächen spezialisiert. Wer eine ganze Landschaft digital abbilden möchte, muss die Beschaffenheit aller Flächen und Strukturen aus allen Winkeln und in unterschiedlichen Lichtverhältnissen einfangen. © h_da/Paul Grimm



Korinthisches Säulenkapitell in Jerash: Für den digitalen Zwilling werden hunderte von Bildern benötigt. Sie werden in eine Software eingespeist, die dann ein 3D-Modell des Objekts berechnet. h_da-Studentin Krista Plagemann bei den Fotografie-Arbeiten. © h_da/Paul Grimm

sen, werden die Bilder nach und nach in eine kommerzielle Software eingespeist, die dann die 3D-Modelle errechnet. Je präziser und umfangreicher das Bildmaterial, desto plastischer das Ergebnis. Ungenauigkeiten und Lücken werden aufwändig von Hand nachgearbeitet.

Photogrammetrie nennt sich das Verfahren, das heute schon in vielen Bereichen zum Einsatz kommt. «Diese Technologie wird in der Entertainmentbranche genutzt, in der Spiele-Entwicklung, im Städtebau, in der Werbung, aber auch in der Lehre, um realistische aussehende Kopien realer Gegenstände zu erzeugen.», erklärt Paul Grimm vom Fachbereich Media der h_da. «Museen nutzen solche 3D-Modelle für interaktive Ausstellungen, die Automobilindustrie in der Entwicklungsarbeit. Das Spektrum ist also sehr breit.»

Bis zum Ende des Wintersemesters 2022/23 hatte das bunte Studieren-

den-Team aus Darmstadt, Amman und Magdeburg Zeit, die ersten 3D-Modelle fertigzustellen. Eine Erfahrung, die den Blick der deutschen Gäste auf den Nahen Osten verändert hat:

«Für mich war Jordanien ein Augenöffner für den Nahen Osten», sagt Data-Science-Student Felix Glockengiesser. Dieser interkulturelle Aspekt ist für Informatik-Professorin Bettina Harriehausen mindestens ebenso wichtig wie der fachliche: «Wir möchten als Hochschullehrende nicht nur Fachwissen vermitteln, sondern den ganzen Menschen bilden», sagt die Wissenschaftlerin. Dazu gehöre der Mut, sich auf eine ganz andere Kultur einzulassen. «Mir persönlich liegt die Partnerschaft mit dem Nahen Osten besonders am Herzen. Jordanien ist ein friedliches Land, der Nahe Osten ist wunderschön. Es ist mir wichtig, dass die Studierenden das sehen und erleben.»

Seit die German Jordanian University vor 18 Jahren nach dem Vorbild der deutschen Fachhochschulen gegründet wurde, unterstützt Informatikerin Harriehausen die Zusammenarbeit. Der Fokus der deutsch-jordanischen Kooperation, die vom DAAD gefördert wird, liegt im Bereich Informatik derzeit auf der Digitalisierung von Kulturstätten. Aus naheliegenden Gründen: Im Nachbarland Syrien hat die Terrormiliz «IS» Weltkulturerbestätten wie Palmyra, die Kreuzritterburg Krak des Chevaliers und die Altstadt von Aleppo zerstört. Und selbst wenn ein solches Szenario für Jordanien derzeit undenkbar ist: Die Zerstörungswut, der Kulturdenkmäler in Kriegen und Konflikten regelmässig zum Opfer fallen, führt die Fragilität dieser kostbaren Orte vor Augen. Auch das haben die Lehrenden der h_da im Blick, wenn sie die nächsten Studierenden-Teams in die Wüste schicken. ♦

Überreste einer ausgestorbenen Welt von Lebewesen entdeckt

Jana Nitsch, Pressestelle MARUM – Zentrum für Marine Umweltwissenschaften an der Universität Bremen

Neu entdeckte Überreste von Biomarkern, so genannte Protosteroide, deuten auf eine ganze Reihe bisher unbekannter Organismen hin, die vor rund einer Milliarde Jahren das komplexe Leben auf der Erde beherrschten. Sie unterschieden sich von den uns bekannten eukaryotischen Lebewesen, also Menschen, Tieren, Pflanzen und Algen, durch ihren Zellaufbau und wahrscheinlich auch durch ihren Stoffwechsel, der an eine Welt mit viel weniger Sauerstoff in der Atmosphäre als heute angepasst war. Über diesen Durchbruch für die evolutionäre Geobiologie berichtet jetzt ein internationales Forscherteam, zu dem auch der GFZ-Geochemiker Christian Hallmann gehört. Die neu entdeckten «Protosteroide» waren im Erdmittelalter überraschend häufig. Sie wurden in einer frühen Phase eukaryotischer Komplexität gebildet.

Diese Funde erweitern das Alter der fossilen Nachweise von Steroiden von über 800 Millionen Jahren vor heute auf bis zu 1600 Millionen Jahre vor heute. Eukaryoten ist die Bezeichnung für ein «Reich», zu dem alle Tiere, Pflanzen und Algen gehören und das sich von den Bakterien (einem anderen «Reich» des Lebens) durch eine komplexe Zellstruktur mit einem Zellkern und einem komplizierteren molekularen Apparat unterscheidet. «Das Besondere an dieser Entdeckung ist nicht nur der viel früher zu datierende molekulare Nachweis von Eukaryoten», sagt Hallmann: «Da der letzte gemeinsame Vorfahre aller modernen Eukaryoten, einschliesslich des Menschen, wahrscheinlich in der Lage war, 'normale' moderne Sterine zu produzieren, ist die Wahrscheinlichkeit gross, dass die Eukaryoten, die für diese seltenen Signaturen verantwortlich sind, zum 'Stamm' des evolutionären Baumes gehörten.»



Einzigartige Einblicke in eine verlorene Welt

Dieser «Stamm» stellt die gemeinsame Linie der Organismen dar, die die Vorfahren aller heute lebenden Zweige der Eukaryoten waren. Ihre Vertreter sind längst ausgestorben, doch Details über ihre Natur könnten Aufschluss über die Bedingungen geben, unter denen komplexes Leben entstanden ist. Zwar sehen die Forschenden noch weiteren Forschungsbedarf, etwa um herauszufinden, welcher Anteil der Protosteroide möglicherweise aus einer seltenen bakteriellen Quelle stammt. Doch die Entdeckung dieser neuen Moleküle bringt nicht nur die geologischen Spuren konventioneller Fossilien mit denen fossiler Lipidmoleküle in Einklang, sondern gewährt auch einen nie dagewesenen Einblick in eine verlorene Welt des frühen Lebens. Die Verdrängung der Eukaryoten aus der Stammgruppe, die durch das erstmalige Auftreten moderner fossiler Steroide vor etwa 800 Millionen Jahren gekennzeichnet ist, könnte eines der einschneidendsten Ereignisse in der Evolution des immer komplexer werdenden Lebens darstellen. «Fast alle Eukaryoten erzeugen Steroide, wie z. B. Cholesterin, das von Menschen und den meisten anderen Tieren produziert wird», fügt Erstautor Benjamin Nettersheim von der Universität Bremen hinzu. «Aufgrund der potenziell gesundheitsschädlichen Auswirkungen eines erhöhten Cholesterinspiegels beim Menschen hat Cholesterin aus medizinischer Sicht nicht den besten



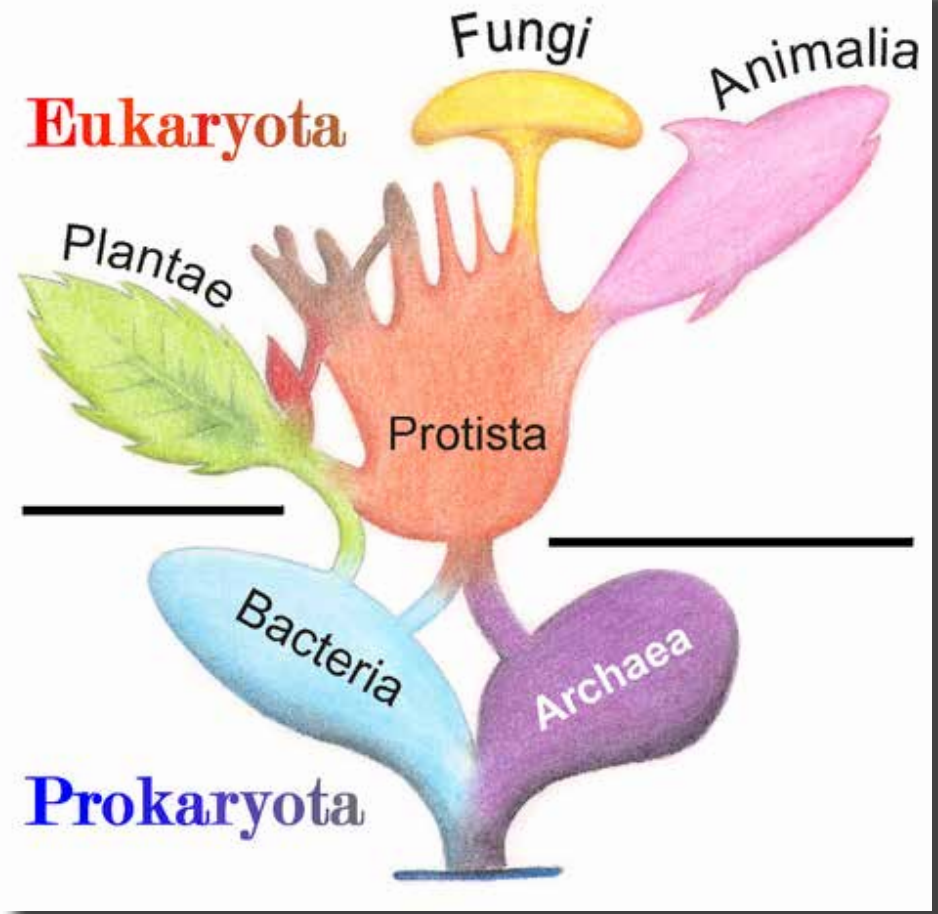
Benjamin Nettersheim, einer der Hauptautoren der Studie, untersucht ultra-hoch aufgelöste in-situ Verteilungen von chemischen Elementen und organischen Molekülen in 1,64 Milliarden-Jahre alten Gesteinsproben, die im Geobiomolecular Imaging Labor am MARUM. © V. Diekamp

Ruf. Diese Lipidmoleküle sind jedoch integraler Bestandteil der eukaryontischen Zellmembranen, wo sie eine Vielzahl physiologischer Funktionen erfüllen. Durch die Suche nach fossilen Steroiden in alten Ablagerungen können wir die Entwicklung von immer komplexerem Leben nachvollziehen.»

Was der Nobelpreisträger nicht für möglich hielt

Der Nobelpreisträger Konrad Bloch hat bereits vor fast 30 Jahren in einem Aufsatz über einen solchen Biomarker spekuliert. Bloch postulierte, dass die kurzlebigen Zwischenprodukte der modernen Steroidbiosynthese möglicherweise nicht immer nur Zwischenprodukte waren. Vielmehr vermutete er, dass sich die Lipidbiosynthese im Laufe der Erdgeschichte parallel zu

den sich ändernden Umweltbedingungen entwickelt hat. Im Gegensatz zu Bloch, der nicht glaubte, dass diese alten Zwischenprodukte jemals gefunden werden könnten, machte sich Nettersheim auf die Suche nach Protosteroiden in Gesteinen, die zu einer Zeit abgelagert wurden, als diese Zwischenprodukte tatsächlich das Endprodukt gewesen sein könnten. Doch wie findet man solche Moleküle in alten Gesteinen? «Wir haben eine Kombination von Techniken angewandt, um verschiedene moderne Steroide zunächst in ihr fossiles Äquivalent umzuwandeln; andernfalls hätten wir gar nicht gewusst, wonach wir suchen sollten», sagt Jochen Brocks, Professor an der Australian National University, der sich die Erstautorenschaft der neuen Studie mit Nettersheim teilt. Diese Moleküle, die nicht in das typische Raster der Molekülsuche passen, wurden von der Forschung jahrzehntelang übersehen. «Sobald wir unser Ziel kannten, entdeckten wir, dass Dutzende anderer Gesteine, die aus Milliarden Jahre alten Gewässern auf der ganzen Welt stammten, mit ähnlichen fossilen Molekülen übersät waren», sagt Brocks.



Vereinfachter Stammbaum nach dem 6-Reiche-Modell (Woese et al. 1977), inkl. Endosymbiose-Ereignisse

Umweltveränderungen und der Niedergang des urtümlichen Lebens

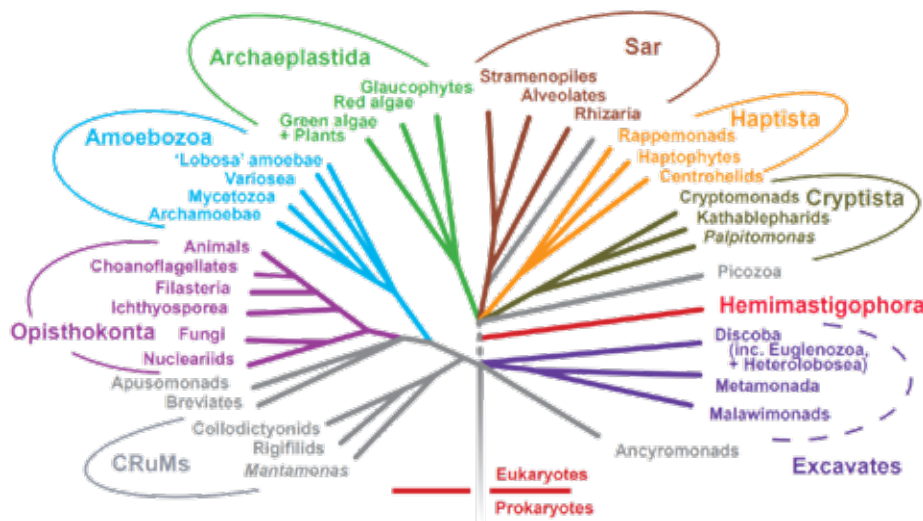
Die ältesten Proben mit dem Biomarker stammen aus der Barney-Creek-Formation in Australien und sind 1,64 Milliarden Jahre alt. In den Gesteinschichten der folgenden 800 Millionen Jahre finden sich nur noch fossile Moleküle primitiver Eukaryoten, bevor in der so genannten Tonium-Periode erstmals molekulare Signaturen moderner Eukaryoten auftauchen. Laut Nettersheim «erweist sich die Tonium-Transformation als einer der tiefgreifendsten ökologischen Wendepunkte in der Geschichte unseres Planeten». Hallmann fügt hinzu, dass «sowohl primordiale Stammgruppen als auch moderne eukaryotische Vertreter wie Rotalgen viele hundert Millionen Jahre lang nebeneinander gelebt haben dürften». In dieser Zeit wurde die Erdatmosphäre jedoch zunehmend mit Sauerstoff angereichert, einem Stoffwechselprodukt der Cyanobakterien und der ersten eukaryotischen Algen,

das für viele andere Organismen giftig war. Später kam es zu globalen Vereisungen («Schneeball-Erde») und die Protozoen-Gemeinschaften starben weitgehend aus. Der letzte gemeinsame Vorfahre aller lebenden Eukaryoten könnte vor 1,2 bis 1,8 Milliarden Jahren gelebt haben. Seine Nachkommen waren wahrscheinlich besser in der Lage, Hitze und Kälte sowie UV-Strahlung zu überleben und verdrängten ihre ursprünglichen Verwandten. Da alle Stammgruppen-Eukaryoten längst ausgestorben sind und nur die Äste überlebt haben, werden wir nie mit Sicherheit wissen, wie die meisten unserer frühen Verwandten aussahen. Aber die Ur-Steroide werfen möglicherweise mehr Licht auf ihre Biochemie und Lebensweise. «Die Erde war während eines Grossteils ihrer Geschichte eine mikrobielle Welt, deren Bewohner nur wenige Spuren hinterlassen haben», fasst Nettersheim zusammen. Die Forschung an der ANU, dem MARUM und dem GFZ ist weiterhin auf der Suche nach den Wurzeln unseres Lebens – die Entdeckung der

Protosterole bringt uns nach Ansicht der Forschenden einen Schritt näher an das Verständnis, wie unsere frühesten Vorfahren lebten und sich entwickelten.

Neue Überreste von Biomarkern, sogenannte Protosteroide, wurden entdeckt und weisen darauf hin, dass vor etwa einer Milliarde Jahren unbekannte Organismen das komplexe Leben auf der Erde beherrschten. Diese Organismen unterschieden sich von den uns bekannten Lebewesen wie Menschen, Tieren, Pflanzen und Algen durch ihre Zellstruktur und wahrscheinlich auch durch ihren Stoffwechsel, der an eine Welt angepasst war, in der es weniger Sauerstoff in der Atmosphäre gab als heute. Ein internationales Forscherteam, zu dem auch der Geochemiker Christian Hallmann vom GFZ gehört, berichtet über diesen Durchbruch in der evolutionären Geobiologie in der Fachzeitschrift Nature.

Die neu entdeckten Protosteroide waren im Erdmittelalter überraschend



Die wichtigsten Gruppen von Eukaryoten, darunter CRuMs, Opisthokonta, Amoebozoa, Archaeplastida, Sar, Haptista, Cryptista und Excavata. Die Opisthokonta umfassen sowohl Tiere (Metazoa) als auch Pilze; Pflanzen (Plantae) werden den Archaeplastida zugeordnet.

© Alastair Simpson, Dalhousie University, 2020

häufig. Sie wurden in einem früheren Stadium der Entwicklung der eukaryotischen Organismen produziert. Dies verlängert das Alter der bekannten fossilen Steroidreste auf über 800 Millionen Jahre vor heute bis zu 1600 Millionen Jahre vor heute. Eukaryonten sind eine Gruppe von Lebewesen, zu der Tiere, Pflanzen und Algen gehören. Sie unterscheiden sich von Bakterien durch ihre komplexe Zellstruktur mit einem Zellkern und einem komplexen molekularen Apparat. Diese Entdeckung ist besonders, weil sie nicht nur den viel früheren Nachweis von Eukaryonten ermöglicht, sondern auch darauf hindeutet, dass die Organismen, die für diese seltenen Signaturen verantwortlich sind, zu den frühesten Vorfahren aller heutigen Eukaryonten gehören, einschliesslich des Menschen.

Der gemeinsame Vorfahre dieser Organismen, die zum Stamm der Eukaryonten gehörten, ist längst ausgestorben. Dennoch könnten Informationen über ihre Natur Aufschluss über die Bedingungen geben, unter denen komplexes Leben entstanden ist. Die Forscher sehen jedoch weiteren Forschungsbedarf, um zum Beispiel herauszufinden, wie viel von den Protosteroiden möglicherweise von seltenen bakteriellen Quellen stammt.

Die Entdeckung dieser neuen Moleküle ermöglicht nicht nur eine Verbin-

dung zwischen den geologischen Spuren herkömmlicher Fossilien und den fossilen Lipidmolekülen, sondern gewährt auch einen einzigartigen Einblick in eine vergangene Welt des frühen Lebens. Die Verdrängung der urtümlichen Eukaryonten, die mit dem ersten Auftreten moderner fossiler Steroide vor etwa 800 Millionen Jahren begann, könnte eines der bedeutendsten Ereignisse in der Evolution von komplexem Leben gewesen sein.

Die meisten Eukaryonten produzieren Steroide wie Cholesterin, das auch beim Menschen und den meisten Tieren vorkommt. Cholesterin hat aufgrund seiner potenziell negativen Auswirkungen auf die Gesundheit keinen guten Ruf, aber diese Lipidmoleküle sind entscheidend für die Zellmembranen von Eukaryonten und erfüllen dort verschiedene physiologische Funktionen. Durch die Untersuchung fossiler Steroide in alten Ablagerungen können wir die Entwicklung von immer komplexerem Leben nachvollziehen.

Bereits vor fast 30 Jahren spekulierte der Nobelpreisträger Konrad Bloch über solche Biomarker. Er vermutete, dass kurzlebige Zwischenprodukte in der modernen Steroidbiosynthese möglicherweise nicht nur Zwischenprodukte waren, sondern auch als Endprodukte existierten. Benjamin Nettersheim von der Universität Bremen

machte sich auf die Suche nach Protosteroiden in Gesteinen, die zu einer Zeit abgelagert wurden, als diese Zwischenprodukte tatsächlich als Endprodukte vorlagen. Dies gelang durch die Anwendung verschiedener Techniken zur Umwandlung moderner Steroide in ihre fossilen Äquivalente.

Die ältesten Proben mit den Protosteroiden stammen aus der Barney-Creek-Formation in Australien und sind 1,64 Milliarden Jahre alt. In den Gesteinsschichten der nächsten 800 Millionen Jahre wurden nur fossile Moleküle von Ur-Eukaryonten gefunden, bevor die Signaturen moderner Eukaryonten erstmals in der Tonium-Periode auftraten. Die Tonium-Transformation stellt einen der bedeutendsten ökologischen Wendepunkte in der Geschichte unseres Planeten dar. Es wird angenommen, dass primordiale Stammgruppen-Eukaryonten und moderne eukaryontische Vertreter wie Rotalgen viele Millionen Jahre parallel existierten.

Während dieser Zeit wurde die Erdatmosphäre zunehmend mit Sauerstoff angereichert, einem Stoffwechselprodukt von Cyanobakterien und frühen eukaryontischen Algen, das für viele andere Organismen giftig war. Später kam es zu globalen Vereisungen, und die Protosterol-Gemeinschaften starben weitgehend aus. Der letzte gemeinsame Vorfahre aller lebenden Eukaryonten könnte vor 1,2 bis 1,8 Milliarden Jahren existiert haben. Seine Nachkommen waren wahrscheinlich besser angepasst, um Hitze, Kälte und UV-Strahlung zu überleben, und haben ihre ursprünglichen Verwandten verdrängt.

Da alle Stammgruppen-Eukaryonten längst ausgestorben sind und nur ihre Nachkommen überlebt haben, werden wir nie genau wissen, wie die meisten unserer frühen Verwandten aussahen. Aber die Ur-Steroide könnten uns mehr über ihre Biochemie und Lebensweise verraten. Die Erde war während eines Grossteils ihrer Geschichte eine mikrobielle Welt, und die Erforschung dieser Spuren bringt uns dem Verständnis näher, wie unsere frühesten Vorfahren lebten und sich entwickelten. ♦