

KOMMENTAR ZU AXELSSON et al. (2013): THE GENOMIC SIGNATURE OF DOG DOMESTICATION REVEALS ADAPTATION TO A STARCH-RICH DIET

Nachtrag (Supplement) zu Unser Haushund – Eine Spitzmaus im Wolfspelz?

<http://www.weloennig.de/Hunderassen.Bilder.Word97.pdf>

Bezugnahmen wie "p. 174" und "siehe oben" im folgenden Text beziehen sich oft auf dieses Dokument

[Nachtrag zu p. 174](#) (ab 27. 1. 2013): Korrektur und **NOTE ADDED IN PROOF**. Der obige Text wurde in den Monaten November und Anfang Dezember 2012 verfasst. Die Aussage, "dass **bisher** kein einziges solches Beispiel bei den Hunden nachgewiesen worden ist", war bis dahin richtig, ist jetzt aber gemäß Axelsson et al. (2013) zu korrigieren: ***The genomic signature of dog domestication reveals adaptation to a starch-rich diet*** (Published online 23 January 2013)¹. Einige Kernaussagen aus dem Paper (zunächst aus dem Abstract; *emphasis added*):

"Here we conduct whole-genome resequencing of dogs and wolves to identify **3.8 million genetic variants** used to identify 36 genomic regions that probably represent targets for selection during dog domestication. Nineteen of these regions contain genes important in brain function, eight of which belong to nervous system development pathways and potentially underlie behavioural changes central to dog domestication. **Ten genes with key roles in starch digestion and fat metabolism also show signals of selection. We identify candidate mutations in key genes and provide functional support for an increased starch digestion in dogs relative to wolves.** Our results indicate that novel adaptations allowing the early ancestors of modern dogs to thrive on a diet rich in starch, relative to the carnivorous diet of wolves, constituted a crucial step in the early domestication of dogs."

Worum handelt es sich genau? Nach einigen Überlegungen und Hypothesen zur Geschichte der Domestikation ("*it is likely that the first animal to be domesticated was the dog*") und Hinweise auf verschiedene Daten zur Frage, wann sich die *dog domestication* abgespielt haben könnte sowie der Aussage "*Patterns of genomic variation indicate that dog domestication started at least 10,000 years BP in southern East Asia or the Middle East*", stellen die Autoren fest (und das ist ein Schlüsselgedanke für die oben aufgeführte dritte Option):

"Dog domestication may however have been more complex, involving **multiple source populations and/or backcrossing with wolves.**"

Den Punkt "**multiple source populations and/or backcrossing with wolves**" bitte ich den Leser bei den weiteren Ausführungen im Sinn zu behalten. Wenn es auch unsicher ("unclear") bleibt, "*why and how dogs were domesticated*", so bemerken doch die Autoren nach Aufführung mehrerer Möglichkeiten und Szenarien:

"Regardless of how dog domestication started, several characteristics separating modern dogs from wolves, including **reduced aggressiveness and altered social cognition capabilities**, suggest that behavioural changes were early targets of this process. **Dogs also differ morphologically from wolves, showing reduced skull, teeth and brain sizes.**"

Die Verfasser bestätigen mit dem Hinweis auf "**reduced aggressiveness**" und "**reduced skull, teeth and brain sizes**" etc. beim Haushund zunächst noch einmal den oben ausführlich diskutierten Degenerationsansatz in Übereinstimmung mit den bisher zitierten kritischen Autoren. *Starch digestion* scheint jedoch von dieser generellen Tendenz eine deutliche

¹ Erik Axelsson, Abhirami Ratnakumar, Maja-Louise Arendt, Khurram Maqbool, Matthew T. Webster, Michele Perloski, Olof Liberg, Jon M. Arnemo, Åke Hedhammar & Kerstin Lindblad-Toh1 (2013): The genomic signature of dog domestication reveals adaptation to a starch-rich diet <http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/full/nature11837.html>
Supplementary Information: <http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/extref/nature11837-s1.pdf> (66. pp.)

Ausnahme machen (wie schon beim Menschen; siehe oben).

Bevor wir uns dem Punkt **starch digestion** näher ansehen, sei noch hervorgehoben, dass Axelsson et al. (2013) zunächst zu den SNPs und CNVs und dazu zu den *short indels* Folgendes berichten (die hohen Zahlen bestätigen noch einmal das *Paper* von Fernando Cruz, Carles Vilà and Matthew T. Webster (2008): *The Legacy of Domestication: Accumulation of Deleterious Mutations in the Dog Genome*. Mol Biol Evol 25: 2331-2336, denn keine Selektion könnte derartig hohe Frequenzänderungen im Einzelnen noch beherrschen; siehe die Details dazu oben):

“Uniquely placed sequence reads from pooled DNA representing **12 wolves of worldwide distribution and 60 dogs from 14 diverse breeds** (Supplementary Table 1) covered 91.6% and 94.6%, respectively, of the 2,385 megabases (Mb) of **autosomal** sequence in the CanFam 2.0 genome assembly¹¹. The aligned coverage depth was 29.83 for all dog pools combined and 6.23 for the single wolf pool (Supplementary Table 1 and Supplementary Fig. 1). **We identified 3,786,655 putative single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the combined dog and wolf data, 1,770,909 (46.8%) of which were only segregating in the dog pools, whereas 140,818 (3.7%) were private to wolves** (Supplementary Table 2). Similarly we detected **506,148 short indels and 26,619 copy number variations (CNVs)** (Supplementary Files 1 and 2). We were able to experimentally validate 113 out of 114 tested SNPs (Supplementary Table 3 and Supplementary Discussion, section 1).”

Die Autoren haben eine sehr aufwendige Arbeit vorgelegt – der Aufwand ist lobenswert und die bisherigen Ergebnisse sind hoch interessant, dennoch könnten einige Punkte für eine möglichst adäquate Beurteilung der Resultate und Thesen vielleicht noch ergänzt werden:

Die Zahl von 12 Wölfen ist zwar schon recht gut, aber zur Absicherung der Ergebnisse wäre eine höhere Zahl sicher nicht verkehrt. Gemäß dem Supplementary Table, **Table S1** (vgl. <http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/extref/nature11837-s1.pdf>), wurde 1 Wolf aus Schweden, 3 Wölfe aus Spanien, 3 aus Russland, 2 aus Belarus, 1 aus Bulgarien, 1 aus den USA und 1 aus Canada untersucht – sind das schon **wolves of worldwide distribution?**² Auch die Zahl der 60 Hunde aus **14 (der mehr als 350) Rassen** könnte erhöht werden (bisher **Smålandsstövare: 3 Tiere, Norwegian Elkhound: 3, Swedish Elkhound: 3; Finnish Lapphund: 3, Cocker Spaniel 3, Springer Spaniel: 3, Golden Retriever: 3, Labrador Retriever: 3, Drever: 12, Belgian Tervueren: 12, Bearded Collie: 3, Hovawart: 3, Giant Schnauzer: 3, German Shephard: 3**) – weitere Rassen zur Bestätigung der **AMY2B copy numbers** siehe unten. Ich möchte in diesem Zusammenhang auch an die Befunde am **Menschen** von Perry et al. 2008 erinnern: “We found that copy number of the salivary amylase gene (*AMY1*) is correlated positively with salivary amylase protein level and that **individuals from populations with high-starch diets have, on average, more *AMY1* copies than those with traditionally low-starch diets.**” – Hier erhebt sich z. B. die Frage, **wie es mit Hunden im Besitz von menschlichen Populationen mit *low-starch diets*** aussieht, d. h. Menschen, die auch ihre Hunde entsprechend ernähren – am besten wären **zero starch diets**.³

Gehen wir für unsere weitere Diskussion davon aus, dass die Ergebnisse von Axelsson et al. sicher sind und vermutlich auch durch zukünftige Arbeiten nicht wesentlich revidiert werden, zumal die Autoren im Supplement, **Table S11** mehrere weitere Rassen und insgesamt 35 Wölfe für die **Amylase Gene** mit einbezogen haben (“*Amylase copy numbers in 136 dogs and 35 wolves quantified using real time PCR. Mean estimates from three replicates are reported*“). Hinzu kommen zu dieser Frage die **Untersuchungen aus weiteren 37 Rassen: Swedish Lapphound: 2, American Staffordshire Terrier: 2, Beagle: 1, Bedlington Terrier: 1, Belgian Shepard: 1, Bichon Frise: 1, Border Collie: 15, Boxer:**

²Siehe zur Systematik <http://de.wikipedia.org/wiki/Wolf> (dort werden 17 Unterarten aufgeführt, 2 davon ausgestorben)

³In einer zu überprüfenden Quelle (ohne Jahreszahl und Autor) kommt folgender Hinweis zu den **Inuit Sled Dogs**: “Because the Inuit Sled Dog is such a primitive dog, meaning that it hasn’t changed much over thousands of years, its diet requirements have remained relatively the same. **Inuit Sled Dogs have virtually the same diet as wild canines in the Arctic. Wolves, fox, and coyotes eat very similarly to the Canadian Inuit Sled Dog. Their diet is composed primarily of animal fat and raw meat.**” <https://fcserver.nvnet.org/~snyder/S05A2C6AD.4/inuits.pdf>

Siehe weiter K. A. Shannon (1997): The unique role of sled dogs in Inuit culture: An examination of the relationship between Inuit and sled dogs in the changing north. MA-Thesis: <http://www.collectionscanada.gc.ca/obj/s4/f2/dsk3/ftp05/mq21141.pdf>

Oder: <http://dogbreeds.bulldoginformation.com/canadian-eskimo-dog.html> “The Canadian Eskimo Dog does indeed eat ‘raw meat’ exclusively in its natural environment and thus the descriptive term ‘eater of raw meat’ dog is entirely appropriate.”

Oder: <http://www.livestrong.com/article/549886-traditional-inuit-diet-parasites/> “**A traditional Inuit diet consists of seafood, fish, birds and mammals living in the area.** Much of the meat is cooked, but some is eaten frozen and raw. [...] **Since the Inuit and their sled dogs usually eat the same diet** and live in close proximity, monitoring the dogs for parasitic infections can be an indicator of Inuit infections.”

3?, Bullterrier: 2, Chinese Crested: 2, Collie: 1, Dalmatian: 1, English Springer Spaniel: 4, Eurasier: 1, Field Spaniel 1, Great Dane 3, Irish Wolfhound: 3, Karelian Beardog 2, Leonberger 3, Löwchen 1, Miniature Schnauzer: 2, Newfoundland: 2, Nova Scotia Duck trolling retriever: 4, Papillon: 2, Polish Lowland Sheepdog: 3, Poodle: 5, Portuguese Waterdog: 1, Pug 2, Pumi: 2, Rottweiler: 3, Samoyed: 2, Shar Pei: 2, Sheltie: 1, Smaland Hound: 3, Tibetan Spaniel: 1, West Highland White Terrier: 2, West Siberian Laika: 1 (?). Bei den 35 Wölfen bleibt jedoch keine Probe aus einer weiteren Population aus seinem immer noch weiten Verbreitungsgebiet hinzu.

Um die oben zitierten Befunde zu den SNPs, CNVs und *short indels* möglichst korrekt einordnen zu können, erinnere ich noch einmal an Forman et al. (2012: “The domestic dog (*Canis [lupus] familiaris*) segregates more naturally-occurring diseases and phenotypic variation than any other species...” – ähnlich viele weitere Autoren) und Cruz et al. (2008: “**An increase in slightly deleterious genetic variation could contribute to the prevalence of disease in modern dog breeds**”).

Die Tatsache jedoch, dass die meisten SNPs, CNVs und *short indels* selektionstheoretisch neutral bis schwach nachteilig sind, schließt selbstverständlich nicht aus, dass sich einzelne Variationen in bestimmten Umwelten auch *positiv* für die betroffenen Individuen und deren Nachkommen auswirken können. **Mir erscheint es jedoch wichtig, dabei den allgemeinen (fast möchte man sagen, den überwältigenden) Degenerationstrend von Millionen von SNPs, Hundertausenden von *short indels* und Zehntausenden von CNVs nicht aus den Augen zu verlieren**, da die Arbeit von Axelsson et al. (2013) erst auf diesem Hintergrund in ein Gesamtbild des Geschehens realistisch eingeordnet werden kann.

Die Autoren schreiben zunächst zum *breakdown of starch in dogs* (2013, p. 3⁴):

“The breakdown of starch in dogs proceeds in three stages: (1) starch is first cleaved to **maltose and other oligosaccharides** by **alpha-amylase** in the intestine; (2) the oligosaccharides are subsequently hydrolysed by **maltase-glucoamylase, sucrase and isomaltase** to form glucose; and (3) finally, glucose is transported across the plasma membrane by brush border protein **SGLT121**. Here we present evidence for selection on all three stages of starch digestion during dog domestication.

Whereas humans have acquired amylase activity in the saliva via an ancient duplication of the pancreatic amylase gene, dogs only express amylase in the pancreas.”

Mich wundert, dass die Hunde im Zuge der Domestikation nicht auch diese Fähigkeit der Amylase-Aktivität im Speichel durch eine *rezente* Duplikation erworben haben. Natürlich kauen Hunde ihre Nahrung nicht erst gründlich durch – aber wäre es nicht von Vorteil, wenn bei ihnen die Stärkeverdauung ebenfalls im ‘Mund’ beginnen würde? Und wenn sie entsprechend dazu vielleicht auch noch eine Verhaltensänderung evolvieren könnten (wenigsten *etwas* gründlicher kauen)? Hier scheinen jedoch **Variationsgrenzen** vorzuliegen.

Axelsson et al. fahren fort:

“In dogs the **AMY2B gene**, encoding the **alpha-2B-amylase**, resides in a 600-kb CDR on chromosome 6 with $Z(H_p)$ and $Z(F_{ST})$ scores of -4.60 and 7.16 , respectively (Figs 1 and 2a). Interestingly, an 8-kb sequence spanning the **AMY2B locus showed a several-fold increase in aligned read depth in dog relative to wolf (Fig. 2b), suggestive of a copy number change**. Formal comparisons of regional and local pool coverage, and wolf and dog coverage (Methods), respectively, also suggest **a substantial increase in copy numbers in all dog pools compared to wolf at this locus** (Supplementary Discussion, section 5).”

⁴Seitenangaben beziehen sich auf das PDF published online 23 January 2013.

Ergebnis:

“Whereas **all wolves tested carried only 2 copies (2N=2), diploid copy numbers in dog ranged from 4 to 30** ($P < 0.001$, Wilcoxon) (Fig. 2c), corresponding to a remarkable **7.4-fold average increase in dog AMY2B copy numbers.**”

Dazu passt auch die Erhöhung des Expressionslevels und der Enzymaktivität:

“To assess whether this change correspond[s] to a difference in amylase activity, we first compared **AMY2B gene expression in pancreas from dog (n=9) and wolf (n=12) and noted a 28-fold higher average expression in dog** ($P < 0.001$, Wilcoxon, Fig. 2d). We then quantified amylase activity **in frozen serum** (Fig. 2e) and found a **4.7-fold higher activity in dog** ($9.6\text{--}18.4 \mu\text{kat l}^{-1}$ (n=12)) relative to wolf ($1.4\text{--}4.3 \mu\text{kat l}^{-1}$ (n=13)) ($P < 0.001$, Wilcoxon). Similar results were obtained in comparisons of a limited number of fresh samples (Supplementary Tables 12 and 13).”

Schlussfolgerung der Autoren (2013, p. 3):

“The change in AMY2B gene copy number together with a correlated increase in both expression level ($\rho = 0.84$, $P < 0.0001$, Spearman) (Supplementary Fig. 3) and enzyme activity ($\rho = 0.63$, $P < 0.01$, Spearman) (Supplementary Fig. 4) indicates that **duplications of the alpha-amylase locus conferred a selective advantage to early dogs by causing an increase in amylase activity.**”

In menschlicher Obhut hätten anfangs also immer nur diejenigen Welpen überlebt und sich später fortgepflanzt, die eine Duplikation bzw. eine Duplikation mehr aufzuweisen hatten. Wölfe säugen ihre Jungen 6 bis 8 Wochen lang – für diese erste Phase der Individualentwicklung scheint dieser Selektionsdruck zu entfallen. Der Selektionsdruck scheint generell auch für die Hunde der Inuit zu entfallen (die bis in die 1960er Jahre hinein praktisch ausschließlich von Fleisch gelebt haben⁵) und überhaupt der Hunde fast aller bis in die zweite Hälfte des 20. Jahrhunderts um den Nordpol lebenden Volksgruppen. Und das scheint auch weitgehend für die Hunde heutiger *hunter-gatherers* zuzutreffen.



Greenland sled dogs (puppies and their mother) eating walrus meat in Siorapaluk (ziemlich weit oben im Nordwesten Grönlands).
Photo by Jenny E. Ross: http://www.lifeonthinice.org/data/photos/400_1greenland_people_02_13.jpg

⁵There have been drastic changes in Inuit Mestyle since the 1960s that have brought about a change in the use of dogs. Prior to the adoption of snowmobiles in the 1960s, dogs were the principal means of transportation for most of the year, and an essential part of Inuit life. Hunters depended on dogs to help them catch game, protect them, for travel and aid in bringing them home safely; for their part, the hunters provided the dogs with food. <http://www.collectionscanada.gc.ca/obj/s4/f2/dsk3/ftp05/mq21141.pdf> (Zugriff 28. 1. 2013). Siehe die weiteren Hinweise zur ausschließlichen Fleischernährung der Hunde der Inuit in der Fußnote zwei Seiten zuvor.

Man wundert sich vielleicht, dass aus dieser Sicht nicht eine klare Trennung in der Kopienzahl der Hunde der *hunter-gatherers* und *pastoralist groups* vorliegt – bisher kann ich jedenfalls in den Tabellen von Axelsson et al. (2013) dazu keine klare Trennung erkennen. Das könnte aber auch daran liegen, dass hier erst weiter geforscht werden muss und die Daten für *hunter-gatherers* noch zu ergänzen sind, aber auch die Daten zu den in nördlich gelegenen Ländern oder Kälteregegnungen entstandenen Hunderassen machen keine deutliche Ausnahme zu den *AMY2B* Duplikationen (Swedish Lapphound, Newfoundland, Samoyed, Schwedisch Elkhound, Tibetan Spaniel, vielleicht auch Karelian Beardog).

Weiter ist ganz auffallend, dass gemäß der Tabelle “*Amylase copy numbers in 136 dogs and 35 wolves quantified using real time PCR. Mean estimates from three replicates are reported*“⁶ die *AMY2B Copy numbers* auch innerhalb der Hunderassen stark variieren (und man wird wohl kaum annehmen, dass jedes Mal ein Wolf eingekreuzt wurde). Beispiele (englische Zeichensetzung): Swedish Lapphound zwischen 8.1 und 15.1, Newfoundland 13.3 und 18.6, Samoyed 4.5 und 8.6, Bearded Collie 12.5 und 23.0, Border Collie 6.9 und 21.1, English Springer Spaniel 11.0 und 23.0, Karelian Beardog 16.7 und 30.3, Schwedisch Elkhound 9.3 und 18.4, (Tibetan Spaniel 7.0 [nur ein Exemplar]). “Whereas all wolves tested carried only 2 copies ($2N=2$), diploid copy numbers in dog ranged from 4 to 30 [...]” – Axelsson et al. 2013, p. 3.

Eine geradlinige Selektion auf ein Optimum scheint hier nicht vorzuliegen – und ist bei den wechselnden Umwelt- und Ernährungsbedingungen der Hunderassen auch kaum zu erwarten.

Beim Menschen begegnen wir schon einem ähnlichen Variations-Phänomen zu den *AMY1 Copy numbers* (siehe die ausführliche Diskussion und Begründung oben) und ich hatte in diesem Zusammenhang folgende Hypothese vorgeschlagen:

“Meine Hypothese zu den *AMY1*-Kopien: Der Mensch wurde von Anfang an nicht einfach mit einer bestimmten Zahl von *multiple tandem repeats of the gene* ausgerüstet, sondern mit Regulationssystemen, die nicht nur somatisch-physiologisch eine Anpassung an die jeweiligen Umweltsituationen möglich machten, sondern über diese Anpassung hinaus eben auch eine genetische Regulation der *AMY1*-Kopien sowohl in den Soma- als auch den Keimzellen erlaubt haben (einzelne gezielt-gesteuerte CNVs).“

Und zur Testbarkeit hatte ich angemerkt:

“Im Gegensatz zu den oben erwähnten evolutionären Ideen (“Perry and colleagues *speculated*...“), ist meine Hypothese (den Aufgaben adäquate genetische Regulation der *AMY1*-Kopien sowohl in den Soma- als auch den Keimzellen durch gezielt-gesteuerte CNVs) für den somatischen Bereich relativ einfach testbar, aber wohl wesentlich schwieriger für den genetischen Teil: Hier müssten möglicherweise einige Menschen mit relativ wenigen *AMY1*-Kopien noch in der Lage sein, bei einer frühen Umstellung (sagen wir in der Pubertät), von einer stärkearmen auf eine stärkeereichere Ernährung, Nachkommen mit einer größeren Anzahl von *AMY1*-Kopien zeugen können. Dies müsste mit einer Häufigkeit geschehen, die zufällige CNVs ausschließen würde.“

Bei den Rassen des Haushunds ist im Falle von “*multiple source populations*” (mehrfach unabhängige Domestikation des Wolfs) davon auszugehen, dass die Erhöhung der Amylase-Genkopienzahl ebenfalls mehrfach unabhängig

⁶vgl. wieder <http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/extref/nature11837-s1.pdf>

voneinander erfolgte, und zwar sowohl zu Beginn der Domestikationsereignisse als auch wiederholt innerhalb unterschiedlicher *dog breeds* (siehe die Beispiele zur Variation der *AMY2B Copy numbers* innerhalb einiger Hunderassen oben – dieser Ansatz passt übrigens gut zum Gesetz der rekurrenten Variation).

Wenden wir nun die oben zitierte Hypothese zur Variation der *AMY1*-Kopien des Menschen im Prinzip auch auf die *AMY2B*-Kopien des Haushunds an:

Meine Hypothese also zu den *AMY2B*-Kopien beim Wolf und den Hunderassen: Auch der Wolf (*Canis lupus*) wurde nicht von Anfang an einfach mit einer absolut feststehenden und unverrückbaren Zahl von 2 *AMY2B*-Kopien ausgerüstet, sondern mit Regulationssystemen, die – ähnlich wie beim Menschen mit seiner Variation in der *AMY1*-Genkopienzahl – eine Anpassung an das jeweilige Nahrungsangebot durch genetische Regulation der Zahl der *AMY2B*-Kopien in den Keimzellen erlaubt haben (einzelne gezielt-gesteuerte CNVs).

Der Unterschied dieser ID-Hypothese zum Neodarwinismus (=Synthetische Evolutionstheorie) liegt auf der Hand: Statt rein zufälliger *Copy number variations* ein designtes Regulationspotenzial zur Bewältigung unterschiedlicher Umwelten (Nahrungsangebot) und statt Tausender durch die Selektion zum Untergang verurteilter 'Ausschussvarianten' (bedingt durch relativ seltene Genduplikationen in der Größenordnung von 2×10^{-5})⁷ eine mehr oder weniger direkte (regulierte) Anpassung an das veränderte Nahrungsangebot.

Diese Hypothese passt übrigens zu der oben schon wiederholten und begründeten Aussage, dass nur **wenige Arten zur Haustierwerdung genetisch prädestiniert** waren ("Nur aus etwa 20 von insgesamt fast 4500 bekannten Säugetierarten entstanden durch Domestikation (Haustierwerdung) echte Haustiere.").

Die **Frage der Testbarkeit** beschränke ich beim Wolf auf die Genetik:

Die Hypothese einer dem Nahrungsangebot (stärkereiche Kost) adäquaten genetischen Regulation der *AMY2B*-Kopienzahl durch gezielt-gesteuerte CNVs ist für den Wolf relativ einfach testbar: Wir nehmen Wölfe mit 2 *AMY2B*-Kopien und versuchen, diese Tiere von einer stärkearmen Kost schrittweise auf eine stärkereiche Ernährung umzustellen. Schon in einigen wenigen Generationen mit einer relativ kleinen Zahl von Individuen (insgesamt vielleicht einige hundert) sollten Nachkommen mit einer größeren Anzahl von *AMY2B*-Kopien auftreten.

Um diesen Punkt noch einmal zu betonen: Das geschähe ohne riesige Verluste an ungeeigneten (unangepassten) Individuen, die (hier die künstliche) Selektion aussortieren würde, denn bei einer zufälligen Genduplikationsrate in der Größenordnung von 2×10^{-5} würde nur eine *AMY2B* Duplikation unter Zehntausenden von Individuen auftreten, und dieses eine Individuum müsste dann in Konkurrenz mit allen anderen auch noch einen so entscheidenden Selektionsvorteil in der Nahrungsverwertung aufweisen, dass es und seine Nachkommen im Zuge der künstlichen Selektion alle anderen in kurzer Zeit verdrängen würde. Das gleiche würde dann wieder für die nächste Duplikation gelten bis die oben genannten Kopienzahlen erreicht wären ("diploid copy numbers in dog ranged from 4 to 30 [...] corresponding to a remarkable 7.4-fold average increase in dog *AMY2B* copy numbers"). Dass auch die artifizielle Selektion in dieser Frage keineswegs so strikt und allein dafür verantwortlich sein kann, zeigen bereits die stark unterschiedlichen Kopienzahlen innerhalb vieler Hunderassen (siehe Beispiele oben).

Zum zweiten Schritt des Stärkeabbaus berichten Axelsson et al. 2013, p. 3:

"Maltase-glucoamylase is responsible for the second step in the breakdown of starch, catalysing the hydrolysis of maltose to glucose. **No copy number changes were observed in the *MGAM* locus** so we decided to study haplotype diversity across the region to facilitate the identification of causal variants."

⁷ Vgl. <http://www.weloenig.de/Genduplikationen.html>

Die Autoren hatten offenbar auch (der *AMY2B*-Kopienzahl entsprechende) *copy number changes* im *MGAM* Locus erwartet, um das erhöhte Angebot an Maltose zu bewältigen. Hier könnte jedoch eine weitere **Variationsgrenze** vorliegen: Auf der einen Seite (*AMY2B*) finden wir eine **vielfache Erhöhung der Kopienzahl** und auf der anderen (*MGAM*) **überhaupt keine** – nur Zufall? Auch dieser Punkt scheint mir eher für einzelne gezielt-gesteuerte CNVs zu sprechen.

Zu den Ergebnissen ihrer weiteren Studien (study of “*haplotype diversity across the region to facilitate the identification of causal variants*“) berichten die Autoren (pp. 3 und 4):

“We identified several candidate mutations within *MGAM* that may have been targeted by selection in this region (Supplementary Table 15). First a **conservative amino acid substitution** located in the duplicated trefoil domain of *MGAM* (residue 1001) is **nearly fixed for isoleucine in wolf and for valine in dogs**. Eleven out of fourteen mammals have valine at this position, whereas the omnivorous rat, and the insectivorous hedgehog and [omnivorous]⁸ short-tailed opossum, carry isoleucine like the wolf (Supplementary Table 16).”

Als “neu“ kann man diese Substitution noch nicht bezeichnen, kommt sie doch möglicherweise auch beim Wolf selbst vor⁹ (mehrere Unterarten sind noch nicht untersucht) und generell auch bei vielen weiteren Säugetierarten (rekurrente Variation). Die **omnivore Ratte hat Isoleucine at this position**, aber die **ebenfalls omnivore Maus** zeigt hier **Valine** (Table S16; ebenso Valine bei weiteren *omnivores* wie Humans, Chimpanzees und Macaques). Das ebenfalls **omnivore Opossum hat hingegen** wieder **Isoleucine** an dieser Stelle (man sollte über diese 14 Spezies hinaus vielleicht noch weitere Säugetierarten zu dieser Frage berücksichtigen). Und “*nearly fixed*“ (siehe oben) ist noch nicht so ganz überzeugend im selektionistischen Sinne (**auch der Hund** weist, wenn auch zu einem geringen Prozentsatz (freq. 0.08), **Isoleucine at this position** auf).

“Second, another **conservative substitution, methionine to valine**, located in the beta sheet of the maltase enzyme (residue 797), is **segregating in wolf but fixed for methionine in dog**. The insectivorous **hedgehog** and **common shrew** are the **only mammals without methionine** at this evolutionarily conserved position (Supplementary Table 17) and *in silico* modelling using the SDM-server indicates that a **change from methionine to valine at this residue is destabilizing**.”

Diese konservative Substitution beim Haushund (die als Substitution von Methionine zu Valine viel besser als eine Substitution beim Wolf selbst einzuordnen ist) – *fixed for methionine in dog* – ist nun ganz **sicher nicht neu**, sondern segregiert ja schon beim **Wolf** (freq. für Methionin **0.68**). Da sich der Schritt *from methionine to valine at this residue* **destabilisierend (“destabilizing“)** auswirken kann, könnte der Wolf mit dieser Substitution ein Problem haben und die Ausgangspopulationen für die Domestikation des Wolfs zum Haushund hatten sehr wahrscheinlich das ursprüngliche *Methionin* an dieser Stelle aufzuweisen. Zwar sind Igel und Spitzmaus (*common shrew*) “*the only mammals without methionine at this evolutionarily conserved position*“ in der Liste von Axelsson et al., aber dies Arten weisen statt des destabilisierenden Valins dort Leucin (L) (Igel) bzw. eine Deletion (Spitzmaus) auf.

⁸http://animaldiversity.ummz.umich.edu/accounts/Monodelphis_domestica/ (“Gray short-tailed opossums are omnivorous, eating insects, fruits, and small animals, such as rodents. (Fadem and Corbett, 1997; Kalafut, 2005; Trupin and Fadem, 1982; Wilson and Reeder, 1993).” Generell zum Opossum: “Didelphimorphs are opportunistic omnivores with a very broad diet. Their diet mainly consists of carrion and many are killed on highways when scavenging for roadkill. They are also known to eat insects, frogs, birds, snakes, small mammals, slugs, and earthworms. **Some of their favorite foods are fruits, and they are known to eat avocados, apples, clementines, and persimmons.** Their broad diet allows them to take advantage of many sources of food provided by human habitation such as unsecured food waste (garbage) and pet food.” <http://en.wikipedia.org/wiki/Opossum> (Zugriff 29. 1. 2013, beide Quellen))

⁹“... **nearly fixed for isoleucine in wolf**“ impliziert, dass Valin auch beim Wolf schon nachgewiesen ist, wenn auch es dort nur selten vorkommt. Dem widerspricht jedoch **Table S15** (Supplementary Information), in der sowohl für die *Resequencing* als auch *Genotyping Data* für den Wolf frequency zu *allele T* (Isoleucin) “1“ angegeben wird; eine solche Frequenz galt zunächst auch für Valin (*allele C*) beim Hund. Bei den Genotyping Data, cov. 142, aber war die Frequenz 0.92 (also doch auch Isoleucin beim Hund). Wenn die Autoren nun **auch beim Wolf für Isoleucin nur von “nearly fixed“** sprechen, dann scheinen sie in weiteren Untersuchungen, die noch keinen Eingang in die Tabelle gefunden haben, **ebenfalls einen geringen Prozentsatz von Individuen mit Valin entdeckt** zu haben – oder es ist schlicht ein kleiner Widerspruch.

Dieser Punkt scheint mir für die Selektionsfrage nur insofern von Bedeutung zu sein als die Selektion beim Wolf diese nachteilige Mutation noch toleriert – ganz im Sinne Batesons: "*The control of Selection is loose*" – vgl. die Details dazu unter <http://www.weloennig.de/Utricularia2010.pdf>. Als Beispiel für eine positive Selektion in der Domestikation des Wolfs zum Haushund im Sinne einer Adaptation erscheint mir diese Substitution nun als völlig ungeeignet, denn gemessen an der **Funktion und Position** des Methionins insbesondere auch im Vergleich mit anderen Säugetierarten muss das **Methionin auch beim Wolf** an dieser Stelle als **ursprünglich** angesehen werden.

"Third, a **fixed two-base-pair deletion in dog disrupts the stop codon, thereby extending the carboxy-terminal end of dog MGAM by two amino acids: asparagine and phenylalanine**. In 32 mammals studied only herbivores (rabbit, pika, alpaca and cow) and omnivores (mouse lemur and rat) share an extension like that seen in dog (Supplementary Table 18)."

Sehen wir uns diese Mutation nach Table S18 von Axelsson et al. etwas näher an. Der Text zur Abbildung lautet (Supplement 2013, p. 60)¹⁰:

"Table S18. **MGAM** candidate causative C-terminal deletion disrupts a stop codon and thereby extends dog **MGAM** by two amino acids (chr16: 10,103,702) relative to in wolf. Blue capital letters refer to coding sequence. Black, small letters denote 3' UTR. Omnivorous mouse lemur and rat, as well as herbivorous rabbit, pika, alpaca and cow share a similar extension of MGAM as seen in dog."

Dog	GAGA-AGCACTC--TGAATTTTAgagc
Wolf	GAGA-AGCACTCCATGAatttttagagc
Human	GATA-AGCACTCTGTGAatttttacagc
Chimp	GATA-ATCACTCTGTGAatttttacagc
Gorilla	GATA-AGCACTCTGTGAatttttacagc
Orangutan	GATA-AGCACTCTGTGAatttttacagc
Rhesus	GAGA-AGCACTCCGTGAatttttagagc
Baboon	GAGA-AGCACTCCGTGAatttttagagc
Marmoset	GAGA-AGCACTCCTGAattttcagagc
Tarsier	GAAA-AGCACTCTGTGAatttttaaac
Mouse lemur	GAGA-AGCACTC--TGAATTTTAgagc
Bushbaby	GA-A-TACTCTG--TGAacttttagagc
Tree shrew	GGGA-AGCAGCC--TGAacttctgggac
Rat	GAGCTAGCTCTTCATAATGTTTTAAagc
Kangaroo rat	GAAT-ATCTCTCCATAaaacttttagtgt
Mouse	G----AGCTCTTCATAAt-ttttaagc
Guinea pig	GAAA-AGCTCTCTGTAAatttttaggac
Squirrel	GAAA-AGCTCTCCATAatttttagagc
Rabbit	GAGA-AGCACA--ACGAGCTCTCAGCGC
Pika	GAGA-AGCACT--ACGGATTCTTAGtac
Alpaca	GAGA-AGCCCTC--TGAGTTCCTAGagc
Dolphin	G-AG-AGCACTC--TGAatttttagagc
Cow	A-GA-AGCACGC--GAA--TTTTAGagc
Microbat	GAAA-AGCACTCTGTGAatttttaagagc
Horse	GAGC-AGCACTCTGTGAatttttagagc
Megabat	GAGA-AGCACTCTGTGAatttttaagaac
Shrew	GTAA-AACACTCTACAGacttttaagc
Hedgehog	GACA-AACAACCCATGAactgctagagc
Elephant	GGCA-AGCACTCTGTGAatactcagagc
Rock hyrax	GACA-AGCACTCCATGAattccaagagc
Tenrec	GACA-GGCACTCTGTGAacgtaaagagc
Sloth	GAGC-AGCACTCTGTGAatcttcagagt
Wallaby	GCAG-AGTTCTCATGAaccatttgagc
Opossum	GTGA-AGTTTCCAATGGccctttgaagc

Wenn Wölfe aus verschiedenen Populationen und zu unterschiedlichen Zeiten mehrmals unabhängig voneinander domestiziert wurden, dann muss auch diese ganz spezielle Deletion von zwei Basenpaaren an genau diesen beiden Positionen mehrfach unabhängig voneinander aufgetreten sein, was übrigens nach evolutionstheoretischer

¹⁰Bold von den Autoren, Rahmen von mir.

Interpretation ohnehin – völlig unabhängig von Wölfen und Hunden – auch bei Arten wie *Mouse lemur*, *Rat*, *Rabbit* etc. immer wieder durch zufällige Mutationen geschehen sein soll (rekurrente Variation). Bei einer Mutationsrate von $1,1 \times 10^{-8}$ per base per generation¹¹ ist ein solches Ereignis bei den zumal sehr kleinen Ausgangspopulationen der jeweils ersten domestizierten Wölfe als Zufallstreffer nun nicht gerade sehr wahrscheinlich. Könnte nicht auch an dieser Stelle vielmehr Design im Spiel sein – vielleicht im Sinne eines Programms, dass bei Nahrungsumstellung (stärkereiche Kost) sowohl die *AMY2B* Kopienzahl als auch die entsprechende Verwertung der nun in größeren Maße anfallenden Maltose durch gezielte Veränderung in dafür notwendigen Genen gewährleistet?

Die Frage der Testbarkeit dieser Hypothese kann wie oben beantwortet werden: In diesem Falle würde man gegen jede Wahrscheinlichkeit (vielleicht ähnlich wie bei der Entdeckung der Multiresistenz von Bakterien gegen Antibiotika) in relativ kleinen Wolfspopulationen über wenige Generationen nicht nur eine Erhöhung der *AMY2B* Kopienzahl erwarten, sondern auch die entsprechende Deletion von 2 Basenpaaren an genau dieser Stelle im *MGAM* Gen. Für den Neodarwinismus (=Synthetische Evolutionstheorie) multiplizieren sich hingegen die Unwahrscheinlichkeiten bei den als zufällig angenommenen Duplikationen und den entsprechenden, aber ebenso zufälligen Deletionen, multipliziert mit der Anzahl der voneinander unabhängigen Domestikationsereignisse vom Wolf zum Haushund an verschiedenen Orten zu verschiedenen Zeiten.

Es handelt sich übrigens bei der Maltase-Glucoamylase (MGAM), auch als Alpha-Glucosidase geführt, um ein 'riesiges' Protein, das beim Hund aus **1833 Aminosäureresten** (*residues*)¹² besteht.

Statistics zum Gen und Protein nach *e!Ensembl* (zunächst für den Menschen, *Homo sapiens*, *Canis lupus familiaris* ist ähnlich)¹³:

“Exons: 48 Coding exons: 47 Transcript length: 6,525 bps Translation length: 1,857 residues” (Hund ebenfalls Exons: 48 / Coding exons 47, aber Transcript length 5668 und Translation length **1833** residues¹⁴)

Einige Angaben zur Funktion gemäß GeneCards (dort die Quellenangaben)¹⁵:

“This gene encodes maltase-glucoamylase, which is a brush border membrane enzyme that plays a role in the final steps of digestion of starch. The protein has two catalytic sites identical to those of sucrase-isomaltase, but the proteins are only 59% homologous. Both are members of glycosyl hydrolase family 31, which has a variety of substrate specificities. (provided by RefSeq, Jul 2008)”

“Function: May serve as an alternate pathway for starch digestion when luminal alpha-amylase activity is reduced because of immaturity or malnutrition. May play a unique role in the digestion of malted dietary oligosaccharides used in food manufacturing”

“Catalytic activity: Hydrolysis of terminal, non-reducing (1->4)-linked alpha-D-glucose residues with release of alpha-D-glucose

Catalytic activity: Hydrolysis of terminal (1->4)-linked alpha-D-glucose residues successively from non-reducing ends of the chains with release of beta-D-glucose”

¹¹Vgl. http://en.wikipedia.org/wiki/Mutation_rate (hier des Menschen. “Using data available from whole genome sequencing, the human genome mutation rate is [...] estimated to be $\sim 1.1 \times 10^{-8}$ per site per generation.” Die Größenordnung dürfte auch auf den Wolf und weitere Säugetiere zutreffen (Zugriff am 29. 1. 2013.)

¹²<http://www.uniprot.org/uniprot/E2RT38>

¹³http://www.ensembl.org/Homo_sapiens/Transcript/ProteinSummary?db=core;g=ENSG00000257335;r=7:141607613-141806547;t=ENST00000549489 (Zugriff 30. 1. 2013)

¹⁴http://www.ensembl.org/Canis_familiaris/Transcript/Summary?db=core;g=ENSCAFG00000003841;r=16:7125102-7216155;t=ENSACFT000000006192 (30. 1. 2013)

¹⁵<http://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=MGAM&ortholog=all#orthologs> (30. 1. 2013)

Zur Frage *Human Similarity* werden zum Haushund in GeneCards für die Nucleotide 87,13 und für Aminosäurerestsequenz 86,59 angegeben.

Um die Unterschiede in diesem Gen und Protein zwischen Wolf und Haushund anschaulich (“plastisch“) darzustellen, gebe ich im Folgenden die Sequenzen gemäß http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/XM_532746 dazu wieder (Zugriff 30. 1. 2013):

```

1  atggcaagaa ggaggtggaa agatttoacg actttggagc ttatgctcag tgtttctctg
61  cttatgggtg ttatcctcag tattcctctg ttgtgctttt cagctcaaga ttctttggaa
121 tcaaaaggac tcaatcccgag gactccagga toatgccctg agccaaagac agatgtctac
181 ccagatccgt ggacagtagt taccocagat cctgggacag caagtaccac cctaattctt
241 gctgtgtgcc cgtgtgtaga tgaagcagaa cggatcaact gcattctctg ccagccacca
301 acaaaggcca catgtgatca cgtgtgggtg tgcctggagc ctcaggggac cataaatgta
361 cctcgtgtgt actattctag gagtcatggt tatcaagggg agggtagatg tgtaaaaacg
421 aatgcagggt tcacagccca gttgaagagg ttgcctcttc catccctatt tggaaatgat
481 gtcaacaatg tccttctcag agcagagtat cagacgtcca atcgcttcca ctttaagtta
541 actgatcaga gcaagacagc gtatgaagtg ccccatgaac atgtgcaacc ctttaaagga
601 gatgctgctt cacccttgac ctatgaagtt gaggtttcca aacagccatt tagcatcaaa
661 gtaatcagaa caagcaataa tcgtgttctg ctggactcag ccatgggacc cctcctgttt
721 gctgatcagt tcctgcaatt ctccaccoga ctgcccagtg ctaatgtgta cggctcggga
781 gaacaggtgc accaacagta caggcatgat atgaattgga agacctggcc tatatttgcc
841 cgggacacaa ctcccaatgg ggatggaaat aacttgtagt gtgcacagac attcttcctg
901 tgtcttgaag atgctagtgg attgtccttt ggagtggttc taatgaacag caatgccatg
961 gaggttgccc tcacgcccac cccagccatc acttaccgca ccatcggggg catctctcag
1021 ttctatgtgt ttttgggaaa cactccagag caagtgtgtc aagagtatct agagctcatt
1081 ggacggccag cctctccctc atactgggac cttggatttc atctcagtcg ttatgattat
1141 ggaacgctag agagcatgag ggaagtctgt cagagaaacc gtgtggctcg gctcccttat
1201 gacgtgcagc atgctgatat tgattatatg catgagagga aggacttcac ttatgatcca
1261 gtaaatataa aaggcttccc tgagtttgtt aaggagttac acaataacag tcagaaattg
1321 gtcatcattg tggatccagc catctccaac aactcttccc cagcaaatcc ttacggccca
1381 tatgacagag gttcaggtgc aaagatatgt gtgaatgctt cagatggggt gacgccgctc
1441 attggagagg tctggcctgg aaaaactgtg ttctcgtatt ataccaaccc tagctgtgct
1501 gtttggtggg caaaggaatt tgagcttttc cacacaaaaa tagaatttga tggaaotctg
1561 attgatatag atgaagtctc caactttgtt gatggttcca ttccagggtg ttccacgagc
1621 catcttaatt atccccattt tgttcccaga atcctggatg ggtacactgt ctccaagagt
1681 ctctgcatgg atgcagtgcg gcattggggc aagcagtagc acgtccacaa tctgtatggc
1741 tactccatgg cgtatcccac ggcagaagct gtcaagacgc tgttccctaa taagagaagc
1801 ttacttttaa cccgttctac ctttgcggga tctggcaagt ttgcagccca ctggttagga
1861 gacaatcgcg ccacctggaa tgatcttcgg tggctctatc cctggcatgc cgagttcaac
1921 ctttttggtg tcccaatggt ggggtctgac atatgtggct ttgcactgga cacctctgag
1981 gagctctgta ggaggtggat gcagctggga gcattttatc cattttccag gaatcacaat
2041 ggccaaggtc acaaggccca ggaatcctgc tcttttggag ctgactctct gctgttgaac
2101 tctccaggcg actaccttaa catccgttac actctattac cctacctcta cacctcttc
2161 taccgtgccc acagccgggg ggacacagtg gccaggcccc ttatgcatga gttctatggg
2221 gatagcagta catgggtagt acaccaacag tttttatggg gaccgggctc cctcatcact
2281 ccagtctctg atgaggtgct agagaaagtg atggcttata taccogtagc cgtctggtag
2341 gattatgaga ctggggcccg agcaagatgg aggaagcaaa gactggaggt gggacttctc
2401 gcagacaaaa ttggaactca ccttcoggga ggccacatct tccccacaca acagccagcc
2461 accaccacgg tggccagtcg ccggaacccc cttgtgttta tcaattgccc ggaatgaac
2521 aaagaagcaa aaggcgaaat tttctgggat gatggggaaa ctaaaagata tgtggcaaat
2581 caagtttatt tcttatgtga gttttctgtc acccaaaacc gcttgtagt gaagattttg
2641 cagtcaactt acaagacccc caataattta gtatttaaag agattaaaaa tcttgggacc
2701 caggaaacct ccaatgttat agtgaacac aatggtagtc caagtcaaac ttctcctaat
2761 gtactttatg attctaacct acaggttgct cttatccag aatttagatc tatcctogga
2821 gaagcatata cgttggaagt ggacctgaag ataaaggtag aagagaaaaa agactgtttt
2881 cctgatgaga cgggtgcttc tgcagcaaac tgtactgccc gtggctgtgc ctgggagcca
2941 tccagttctc ctggaagtcg attctgttat ttgtcaacg atctgtaact tgcacagcat
3001 ttcagtagt actcactagg agccactgct accatctcct taaaatcttc tgtctatgcc
3061 tccgctctgc cctcagtgcc cgtgaactct ctccgctcac gtgtgaccta ccataagaat
3121 gacatgctac agtttaagat ttatgatccc aataataatc ggtatgaagt cccagtcctc
3181 ctcaacatata ccagggttcc atccagcacc tctgagagtc aactctatga tgtcctcatt
3241 aagaagaatc catttgaat cgaatttcgc cggaaagata cgggcactgt gatttgggac
3301 tctcagctcc ttggctttac cttcaatgac atgttcatcc gtaactccac togccttccc
3361 tcccagtagc tctatgtttt tggggaaact gagcacacag cctttcggag agacttgaac
3421 tggcacacat ggggtagtgt ctccagggac caactctccg ggtacaagaa gaattcctat
3481 ggtgtccacc cctactacat ggcactggag gaggatggta gtgcccattg ggtgttactg
3541 ctcaacagca atgccatgga tgtgacattc cagccccctg ctgccttgac ataccgaccc
3601 ataggaggaa ttctggaact ttatgtgttc ttggggccaa ctccagagct tgtcactcag
3661 cagtatactg agatgattgg tggccagtag atggttccct actggtcctt ggggtttcag
3721 ctgtgtcgtc atggctacca gaacactctc gagattgcca gctgtatga tgagatgggt
3781 gctgccaga tccttatga tgtgcagtag tccgacatcg actacatgga cggcgagctg
3841 gacttcaccc tcagcccaaa gttcgcagga ttccagctc tgattactcg catgaaggcc
3901 aacggaatgc ggtctatcct cattctggac ccagccattt ctggtaatga gacgcagccc
3961 tatcctgcat tcaactgggg tgtggaggat gatgtcttca tcaaagctcc aatgtgtgga
4021 ggcattgtct gggggaaggt gtggcctgat ttccctgatg tgcctataaa cgcactccca
4081 gactgggata gtcaagtgga gctgtaccga gcttatgtgg cctttcctga cttttccgt
4141 aactccacta ccacatggtg gaagagggag ctgcaagaac tataccacaa cccccagaat
4201 ccagagagga gcttgaagtt tgacggcatg tggattgata tgaatgagcc agcaagtttt
4261 gtgaatggag agtccccccc aggcctgcag gatgccaacta tgaaccaccc cccctatatg
4321 ccacatttgg agtccaggga taaaggcctg agcagcaaga cctgtgtcat ggagagcgag
4381 caggtcctgc cagatggctc acgggtgcgg cactatgatg ttcacagcct gtatggatgg
4441 gccacagaca gaccacacta cgaagctgtg caggaggtga cgggacagag agggattgtc
4501 atcacccgct ccacattccc ctctctgtgc cgtgggggag gccactggct ggggtgacaac
4561 acggcccgct gggacagctc gaagaagctc atcattggca tgatggagtt cagcctcttc
4621 ggtatatctt atacaggagc agatatattt gggttcttcc aagatgctga atatgagatg
4681 tgtgttgcgt ggtatgcagc tggagccttt taccctcttt cgaggaacca caacacactt
4741 gtagaccaga ggcaagaccc tgtgtcctgg aatgcaacct ttgaggatat ctccagaagt
4801 gtgtgcagca ccagatacac cctgttgcca tatctctaca cctgatgca cctggccacc
4861 acggagggca gtaactgtct cgggctcttt ctccatgagt ttgtgcaga ccgggtgacc
4921 tggaaatgag acagtcaagt tctgtctggc ccagccttcc tagtcagccc tgtcctggag
4981 cctaattgcca gaaatgtcac tgcataatcc cctagagccc gctggtagta ttactacacg
5041 ggtgtggaca ttggagcaag ggcagagtg gactccttgc cagccccctc tgaccacatt
5101 aacttcatg tcctgtgggg ctacatcctg ccttggaag agcctgcgca gaacacccac
5161 ttaagccgct agaaatcoat aggcctcaag gttgctttgg atgatgaggg ggcgtgctaaa
5221 ggctggctct tctgggatga tgggcaaaag attgacacct atggaaaaag acactattac
5281 ctggccaact tttctgccag ccagaatatg atgcagagtc atatagtttt caacaaatc
5341 atcaccgatg caaacctctt gaaactgggc tacgttgaga tctggggagt gggcagtgtt
5401 tccattttcca gtgtcagcat ctctgtgagc ggcattgtga taacgcccac cttcacttat
5461 aaccctgcaa cacagtggtt aagcattgat gtgacgggca gagatatcag cctccataat
5521 ttactttcac tgacgtggag aagcactctg tatttttaga gcaagatttt aattatgaat
5581 agctttggaa ctactctcac ttcattgctta taaagtgtgt gagtagttaa ttggtt

```

Die für Valine codierende Substitution (freq. 0.92 in dogs) ist für den Wolf noch weiter zu untersuchen (auch bei den Unterarten) und Methionin kommt beim Wolf selbst häufig vor (**freq. 0.68**). Es sei noch einmal betont, dass auch die für die beiden Aminosäuren Asparagin und Phenylalanin codierende Nucleotidsequenz (**aat ttt** vor dem Stopcodon **tag**) nicht neu ist, sondern schon vorhanden war und durch die gezielte Deletion der beiden Basenpaare c und a (siehe oben) jetzt erst exprimiert wird.

Dazu die entsprechende Sequenz auf der Proteinebene:

```
/translation="MARRRWKDFTTLELMLSVLLLMVFIITIPFLVLSAQDSLESKGL
NPRTPGSCPEPKTDATPDGTVVTPDPGTASTTPNSAVCPVVDEAERINCPDQPPTK
ATCDQRGCCWRPQGTINVPWCYYSRSHGYQGEDEVVKTNAGFTAQLKRLPSPSLFGND
VNNVLLTAEYQTSNRFHFKLTDQSKDRYEVPEHEVQPFKGAASPLTYEVEVSKQPF
IKVIRTSNNRVLLDSGIGPLLFADQFLQFSTRLPSANVYGLGEQVHQYRHRDMNWKTW
PIFARDTTPNGDGTNLYGAQTFFLCLEDASGLSFGVFLMNSNAMEVALQPTPAITYRT
IGGILDFFYVFLGNTPEQVQVEYLELIGRPALPSYWALGFHLSRYDYGTLESMEVVRQ
NRVARLPYDVQHADIDYMERKDFTYDPVNYKGFPEFVKELHNSQKLVIIVDPAISN
NSSPSNPYPYDRGSGAKIWNASDGLTPLIGEVPWPKTVFPDYTNPSCAVWWAKEFE
LFHNKIEFDGIWIDMNEVSNFVDGSI SGCSTSHLNYPFVPRILDGYLFSKSLCMDAV
QHWGKQYDVHNLGYSMIAATAEAVKTVFPNKRFSFILTRSTFAGSGKFAAHLGDNA
TWNDRWSIPGMLEFNLFIPMVGADICGFALDTSEELCRWMLGAFYFPFSRNHNGQ
GYKADQPASFGADSLNLSRHYLNIRYTLPLPYLYTLFYRAHSRGDTVARPLMHFYG
DSSWTDVHQFLWGPGLLITPVLDEGAEKVMAYIPDAVWYDYETGARARWRKQVVG
LPADKIGLHLRGGHIFPTQQPATTVASRRNPLGLI IALDENKEAKGELFWDDGETKD
TVANQVYLLCEFSVTQNRDLVKILQSTYKDPNNLVFEKIKILGTQETNVIVKHNGIP
SQTSPNVTYDSNLQVALITEIDLILGEAYTVEWDLKIRDEEKIDCFDESASAACT
ARGCAWEASSSPGVPCFYFVNDLYSVSDQYDSHGATATISLKSSVYASALPSVPVTS
LRLRVTYHKNDMLQFKIYDPNNRYEVPVPLNIPRVPSSTSESQLYDVLIKKNPFGE
IRRKSTGTVIWDSQLLGFTFNDMFIRISTRLP SQYLYGFGETEHTAFRRDLNWHWTGM
FSRDQP PGYKKN SYGVHPYMALEEDGSAHGVLNLSNAMDVTFQPLPALTYRTIGGI
LDFYVFLGPTPELVTQQYTEMIGRPVMPVWSLGFQLCRYGYQNDSEIASLYDEMVA
QIPYDVQYSDIDYMERQLDFTLSPKFAGFPALITRMKANGMRVILIDPAISGNETQP
YPAFTRGVEDDVFIKAPNGGGIVWGVWPDFPDVVINASLDWDSQVELYRAYVAFPDF
FRNSTTTWWKRELQELYTNPNQNPERSLKFDMWIDMNEPASFVNGAVPPGCRDATMNH
PPYMPHLESRDKGLSSKTLCESEQVLPDGSRVRYHDVHSLYGWAQTRPTYEAVQEV
TQGRGIVITRSTFPSSGRWGGHVLGDNTAAWDQLKKSIGMMEFSLFGISYTGADICGF
FQDAEYEMCVRWMLGAFYFPFSRNHTIGTRQDPVSWNATFEDISRSVLQTRYTLPL
YLYTLMLHLAHTEGSTVVRPLLHEFVSDRVTNVDSQFLLGPAFLVSPVLEPNARNV
TAYFPARWYDYTYGVDIGARAEWKSLPAPLDHINLHVRRGGYILPWQEP AQNTHLSRQKF
IGFKVALDDEGAAGWLFWDGQSIDTYGKGHYLANFASQNMMSHIVFNKYITDA
NPLKLGVEI WGVGSVSISSVSISSVSGMVIPTFTTYPATQVLSIDVTGRDISLHNFI
SLTWRSTLNE"
```

Die Veränderungen ("candidates") rot und unterstrichen. Wie gesagt: Der **Wolf** segregiert jedoch an der Position 797 (*residue* 797) Valin (V) **und Methionin** (M: freq. 0.68), **Methionin ist also beim Hund nichts wirklich Neues**. Ebenso ist *residue* 1001 nur "nearly fixed for isoleucine in wolf and for valine in dogs" (siehe oben).

Bezogen auf das Wolfsgen ist die Deletion des *Stopcodons* und die damit verbundene Verlängerung um die beiden Aminosäurereste Asparagin und Phenylalanin auch bei mehreren anderen Säugetierarten gegeben. Es bleibt zu untersuchen, ob in den von Axelsson et al. 2013 bisher noch nicht gecheckten Wolfpopulationen (**Arabischer Wolf, Ägyptischer Wolf, Buffalo Wolf (?), Indischer Wolf, Italienischer Wolf, Kaspischer Wolf, Mackenzie-Wolf, Mexikanischer Wolf, Polarwolf, Tibetischer Wolf, Timberwolf (?), Tundrawolf**)¹⁶ diese Mutationen sowie für *residue* 1001 noch gefunden werden.

Wie dem auch sei, auch für dieses Ausnahme-Beispiel eines (wahrscheinlich intelligent vorprogrammierten) physiologischen Funktionsgewinns (quantitativ verbesserter Stärkeabbau bei Umstellung auf stärkehaltigere Ernährung) gilt weiterhin die anfangs formulierte Feststellung: Die Prognose, dass nicht eine einzige völlig neue funktionale DNA-Sequenz (neues Gen) im Rahmen der Hunderassenbildung durch die uns bekannten richtungslosen Mutationen generiert worden ist, dürfte wohl nicht allzu gewagt sein.

¹⁶ <http://de.wikipedia.org/wiki/Wolf> (30. 1. 2013)

Es wird wohl niemand die geringfügigen Abänderungen in den Sequenzen zur Maltase-Glucoamylase (MGAM) mit der Entstehung völlig neuer funktionaler DNA- und Proteinsequenzen verwechseln. Es handelt sich vielmehr um den anfangs erwähnten **“Rest von Umbau“**, ’aber keineswegs um den Aufbau völlig neuer Information und völlig neuer Strukturen’, und zwar für die Domestikation des Wolfs **allgemein**.

Weil für den Haushund generell zutreffend, kann keine einzige der “500 breeds of dogs”¹⁷ (Dawkins) gemäß den **Rassestandards** der Züchtervereinigungen mit den von Axelsson et al. entdeckten Mutationen speziell charakterisiert und von anderen zu unterscheiden werden: **Die von Axelsson et al. (2013) beschriebenen Mutationen haben also nichts mit den gewaltigen phänotypischen Unterschieden zwischen den Hunderassen untereinander sowie zu deren Stammvater, dem Wolf, zu tun, – d. h. jenen enormen Unterschieden/Divergenzen/Abweichungen, die nach Prothero (2007), Coyne (2009), Dawkins (2009/2010), Pringle (2011), Fenner und Lammert (2011) und vielen anderen unmissverständlich die Makroevolution beweisen sollten.**

Dass man jetzt die bisher betrachtete physiologische Anpassung der Hunderassen zur Stärkeverwertung auch nicht einfach als generellen Makroevolutionsbeweis hinzu addieren kann, und schon gar nicht im Sinne des Neodarwinismus (der Synthetischen Evolutionstheorie), zeichnet sich nach den obigen Ausführungen hoffentlich schon deutlich ab (unten weitere Punkte).

Zu ergänzen ist, dass sich der nach Axelsson et al. zitierte mutative Umbau offenbar regelmäßig schon beim Wolf selbst (**fast¹⁸ alle relevanten Mutationen sind auch beim Wolf selbst nachgewiesen**) und bei vielen weiteren Säugetierarten abgespielt hat (rekurrente Variation) und dass die Deutung im Sinne des Neodarwinismus (=Synthetische Evolutionstheorie) durch zufällige Mutation (gleich **mehrere passende Mutationen in wenigen Jahrhunderten oder Jahrtausenden**) und (hier) artifizielle Selektion nicht unproblematisch ist. Es könnte hier vielmehr ein designtes Anpassungs- und entsprechendes Realisationspotenzial zur relativ kurzfristigen Umstellung auf ein verändertes Nahrungsangebot vorliegen – Testkriterien siehe oben. In evolutionstheoretischer Formulierung war der Wolf für die Domestikation/Entstehung der Haushunde “präadaptiert“.

Zwischenbemerkung: Dass die hier vorgestellten Design-Hypothesen etwas grundsätzlich anderes beinhalten als der Lamarckismus, habe ich an anderer Stelle schon deutlich gemacht.¹⁹

Axelsson et al. (2013, p. 4) sprechen weiter von einem vierten Kandidaten für ihre Selektionshypothese:

¹⁷ Der VDH (Verband für das Deutsche Hundewesen) führt 343 Hunderassen auf; siehe <http://www.vdh.de/welpen/rasse> (Zugriff 1. 2. 2013)

¹⁸ Meine relativ leicht testbare Hypothese dazu ist, dass im Zuge der weiteren Forschung auch AMY2B Duplikationen bei der Untersuchung weiterer Wolfspopulationen nachgewiesen werden könnten und ebenso die oben genannte Deletion des Stopcodon.

¹⁹ http://www.weloennig.de/Gesetz_Rekurrente_Variation.html#cichlidae, <http://www.weloennig.de/AesVII.html>, http://www.evolutionnews.org/2011/12/a_1_hughess_new053881.html

“A fourth candidate mutation in **intron 37** affects a predicted binding site for the glucose metabolism regulator **NR4A2 protein** by shifting the wolf sequence away from the canonical NR4A2-binding motif. Three out of four mammals with the wolf allele at this site rely heavily on insects or fish for their nutritional requirements (Supplementary Table 19).”

Ein schönes Beispiel für die funktionale Bedeutung von Intronsequenzen, die von vielen Evolutionstheoretikern anfangs als “junk“ missinterpretiert wurden! (Wir kommen unten auf diese “*candidate mutation in intron 37*“ zurück.)

Die Autoren fahren fort:

“Once starch has been digested to glucose it is absorbed through the luminal plasma membrane of the small intestine by the sodium/glucose cotransporter 1 (SGLT1). To benefit from an increased capacity to digest starch, **dogs would therefore be expected to show a parallel increase in glucose uptake.**”

Ob nach der herrschenden Theorie in der kurzen Domestikationszeit diese grundsätzlich richtige Erwartung allerdings durch weitere zufällige, aber genau passende Mutationen zu erklären ist, bleibt fraglich. Die nach den bisherigen Daten mindestens 4-6mal unabhängig voneinander erfolgte Domestikation des Wolfs (Details siehe unten Vilá und Leonhard 2012) mit gleichen genetisch-physiologischen Veränderungen erinnert mich an Wahrscheinlichkeit simultaner Komplexmutationen²⁰, zu welcher Vertreter der Synthetischen Evolutionstheorie selbst einige Überlegungen vorgenommen haben, die hier nach Simpson und Thenius kurz zitiert seien:

“Simultane Komplexmutationen, die für das plötzliche Auftreten völlig neuer Organisationstypen notwendig wären, konnten bisher nicht nachgewiesen werden. Da die Gene unabhängig voneinander und richtungslos mutieren, ist die Wahrscheinlichkeit, daß tatsächlich ein lebensfähiger Organismus durch eine derartige simultane Komplexmutation (z.B. 5 Mutationen) entsteht, so gering, daß selbst unter günstigen Voraussetzungen (Population von 100 000 000 Individuen, Generationsdauer 1 Tag und Mutationsrate 0,000 01), nach der Wahrscheinlichkeitsrechnung für ein einmaliges Auftreten eine Zeitspanne notwendig wäre, die das Alter der Erde um das Hundertfache übertrifft (G. G. Simpson). Das heißt, mit den Ergebnissen der Genetik lassen sich große, sprunghafte Veränderungen, die mit durchgreifenden Umkonstruktionen verbunden sind, nicht in Einklang bringen.“²¹

Diese Punkte und Fragen möchten wir im Sinn behalten, wenn wir jetzt die weiteren Ergebnisse von Axelsson et al. diskutieren. Wir lesen (p. 4):

“A CDR on chromosome 26 (Supplementary Fig. 5a, b) encompasses *SGLT1* and a gene (*SGLT3*) encoding the glucose-sensing sodium/glucose cotransporter 3 protein. To characterize the haplotype diversity we genotyped 48 randomly chosen SNPs across this CDR in the reference panel and identified a 50.5-kb region, spanning the 39 section of *SGLT1* as well as the 3' end of *SGLT3*, that is highly divergent between dog and wolf (Supplementary Fig. 5c). In this region **all dogs tested were carriers of a particular haplotype, for which 63 were homozygous and eight heterozygous. This contrasts to 19 wolves where a single individual carried one copy of the haplotype.** Based on the high haplotype differentiation (average F_{ST} for 18 SNPs in 50.5-kb haplotype = 0.81) it is likely that *SGLT1* and its 3' region represents an additional dog domestication locus.”

Also auch **dieser haplotype** kommt demnach schon beim Wolf vor und ist folglich ebenfalls **nicht neu**. Überdies sind 19 Wölfe eine recht geringe Zahl für eine gute Statistik in dieser Frage – besser wäre vielleicht das Zehnfache aus möglichst vielen Unterarten (ich verstehe andererseits natürlich, dass den Autoren Grenzen im Arbeitsaufwand gesetzt sind und dass sie lobenswerter Weise schon recht viel Arbeit investiert und viele Datenfragen schon recht gründlich untersucht haben, dennoch scheint mir in diesem Punkt zur wissenschaftlichen Absicherung der Befunde Nachholbedarf zu bestehen). **Jedenfalls ist selbst bei der bisher**

²⁰ mehrere zueinander passender Mutationen zum Aufbau neuer synorganisierter Strukturen. Die Autoren vertreten jedoch eine graduelle Evolution – siehe auch unten.

²¹ <http://www.weloennig.de/AuIDa.html>

untersuchten relativ kleinen Anzahl der Wölfe dieser Haplotypus schon nachgewiesen – in evolutionstheoretischer Terminologie würde man wohl wieder von **“Präadaptation“** für die Domestikation zum Haushund sprechen.

Weiter Axelsson et al. 2013, p. 4:

“The 50.5-kb region includes **a conservative isoleucine to valine substitution in SGLT1 (residue 244)** that affects a loop facing the extracellular side of the luminal membrane (Supplementary Table 15). Heterologous expression analysis shows that glycosylation at a nearby site (residue 248) affects glucose transport, indicating that **it is possible** that dogs acquired improved glucose uptake as a result of the observed substitution. In addition, we see only non-significant differences in *SGLT1* expression in pancreas of dog (n = 9) and wolf (n = 4) (P = 0.39, Wilcoxon) (Supplementary Fig. 6), indicating that selection primarily targeted a structural rather than regulatory mutation in *SGLT1*.”

“...**it is possible that dogs acquired** improved glucose uptake as a result of the observed substitution.” Die Autoren übersehen dabei offenbar, dass Wolfpopulationen selbst schon diese Substitution aufzuweisen haben (wenn auch nur in geringer Frequenz). So it is possible that ***Canis lupus* itself already acquired the potential for improved glucose uptake...**

Bevor wir uns das Gen und Protein noch etwas genauer ansehen, einige einführende Bemerkungen vorweg (gemäß *myogenic.de*²²):

“Neben den Glukosetransportern der Familie SLC2 existiert noch eine Reihe von **Na⁺/Glukose-Kotransportern**. Sie werden von Genen der Familie SLC5 (Solute Carrier Familie 5) codiert. Diesen Transportertypen nennt man **SGLT** (sodium/glucose cotransporter oder sodium-dependent glucose transporter). Im Gegensatz zu GLUTs spielen SGLTs eine untergeordnete Rolle für die Aufnahme von Glukose in Körperzellen. SGLTs sind hingegen **hauptsächlich für die Aufnahme von Nahrungsglukose im Darm verantwortlich**. Ein weiterer Unterschied ist ihre Arbeitsweise: Es handelt sich hierbei um Symporter mit mindestens zwei Substraten, Na⁺ und Monosaccharide. Der Glukosetransport erfolgt dabei sekundär aktiv zum Natriumtransport. SGLTs wird außerdem ein Einfluss auf den Transport von Wasser zugeschrieben“

Zu den **“Isoformen der Natrium/Glukose-Kotransporter im menschlichen Genom“** finden wir weiter folgende Information mit anschließender Tabelle, aus der nur die relevanten Punkte zum SGLT-1 Protein zitiert seien:

“Der Genfamilie SLC5 werden auf struktureller Basis 12 Gene zugeordnet. Fünf davon sind SGLTs, zwei sind Na⁺/Myo-Inositol-Kotransporter (SMIT, bekannt aus der SLC2-Familie). Die anderen SLC5-Proteine sind Transporter mit breiter Affinität für diverse Fettsäuren, Laktat, Vitamine und diverse gelöste Gase.“

SGLT-1 (Protein), Gewebeverteilung: Dünndarm, Niere, Herz, Muskulatur. **Gen: SLC5A1**. Funktion: Na⁺-gekoppelter, aktiver Glukose- und Galaktosetransport, vorrangig transepithelialer Glukosetransport.

SGLT-2 (Protein), Gewebeverteilung: Niere. **Gen: SLC5A2**. Funktion: **Gemeinsam mit SGLT-1** Glukoseaufnahme in Epithelzellen der Niere.²³

Zur **“Physiologische Bedeutung“** finden wir u. a. folgende Information: **“SGLTs werden vorrangig in den Zellen des Dünndarms und der Niere exprimiert. Im Dünndarm sind sie für die Aufnahme von Nahrungsglukose in die Blutbahn verantwortlich. In der Niere sorgen sie für die Rückresorption von Glukose aus dem Primärharn.“** Und speziell zur **“Rückresorption von Glukose“**:

“Die Niere filtert das Blut und stellt daraus den sogenannten Primärharn her, der für die Ausscheidung aus dem Körper vorgesehen ist. Der **Primärharn** enthält jedoch zunächst auch Stoffe, die für den Körper wertvoll sind, beispielsweise **Glukose und Aminosäuren**, möglicherweise auch Creatin. **Die Niere entzieht dem Primärharn anschließend diese Stoffe und gibt sie in den Blutkreislauf zur Wiederverwertung zurück.** Erst der nicht weiter verwertbare Rest, der Endharn, wird ausgeschieden. **SGLTs nehmen Glukose und Natrium aus dem Primärharn auf** und sind somit ein Teil der

²² <http://myogenic.de/wiki/physio:sglt> (Zugriff 4. 2. 2013)

²³ Form der Tabelle hier nicht wiedergegeben; siehe dazu und zu en weiteren Proteinen und Genen den Link zum Dokument.

Und z. T. Wiederholung sowie ein paar (weitere) Informationen zum *SLC5A1* Gene (nach GeneCards; dort die Quellenangaben):

“[.....] **Mutations in this gene have been associated with glucose-galactose malabsorption.** Multiple transcript variants encoding different isoforms have been found for this gene. (provided by RefSeq, Jan 2012)”

Function: Actively transports glucose into cells by Na(+) cotransport with a Na(+) to glucose coupling ratio of 2:1. Efficient substrate transport in mammalian kidney is provided by the concerted action of a low affinity high capacity and a high affinity low capacity Na(+)/glucose cotransporter arranged in series along kidney proximal tubules

Recommended Name: Sodium/glucose cotransporter 1

Size: [Humans:] 664 amino acids [**dog: 662**]; 73498 Da

Subcellular location: Membrane; Multi-pass membrane protein

Zur Veranschaulichung des Geschehens (**Mutation rot** von mir hervorgehoben) im Folgenden die Sequenzen zum *SLC5A1* Gen²⁴ des Haushunds (*Canis lupus familiaris*) (cDNA, darunter die Aminosäuren):

```

1  ATGGACAGTACCACCTGGAGCCCCATGACCAACGCCACTGCCTCACCCCTCGCGCCCCAC
1  ATGGACAGTACCACCTGGAGCCCCATGACCAACGCCACTGCCTCACCCCTCGCGCCCCAC
1  -M--D--S--T--T--W--S--P--M--T--N--A--T--A--S--P--L--A--P--H--
61  GAGCGCATCCGCAATGCCGCCGACATCTCTGTCATCGTCATCTACTTTGTGTTGGTGATG
61  GAGCGCATCCGCAATGCCGCCGACATCTCTGTCATCGTCATCTACTTTGTGGTGGTGATG
21  -E--R--I--R--N--A--A--D--I--S--V--I--V--I--Y--F--V--V--V--M--
121  GCTGTTGGGCTGTGGGCTATGTTTTCCACTAATCGTGGACTGTTGGAGGCTTCTTCTTG
121  GCTGTGGGGCTGTGGGCTATGTTTCCACTAATCGTGGGACTGTTGGAGGCTTCTTCTTG
41  -A--V--G--L--W--A--M--F--S--T--N--R--G--T--V--G--G--F--F--L--
181  GCAGGACGGAGTATGGTGTGGTGGCCGGTTGGAGCATCTCTCTTTGCCAGTAACATTGGG
181  GCAGGACGGAGTATGGTGTGGTGGCCGGTTGGAGCATCTCTCTTTGCCAGTAACATTGGG
61  -A--G--R--S--M--V--W--W--P--V--G--A--S--L--F--A--S--N--I--G--
241  AGTGGCCACTTTGTGGGCTGGCGGGGACAGGAGCTGCTGCAGGCATTGCCATGGGAGG
241  AGTGGCCACTTTGTGGGGCTGGCGGGACAGGAGCTGCTGCAGGCATTGCCATGGGAGGC
81  -S--G--H--F--V--G--L--A--G--T--G--A--A--A--G--I--A--M--G--G--
301  TTTGAATGGAATGCCTTGATTTGGGTAGTGTCTTGGGCTGGGTGTTGTTTCCATTTAC
301  TTTGAATGGAATGCCTTGATTGGGTAGTTGTCTTGGGCTGGGTGTTGTTTCCATTTAC
101  -F--E--W--N--A--L--I--W--V--V--V--L--G--W--V--F--V--P--I--Y--
361  ATTAAGGCTGGGGTGGTGACAATGCCAGAGTACCTGAGGAAGCGATTTGGAGGCAAGCGA
361  ATTAAGGCTGGGGTGGTGACAATGCCAGAGTACCTGAGGAAGCGATTGGAGGCAAGCGA
121  -I--K--A--G--V--V--T--M--P--E--Y--L--R--K--R--F--G--K--R--

```

²⁴ Gelb: Alternating codons; blau: Alternating exons, Aminosäurereste (residues) von mir hellgrau markiert. Substitution: rot.

Nach: http://www.ensembl.org/Canis_familiaris/Transcript/Sequence_cDNA?db=core;g=ENSCAFG00000013439;r=26:24884853-24956190;t=ENSCAFT00000021332 (Zugriff 4.1.2013)

421 ATCCAGATCTACCTCTCTATTCTGTCCCTGTTACTCTACATTTTCACTAAGATCTCGGCA
 421 ATCCAGATCTACCTCTCTATTCTGTCCCTGTTACTCTACATTTTCACTAAGATCTCGGCA
 141 -I--Q--I--Y--L--S--I--L--S--L--L--L--Y--I--F--T--K--I--S--A--
 481 GATATCTTCTCTGGGGCCATATTTATCAACATGGCCTTGGGTCTTGATCTTTACCTGGCC
 481 GATATCTTCTCTGGGGCCATATTTATCAACATGGCCTTGGGTCTTGATCTTTACCTGGCC
 161 -D--I--F--S--G--A--I--F--I--N--M--A--L--G--L--D--L--Y--L--A--
 541 ATCTTTATCTTATTGGCAATCACTGGCCTTTACACAATCACAGGGGGCCTGGCAGCTGTG
 541 ATCTTTATCTTATTGGCAATCACTGGCCTTTACACAATCACAGGGGGCCTGGCAGCTGTG
 181 -I--F--I--L--L--A--I--T--G--L--Y--T--I--T--G--G--L--A--A--V--
 601 ATTTACACAGACACTTTGCAGACGGCCATCATGCTGGTGGGTCTCTTATCCTGACTGGG
 601 ATTTACACAGACACTTTGCAGACGGCCATCATGCTGGTGGGTCTCTTATCCTGACTGGG
 201 -I--Y--T--D--T--L--Q--T--A--I--M--L--V--G--S--L--I--L--T--G--
 661 TTTGCTTTTCACGAAGTGGAGGGTATGATGCCTTCATGACAAAGTACATGAACGCCCTT
 661 TTTGCTTTTCACGAAGTGGAGGGTATGATGCCTTCATGACAAAGTACATGAACGCCCTT
 221 -F--A--F--H--E--V--G--G--Y--D--A--F--M--T--K--Y--M--N--A--L--
 721 CCAACTGTGTTACTGATGGAACCTCACCGTTAAGGAAGAAATGCTATACACCAAGAGCT
 721 CCAACTGTGTTACTGATGGAACCTCACCGTTAAGGAAGAAATGCTATACACCAAGAGCT
 241 -P--T--V--S--T--D--G--N--F--T--V--K--E--E--C--Y--T--P--R--A--
 781 GACTCTTTTCACATTTTCCGAGATCCCATCAGTGGAGATCTGCCATGGCCTGGGCTCATC
 781 GACTCTTTTCACATTTTCCGAGATCCCATCAGTGGAGATCTGCCATGGCCTGGGCTCATC
 261 -D--S--F--H--I--F--R--D--P--I--S--G--D--L--P--W--P--G--L--I--
 841 TTTGGGTTGTCCATCCTTGCCCTGTGGTATTGGTGCACAGATCAGGTCATTGTGCAACGC
 841 TTTGGGTTGTCCATCCTTGCCCTGTGGTATTGGTGCACAGATCAGGTCATTGTGCAACGC
 281 -F--G--L--S--I--L--A--L--W--Y--W--C--T--D--Q--V--I--V--Q--R--
 901 TGCCCTCTCAGCCAAAACATGTCTCATGTGAAGGCCGGCTGTATCCTGTGTGGGTACATG
 901 TGCCCTCTCAGCCAAAACATGTCTCATGTGAAGGCCGGCTGTATCCTGTGTGGGTACATG
 301 -C--L--S--A--K--N--M--S--H--V--K--A--G--C--I--L--C--G--Y--M--
 961 AAGCTGCTACCCATGTTCCTTATGGTGATGCCAGGGATGATCAGCGCATTCTGTACACA
 961 AAGCTGCTACCCATGTTCCTTATGGTGATGCCAGGGATGATCAGCGCATTCTGTACACA
 321 -K--L--L--P--M--F--L--M--V--M--P--G--M--I--S--R--I--L--Y--T--
 1021 GAAAAAGTTGCCTGCAACCGTCCTTCGGAAATGTAAGAAATATTGTGGTACTGAGGTTGGC
 1021 GAAAAAGTTGCCTGCAACCGTCCTTCGGAAATGTAAGAAATATTGTGGTACTGAGGTTGGC
 341 -E--K--V--A--C--T--V--P--S--E--C--K--K--Y--C--G--T--E--V--G--
 1081 TGTACCAACATCGCTTACCCGACTTTGGTGGTGGAGCTCATGCCTGATGGAAGTGCAGAGGT
 1081 TGTACCAACATCGCTTACCCGACTTTGGTGGTGGAGCTCATGCCTGATGGAAGTGCAGAGGT
 361 -C--T--N--I--A--Y--P--T--L--V--V--E--L--M--P--D--G--L--R--G--

1141 CTGATGCTGTCAAGTCATGTTGGCCCTCTCTCATGAGCTCCTTAACCTCCATCTTCAATAGT
 1141 CTGATGCTGTCAAGTCATGTTGGCCCTCTCTCATGAGCTCCTTAACCTCCATCTTCAATAGT
 381 -L--M--L--S--V--M--L--A--S--L--M--S--S--L--T--S--I--F--N--S--
 1201 GCCAGTACCCTCTTCAACATGGACATCTACACCAAGGTCCGAAAGGGAGCATCTGAGAAA
 1201 GCCAGTACCCTCTTCAACATGGACATCTACACCAAGGTCCGAAAGGGAGCATCTGAGAAA
 401 -A--S--T--L--F--T--M--D--I--Y--T--K--V--R--K--G--A--S--E--K--
 1261 GAGCTTATGATTGCAGGAAGGTTGTTTCATCTGCTGCTGATAGGTATCAGCATTGCCTGG
 1261 GAGCTTATGATTGCAGGAAGGTTGTTTCATCTGCTGCTGATAGGTATCAGCATTGCCTGG
 421 -E--L--M--I--A--G--R--L--F--I--L--V--L--I--G--I--S--I--A--W--
 1321 GTACCCATTGTGCAGTCAGCACAAAGTGGGAGCTCTTCGATTACATCCAGTCCATTACC
 1321 GTACCCATTGTGCAGTCAGCACAAAGTGGGAGCTCTTCGATTACATCCAGTCCATTACC
 441 -V--P--I--V--Q--S--A--Q--S--G--Q--L--F--D--Y--I--Q--S--I--T--
 1381 AGTTACTTGGGACCAACCATTCAGCTGTCTTCCTGCTTGTCTATTTCGCAAGAGAGTC
 1381 AGTTACTTGGGACCAACCATTCAGCTGTCTTCCTGCTTGTCTATTTCGCAAGAGAGTC
 461 -S--Y--L--G--P--P--I--A--A--V--F--L--L--A--I--F--C--K--R--V--
 1441 AATGAGCAGGGAGGCCTTTGGGGAAGTATCATAGGATTTCTGATTGGGCTGCCGTATG
 1441 AATGAGCAGGGAGGCCTTTGGGGAAGTATCATAGGATTTCTGATTGGGCTGCCGTATG
 481 -N--E--Q--G--A--F--W--G--L--I--I--G--F--L--I--G--V--S--R--M--
 1501 GTGACTGAATTTGCCATGGAAGTGGGAGCTGCATGCAGCCAGCAACTGTCCCACGATT
 1501 GTGACTGAATTTGCCATGGAAGTGGGAGCTGCATGCAGCCAGCAACTGTCCCACGATT
 501 -V--T--E--F--A--Y--G--T--G--S--C--M--Q--P--S--N--C--P--T--I--
 1561 ATCTGTGGAGTGCACATACCTATACCTTGGCCATCATCCTCTTTGTCTATTCTGTCTCATC
 1561 ATCTGTGGAGTGCACATACCTATACCTTGGCCATCATCCTCTTTGTCTATTCTGTCTCATC
 521 -I--C--G--V--H--Y--L--Y--F--A--I--I--L--F--V--I--S--V--V--I--
 1621 ATCTGTGGTGTCTCTCTTCAACCAAGCAATTCCAGATGTGCATCTCTACCGCCTGTGT
 1621 ATCTGTGGTGTCTCTCTTCAACCAAGCAATTCCAGATGTGCATCTCTACCGCCTGTGT
 541 -I--L--V--V--S--L--F--T--K--P--I--P--D--V--H--L--Y--R--L--C--
 1681 TGGAGCCTACGCAACAGCAAAGAGGAGCGTATTGACTTGGATGCTGGAGAAGAGGACATC
 1681 TGGAGCCTACGCAACAGCAAAGAGGAGCGTATTGACTTGGATGCTGGAGAAGAGGACATC
 561 -W--S--L--R--N--S--K--E--E--R--I--D--L--D--A--G--E--E--D--I--
 1741 CAAGAAACCCAGAGGAGACCCTTGATATAGAAGTTCCTGAGGAGAAAAAGGATGCTTC
 1741 CAAGAAACCCAGAGGAGACCCTTGATATAGAAGTTCCTGAGGAGAAAAAGGATGCTTC
 581 -Q--E--T--P--E--E--T--L--D--I--E--V--P--E--E--K--K--G--C--F--
 1801 AGGCGTGCCATGACCTATTCTGTGGCCTGGACCAGCAGAAGGGCCCCAAGATGACAAAG
 1801 AGGCGTGCCATGACCTATTCTGTGGCCTGGACCAGCAGAAGGGCCCCAAGATGACAAAG
 601 -R--R--A--Y--D--L--F--C--G--L--D--Q--Q--K--G--P--K--M--T--K--

```

1861 GAAGAGGAGGAAAGCTATGAAGCTGAAGATGACAGACCTCAGAGAAACCTTCTGGCGA
1861 GAAGAGGAGGAAGCTATGAAGCTGAAGATGACAGACCTCAGAGAAACCTTCTGGCGA
621 -E--E--E--E--A--M--K--L--K--M--T--D--T--S--E--K--P--F--W--R--
1921 ACAGTAGTGAACATTAAATGGCATCATCTGCTGTCTGTGGCAGTTTCTGCCATGCATTT
1921 ACAGTAGTGAACATTAATGGCATCATCTGCTGTCTGTGGCAGTTTCTGCCATGCATTT
641 -T--V--V--N--I--N--G--I--I--L--L--S--V--A--V--F--C--H--A--F--
1981 TTTGCTGA
1981 TTTGCCTGA
661 -F--A--*--

```

Nach Aufführung dieser Sequenzen samt Substitution darf ich das oben zum *MGAM* Gen Gesagte nun für das *SGLT1* Gen wiederholen (ich betone diesen Punkt so nachdrücklich, weil er in einer Diskussion in Frage gestellt wurde):

Es wird wohl niemand die geringfügige Abänderung, **die ja ohnehin auch schon beim Wolf selbst vorkommt**, mit der Entstehung völlig neuer funktionaler DNA- und Proteinsequenzen verwechseln. Es handelt sich vielmehr wieder um den anfangs erwähnten **“Rest von Umbau“**, aber keineswegs um den Aufbau völlig neuer Information und völlig neuer Strukturen.

Die anfangs formulierte Feststellung wird damit **ein weiteres Mal bestätigt**: *Die Prognose, dass nicht eine einzige völlig neue funktionale DNA-Sequenz (neues Gen) im Rahmen der Hunderassenbildung durch die uns bekannten richtungslosen Mutationen generiert worden ist, dürfte wohl nicht allzu gewagt sein.*

An dieser Stelle möchte ich auf den oben schon genannten *“fourth candidate mutation“* im *MGAM* Gen zurückkommen. Wir erinnern uns:

“A fourth candidate mutation in **intron 37** affects a predicted binding site for the glucose metabolism regulator **NR4A2 protein** by shifting the wolf sequence away from the canonical NR4A2-binding motif. **Three out of four mammals with the wolf allele at this site rely heavily on insects or fish for their nutritional requirements** (Supplementary Table 19).”

Im Text zur Tabelle (Table S19, p. 60; siehe unten) finden wir dazu folgende Ergänzungen:

“Table S19. *MGAM* candidate causative mutation affecting NR4A2 transcription factor binding site (chr16: 10,117,660). **Wolf share a T with 4 other mammals at this site**: the mainly insectivorous tarsier and marmoset, the fish eating dolphin **and the primarily seed eating kangaroo rat**. Dog and 21 other mammals share a C, as in the canonical binding motif of the NR4A2 protein.”

Die *“primarily seed eating kangaroo rat“* passt nicht zu dem Selektionsvorteil, den der Haushund mit der Substitution von T (Wolf) zu C erworben haben könnte. Umgekehrt hat die/das in der Tabelle aufgeführte **carnivore Microbat ebenfalls ein C** an dieser Position – sollte man nach der Selektionstheorie dort nicht eigentlich ein T erwarten? Im Dokument *Bat Conservation & Rescue QLD. INC.* heißt es zur Frage Microbats: “What are they eating?”²⁵:

“Microbats eat many pest **insects including lawn grub moths, weevils, beetles, midges, flying termites, disease carrying mosquitoes, and many more. Some microbats also eat frogs and small fish.** A recent

²⁵ http://www.bats.org.au/?page_id=20 (Zugriff 4. 2. 2013)

survey in a major grain-growing region of Australia, found 100% of a microbats diet **were grain weevils**. So for crop protection and by helping to limit the use of pesticide, by encouraging microbats we could save our economy as well as our health. Yet we humans are mostly unaware of the benefits of living with bats in our neighbourhood.“

Table S19 nach Axelsson et al. (2013, p. 60, Supplementary Information):
“MGAM candidate causative mutation affecting NR4A2 transcription factor binding site (chr16: 10,117,660).“ (Siehe den weiteren Text der Autoren dazu oben; die nicht zu der selektionstheoretischen Interpretation passenden Beispiele **von mir markiert**. Die Liste sollte möglichst um weitere Carnivoren ergänzt werden.)

Canonical NR4A2 binding motif	TGACCTT
Dog	TGACATC
Wolf	TGATATC
Human	TGACCTT
Common marmoset	TGTTCTT
Macaque	- - - - TT
Orangutan	TGACCTT
Gorilla	TGACCTT
Chimpanzee	TGACCTT
Grey mouse lemur	T - - - CC
Philippine tarsier	TTATTTT
Rat	TGACC - -
Kangaroo Rat	TGATTTC
Guinea pig	TGACATC
Rabbit	TGACATC
Pika	TGACATC
Horse	TGACATC
Micro bat	TGACATC
Large flying fox	TGACATC
Cow	TGACATC
Dolphin	TTATCTC
Lama	- GACCTC
Common shrew	TGACCTT
Thirteen lined ground squirrel	TGACCTT
Rock hyrax	TGACCTT
Hoffmann's two-toed sloth	TGACCAT
Platypus	- GGCCAG
Mouse	TGACCT -
Elephant	TGCCCTT
Hedgehog	TCACTTC

Im *Fact Sheet – Microbats (suborder Microchiroptera)* wird die Frage wie folgt beantwortet:

“What do microbats eat?

Each species eats different sized food including **mice, frogs, other bats, small birds, fish, large grasshoppers, moths, caterpillars, beetles, bugs, spiders, scorpions, cockroaches, flies, ants,**

mosquitoes, termites and gnats. On the American continents there are microbat species which also feed on fruit, flowers and blood.”

Und aus der Wikipedia erhalten wir folgende Information²⁶:

“**Most microbats feed on insects. Some of the larger species hunt birds, lizards, frogs or even fish.** Microbats that feed on the blood of large mammals (vampire bats) exist in the Americas south of the United States. Microbats are 4 to 16 cm long. [1] **Leaf-Nosed Microbats are also known to be fruit and nectar-eating.**”

Die Autoren machen jedoch keine Angabe zur untersuchten Spezies. Hier wäre ein Vergleich der beiden Formen interessant. Die **rein karnivore Common shrew** hat jedoch ebenfalls ein **C** an dieser Position (**chr16: 10,117,660**):

“The shrew’s **carnivorous and insectivorous diet** consists mostly of **insects, slugs, spiders, small mice and worms.**”²⁷

Und der **Igel** frisst mit seinem **C** an dieser Position zumindest deutlich mehr Fleisch als Pflanzenkost:

“**Beetles, caterpillars, earthworms, slugs and snails are the hedgehog's favourite food**, but the diet is varied and they will also eat cereals, pet foods, and fresh meat.”²⁸

Nach den bisherigen Daten erscheint mir die selektionstheoretische Deutung der Substitution von T zu C beim Haushund wenig überzeugend. Die Angelegenheit wird vielleicht noch etwas verwirrender, wenn man sich dazu die **Tabelle S15** genauer ansieht. Hier finden wir zu chr.16, “**position 10117660**“ (also genau wie oben zu **Table S19**, nur ohne Kommata) eine Angabe von “0.57“ zur Frequenz beim Wolf für das ursprüngliche Allel, and eine “1“ zum Haushund für das “neue“. **Also kommt auch dieses scheinbar neue Allel bereits beim Wolf selbst vor** (und immerhin mit einer Frequenz von 0.43; **Präadaptation**). Soweit alles klar. In der Tabelle geben die Autoren jedoch zum Wolf für genau diese Position das *Allel A* an und für den Hund *Allel G*. – Angabe der komplementären Basen?

Was nun den Menschen betrifft, – sollte man nach der selektionstheoretischen Deutung von Axelsson et al. für die **seit Jahrtausenden** (bis in die zweite Hälfte des 20. Jahrhunderts) “carnivor“ lebenden Inuit und vergleichbaren Volksgruppen der nördlichen Kälteregeonen (und vielleicht auch bei den heutigen *hunter-gatherers*) sowie ihren carnivor ernährten Hunden nicht ebenfalls ein T statt des C erwarten (siehe zum Haushund auch die Abbildung und den Text ein paar Seiten zuvor)?

Die Autoren schreiben zusammenfassend (2013, p. 4):

“In conclusion, we have presented **evidence that dog domestication was accompanied by selection at three genes with key roles in starch digestion: AMY2B, MGAM and SGLT1.**”

Zuvor stellen Axelsson et al. nach Hinweisen zu *MGAM* (“To decipher whether the candidate mutations act primarily on expression or protein activity we examined *MGAM* expression in pancreas and the resulting enzymatic activity in

²⁶ <http://en.wikipedia.org/wiki/Microbat> (Zugriff 4. 2. 2013)

²⁷ http://en.wikipedia.org/wiki/Common_shrew (Ebenfalls 4. 2. 2013)

²⁸ <http://www.wildlifetrust.org.uk/facts/hedge.htm> (Wieder 4. 2. 2013)

serum. Dogs showed a ca. **12-fold higher expression** [...] and a ca. **twofold increase in maltose to glucose turnover** compared to wolves”), Folgendes fest:

“Although we cannot rule out that diet-induced plasticity contributed to this difference, our results indicate that the mutation affecting a NR4A2-binding site or **another unknown variant** probably affect the expression of *MGAM*. **Selection** may thus clearly have led to increased *MGAM* expression, but we cannot rule out that the strong selection affecting this locus may have favoured the accumulation of protein-coding changes on the same haplotype. **Similar scenarios have been seen for white coat colour in dogs and pigs, where repeated selection for additional mutations has resulted in an allelic series of white spotting at the MTF and KIT loci, respectively.**”

Im Gegensatz zu den Befunden von Axelsson et al., haben die Züchter bei den genannten **allelic series** jedoch zumeist ganz **bewusst auf ein Ziel (Farbe)** hin selektiert²⁹, **was bei der Ernährung der Hunde nicht der Fall war.**

Bei den *allelic series of white spotting* handelt es sich weiter um Informations- und Integrationsabbau (siehe die Details zu *MITF* oben und zum Schwein in der Fußnote), und zwar um Mutationen, die erst in den Zuchtlinien selbst aufgetreten sind. In den Wolfspopulationen hingegen waren/sind die meisten der für einen vermehrten Stärkeabbau relevanten “*candidate mutations*“ schon vorhanden (wenn auch manchmal nur in geringer Frequenz).

Im Kontrast zum oben bis ins Detail dokumentierten generellen Trend des Informations- und Integrationsabbaus (Abbau genetischer und anatomischer Strukturen und Funktionen) bei der Entstehung der stark unterschiedlichen Phänotypen der Hunderassen, handelt es sich bei der allgemeinen Anpassung unseres Haushunds an eine stärkereichere Kost/Ernährung durch “a remarkable **7.4-fold average increase in dog *AMY2B* copy numbers**“ in Kombination mit mehreren **zumeist schon beim Wolf selbst festgestellten Substitutionen** im *MGAM* Gen und *SGLT1* Gen um einen **quantitativen Funktionsgewinn**, der unabhängig in “*multiple source populations*” (ebenso Hare & Tomasello 2005, p. 441: “***Dogs evolved multiple times from Old World wolves*** [34–38]“ – rekurrente Variation) im Sinne einer (z. T. reversiblen³⁰) **horizontalen Mikroevolution** in entsprechend präadaptierten Wolfspopulationen aufgetreten ist (siehe dazu auch das oben erwähnte testbare Design-Programm).

²⁹ Auch beim Schwein, vgl. Marklund et al.: <http://genome.cshlp.org/content/8/8/826.long>: “**There is a strong preference for white coat color in commercial pig breeding, and the selective breeding for white color can be traced back to medieval time in Europe** (Wiseman 1986).” Im Gegensatz zu Mäusen und Menschen werden die *KIT* mutations beim Schwein jedoch als nicht so nachteilig beschrieben: “*KIT* mutations cause pigmentation disorders in mice (dominant white spotting, W; Chabot et al. 1988; Geissler et al. 1988) and in humans (piebald trait; Fleischmann et al. 1991; Giebel et al. 1991). Normal migration and survival of neural crest-derived melanocyte precursors is dependent on *KIT* expression and the availability of its ligand, the mast/stem cell growth factor (MGF; Wehrle-Haller and Weston 1997). *KIT* mutations in mice are often lethal or sublethal in the homozygous condition and exhibit pleiotropic effects on the development of melanocytes, hematopoietic cells, primordial germ cells, interstitial cells in the small intestine, and may affect hearing. In contrast, the porcine dominant white allele has a more drastic effect on pigmentation than any known mouse *KIT* mutant, but is fully viable and fertile in the homozygous condition.” Der Abbau auf der organismischen Ebene durch “two mutations, a gene duplication and a splice mutation in one of the copies leading to skipping of exon 17” (Pielberg et al. 2002 zum dominant white phenotype: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11805065>) scheint hier nur das Pigment zu betreffen (siehe jedoch Einschränkungen zu der soeben zitierten Feststellung – fully viable and fertile – in der Diskussion desselben Dokuments).

Zu *KIT* Mutationen bei Pferden vgl. B. Haase et al. (2007): “**White coat color has been a highly valued trait in horses for at least 2,000 years**”. “A mutation analysis of all 21 *KIT* exons in white Franches-Montagnes Horses revealed a **nonsense mutation** in exon 15 (c.2151C>G, p.Y717X). We analyzed the *KIT* exons in horses characterized as dominant white from other populations and found three additional candidate causative mutations. Three almost completely white Arabians carried a **different nonsense mutation** in exon 4 (c.706A>T, p.K236X). Six Camarillo White Horses had a **missense mutation** in exon 12 (c.1805C>T, p.A602V), and five white Thoroughbreds had yet **another missense mutation** in exon 13 (c.1960G>A, p.G654R). Our results indicate that the dominant white color in Franches-Montagnes Horses is caused by a **nonsense mutation** in the *KIT* gene and that multiple independent mutations within this gene appear to be responsible for dominant white in several other modern horse populations.<http://www.plosgenetics.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pgen.0030195> (Zugriffe am 5.2. 2013).

³⁰Siehe dazu die weiteren Ausführungen unten.

Der Umbau in **MGAM** und **SGLT1** betrifft folgende “candidate mutations“:

(1) “**nearly fixed** for isoleucine in *wolf* and for valine in *dogs*, (2) die selektionstheoretisch sehr zweifelhafte (weil destabilizing) “conservative substitution, methionine to valine [...] **segregating in wolf but fixed for methionine in dog**“, (3) die bei vielen weiteren Säugetierarten nachgewiesene “**fixed two-base-pair deletion**“ that “in dog disrupts the stop codon, thereby extending the carboxy-terminal end of dog **MGAM** by two amino acids: asparagine and phenylalanine” (4) “A fourth candidate mutation in **intron 37** affects a predicted binding site for the glucose metabolism regulator **NR4A2 protein**” (**kommt ebenfalls schon beim Wolf vor** (freq. 0.43 (43%) und schließlich (5) das mit einer Frequenz bis zu 17% auch beim Wolf auftretende “**conservative isoleucine to valine substitution in SGLT1 (residue 244)**”.

Sehen wir uns in diesem Zusammenhang die Frage nach der möglichen Reversibilität des Geschehens etwas näher an:

Die **Reversibilität der AMY2B copy numbers zeigt sich bereits in der stark schwankenden Zahl der Kopien innerhalb vieler Hunderassen** (siehe Details oben). Zu **MGAM** gemäß der obigen Aufführung: (1) Valine in Dogs wäre durch das sowieso noch vorhandene Isoleucin zu ersetzen (**Züchtung auf Isoleucin**), (2) auf das oben genannte zweite Valin kann der Wolf verzichten, **Methionin** war **das ursprüngliche Allel** (die Valin-Substitution beim Wolf ist für die Selektion wahrscheinlich nur insofern relevant als sie Bateson in diesem Fall bestätigt: “*The control of Selection is loose*”), wir brauchen hier also beim Haushund nichts zu verändern, (3) die Wiederherstellung der Wolfs-**Cytosin-Adenin-Sequenz (two base-pair insertion) an genau diesen beiden Positionen** könnte allerdings größere Schwierigkeiten bereiten: zufällige Rückmutation ohne ein schon im Genom gegebenes intelligentes Programm zur Adaptation an ein wechselndes Nahrungsangebot wäre zwar nicht unmöglich, aber mindestens so unwahrscheinlich wie die Hinmutation³¹ und würde große Populationen erfordern, (4) das **C im Intron 37 sollte durch eine zufällige Substitution durch T ersetzbar** sein (falls diese Substitution überhaupt für den Stärkeabbau relevant ist – siehe die Details dazu wieder oben) und (5) **ebenso sollte die schon beim Wolf auftretende “conservative isoleucine to valine substitution in SGLT1 (residue 244)“ umkehrbar sein** (das ohnehin auch beim Hund noch vorhandene (“Hauptwolfs“-)Allel reinzuchten bzw. entsprechendes Zuchtziel bei zufällig auftretender passender Mutation in Populationen ohne dieses Allel). Man könnte die ganze Sache auch vereinfachen, indem man versuchen würde, die ursprüngliche Allele über den Wolf wieder einzukreuzen – aber das wäre dann eine Reversion ohne Rückmutationen.

Gleichwohl zeigen diese Überlegungen zur Frage nach der Reversibilität der Ereignisse (trotz einiger Einschränkungen zu einzelnen Substitutionen – ich nehme im Folgenden jedoch vereinfachend einmal an, sie wären tatsächlich allesamt für den vermehrten Stärkeabbau beim Haushund relevant) auch bei **schrittweiser** (Rück-)Substitution (*statt* der oben nach Simpson und Thenius zitierten *simultanen Komplexmutation*) der genannten einzelnen Nukleotide und Aminosäuren nach wie vor **die hohe Unwahrscheinlichkeit eines solchen Domestikation- und Dedomestikationsgeschehens**³² durch **zufällige Mutationen und ungezielte**³³ **artifizielle Selektion in kleinen Populationen und relativ kurzen Zeiträumen**, wie wir sie für die Haustierwerdung des Wolfes ansetzen müssen, und dass sogar noch mehrfach unabhängig voneinander (in “*multiple source populations*“ – “*dogs*

³¹Nach Silvers (1979) und Lewin (1987), Lewin et al. (2011: *Lewin's Essential Genes*) sind Rückmutationen etwa 4 bis 10 Mal unwahrscheinlicher als “Hin“-Mutationen (vgl. Lönig ARTGEBRIFF: www.weloennig.de/AesV1.1.Droa.html); für Substitutionen einzelner Basen wurde oben (2013) 1×10^{-8} per base per generation zitiert. Microindels (“net gain or loss of 1 to 50 nucleotides“) sind wieder ein Sonderfall. Mit zwei *unabhängig-additiven* Schritten zur Wiederherstellung der Wolfs-Adenin-Cytosin-Sequenz ist jedenfalls schlecht zu rechnen, weil der erst der zweite Schritt die erwünschte Funktion wieder ermöglichen würde.

³² <http://de.wikipedia.org/wiki/Dedomestikation> (Zugriff 5. 2. 2013)

³³ “Since **dog domestication almost certainly occurred multiple times without direct human selection**, we suggest that it must have occasionally failed. That is, the particular set of ecological conditions associated with human settlement and hunting practices that were necessary to initiate the domestication process must have, on some occasions, existed only long enough to produce a few modified wolves (i.e. incipient dogs) with short-lived lineages.” - N. D. Ovodov et al. (2011): A 33,000-Year-Old Incipient Dog from the Altai Mountains of Siberia: Evidence of the Earliest Domestication Disrupted by the Last Glacial Maximum. <http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0022821>

evolved multiple times from Old World wolves³⁴) mit sehr ähnlichen bis praktisch identischen genetischen Resultaten.

Zur Design-Hypothese (genetisches Adaptationsprogramm zur optimalen Bewältigung unterschiedlicher Nahrungsangebote) siehe die Ausführungen inklusive Testbarkeit oben.

Axelsson et al. schreiben weiter:

“Our results show that adaptations that allowed the early ancestors of modern dogs to thrive on a diet rich in starch, relative to the carnivorous diet of wolves, constituted a crucial step in early dog domestication.”

Davon sollte(n) jedoch die Domestikation(en) des Wolfes bei den um den nördlichen Polarkreis lebenden Bevölkerungsgruppen (wie der Inuit bis weit ins 20. Jahrhundert hinein) sowie überhaupt die Hunde der primären *hunter-gatherers* bis heute nicht oder kaum betroffen sein.³⁵ Das älteste Hundefossil stammt aus Southern Siberia³⁶ (“Claims of early, fossilised dog remains include a 33,000-year-old doglike canid from the Altai Mountains in Siberia [...]” – Axelsson et al. 2013, p. 1). Nach Ovodov (2011)³⁷ waren die vermutlichen Besitzer “relatively sedentary hunter-gatherers“.

Dazu vielleicht nicht unpassend ein paar Daten zum *Canadian Eskimo Dog*:

“**The Canadian Eskimo Dog is known to have been resident in the Arctic for at least 4,000 years.**”^{[2][13]}
The Canadian Eskimo Dog was first bred by the Thule people, while research has shown that it is related to the **Greenland Dog**, with very little significant genetic differences.^[14] It is sometimes considered the same

³⁴Wie oben schon zitiert: Hare und Tomasello (2005), ebenso Ostrander und Ruvinski (2012): “It should also be noted that no other mammalian species shows such an enormous range of phenotypic variation as the dog. **Multiple domestication events** might contribute to this phenomenon.” Zur Ergänzung C. Vilà (2013): “I think that **modern dogs derived from multiple wolf populations**,”- Carles Vilà, Conservation and Evolutionary Genetics Group at the Donana Biological Station in Seville, Spain: <http://www.bbc.co.uk/news/science-environment-21142870>. Oder Vilà et al.(1997, p. 1687): “During most of the late Pleistocene, humans and wolves coexisted over a wide geographic area, providing ample opportunity for independent domestication events and continued genetic exchange between wolves and dogs. The extreme phenotypic diversity of dogs, even during the early stages of domestication, also suggests a varied genetic heritage. Consequently, the genetic diversity of dogs may have been enriched by **multiple founding events**, possibly followed by occasional interbreeding with wild wolf populations.” Carles Vilà, Peter Savolainen, Jesús E. Maldonado, Isabel R. Amorim, John E. Rice, Rodney L. Honeycutt, Keith A. Crandall, Joakim Lundeberg, Robert K. Wayne (1997): Multiple and Ancient Origins of the Domestic Dog, *Science* **276**: 1687-1689. http://sheepdog.eu/collieonline/rub_histoire/savolainen_1997_etude_genetique_loups_chiens.pdf.

Und Vilà und Leonard (2012, pp. 6/7 in E. A. Ostrander und A. Ruvinski: The Genetics of the Dog, 2nd Edition, CABI): “The analyses of mitochondrial DNA sequences mentioned above suggested that **at least four origination or interbreeding events** are implied in the origin of dogs because dog sequences are found in **four distinct groupings or clades, each with a unique ancestry to wolves** (Fig. 1.3; Vilà et al., 1997a). The basic structure of the sequence tree has been **independently confirmed by many other researchers, with all dog sequences clustering in four to six clades** (Okumura et al., 1996; Tsuda et al., 1997; Randi et al., 2000; Savolainen et al., 2002). [...] As mitochondrial DNA is maternally inherited, using this marker alone to try to infer centres of domestication offers a biased view. Vilà et al. (2005) showed that the **extreme diversity present in the canine major histocompatibility complex (MHC) could suggest that many more wolves contributed to the origin of modern dogs** than those inferred from the small number of mitochondrial lineages. This could indicate an important contribution of male wolves to the current diversity in dogs that has passed unnoticed in studies based on maternally inherited genetic markers. For this reason, genome-wide approaches are likely to reflect better the origin of domestic dogs. In this sense, vonHoldt et al. (2010) studied 48,000 single nucleotide polymorphisms (SNPs) spread across the genome of dogs and wolves, and suggested that Middle Eastern wolves had been a critical source of genome diversity for dogs, although inbreeding between dogs and local wolf populations had also been important in the early history of dogs. In line with this, Gray et al. (2010) showed that the *IGF1* (insulin-like growth factor 1 gene) small dog haplotype is more closely related to those in Middle Eastern wolves.”

³⁵ Einige der unter http://de.wikipedia.org/wiki/J%C3%A4ger_und_Sammler aufgeführten z. T. noch traditionell lebenden Gruppen (7. 2. 2013).

³⁶ Heute kein besonders warmes Klima: Siehe dazu “Klimadaten Altai” für die Mongolei – für Südsibirien checken: <http://www.wetter.net/klimadaten/klima-altai.html> (6.2.2013)

³⁷ D. Ovodov et al. (2011): “The Razboinichya Cave specimen appears to be an incipient dog that did not give rise to late Glacial – early Holocene lineages and probably represents wolf domestication disrupted by the climatic and cultural changes associated with the LGM [Last Glacial Maximum]. The two earliest incipient dogs from Western Europe (Goyet, Belgium) and Siberia (Razboinichya), separated by thousands of kilometers, show that **dog domestication was multiregional, and thus had no single place of origin (as some DNA data have suggested)** and subsequent spread.” Und davor: “Because of the extraordinary preservation of the material, including skull, mandibles (both sides) and teeth, it was possible to conduct a complete morphological description and comparison with representative examples of pre-LGM wild wolves, modern wolves, prehistoric domesticated dogs, and early dog-like canids, using morphological criteria to distinguish between wolves and dogs. It was found that the Razboinichya Cave individual is **most similar to fully domesticated dogs from Greenland (about 1000 years old)**, and unlike ancient and modern wolves, and putative dogs from Eliseevichi I site in central Russia. Direct AMS radiocarbon dating of the skull and mandible of the Razboinichya canid conducted in three independent laboratories resulted in highly compatible ages, with average value of ca. 33,000 cal BP.” N. D. Ovodov et al. (2011): A 33,000-Year-Old Incipient Dog from the Altai Mountains of Siberia: Evidence of the Earliest Domestication Disrupted by the Last Glacial Maximum. <http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0022821>

breed by authorities, although the Greenland Dog can be criticized for lacking any proper breeding program, questioning its validity as a pure breed.^[15] Inuit never considered the dog as part of the animal kingdom (*uumajuit*), but merely as a tool for human existence.^[13] It was, and still is (to a very limited extent), used by the Canadian Inuit as multi-purpose dogs, **often put to work hunting seals and other Arctic game**, and hauling supplies and people. Explorers noted that the dogs were capable of tracking a seal hole from a great distance, and were occasionally used to hunt polar bears.³⁸

Siehe dazu auch die Dokumentation zur Ernährung der Hunde der Inuit oben.

“Besonders lange hielt sich die Lebensform des Jagens und Sammelns in arktisnahen Gebieten. Beispiele sind die sibirischen Völker der Unangan, die Itelmenen, die Ewenen (bis ins 17. Jahrhundert) oder die Inuit von der Tschuktschen-Halbinsel über Alaska bis Grönland. Einige dieser Jägervölker züchteten Hunde für die Jagd und für Transportzwecke (Hundeschlitten).^[4]“³⁹

Weiter Axelsson et al.:

“This may suggest that a change of ecological niche could have been the driving force behind the domestication process, and that scavenging in waste dumps near the increasingly common human settlements during the dawn of the agricultural revolution may have constituted this new niche.”

Da die Domestikation des Wolfes gemäß den oben aufgeführten Daten multiregional (d. h. mehrfach unabhängig voneinander in “*multiple wolf populations*“) erfolgte, – wäre es dann nicht wirklich erstaunlich, dass “*scavenging in waste dumps near the increasingly common human settlements*“ durch zufällige Mutationen (mit einer mittleren Wahrscheinlichkeit von 2×10^{-5} für Duplikationen *per gene per generation* und 10^{-8} *per base per generation*⁴⁰) dann auch mehrmals unabhängig voneinander **zum gleichen genetisch-physiologischen Ergebnis geführt hätte?** Und dass immer nur diejenigen Wölfe überlebt hätten, die einen kleinen Schritt weiter in diesem Anpassungsszenario gekommen wären? Und das Ganze über mehrere Zwischenstufen (eine 1. Duplikation von *AMY2B*, dann eine 2. Duplikation in *AMY2B* etc. [bis maximal 30 *copy numbers* erreicht waren], unabhängig davon die 1. Substitution in *MGAM*, in einigem zeitlichen Abstand gefolgt von der 2. Substitution in *MGAM*, später die 3. Substitution in *MGAM* und darauf – wieder zeitversetzt – die 4. Substitution in *MGAM*, und schließlich die Substitution in *SLC5A1*)?⁴¹

Ungeachtet der Tatsache, dass **die meisten Allele sowieso schon beim Wolf selbst vorkommen (und der Frage, welche Allele die Wölfe bei den unabhängigen Domestikationsereignissen jeweils schon mitgebracht hätten)**, schreiben die Autoren, wie oben zitiert (jetzt mit z. T. anderer Betonung, aber Hervorhebung wieder von mir):

“**Selection may thus clearly** have led to **increased MGAM expression**, but we cannot rule out that the strong selection affecting this locus may have favoured the accumulation of protein-coding changes on the same haplotype.”

Und sie verglichen und interpretierten ihre Befunde ja weiter mit **repeated selection for additional mutations** (also durch Selektion schrittweise gewonnene Allelserien) beim Haushund und anderen Organismen (siehe die Fußnoten dazu ein paar Seiten zuvor):

³⁸http://en.wikipedia.org/wiki/Canadian_Eskimo_Dog (6. 2. 2013)

³⁹http://de.wikipedia.org/wiki/J%C3%A4ger_und_Sammler (6. 2. 2013)

⁴⁰ Und damit ist ja noch nicht einmal das passende Nukleotid garantiert.

⁴¹Die Vorstellung der Entstehung in **kleinen Schritten** wird von **Axelsson** wie folgt in einem Interview mit Barbara Bronson Gray betont: [Gray:] “The transition from wolf to dog was relatively simple. In early agricultural settlements, “humans began to gather their trash into small waste dumps, which might have attracted wolves because the waste dumps provided a relatively constant supply of food,” Axelsson explained. “That sort of nutrition must have been the leftover remains - of what they ate, which included starch.” To be an efficient scavenger, a wolf had to have an effective method of digesting starch, he said. “**Some wolves were slightly better than others at digesting starch and had an advantage.** A natural selection process created animals that we later called dogs.” Axelsson said it's actually easy to envision how it might have happened.” <http://www.nbcrightnow.com/story/20660556/why-some-wolves-became-dogs#> (24. Januar 2013)

“Similar scenarios have been seen for white coat colour in dogs and pigs, where **repeated selection for additional mutations has resulted in an allelic series** of white spotting at the *MITF* and *KIT* loci, respectively.”

Und warum sollte das auch bei den Hunden der *hunter-gatherers* geschehen sein? Hier sind jedoch noch einige wichtige Fragen zu mehreren noch nicht untersuchten Hunderassen zu klären.

Die oben vorgeschlagene, relativ einfach testbare Design-Hypothese scheint mir einen wissenschaftlich wahrscheinlicheren Ansatz als der Neodarwinismus (=Synthetische Evolutionstheorie) zu liefern: Bei einem bereits gegebenen (designten) Anpassungsprogramm für unterschiedliche Nahrungsangebote entfallen sowohl die nach der Synthetischen Evolutionstheorie notwendigen riesigen Populationen (bei der genannten mittleren Wahrscheinlichkeit von 2×10^{-5} *per gene per generation* für Duplikationen und 10^{-8} *per base per generation*) als auch der Untergang gewaltiger Individuenzahlen durch die unbewusste artifizielle Selektion, die bei jedem Schritt nur die ganz wenigen besser angepassten übrig gelassen hätte (die Mutanten, die jeweils etwas mehr Stärke verarbeiten konnten) – wobei sich überdies noch die Frage stellt, ob denn diese unbewusste, d. h. unbeabsichtigte und ungezielte Selektion des Menschen (“*dog domestication almost certainly occurred multiple times without direct human selection*“) tatsächlich für **jeden einzelnen kleinen Schritt** derart stringent sein konnte, dass immer nur genau das eine Tier (Mutationsträger) und darauf folgend seine zunächst relativ wenigen Nachkommen von Zigtausenden anderen zur Fortpflanzung kamen, die genau diesen einen kleinen Schritt weiter als alle übrigen (und damit zum Untergang verurteilten) Tiere waren (und das Ganze mehrmals unabhängig voneinander mit den gleichen Resultaten). – Frei nach Richard Nachtwey: “Wer [jeweils in jedem einzelnen kleinen Schritt] zufällig so abänderte, der [allein] blieb im Daseinskampf übrig“ [und darauf auch immer nur seine Nachkommen, die das neue Allel trugen].⁴²

“In light of previous results describing the timing and location of dog domestication, our findings may suggest that the development of agriculture catalysed the domestication of dogs.”

Möglicherweise durch ein designtes Anpassungsprogramm zur adäquaten Bewältigung stärkehaltigerer Nahrung.

“The results presented here demonstrate a striking case of parallel evolution whereby the benefits of coping with an increasingly starchrich diet during the agricultural revolution caused similar adaptive responses in dog and human”.

Siehe dazu die Ausführungen zum Menschen oben, die ebenfalls auf ein designtes Anpassungsprogramm hindeuten. Nach den bisherigen Daten liegt beim Vergleich der Kopienzahl des *AMY1* Gens des Menschen zu den copy number variations von *AMY2B* beim Haushund ein **bedeutender Unterschied** vor. Perry et al. hatten festgestellt (siehe Zitat oben):

“We found that copy number of the salivary amylase gene (*AMY1*) is correlated positively with salivary amylase protein level and that **individuals from populations with high-starch diets have, on average, more *AMY1* copies than those with traditionally low-starch diets.**” – Perry et al. 2007

⁴²<http://www.weloennig.de/AuIDa.html>

Diese **positive Korrelation scheint beim Hund zu fehlen**. Axelsson et al. fahren fort:

“This emphasizes how insights from dog domestication may benefit our understanding of human recent evolution and disease.”

Genauer “human recent **micro**evolution and degeneration”.

“Finally, by understanding the genetic basis of adaptive traits in dogs we have come closer to unlocking the potential in dog and wolf comparisons to decipher the genetics of behaviour.”

Haben die Autoren mit der neodarwinistischen Interpretation durch zufällige Mutationen und unbewusste Selektion durch den Menschen ihre jedoch wahrscheinlich in wesentlichen Punkten zutreffenden Entdeckungen zur *genetic basis of the adaptive trait to metabolize an increasing starchrich diet in dogs* tatsächlich **in ihren historischen Ursachen korrekt** verstanden? Könnte man nicht selbst noch nach gängigen evolutionstheoretischen Prämissen eher von einer **Präadaptation** des Wolfs für die Domestikation sprechen? (Keine neuen Gene, relativ geringfügige Abänderungen in zwei bekannten Genen (mit 5668 *bp* bzw. 1989 *bp*), und zwar Substitutionen, die zumeist schon beim Wolf selbst vorkommen.) Und wenn dieser naturalistische Ansatz ebenfalls nicht ausreichen sollte (wofür ja einiges spricht, wie die mehrfach unabhängige Entstehung dieser Anpassung mit gleichem Resultat), vielleicht von einem testbaren **Design-Programm** zur Anpassung an neue Nahrungsquellen, ein Programm, mit dem der Wolf von vornherein ausgestattet war? Hier liegen also noch weitere Forschungsaufgaben bereit.

Kommen wir schließlich mit einem über die Möglichkeiten der heutigen Naturwissenschaften hinausgehenden Ansatz zur oben erwähnten Aussage von Stephen Jay Gould zur Neotenieinterpretation kurz zurück. Er schrieb:

“Still, I cannot help noting, since dogs are descended from wolves [...] that **the neoteny of sheep-guarding dogs does fulfill, in a limited sense, one of the oldest and most beautiful of all prophecies:** “The wolf also shall dwell with the lamb ... and a little child shall lead them.””

Wir haben oben im Detail diskutiert, warum von der Neotenieinterpretation Goulds und anderer Autoren bei gründlicher Betrachtung kaum etwas übrig bleibt – aber Goulds Zitat aus Jesaja 11, Verse 6 und 7 möchten wir uns noch etwas genauer ansehen. Wir lesen über “*Christ’s peacable kingdom*“ (Überschrift und Text nach der von Gould zitierten King James Übersetzung von 1611⁴³):

“The **wolf also shall dwell with the lamb**, and the leopard shall lie down with the kid; and the calf and the young lion and the fatling together; and a little child shall lead them.

And the cow and the bear shall feed; their young ones shall lie down together: and the lion shall eat straw like the ox.”

Diese Prophezeiung zur Wiederherstellung der ursprünglichen Schöpfungsordnung erinnerte mich u. a. an den Genesis-Text, Kapitel 1, Verse 30 und 31 (wieder nach der King James Übersetzung; Worte an den Menschen):

⁴³Gemäß einer modernen Übersetzung lesen wir in den Versen 6-9): “And the wolf will actually reside for a while with the male lamb, and with the kid the leopard itself will lie down, and the calf and the maned young lion and the well-fed animal all together; and a mere little boy will be leader over them. And the cow and the bear themselves will feed; together their young ones will lie down. And even the lion will eat straw just like the bull. ⁸ And the sucking child will certainly play upon the hole of the cobra; and upon the light aperture of a poisonous snake will a weaned child actually put his own hand. ⁹ They will not do any harm or cause any ruin in all my holy mountain; because the earth will certainly be filled with the knowledge of Jehovah as the waters are covering the very sea.” (New World Translation; 2006 Printing, Total printed of all editions 132,385,067 copies; inzwischen mehr als 170 Millionen: <http://www.jw.org/en/publications/bible/>)

“And God said, Behold, I have given you every herb bearing seed, which is upon the face of all the earth, and every tree, in the which is the fruit of a tree yielding seed; to you it shall be for meat.

And to every beast of the earth, and to every fowl of the air, and to every thing that creepeth upon the earth, wherein *there is life*, ***I have given every green herb for meat: and it was so.***⁴⁴

Aufgrund dieses Textes sind viele Exegeten davon ausgegangen, dass die heutigen Raubtiere (Carnivora) ursprünglich allesamt Pflanzenesser⁴⁵ waren. Es ist jedoch nicht meine Aufgabe zu entscheiden, ob diese Interpretation berechtigt oder unberechtigt ist. Aber die grundsätzliche Frage, **ob** die 'Umwandlung' von einem Pflanzenesser zu einem Fleischesser (und umgekehrt) überhaupt **biologisch möglich** wäre, und zwar gemäß heutigen Beobachtungen, möchten wir uns noch etwas näher ansehen. Denn folgt man diesen Exegeten, dann hätte sich auch der Wolf ursprünglich von Pflanzen ernährt und seine Karnivorie wäre ein sekundäres Phänomen (Folge: Reduktion der *AMY2B copy numbers* samt einiger der oben genannten Substitutionen in *MGAM* und *SGLT1*). Unter dieser Voraussetzung wäre die gesteigerte Fähigkeit unseres Haushunds zur Stärkeverdauung eine Art Reversion zu primären Fähigkeiten des Wolfs, die letzterer aufgrund seiner Karnivorie zum Teil, aber nicht völlig irreversibel, eingebüßt hat.

Zur Frage, ob dieser Ansatz nach bisher bekannten Daten biologisch überhaupt möglich wäre, im Folgenden einige Überlegungen:

Der Zoologe **Gustav Jäger** (1832-1917), der “1864 den ersten “biologischen Tiergarten“ im Wiener Prater eröffnete und die “Zoologischen Briefe“ herausgab, in denen er *als einer der ersten und tätigsten Anhänger Darwins* auftrat“⁴⁶, verteidigte Darwin gegen die Angriffe von Albert Wigand zum Thema Pflanzen- und Fleischfresser in seinem Buch *In Sachen Darwin's insbesondere contra Wigand* (1874, pp. 96-99) wie folgt⁴⁷:

“Ein weiterer nicht minder unglücklicher Versuch, die Selektionslehre zu erschüttern, ist die Behauptung Wigands, es hängen die einzelnen Charaktere eines Thieres so sehr gegenseitig von einander ab dass jeder Charakter die übrigen bereits zur Voraussetzung habe und umgekehrt, dass mithin unmöglich Platz für die natürliche Zuchtwahl sei, und diese in der Luft schweben. Was er meint, wird aus seinen Beispielen klar, an denen wir zugleich auch die Nichtigkeit der Behauptung am besten darthun können.

Er sagt pag. 127: “Für Pflanzenfresser ist eine gewisse Form der Zähne zweckmässig und zur Erhaltung des Individuums auch nothwendig, vorausgesetzt, dass dasselbe durch die Einrichtung des Verdauungsapparates auf Pflanzennahrung beschränkt ist. Die entsprechende Einrichtung der Verdauungsorgane bedarf selbst erst der Erklärung und wenn diese nach Darwin aus der Zuchtwahl abgeleitet werden soll, so muss die zum Kauen der Pflanzenstoffe erforderliche Zahnbildung vorausgesetzt werden.“

Wigand hätte eher geschickteres Beispiel wählen können, um an ihm die Nichtigkeit seiner Behauptung darzuthun. Die zum Pflanzenfressen nötige Einrichtung der Verdauungsorgane besteht im wesentlichen in einer grösseren Weite und Dickwandigkeit des Magens und in einer grösseren Länge des Darmkanals. Der erste Punkt ist, dass diese Einrichtung nicht die Voraussetzung für die Pflanzennahrung, sondern die Folge derselben ist. Dieser Satz kann in doppelter Weise experimentell beseitigt werden.

1) Wenn man einen Pflanzenfresser von Jugend an zur Fleischnahrung oder zu einer physikalisch

⁴⁴Kursiv im Original; weiterer Zusammenhang siehe <http://www.kingjamesbibleonline.org/Genesis-Chapter-1/> (Zugriff 15. 2. 2013.)

⁴⁵Die Begriffe “Pflanzenesser“ und “Fleischesser“ habe ich von Bernhard Grzimek übernommen.

⁴⁶[http://de.wikipedia.org/wiki/Gustav_J%C3%A4ger_\(Zoologe\)](http://de.wikipedia.org/wiki/Gustav_J%C3%A4ger_(Zoologe)) (18. 2. 2013)

⁴⁷Gemäß der Schreibweise von Gustav Jäger 1874.

dieser entsprechenden Nahrung zwingt, so unterbleibt die Ausweitung des Magens und die Verlängerung des Darms: z. B. bei den Rindern, die man mit breiigen und flüssigen Futtermitteln ernährt, bleibt der Pansen relativ kleiner, und ebenso haben sie einen relativ kürzeren Darm, als die mit Rauhfutter ernährten Rinder. Dasselbe Experiment ist mit Haustauben gemacht worden (s. pag. 17).

2) Wenn man einen Fleischfresser zur Pflanzennahrung zwingt, so wird der Darm länger und der Magen weiter; ein Experiment, das der Mensch an sich häufig genug macht und an jedem Hund wiederholt werden kann.

Abgesehen von den Experimenten zeigt auch eine einfache physiologische Erwägung, dass das so sein muss. Der eine Punkt ist die physikalische Beschaffenheit des Futters. Das teigig weiche Fleischfutter übt einen viel geringeren mechanischen Reiz auf die Magenwände als das rauhe Pflanzenfutter. Da der Organismus jeden Reiz mit einem stärkeren Wachstum des gereizten Theiles beantwortet, so muss die Darmwand durch Rauhfutter zu einem stärkeren Wachstum veranlasst werden.

Der zweite Punkt ist die chemische Beschaffenheit, d. h. die Verdaulichkeit des Futters: Fleischnahrung wird in wenigen Stunden' verdaut und damit hört die mechanische Reizung des Magens viel rascher auf, als bei Rauhfutter, wo sie deshalb continuirlich ist, weil wegen der mehrere Tage in Anspruch nehmenden Verdauung der Magen bekanntlich gar nie leer wird. Weiter hinterlässt das Rauhfutter massenhafte und sowohl durch diesen Umstand als durch ihre eigenthümliche physikalische Beschaffenheit mechanisch reizende Kothmassen, die für den Darmkanal einen ausgiebigen, fast continuirlichen Wachstumsreiz abgeben, in Folge davon seine Verlängerung bei Rauhfutternahrung. Der dritte Punkt ist endlich die Masse des Futters. Von Rauhfütter muss ein Thier viel grössere Massen verschlingen als von Fleisch und zwar aus zwei Gründen: Fürs erstere ist das Fleisch völlig verdaulich, Rauhfutter nur zum Theil. Fürs zweite: Wenn ein Futterstoff in 4 Stunden verdaut wird, so braucht das Thier nur den dritten Theil seines Tagesbedarfs (die Fressperiode zu 12 Stunden gerechnet) auf einmal in seinen Magen aufzunehmen. Hat es dagegen zur Verdauung 2 Tage nöthig, so muss das Thier neben dem vollen Tagesbedarf noch eine weitere, erst in der Vorverdauung begriffene Tagesration in seinem Magen führen. Die damit verbundene mechanische Dehnung des Magens führt zu bleibender Vergrößerung durch interstitielles Wachstum.

Aus dem Gesagten geht hervor, dass die mit der Nahrungsqualität zusammenhängenden Darmeinrichtungen unabhängig vom Zahnbau verändert werden können, dass also Darmbau und Zahnbau nicht im Verhältniss gegenseitiger notwendiger Voraussetzung stehen. Wigand wendet (siehe oben) dagegen ein, ein Thier mit Fleischfressergebiss werde keine Pflanzenkost fressen können oder wenigstens nicht fressen wollen und umgekehrt. Auch das ist falsch! Das ausgesprochenste Fleischfressergebiss haben Hunde und Marderarten. Nun weiss jedes Kind, dass der *Fuchs Trauben nascht, der Hund Gras und fast alles Obst frisst, sobald er es einmal gekostet hat. Dasselbe thun die Marderarten mit allem Süssobst, wie Trauben, Pflaumen, Reineclauden, Kirschen etc., denen sie leidenschaftlich nachgehen. Der Bär und der Dachs sind trotz eines sehr ausgesprochenen Fleischfressergebisses viel mehr Pflanzenfresser als Fleischfresser, ja die Bären weiden die junge Saat ab trotz Hirsch und Reh. Dasselbe gilt von den Ichneumons, Zibethkatzen etc.* und nur von den ächten Katzen ist mir nichts von Pflanzennahrung bekannt.

Umgekehrt gilt dasselbe: die spezifischsten Pflanzenfressergebisse sind die der Nager und Wiederkäuer; unter den Nagern ist bekannt, dass die Eichhörnchen Vögel fangen und verzehren, dass die Wanderratte Hühner, Gänse, Enten und Tauben mordet trotz einem Marder, dass die Feldmäuse und andere Nager sich gegenseitig auffressen selbst ohne grosse Noth. Auch die Wiederkäuer greifen, wenngleich seltener, zu Fleischnahrung, so fressen die Rinder auf den schottischen Inseln Fische und ich sah, wie eine Wapitihirschkuh eine Krähe, die ich flügelharm in ihren Park herabschoss, verfolgte, mit dem Lauf niederhieb und ohne weiteres verschlang.

Daraus geht hervor, dass die von Wigand aufgestellte Behauptung von dem solidarischen Verbundensein der systematischen Charaktere falsch ist. Thatsächlich kann der eine in Wegfall kommen, ohne dass der Andere sofort ebenfalls unmöglich wäre, und bei einer durch den Zwang der äusseren Umstände oder durch Instinktvariation erzeugten Aenderung der Nahrungsweise ändert sich zuerst der plastische der beiden Charaktere – hier der Eingeweidebau – zunächst durch Gebrauchswirkung, dann aber auch unter Mitwirkung der Zuchtwahl, welche die durch den Gebrauch am leichtesten sich abändernden Individuen auswählt. Erst sekundär, kann es dann auch zu einer entsprechenden Abänderung des minder plastischen Charakters, des Zahnbaues, kommen.“

Wie uns jedoch die BSE-Katastrophe deutlich gezeigt hat, kann man *nicht alle*

Pflanzenesser einfach in Fleischesser 'umwandeln' (die Sache ist also komplexer als von Jäger hier dargestellt, aber von Prionen⁴⁸ konnte er natürlich noch nichts wissen), **es sei denn bestimmte Pflanzenesser seien dafür genetisch-physiologisch präadaptiert** (Musterbeispiel Bären: Kodiakbär – Eisbär; siehe unten). Umgekehrt sind die bisher vielleicht extremsten Beispiele für eine 'Umwandlung' eines Fleischessers (Wolf) in einen Pflanzenesser die Hunde, die eine umfassende Fleischallergie aufweisen und daher nur noch vegetarisch ernährt werden können.⁴⁹

Zur oben erwähnten Exegese des Bibelberichts: Wenn auch wohl für die viele Evolutionstheoretiker völlig absurd – ein gewisses Potenzial zum Pflanzenesser dürften die Wölfe jedenfalls (auch über die bisher erwähnten Beispiele hinaus) besitzen:

"Wolves really are considered a carnivore, but, truthfully, not always. In spring, when there are berries around, if the wolves are having difficulties scouting prey they will snack on berries, but nothing else to my knowledge. What berries do they eat? **Wolves will eat raspberries, blue berries, black berries and even strawberries.** There are **a few other wild berries** that they will eat as well, but not the poisonous ones. [...] Wolves are my favourite animal and I have learned much about these wonderful creatures." http://wiki.answers.com/Q/What_plants_do_wolves_eat

"Wolves, like foxes and dogs, can and do eat vegetable matter, though not very much. A study in Italy on wolf diet in Mediterranean, Apennine and Alpine habitats all showed vegetable matter to make up less than 5% of the wolf packs' diets (Capitani et al. 2004 *Mammalian Biology* vol 69 pages 1-10). Canids (dogs and allies) generally are pretty omnivorous and while meat is the main source of food they will take all sorts - I've seen **foxes eating blackberries** and taking beetles." <http://www.askabiologist.org.uk/answers/viewtopic.php?id=4674>

Videos: **"Wolves eating grass"**: <http://www.youtube.com/watch?v=EpJXGzZD-1g>

"Wolves eating strawberries":

http://www.youtube.com/watch?annotation_id=annotation_797698&feature=iv&src_vid=EpJXGzZD-1g&v=MTIPCu9Gii4

"Wolves eating berries": <http://www.youtube.com/watch?v=TmuYTb6ynbg&list=PLE7E719751E663CD1>

Die Videos zeigen bislang allerdings nur junge Wölfe, z. T. unter bedauerlichen Voraussetzungen (das Gras wird wohl kaum etwas zur Ernährung beigetragen haben und zu den "strawberries" vgl. man die Kommentare). Aber es gibt auch, wie zuvor zitiert, Beschreibungen und Beispiele von adulten Tieren.

"Wolf eating apple": <http://www.youtube.com/watch?v=JoD-BQfEWks>.

Diskussion unter: https://www.dogster.com/forums/Food_and_Nutrition/thread/741474 ⁵⁰

Und zum Verhalten: **"Happy Wolf Attack"**: <http://www.youtube.com/watch?v=x5zFnzwwveg>

sowie **"Wolf in the House"**: <http://www.youtube.com/watch?v=x5zFnzwwveg>

oder: **"Wolf eating and munching on cereal"**: <http://www.youtube.com/watch?v=EKFfRGWPztU> ⁵¹

Ein paar Punkte zu z. T. völlig unerwarteten Vegetariern im Tierreich:

⁴⁸ <http://en.wikipedia.org/wiki/Prion>

⁴⁹ Ein Musterbeispiel dafür ist der Bericht von Silvia Gruber, die in den *Eurasier-Nachrichten* der Zuchtgemeinschaft für Eurasier e.V. vom vierten Quartal 1990 auf den Seiten 16-18 ihren Kampf um ihren Eurasier *Ari vom Aegidienberg* in der ich-Form anschaulich beschreibt. Nachdem sie alles Mögliche unternommen hatte und von Tierarzt zu Tierarzt zwecks zahlreichen Untersuchungen gelaufen war, schreibt sie: "Nach erneuten Telefonaten mit der Zuchtgemeinschaft (ein Herr Müller) hörte mein Frauchen, daß **der Chow-Chow oft kein Fleisch verträgt.** Nach dieser Information wurde meine Ernährung (wieder einmal) umgestellt — **vegetarisch.** Am Anfang rümpfte ich etwas meine Nase, aber da man ja Hunger hat, was soll's. Und was soll ich Euch sagen „DAS WAR ES"! Ich vertrage kein Fleisch, habe also eine sogenannte „Fleischallergie" (witzig für einen Hund, findet Ihr nicht?). **Ab diesem Zeitpunkt (ich war damals 2 1/2 Jahre) werde ich vegetarisch ernährt.** Ich fühle mich prächtig, habe ein glänzendes Fell und ein Temperament, „mit dem ich zwei Hunde versorgen könnte".

⁵⁰ Zugriffe am 15. 2. 2013.

⁵¹ Zugriff auf die letzteren Links 16. 2. 2013.

Kodiakbär (*Ursus arctos middendorffii*) – **das größte Landraubtier der Erde**. Zoo Rostok: “Die bis zu 400 Kilo schweren Giganten sind die größte Unterart der Braunbären und gehören neben Eisbären zu den mächtigsten Landraubtieren der Erde. Das rauhe Klima der Kodiakinseln vor Alaska kann ihrem dichten Zottelfell nichts anhaben. Mit den riesigen Tatzen und den scharfen Zähnen können sie mühelos große Beutetiere erlegen. **Stattdessen bevorzugen die Schleckermäuler vegetarische Kost** und Honig. Nur bei Lachsen werden sie schwach. In schneereichen Wintern kuscheln sie sich in Erdhöhlen.”⁵² Ähnliches hatte ich vor längerer Zeit im Frankfurter Zoo gelesen. Grzimeks Tierleben (1979, p. 125) zum Kodiakbär: “**Diese Riesentiere weiden überwiegend Gras und suchen Wurzeln zusammen**; nur einmal im Jahr werden sie richtige Fleischesser – nämlich im Frühjahr, wenn die Lachse die Flüsse hinaufzuziehen beginnen.“ Wiki: “Kodiakbären erreichen eine Kopfrumpflänge von bis zu 2,8 Meter, eine Schulterhöhe von bis zu 1,5 Meter und eine Gesamtlänge von bis 3m. Die schwersten Exemplare erreichen ein Gewicht von knapp 780 Kilogramm, das Durchschnittsgewicht beträgt 389 Kilogramm bei Männchen und 207 Kilogramm bei Weibchen.”⁵³ – “Diese großen *Ursus*-Tiere weiden buchstäblich wie Rinder das Gras ab, nehmen aber auch allerlei andere vegetarische Kost. Der Eisbär hingegen ist ein reiner Fleischfresser. Die beiden Bärenarten sind interessanterweise miteinander kreuzbar. Interessant ist in diesem Zusammenhang der Bericht, der vor längerer Zeit in *DAS BESTE* aus *READER'S DIGEST* über die Bären des Moskauer Zirkus erschien: Die Bären wurden auf reine Pflanzekost umgestellt und waren danach friedlicher und gelehriger”⁵⁴.

Höhlenbär (*Ursus spelaeus*): “So imposant und respekteinflößend die Kodiakbären auch sein mögen, im Vergleich zu ihren eiszeitlichen Vettern, den Höhlenbären, wirken sie lediglich wie eine „Light“-Version. Denn die Höhlenbären hatten sowohl was die Kopf-Rumpflänge angeht als auch bei der Schulterhöhe deutlich mehr zu bieten als die heutigen Kodiaks. Bis zu 3,5 Meter lang und 1,70 Meter groß wurden die Tiere damals – und **zum Teil über eine Tonne schwer**. Zum Vergleich: Ein Kleinwagen der Marke Smart wiegt gerade mal gut 800 Kilogramm.” <http://scinexx.de/dossier-detail-550-6.html>. “Die flachen und vielhöckrigen Backenzähne des Höhlenbären deuten darauf hin, dass er **fast ausschließlich vegetarisch gelebt** hat. Diese Annahme wird durch Erkenntnisse gestützt, die Wissenschaftler bei der Untersuchung von Bärenkot in der Salzofenhöhle bei Grundlsee im Toten Gebirge in Österreich gewannen. **Demnach fraßen diese Bären Gräser und Wiesenpflanzen**. Pollen bestimmter Pflanzenarten belegten sogar, dass die Höhlenbären auch den Honig wilder Bienen zu schätzen wussten.” (Ernst Probst 2009, p. 79: Der Höhlenbär. GRIN Verlag).

“Indeed, a **solely vegetarian diet** has been inferred on the basis of tooth morphology.[9] Results obtained on the stable isotopes of cave bear bones also point to a largely vegetarian diet in having low levels of nitrogen-15 and carbon-13,[10][11] which are accumulated at a faster rate by carnivores as opposed to herbivores. However, some evidence points toward the *occasional inclusion of animal protein in cave bear diets*” (http://en.wikipedia.org/wiki/Cave_bear).

Auch ***Ursus deningeri***, “**Der Mosbacher Bär war hauptsächlich Vegetarier**“. Und zuvor: “Der Mosbacher Bär ähnelte äußerlich dem Höhlenbären, war aber im Durchschnitt etwas kleiner als dieser. Er erreichte eine Schulterhöhe von etwa 1,50 Meter und ein Gewicht von 450 Kilogramm“ (Probst p. 33). Einschränkung: “Obwohl viele Höhlenbären **vor allem vegetarisch lebten**, zeigen die in der Oase gefundenen Tiere und Herumtreiber aus anderen Höhlen, dass **manche von ihnen** ähnliche Allesfresser waren wie moderne Braunbären – einschließlich Kodiak- und Grizzly-Bären“, so das Fazit der Forscher“ – <http://scinexx.de/dossier-detail-550-6.html> (Zugriffe 18. 2. 2013).

Und dass der **Bambusbär** (*Ailuropoda melanoleuco*) ein fast reiner Pflanzenesser ist, braucht wohl hier nicht weiter ausgeführt zu werden (“Von der Anatomie her ist **der Panda** allerdings ein Fleischesser: Sein einfacher Magen und sein kurzer Darm sind an energiereiches Fleisch angepasst, nicht aber an grobfaserige Pflanzen, deren Zellulose er nicht verdauen kann“ – Grzimeks Enzyklopädie Säugetiere, 1988, Bd. 6, p. 148).

Der Gorilla mit seinen mächtigen Eckzähnen ist ebenfalls ein reiner Pflanzenesser.

⁵²<http://www.zoo-rostock.de/tier-und-park/tiere-anlagen/kodiakbaeren/> (Zugriff 17. 2. 2013)

⁵³<http://de.wikipedia.org/wiki/Kodiakb%C3%A4r> (Zugriff 19. 2. 2013)

⁵⁴ W.-E.L. aus Korrespondenz 1992

Oder auch noch an ganz anderen Stellen des Tierreichs:

Kurzbericht von S. Wendler in Biol. Unserer Zeit 6/2009, p. 367:

“**Springspinne *Bagheera kiplingi*: Vegetarier auf acht Beinen**“

“Die Forschergruppe um Christopher J. Meehan staunte nicht schlecht, als sie in Mexiko und Costa Rica eine Spinnenart entdeckten, die sich überwiegend vegetarisch ernährt. Die zu den Springspinnen gehörende Art *Bagheera kiplingi* “erbeutet” lieber Futterkörperchen von Akazienblättern, als Insekten nachzustellen.“ “*Bagheera kiplingi* lebt und nistet ganzjährig auf den Akazien und bedient sich ebenfalls an den Futterkörpern der Akazie [wie die Ameisen, die “in den hohlen Dornen der Akazien wohnen“ und “mit kohlenhydrat- und eiweißreichen Futterkörperchen, die an den Blattspitzen wachsen, für ihre Dienste belohnt“ werden – Ameisen halten Fressfeinde fern]. Die Futterkörper machen mehr als 2/3 der Nahrung der Spinne aus. Die kohlenhydrat-, eiweiß- und faserreichen Futterkörper sind schwer zu verdauen. Der Vorteil ist, dass sie das ganze Jahr über in gleichbleibender Qualität vorhanden sind und der Lebensraum durch die Ameisenpolizei gut geschützt ist.“⁵⁵

Originalbeitrag: Meehan et al. (2009): Herbivory in a spider through exploitation of an ant-plant mutualism. Summary: “**Spiders are thought to be strict predators**. We describe a **novel exception**: *Bagheera kiplingi*, a Neotropical jumping spider (Salticidae) that exploits a well-studied ant-plant mutualism, is predominantly herbivorous. From behavioral field observations and stable-isotope analyses, we show that the main diet of this host-specific spider comprises **specialized leaf tips** (Beltian food bodies; Figure 1A) from *Vachellia* spp. ant-acacias (formerly *Acacia* spp.), structures traded for protection in the plant's coevolved mutualism with *Pseudomyrmex* spp. ants that inhabit its hollow thorns. This is the first report of a spider that feeds primarily and deliberately on plants.“ [...] “The Salticidae is the largest family of spiders (>5,000 species), and members of this diverse group employ a broad range of foraging strategies. However, departures from carnivory in salticids - or in any of the 40,000 described spiders - are rare [1]: **several cursorial spiders imbibe nectar as an occasional supplement to animal prey [4], and some juvenile orb-weavers incidentally ingest pollen when recycling their webs [5].**”⁵⁶

Piranhas: “Sogar die berühmten Piranhas geben vorübergehend ihre Fleischnahrung für eine vegetarische Ernährung auf“ (Naturwissenschaftliche Rundschau, Febr. 1983, p. 80). Weiteres zu vegetarisch lebenden Piranhas siehe GEO Magazin (7/2003): “Wer im Amazonas ins Wasser fällt, hat sein Leben verwirkt. Das Wasser kocht von Horden hungriger, aggressiver Schwarmfische, färbt sich innerhalb von Sekunden blutrot, vom Opfer bleibt nichts als ein Skelett übrig - so das weit verbreitete, allerdings keineswegs zutreffende Klischee von der Mordgier der zur Unterfamilie der Sägesalmmler (Serrasalminae) gehörenden Pirayas, die unter ihrem brasilianischen Namen Piranhas für Gänsehaut sorgen. Tatsächlich sind die meisten der kursierenden Schreckensgeschichten nicht belegt, und einzelne Bissverletzungen durch Piranhas entstehen vielfach beim Fang dieser in Südamerika beliebten Speisefische. Sie übernehmen in den Flüssen eine wichtige Aufgabe als Gesundheitspolizei, indem sie kranke oder tote Tiere fressen und so die Ausbreitung von Seuchen verhindern. Nur wenige Arten, etwa aus der Gattung *Pygocentrus*, die sich vorwiegend von Fisch, Würmern und Insekten ernähren, greifen auch warmblütige Tiere an. Für die blühende Fantasie einfallsreicher Horror-Regisseure gänzlich ungeeignet sind die beiden **Sägesalmmler *Tometes lebaili* und *Tometes makue***, die ein Forscherteam des französischen Instituts für Entwicklungsforschung (IRD) jetzt in den Flüssen der Haut-Maroni-Region, an der Grenze zwischen Französisch-Guayana und Suriname, entdeckt hat. Mit einer Körperlänge von 50 Zentimetern und einem Gewicht von fünf Kilogramm erreichen die ausgewachsenen Tiere zwar eine imposante Größe - doch ***T. lebaili* und *T. makue* sind harmlose Vegetarier**. In der Wahl ihrer Nahrung sind sie besonders heikel: Erwachsene Tiere fressen ausschließlich die Blätter von Stiefeladengewächsen (Podostemaceae); diese Wasserpflanzen finden sich in Flussbereichen mit starker Strömung, in der sich andere Flora nicht halten kann. So genannte “vegetarische Piranhas” sind für Wissenschaftler an sich nichts Neues: Im Amazonasgebiet sind schon 30 Arten dieser Sägesalmmler bekannt.“⁵⁷

⁵⁵<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/biuz.200990087/abstract>

⁵⁶Der ganze Beitrag unter: <http://download.cell.com/current-biology/pdf/PIIS0960982209016261.pdf?intermediate=true>

⁵⁷<http://www.geo.de/GEO/natur/tierwelt/vegetarische-piranhas-1380.html>. Siehe auch <http://www.wwf.de/themen-projekte/artenlexikon/piranha/> (Zugriffe 17. 2. 2013).

(Weiteres) Beispiel für sowohl Pflanzenesser als auch Fleischesser innerhalb ein und derselben Art (aus: <http://www.weloennig.de/AesIV2.B.7.html>):

In ihrer Arbeit *THE CICHLID FISH OF CUATRO CIÉNEGAS, MEXICO: DIRECT EVIDENCE OF CONSPECIFICITY AMONG DISTINCT TROPHIC MORPHS* (1982) beschreiben Kornfield et al. einen Fall von ökotrophisch und morphologisch stark differenzierten Formen, die jedoch zur selben Art gehören (p. 658):

“By any phenetic criteria, the extreme distinctness of sympatric cichlids in Cuatro Ciénegas suggests the presence of two discrete species. A **"small tooth" form with papilliform pharyngeal dentition feeds on plant material** and possesses a relatively narrow head, slender pharyngeal jaw and long intestine. A **"large tooth" form with molarform pharyngeal teeth feeds on snails** and has a wider head, relatively stouter jaw and short intestine. The morphological and trophic differentiation between these two forms exceeds that observed among many closely related biological species and precisely mimics the differences which define numerous cichlids in the African Great Lakes.”

Die beiden von Kornfield et al. beschriebenen Formen gehören **zu einer einzigen panmiktischen Population** (und die Autoren weisen darauf hin, dass diese Formen ursprünglich als verschiedene Arten beschrieben worden sind und **dass zahlreiche weitere Beispiele für solche ökologisch-morphologischen Divergenzen innerhalb panmiktischen Populationen existieren**).

An den folgenden Stellen des Organismenreichs würde man wohl auch kaum eine vegetarische Lebensweise erwarten (es handelt sich um “fleischfressende Pflanzen”) – einen Punkt, den ich 2010/2012 wie folgt kurz umrissen habe:

Peroutka et al. (2008) stellen die Frage (Titel der Arbeit): *"Utricularia: a vegetarian carnivorous plant?"* Plant Ecology **199**, 153-162: "We observed that algae of 45 genera form up to 80% of the total prey; algae were found frequently in traps without animal prey" (p. 153). Sie diskutieren die unterschiedlichen Antwortmöglichkeiten und lassen wesentliche Fragen offen, aber immerhin (p. 162): "Cyanol staining of dead algae in this study gave evidence that the plasmalemma of dead algae became completely permeable. Thus, their cytoplasm can be expected to be attacked by those enzymes" [proteases and acid phosphatases even in unfed *Utricularia* traps]. T. Carow erwähnt (2009, p. 41), "dass die hauptsächliche "Beute" [einheimischer *Pinguicula*-Arten] oft der sehr nährstoffhaltige Blütenpollen anderer Pflanzen ist" (Blätter im Sommer dann mit Pollenschicht bedeckt). "Die Pflanzen ernähren sich so, zumindest in bestimmtem Monaten, hauptsächlich vegetarisch." "...*Nepenthes ampullaria* derives more than one third of its nitrogen from capturing leaf litter dropped from the forest canopy, and may be abandoning carnivory for vegetarianism" (Rice 2006, p. 121).⁵⁸

Zurück zur Frage, ob die über die jetzige Naturwissenschaft hinausgehende buchstäbliche Interpretation des zitierten Genesis-Textes ("And to every beast of the earth, and to every fowl of the air, and to every thing that creepeth upon the earth, wherein *there is* life, *I have given* every green herb for meat: and it was so.") gemäß den heute bekannten Daten überhaupt **biologisch möglich** wäre: der Leser beantworte sie anhand der zitierten Beispiele bitte selbst. Wenn Gould in dem friedfertigen Verhalten der *sheep-guarding dogs* die Erfüllung – "**in a limited sense** – *of one of the oldest and most beautiful of all prophecies*" versteht, dann steht die vollständige Erfüllung ja vielleicht noch aus⁵⁹:

⁵⁸ <http://www.weloennig.de/Utricularia2010.pdf> (pp. 12/13, Fußnote)

⁵⁹ Soweit ich das bisher verstehen kann, glaubte Stephen Jay Gould (who "learned his Marxism, literally at his daddy's knee") nicht an eine Erfüllung dieser Prophezeiung durch die Hand Gottes unter "*Christ's peacable kingdom*" – aber das kann an den Realitäten nichts ändern. Siehe zu Gould weiter http://www.weloennig.de/Die_Affaere1.pdf (insbesondere p. 206) und W. D. Allmon, P. H. Kelley & R. M. Ross (2009): Stephen Jay Gould. Reflections on His View of Life. Oxford University Press. New York. (400 pp.; zum Marxism-Zitat vgl. pp. 17-19). Er verstand sich selbst als "Jewish agnostic".

“The **wolf also shall dwell with the lamb**, and the leopard shall lie down with the kid; and the calf and the young lion and the fatling together; and a little child shall lead them.
And **the cow and the bear shall feed**; their young ones shall lie down together: and the lion shall eat straw like the ox.”

Und der Vers 9 nach der King James Übersetzung (1611) und NW (2006):

“They shall not hurt nor destroy in all my holy mountain: for the earth shall be full of the knowledge of the LORD, as the waters cover the sea.”

“They will not do any harm or cause any ruin in all my holy mountain; because the earth will certainly be filled with the knowledge of Jehovah as the waters are covering the very sea.”

Siehe weitere Ausführungen in:
Unser Haushund – Eine Spitzmaus im Wolfspelz?
<http://www.weloennig.de/Hunderassen.Bilder.Word97.pdf>

Zurück zur Internet Library