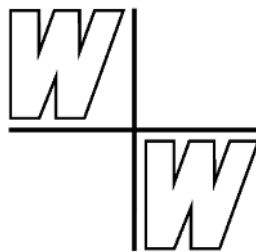


Die ältesten fossilen Fische: Große Vielfalt seit Beginn der fossilen Überlieferung

Benjamin Scholl

Stand 08.08.2024



Studiengemeinschaft Wort und Wissen

<https://www.wort-und-wissen.org/artikel/die-aeltesten-fossilen-fische/>

Die ältesten fossilen Fische: Große Vielfalt seit Beginn der fossilen Überlieferung

Von Benjamin Scholl, SG Wort und Wissen e. V.

Im Herbst 2022 wurden die bisher ältesten fossilen wirbeltragenden Fische in China entdeckt. Sie zeigen bereits mit ihrem frühesten fossilen Auftreten eine große Vielfalt und passen in vielerlei Hinsicht nicht zu Erwartungen der Evolutionsbiologen.

Mit einem Stern * versehene Begriffe werden im Glossar auf S. 15 erklärt.

1. Einleitung

In vier Artikeln in *Nature* wurden im Herbst 2022 gleich fünf verschiedene fossile Fischarten aus dem unteren Silur vorgestellt, die im südwestlichen China (Chongqing bzw. Leijiatusun) gefunden worden waren. Diese Fische werden auf ein Alter von ca. 439–436 MrJ (Millionen radiometrische Jahre)¹ datiert (vgl. ZHU et al. 2022). Die Funde liefern aufgrund ihres hohen Alters und ihrer Vollständigkeit zahlreiche neue und unerwartete Erkenntnisse, da die bisher ältesten ausreichend vollständig vorliegenden Kiefermäuler (Gnathostoma) „nur“ auf ca. 425 MrJ datiert worden waren (vgl. ZHU et al. 2022; ANDREEV et al. 2022a, b).² Es handelt sich somit um den spektakulären sicheren Nachweis der ältesten kiefertragenden Fische in der Fossilüberlieferung.

Zu diesen Fisch-Funden gehören eine kieferlose Art sowie der bisher älteste Panzerfisch³ (ausgestorbene paraphyletische* Gruppe ohne gemeinsame Abstammung namens Placodermata*) und drei verschiedene frühe Knorpelfische.⁴

Unter dem Link in Anmerkung 5 auf S. 64 findet sich eine Rekonstruktion dieser fünf Arten, die die enorme Vielfalt dieser frühen Fische aus dem Untersilur verdeutlicht.⁵

Die Funde werden im Folgenden kurz vorgestellt und anschließend hinsichtlich wesentlicher Schlussfolgerungen in Bezug auf ihre Bedeutung im Rahmen der Perspektive von Evolution bzw. Schöpfung diskutiert.

Kompakt:

Gleich vier Fachartikel in *Nature* im Herbst 2022 handeln von Funden der bislang ältesten Fischfossilien unter den kiefertragenden Wirbeltieren, die man Kiefermäuler (Gnathostomata*) nennt. Die darin vorgestellten Befunde sowie die Ergebnisse weiterer Fachartikel über die Herkunft der ältesten kiefertragenden Fische werden aus der Perspektive von Evolutions- und Grundtypenbiologie ausgewertet. Es wird deutlich, dass kiefertragende Fische seit ihrem frühesten fossilen Auftreten eine große Vielfalt aufweisen und sich in ihren Merkmalsmustern oft evolutionären Erwartungen widersetzen. So entstehen viele verschiedene widersprüchliche Rekonstruktionen von Stammbäumen (eigentlich *Cladogrammen*, also Verzweigungsbäumen) im Bereich der Evolution der ersten Fische bzw. Kiefermäuler. Dies lässt sich auch als Hinweis auf von Anbeginn getrennt erschaffene Gruppen mit großer Vielfalt deuten. Außerdem entsprechen die evolutionär zugeordneten Positionen der Fischgruppen und ihrer vermeintlichen Vorläufer in den Cladogrammen *systematisch* nicht den tatsächlichen stratigraphischen Positionen in der Fossilüberlieferung. Der vorliegende Artikel zeigt somit auf, dass nicht nur biblische Schöpfungsmodelle, die von der Existenz der Grundtypen seit dem sechsten Schöpfungstag (Genesis 1) ausgehen, sondern auch Evolutionsmodelle Antworten auf eine – jeweils aus ihrer Sicht – unerwartete bzw. *unvollständige Fossilüberlieferung* suchen müssen.

2. Die neuentdeckten Fischfunde des Silur aus China

Der kieferlose Fisch *Tujiaaspis vividus* aus Chongqing in China wird in die Ordnung der Eugaleaspidiformes innerhalb der bereits aus dem Silur bekannten Gruppe der kieferlosen Galeaspidida gestellt (GAI et al. 2022). Die kieferlosen Galeaspidida sollen enger mit Kiefermäulern als mit kieferlosen Neunaugen und Schleimaalen verwandt sein (GAI et al. 2022, 959). Sie passen hinsichtlich einiger Merkmale zu evolutionären Stammbaumrekonstruktionen (ebd., Fig. 4), haben aber das „unerwartete“ Merkmal kontinuierlicher paariger Flossen seitlich am Bauch (ebd., 961). Außerdem passt das fossile Alter der kiefertragenden Fische nicht unbedingt zu der evolutionär erwarteten Abfolge von Merkmalen (vgl. Abb. 6–7). Denn obwohl die (evtl. paraphyletische) Gruppe der Thelodonti mit einem Alter von maximal 458

MrJ (SANSOM et al. 2015, 3) als ursprünglicher angesehen wird als die Galeaspida mit einem Alter von 439 MrJ (GAI et al. 2022, Fig. 4), entsprechen die separaten vorderen und hinteren Flossen der Thelodonti viel besser „modernerer“ Gruppen als den ursprünglicheren Galeaspida. Zu den als moderner geltenden Gruppen gehören neben den Kiefermäulern die ebenfalls kieferlosen Osteostraci, welche aber fossil erst seit 433 MrJ bekannt sind (vgl. ebd.).

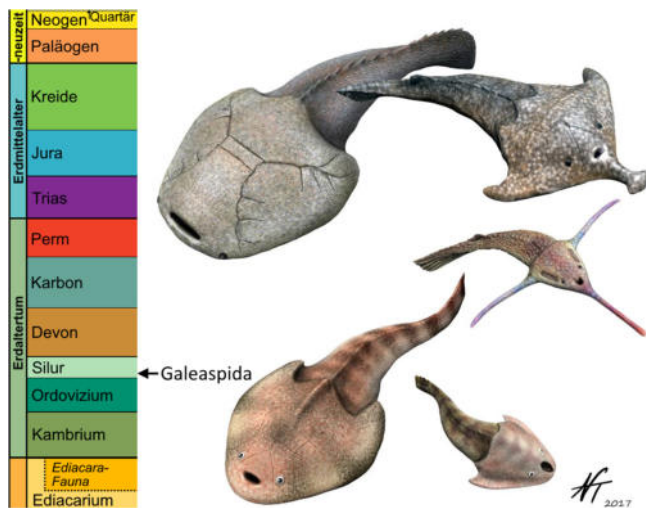


Abb. 1 Rechts: Der kieferlose Fisch *Tujiaspis vividus* gehört zu den Galeaspida: Hier die Lebendrekonstruktion verschiedener Galeaspida: *Hanyangaspis guodingshanensis* (links oben), *Sanchaspis megalorostra* (rechts oben), *Lungmenshanapis kyangyouensis* (rechts mittig), *Shuyu zhejiangensis* (rechts unten) und *Laxaspis qujingensis* (links unten). Links: Geologische Zeitskala mit den ersten fossilen Funden der Galeaspida im unteren Silur. (nach Wikimedia: Nobu Tamura, CC BY-SA 4.0)

Der ebenfalls aus Chongqing stammende Panzerfisch *Xiushanosteus mirabilis* „überrascht durch mehrere ungewöhnliche Merkmale“ (PODBREGAR 2022). Er wird in phylogenetischen* Analysen den Panzerfischen zugeordnet (ZHU et al. 2022, Fig. 4). Allerdings kombiniert er Merkmale ganz verschiedener Panzerfisch-Untergruppen (Arthrodira* und Acanthothoraci sowie Rhenanida) und besitzt somit ein ausgeprägtes und einzigartiges Merkmalsmosaik (PODBREGAR 2022; vgl. ZHU et al. 2022, 954, Fig. 4). Treten nun aber Mischungen von Merkmalen ganz verschiedener Panzerfisch-Gruppen auf, ist das aus evolutionärer Sicht überraschend, weil die Panzerfische⁶ als paraphyletische* Gruppe gelten, also gar nicht auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgeführt werden (vgl. Abb. 6–7)⁷. Daher stellt sich die Frage, wieso der älteste bekannte Panzerfisch *Xiushanosteus* mit einem Alter von ca. 436 MrJ Merkmale von

verschiedenen Gruppen von Panzerfischen teilt, die wahrscheinlich gar keine exklusive Abstammungsgemeinschaft (d. h. ein Monophylum*) bilden. *Xiushanosteus* weist zudem aber auch bisher völlig einzigartige Merkmale unter den Panzerfischen auf, z. B. durch Nähte isolierte Panzerplatten auf der Schädeloberseite (ZHU et al. 2022, 954f). Dieses Merkmalsmosaik ist der Grund dafür, dass die Autoren nur ganz grob die Kiefermäuler als zugehörige systematische Gruppe für *Xiushanosteus* angeben, statt ihn einer konkreten Panzerfisch-Gruppe zuzuordnen. Es sei darauf hingewiesen, dass man Merkmalsmosaiken zwar einerseits als Indiz für eine gemeinsame Evolutionsgeschichte interpretieren kann (falls sie widerspruchsfrei in ein Cladogramm eingepasst werden können – was aber bei Mosaikformen oft nicht der Fall ist), andererseits aber auch im Rahmen einer Schöpfung deuten kann. Dies liegt daran, dass Mosaikformen als Indiz dafür gewertet werden können, dass Merkmale von einem Schöpfer frei kombiniert werden können.

In der Chongqing-Lagerstätte wurden neben *Xiushanosteus* noch die Knorpelfisch-Gattung *Shenacanthus* (s. u.) sowie mindestens acht andere Gattungen von Panzerfischen gefunden, die Arten der „primitiven“ Panzerfischgruppe der Arthrodira ähneln (ZHU et al. 2022, 957). Zu den Arthrodira gehört auch der bekannte und bis ca. 9 m lange *Dunkelosteus*, welcher in Nordamerika und Europa im Oderdevon gefunden wurde (vgl. ENGELMAN 2023).

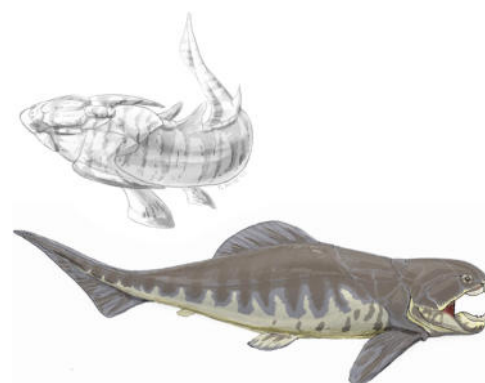


Abb. 2 Oben: Lebendrekonstruktion der neuentdeckten Art *Xiushanosteus mirabilis*. Unten: Der bekannteste Vertreter der Panzerfische ist der gewaltige *Dunkelosteus* mit bis zu ca. 9 m Länge (nicht maßstabsgerecht) aus der Gruppe der Arthrodira (hier in Lebendrekonstruktion); in Chongqing wurden ebenfalls Fossilien gefunden, die dieser Gruppe ähneln. (Wikimedia: 作者 Kylinxia - 自己的作品, CC BY-SA 4.0; Dmitry Bogdanov, CC BY 3.0)

Nun zu den drei neu entdeckten Arten aus der Knorpelfisch-Verwandtschaft:

Shenacanthus vermiformis stammt ebenfalls aus Chongqing und wird auf ca. 436 MrJ datiert. Er wird den Knorpelfischen (Chondrichthyes*) zugeordnet, weil er typische Merkmale dieser Gruppe – wie beispielsweise die Körperform – aufweist (ZHU et al. 2022, 954f). Seltsamerweise ist aber sein Schulterbereich von einem Ring großer harter Platten bedeckt, was eigentlich das Merkmal von Panzerfischen bzw. kieferlosen Fischen ist und womit diese Art wieder ein unerwartetes Merkmalsmosaik darstellt (ebd.). Die phylogenetischen Analysen von ZHU et al. (2022, Fig. 4) ergeben eine Position an der Basis der Knorpelfische in der Nähe von z. B. *Climatius*, der allerdings ca. 20 MrJ jünger ist. *Climatius* gehört zur Gruppe der ausgestorbenen Acanthodii* (Stachelhaie), die als Stamm*-Knorpelfische eine Schwestergruppe zu den heutigen Knorpelfischen bilden sollen (ANDREEV et al. 2022b, 969; vgl. aber QU et al. 2013., Fig. 1).

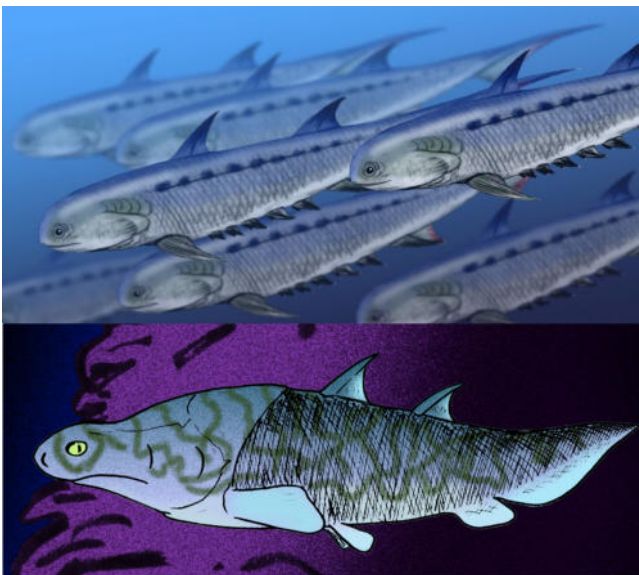


Abb. 3 *Climatius* (oben; Lebendrekonstruktion) aus der Gruppe der ausgestorbenen Stachelhaie (Acanthodii) scheint ein Verwandter des neu entdeckten *Shenacanthus vermiformis* (mittig; Lebendrekonstruktion) gewesen zu sein. (Wikimedia: Nobu Tamura, CC BY 3.0; Par Apokryltaros, CC BY-SA 4.0)

Auch der auf 439 MrJ datierte Stachelhai namens *Fanjingshania renovata* aus Leijiatun besaß Schultergürtelplatten sowie Flossenstacheln (ANDREEV et al. 2022b, 969, Fig. 3). Diese Merkmale weisen – wie auch bei *Shenacanthus* – eine „verblüffende“ Ähnlichkeit mit der Gruppe der Climatiden aus der Klasse der Acanthodii (Stachelhaie)

auf (ebd.). Dies widerlegt die bisherige evolutionäre Hypothese, dass Kieferfische einen „haifisch-ähnlichen Archetyp“ gehabt haben könnten (BERNARD 2022). Allerdings ist *Fanjingshania* im Gegensatz zu den oben beschriebenen Funden nicht komplett erhalten, sondern es sind nur einige Überreste überliefert (z. T. zusammenhängende Hautplatten, Schuppen, Flossenstacheln; vgl. ANDREEV et al. 2022b).

ANDREEV et al. (2022b, Fig. 3) stellen verschiedene Merkmale in einer Systematik der frühen kieferlosen und kiefertragenden Fische inklusive *Fanjingshania* dar. Allerdings sind einige Merkmale dabei unsystematisch verteilt und spiegeln nicht unbedingt gemeinsame evolutionäre Verwandtschaft wider (wie paarige Flossenstacheln, am Rücken bzw. vor dem Becken liegende Flossenstacheln sowie Resorption der Zahnwurzel). ANDREEV et al. (2022b, 974) kommentieren diesen Befund aus evolutionärer Perspektive so: „*Fanjingshania* fügt eine Reihe von Homoplasien*“ – also ähnlich aussehende Merkmale ohne evolutionäre Verwandtschaft – „zu den kiefertragenden Wirbeltieren im konventionellen Bereich der Acanthodii [Stachelhaie] unter den frühen Knorpelfischen hinzu.“ Anders gesagt: Einige Merkmale von *Fanjingshania* passen nicht zu evolutionären Erwartungen und widersetzen sich widerspruchsfreien Stammbaumrekonstruktionen.

Einige Merkmale von *Fanjingshania* passen nicht zu evolutionären Erwartungen und widersetzen sich widerspruchsfreien Stammbaumrekonstruktionen.

Qianodus duplicis stammt ebenfalls aus Leijiatun und wird ebenso auf ca. 439 MrJ datiert (ANDREEV et al. 2022a, 964). Er wurde anhand von dreiundzwanzig isolierten Zahnwirteln als Knorpelfisch beschrieben (ebd., 964, Methods). Zahnwirtel sind von fossilen Haien bekannt. Phylogenetische Analysen weisen *Qianodus* als „abgeleiteten [fortschrittlichen] Stamm*-Knorpelfisch“ aus (S. 966); um eine gut geeignete Übergangsform der Knorpelfische darzustellen, hätte er aber ein ursprünglicher Stamm-Knorpelfisch sein müssen. *Qianodus* stellt laut Autoren den frühesten direkten Nachweis von Wirbeltieren mit Kiefern dar (S. 964). Weitere am Fundort entdeckte Schuppen und

Flossenstacheln aus der Gruppe der Acanthodii (Stachelhaie) lassen sich dem Fossil leider nicht sicher zuordnen (S. 964f).



Abb. 4 Rekonstruktion des Stachelhais *Ischnacanthus gracilis* aus der Familie der Ischnacanthidae, der gewisse Ähnlichkeiten mit den Zahnwirteln von *Qianodus duplicis* aufweist (ANDREEV et al. 2022a, Fig. 3). (Wikimedia: Nobu Tamura, CC BY-SA 4.0)

3. Relevante Aspekte der Funde aus Grundtyp-Perspektive

Die beschriebenen Fossilfunde ließen sich aus Perspektive von Evolutionsbiologie und Grundtypenbiologie hinsichtlich vieler Details diskutieren – wie zum Beispiel hinsichtlich der Frage, welche Merkmale sich konkret für welche Gruppe als Indizien für einen Status als *Bindeglied* eignen könnten und welche nicht. Während man im Rahmen der Evolutionslehre von unzähligen früheren Bindegliedern zwischen den heutigen Tiergruppen ausgeht (s. Anhang 3), erwartet man im Grundtypenmodell keine oder kaum echte (durchweg in den einzelnen Merkmalen passende) Bindeglieder zwischen getrennt erschaffenen Grundtypen („Arten“ in Genesis 1, dem biblischen Schöpfungsbericht). Mosaikmerkmale, die sich einer klaren Stammbaumeinordnung widersetzen, sprechen somit für einen Schöpfer, der Merkmale der Lebewesen bei der Erschaffung der Grundtypen frei nach Bedarf kombinierte. Die Frage nach passenden Merkmalen für Bindeglieder würde allerdings den Rahmen dieses Artikels sprengen und daher soll nur auf vier ganz grundsätzliche Befunde eingegangen werden, die für ein biblisches Schöpfungsmodell von besonderer Bedeutung sind. Dabei geht es um die Vielfalt, die Stimmigkeit von evolutionären Deutungen von Cladogrammen, die zeitliche Reihenfolge in der Fossilüberlieferung und die damit verbundene Thematik „fossil nicht überlieferter Lebensräume“.

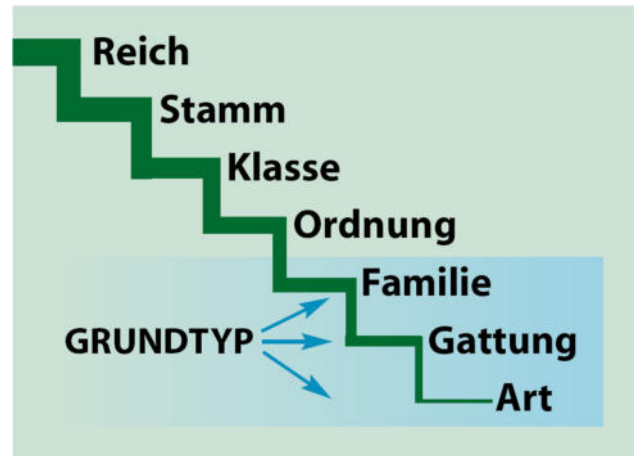


Abb. 5 Die systematische Einteilung im Reich der Tiere erfolgt über Stamm, Klasse, Ordnung, Familie, Gattung und Art. In der Grundtypenbiologie sucht man nach Schöpfungseinheiten (Grundtypen). Grundtypen sind aller Erfahrung nach meistens auf mittlerer systematischer Ebene zu suchen (häufig Familien oder Unterfamilien; z. T. darüber oder darunter). (Abbildung aus SCHERER & JUNKER 2013, Tab. 3.3)

1) Große Vielfalt und Verschiedenartigkeit zu Beginn der fossilen Überlieferung

Kiefertragende Fische⁸ weisen schon seit ihrem frühesten fossil belegten Auftreten eine große Vielfalt und Verschiedenartigkeit* auf, wie folgende Zitate verdeutlichen:

- Als eines der „erstaunlichsten“ Merkmale der Fossilienansammlung bezeichnen ZHU et al. (2022, 957) die „große Vielfalt“ der Fische in „einer einzigen Lagerstätte“ (Chongqing).
- Die Funde aus Chongqing überraschen ZHU et al. (2022, 958), weil sie von den bisherigen Funden aus dem jüngeren Devon nicht auf eine derart „komplexe Evolution“ von Panzer- und Knorpelfischen geschlossen hätten.
- Außerdem ergibt die Morphoraum-Analyse⁹ von ZHU et al. (2022, 957), dass die kiefertragenden Wirbeltiere im unteren Silur „bereits eine beträchtliche Ausdehnung sowohl der Vielfalt der Hauptgruppen als auch der morphologischen* Verschiedenartigkeit erreicht haben“ (ZHU et al. 2022, 957).
- „Zusammengenommen zeigen diese Arten eine bisher unbekannte Diversifizierung* der Kieferwirbeltiere im frühen Silur“ (ZHU et al. 2022, 954).
- „Unsere phylogenetische Analyse ordnet *Qianodus* in die Gesamtgruppe der Knorpelfische ein, was bedeutet, dass eine Reihe von Fischen

mit Kiefern im oberen Ordovizium sowie unteren Silur auftrat und neben kieferlosen Wirbeltieren kurz nach Beginn der Biomineralisierung in der Gesamtgruppe der Gnathostomata [Kiefernäuler] koexistierte“ (ANDREEV et al. 2022a, 967).

- „Die Entdeckung von *Fanjingshania* bietet die bisher stärkste Unterstützung für eine frühe silurische Radiation* [Artaufspaltung] von Kieferwirbeltieren vor deren weiten Verbreitung in den Fossilienaufzeichnungen im Unterdevon“ (ANDREEV et al. 2022b, 969).
- „Überreste isolierter Hautschuppen und Stacheln aus dem Oberordovizium (Sandbium-Stufe) und dem unteren Silur (Llandoverly-Serie), die Stamm-Knorpelfischen und rätselhaften Gruppen wie Mongolepiden, Sinacanthiden und Elegestolepiden zugeschrieben werden, liefern weitere Belege für die frühe Vielfalt“¹⁰ (ANDREEV et al. 2022b, 969).
- Der Paläontologe Matt FRIEDMAN (*University of Michigan*), der nicht an der Studie beteiligt war, kommentierte (nach PODBREGAR 2022): „[D]ie Vielfalt der neu entdeckten Fische ist noch ein Rätsel.“ Weiter ergänzte er: „Die Diversifizierung der Kieferwirbeltiere war bereits in den frühesten Phasen des Silur in vollem Gange“ (nach BERNARD 2022).
- „Die Fossilien demonstrieren, dass die Kiefernäuler schon im frühen Silur eine erhebliche Vielfalt in Bezug auf ihre Morphologie [Körperbau] und die Verbreitung der stammesgeschichtlichen Hauptgruppen entwickelt hatten“, berichten die Paläontologen“ (PODBREGAR 2022).

Kiefertragende Fische weisen schon seit ihrem frühesten fossil belegten Auftreten eine große Vielfalt und Verschiedenartigkeit auf.

Außerdem war den Forschern bereits zuvor aus dem oberen Silur und dem unteren Devon eine erstaunliche Vielfalt ganz verschiedener fossiler Fische bekannt, wie Anhang 1 Tab. 1 zeigt. Dazu zählen – neben den hier genannten kieferlosen Fischen, Panzerfischen, Stachelhaien und Stamm-Knorpelfischen – schon sehr früh selbst Kronen*-Knochenfische aus dem späten Silur wie *Andreolepis* und *Lophosteus*¹¹ sowie Fleischflosser wie *Guiyu* und *Psarolepis* (vgl. ZHU & YU 2002, 767; ZHAO et al. 2021, Fig. 7). Zudem gilt nach ARGYRIOU (2021, 91): „Die ältesten definitiven Fossilien von den Actinopterygii [Strahlenflossern] stammen aus dem frühen und mittleren Devon“ – wie z. B. *Meemannia* vor ca. 415 MrJ (LU et al. 2016, 1602ff). In den Gewässern, in denen die frühesten fossil erhaltenen kiefertragenden Fische lebten, gab es also eine Vielzahl ganz verschiedener Fischgruppen (vgl. Anhang 1 Tab. 1), die keineswegs nur als primitiv zu betrachten sind, d. h. die nicht widerspruchsfrei in eine basale Position in den Cladogrammen passen.

2) Stammbäume sind nicht widerspruchsfrei rekonstruierbar

Einige weitere Merkmale der frühesten Fische nach ANDREEV et al. (2022b, Fig. 3) lassen sich nicht widerspruchsfrei in einen evolutionären Stammbaum (bzw. ein Cladogramm) einordnen,¹² wie zum Beispiel Abb. 6 zeigt. Andererseits kann man eine fast gleichzeitige Überlieferung ganz verschiedener Baupläne aus Schöpfungsperspektive als Indiz für einen Schöpfer deuten, der diese Fische in großer Vielfalt und mit jeweils für ihre Lebensbedingungen passenden Merkmalsmosaiken erschaffen hat, bevor sie fossilisierten.¹³

Mehrere Merkmale bei den frühesten Fischen lassen sich nicht widerspruchsfrei in einen evolutionären Stammbaum einordnen.

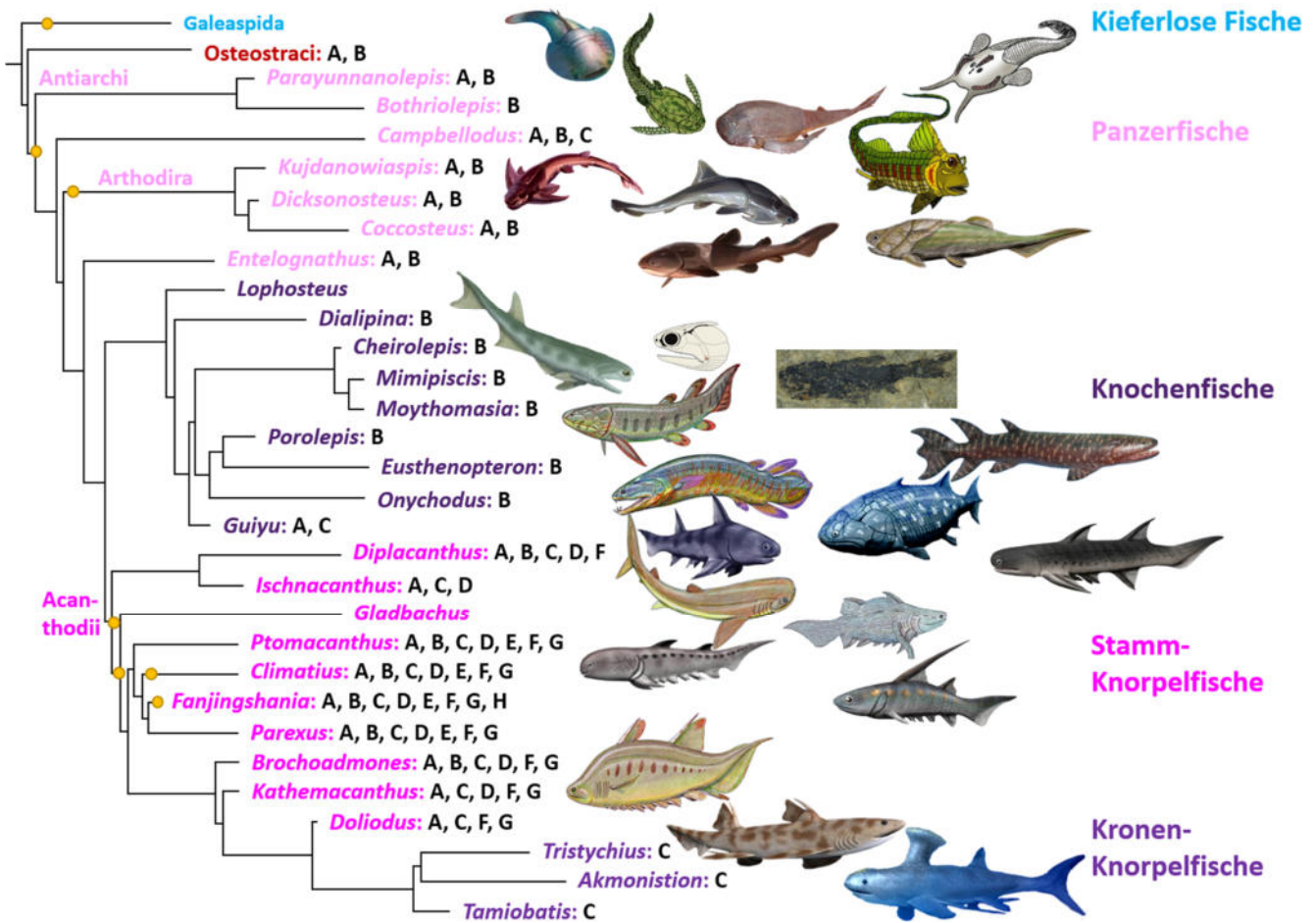


Abb. 6 Ein auf ANDREEV et al. (2022b) basierendes Cladogramm* der frühen Fische mit teilweise unsystematisch verteilten Merkmalen. Die Länge der Äste spiegelt das erste fossil bekannte Auftreten wider. Merkmale: **A** paarige Flossenstacheln, **B** aus großen Teilen bestehender dermaler (die Haut betreffender) Schultergürtel, **C** Rückenflossenstacheln, **D** Afterflossenstacheln, **E** medianer ventraler präpektoraler Stachel (Stachel vor den Brustflossen), **F** Flossenstachel vor dem Becken, **G** paarige Flossenstacheln vor dem Becken, **H** Odontoden-Resorption¹⁴. Die gelben Punkte geben mögliche evolutionäre Positionen der oben beschriebenen, neu entdeckten Fische nach der Ansicht des Verfassers an und zeigen die enorme Vielfalt und Verschiedenartigkeit der Fische des unteren Silur. (Eigene Darstellung nach ANDREEV et al. 2022b, Fig. 3; Bilder: Wikimedia: CC BY 2.5: Nobu Tamura; CC BY 3.0: Philippe Janvier; Arthur Weasley; CC BY-SA 3.0: Apokryltaros; Smokeybjb; Gretarsson; Dr. Günter Bechly; CC BY-SA 4.0: Gai Z, Lu L, Zhao W, Zhu M (2018) PLoS ONE 13(9): e0202217; Nobu Tamura; Dmitry Bogdanov – DiBgd; Entelognathus; Oilshale; Саша Бараев)

Betrachtet man vorgeschlagene Cladogramme zu den Verwandtschaftsverhältnissen der kieferlosen und kiefertragenden Fische sowie ihrer vermeintlichen Vorläufer in Abb. 7, wird deutlich, dass es im Detail eine Reihe von Widersprüchen gibt – je nach Autoren, betrachteten Gruppen, untersuchten Merkmalen und verwendeten Methoden. So gibt es bei ZHU et al. (2022, Extended Data, Fig. 9) zwei im Detail sehr verschiedene Cladogramme je Verfahren (Parsimonie vs. Bayes'sches Verfahren). ANDREEV et al. (2022b, Extended Data, Fig. 5) geben ebenso zwei unterschiedliche Cladogramme an; auch hier sind Merkmale wieder unsystematisch verteilt (wie z. B. die Verteilung von Zahnwirteln in unabhängigen Gruppen; vgl. ebd., Fig. 4). An anderer Stelle (Extended Data, Fig. 6)

geben dieselben Autoren wieder drei sehr verschiedene Cladogramme je nach Verfahren an. MIYASHITA et al. (2019, Fig. 3+S6–8) haben gleich zehn verschiedene Cladogramme für die Schleimaale und Neunaugen sowie ihre vermeintlichen Verwandten erstellt, von denen drei beispielhaft in Abb. 7I dargestellt sind. Einige weitere alternative Cladogramme finden sich in Abb. 7.

Solche Widersprüche in den Stammbaumpositionen (bzw. Cladogrammen) betreffen niedere systematische Ebenen massiv, wie z. B. die Verhältnisse der Gattungen von Stamm-Knorpelfischen zueinander (vgl. die oben genannten Cladogramme). Sie finden sich aber auch auf der mittleren systematischen Ebene – z. B. bei der Frage nach den verschiedenen grundlegenden

Panzerfisch-Gruppen (s. o.; vgl. DUPRET & ZHU 2008, Fig. 10). Doch selbst auf höheren systematischen Ebenen werden solche Widersprüche deutlich, was bedeutet, dass sie die komplette Systematik der Tiere durchziehen. Dieser Befund betrifft in Abb. 7 beispielsweise die Stellung der Tunicata (Manteltiere wie Seescheiden), der Schleimaale, der Neunaugen und der fossilen kieferlosen Fische wie Anaspida¹⁵, Galaspida und Pituriaspida.¹⁶

Der Befund von widersprüchlichen cladistischen Analysen verhindert eine eindeutige Rekonstruktion der Evolutionsgeschichte und zeigt einmal mehr: Der evolutionäre Stammbaum des Lebens folgt nicht zwangsläufig aus den Daten, sondern ergibt sich im Grunde erst durch einen evolutionsbiologischen Deutungsrahmen, der über die Daten gelegt wird.¹⁷ Leider erscheinen die widersprüchlichen Stammbaumrekonstruktionen häufig nur im Anhang (z. B. Extended Data) der Originalartikel und schaffen es selten bis in populäre Medien.

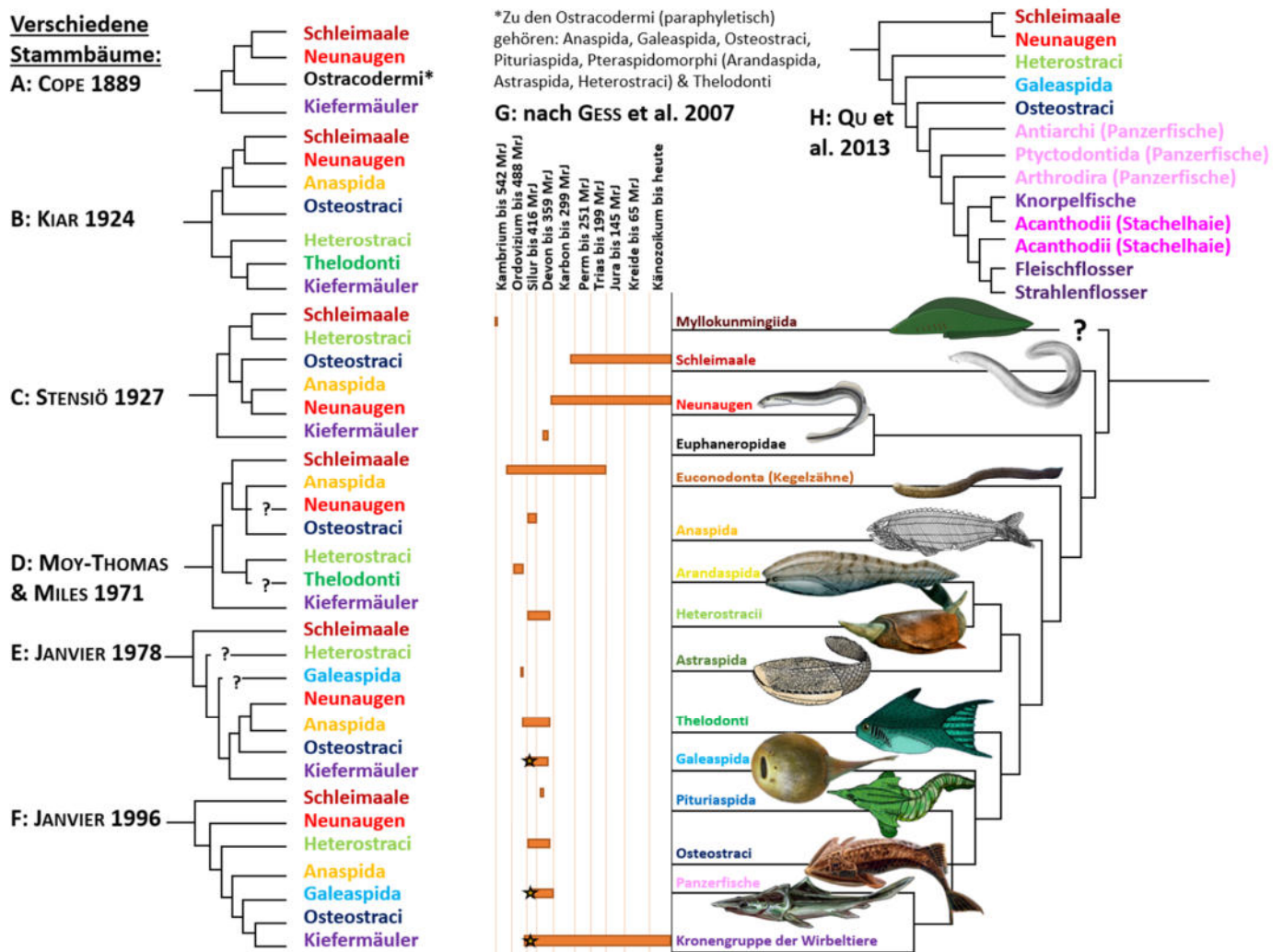
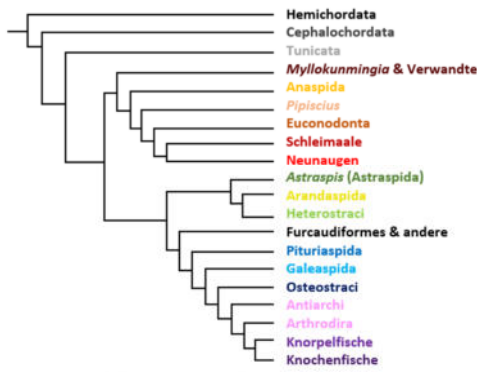


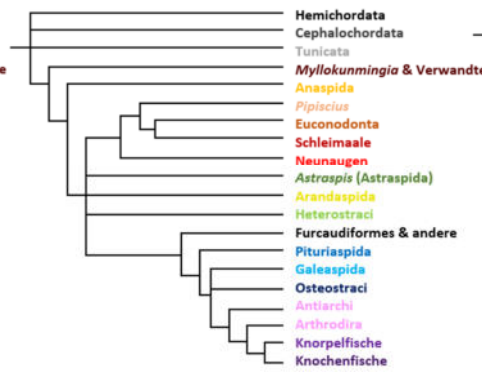
Abb. 7A-H Verschiedene evolutionäre Cladogramme der frühen Fische und ihrer vermeintlichen Vorfahren im Vergleich. In G ist das fossile Auftreten aufgetragen; es fällt auf, dass dieses den evolutionären Erwartungen völlig widerspricht. Die hier vorgestellten neuentdeckten Arten aus dem Silur in China sind mit Stern gekennzeichnet. (Eigene Darstellung basierend auf JANVIER (2008, Fig. 1: A-G) und Qu et al. (2013, Fig. 1: H)); Bilder: Wikimedia: CC BY-SA 4.0: Gai Z, Lu L, Zhao W, Zhu M (2018) *PLoS ONE* 13(9): e0202217; Nobu Tamura; Vladislav Egorov & Jaagup Metsalu - Estonian Museum of Natural History; Entelognathus; CC BY-SA 3.0: Zsoldos Márton; CC BY 3.0: Philippe Janvier; CC BY 2.5: Apokryltaros; Qu Q, Zhu M & Wang W (2013) *PLoS ONE* 8(4): e61485)

I: MIYASHITA et al. 2019: 3 ausgewählte von 10 verschiedenen Cladogramme über die Stellung der Rundmäuler (Schleimaale+Neunaugen)

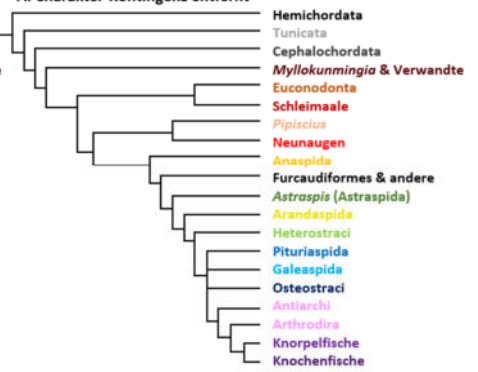
a) Fig. S6 Rundmäuler-Monophylie unter Parsimonie



b) Fig. S7 Rundmäuler-Monophylie unter Bayes'scher Intereferenz

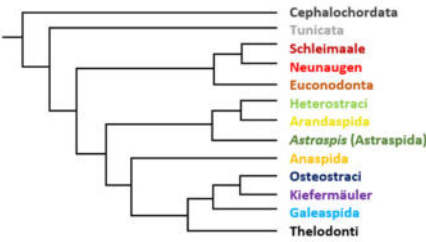


c) Fig. S8 Ausgewählte Ergebnisse von Sekundäranalysen mit alternativer Merkmalskodierung und Taxonstichproben A. Charakter-Kontingenz entfernt



J: KEATING & DONOGHUE (2016):

a) Fig. 5c 50% Mehrheitskonsens, 100 gewichtete Parameter



b) Fig. 6 nach Entwicklung des Hautskeletts

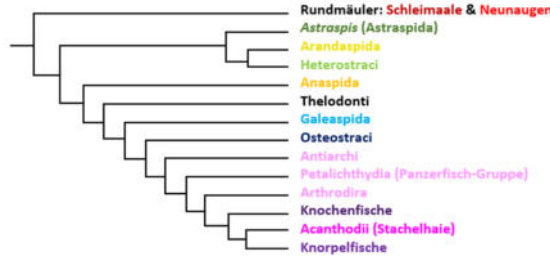


Abb. 7I–J: Weitere evolutionäre Cladogramme der frühen Fische vereinfacht nach MIYASHITA et al. (2019, Fig. S6–8A: I) sowie KEATING & DONOGHUE (2016, Fig. 5–6: J). (Eigene Darstellung)

3) Position im Stammbaum und stratigraphisches Alter

Häufig entspricht die (cladistischen Analysen entsprechende) Stammbaum-Position bei kieferlosen Fischen ihrem tatsächlichen fossilen Alter gerade nicht (s. Abb. 7G und Abb. 8). Dies wird deutlich bei kieferlosen Fischen wie *Pipiscius*, Anaspida, Schleimaale und Neunaugen, Osteostraci, Heterostraci, Galeaspida und Pituriaspida, und ebenso bei Panzerfischen, die nicht wesentlich früher, zeitgleich oder gar später als „modernere“ Fischgruppen wie Stachelhaie¹⁸ in der Fossilüberlieferung erscheinen (Abb. 7G). Denn schließlich könnte man aus evolutionärer Perspektive prinzipiell die Erwartung ableiten, dass die als ursprünglicher gedeuteten Gruppen fossil älter als die Kiefermäuler sein sollten, welche als modern bzw. abgeleitet gelten.¹⁹

Häufig entspricht die vermutete evolutionäre Stammbaum-Position bei kieferlosen Fischen nicht ihrem tatsächlichen fossilen Alter.

Tatsächlich aber treten viele kieferlose Gruppen ungefähr zeitgleich oder gar in jüngeren Schichten auf als die ältesten fossilen Kiefermäuler.²⁰ Dieser

Befund verschärft sich noch, wenn man bedenkt, dass bereits im Obersilur/Unterdevon heutige Großgruppen wie Knorpelfische, Fleisch- und Strahlenflosser fossil nachweisbar sind. Somit treten die meisten großen Gruppen von kieferlosen und kiefertragenden Fischen innerhalb von – aus evolutionstheoretischer Perspektive „nur“ – ca. 20 MrJ statt in längeren Zeiträumen auf.²¹

Dieser Befund ist zwar nicht ganz so beeindruckend wie die *Kambrische Explosion*, durch die – in evolutionstheoretischer Lesart – in ebenfalls maximal ca. 10–20 MrJ ungefähr zwei Dutzend Stämme und ca. sechs Dutzend Klassen des Tierreiches in einer seitdem nie gekannten morphologischen Verschiedenartigkeit erstmals fossil in Erscheinung getreten sind (JUNKER 2014, 6; ERWIN 2020, Fig. 3; JUNKER 2022, 104f). Man könnte den Befund aber dennoch als „silur-devonischen Schnellstart für die Evolution der Fische“ in der Fossilüberlieferung bezeichnen. Somit tritt – je nach Zählweise (z. B. bei den Panzerfisch-Gruppen) – über ein Dutzend verschiedener Klassen von Fischen in einem evolutionär kurzen Zeitraum fossil in Erscheinung.²² Dies ist ein wesentlicher Befund für die Grundtypen-Forschung, schließlich hieß es noch bei STEPHAN (2015, 127): „Hinzu kommt, dass auch die einzelnen Wirbeltiergruppen in der

geologischen Schichtenabfolge wiederum in geordneter Abfolge auftreten, z. B. die sehr unterschiedlichen Gruppen der Fischartigen.“ Nun aber wird deutlich, dass das Auftreten der Großgruppen der Fische bzw. Fischartigen eben nicht evolutionären Erwartungen und aufeinanderfolgender, schrittweiser Evolution entspricht.

Viele Großgruppen verschiedener Fische treten in einem „silur-devonischen Schnellstart“ innerhalb von nur ca. 20 MrJ in der Fossilüberlieferung auf.

Bedenkt man zudem die gewaltigen Probleme, die die Kambrische Explosion für die Evolutionstheorie darstellt, kann man auch dieses rasante Auftreten der Fischgruppen im Silur bis zum unteren Devon als deutliche Herausforderung für die Evolutionstheorie verstehen (vgl. JUNKER 2014; JUNKER 2022, 104f).²³ Klassen sind immerhin die zweithöchste systematische Ebene im Tierreich zur Beschreibung der Verschiedenheit von Bauplänen (Abb. 5). Sicherlich müssten viele entsprechende zufällig entstandene Mutationen, die koordiniert für die Bildung des Körperbauplans zusammenarbeiten müssen, innerhalb evolutionär kürzester Zeit in passender Form auftreten, anschließend auch noch entsprechend reguliert

bzw. verschaltet werden und sich dann in den Populationen durchsetzen. Diese Schwierigkeit für Evolutionsmodelle wird als *Wartezeitproblem* bezeichnet.²⁴

Auch Schleimaale und Neunaugen, die man für die ursprünglichsten heute noch lebenden Fische hält²⁵ (vgl. Abb. 7 sowie NELSON et al. 2016, 1, 14), tauchen – gemessen an ihrer evolutionären Position – recht spät in der Fossilüberlieferung auf (vgl. Abb. 8; s. auch Anhang 6). Dies gilt insbesondere für *eindeutig* zuzuordnende Arten, die bei Schleimaalen mit *Tethymyxine* erst vor ca. 100 MrJ nachweisbar sind (vgl. MIYASHITA et al. 2019, 2147). MIYASHITA (2020, 850f) ergänzt aufgrund eines neuen Fossilfundes noch *Myxinikela* als Schleimaal aus der Überfamilie Myxinoidea aus dem späten Karbon (Moskovium, 315–307 MrJ). Die Fossilüberlieferung entspricht daher nicht evolutionären Erwartungen. Zudem muss man hier von massiven Lücken (jeweils 200 bis 100 MrJ) in der Fossilüberlieferung ausgehen.²⁶ Weiterhin ist es erstaunlich, dass der erste eindeutige Schleimaal *Tethymyxine* im Cladogramm eine Position *innerhalb* der Gruppe heutiger Schleimaal-Arten innehat (MIYASHITA et al. 2019, Fig. 3) und damit quasi als „lebendes Fossil“ gelten kann.

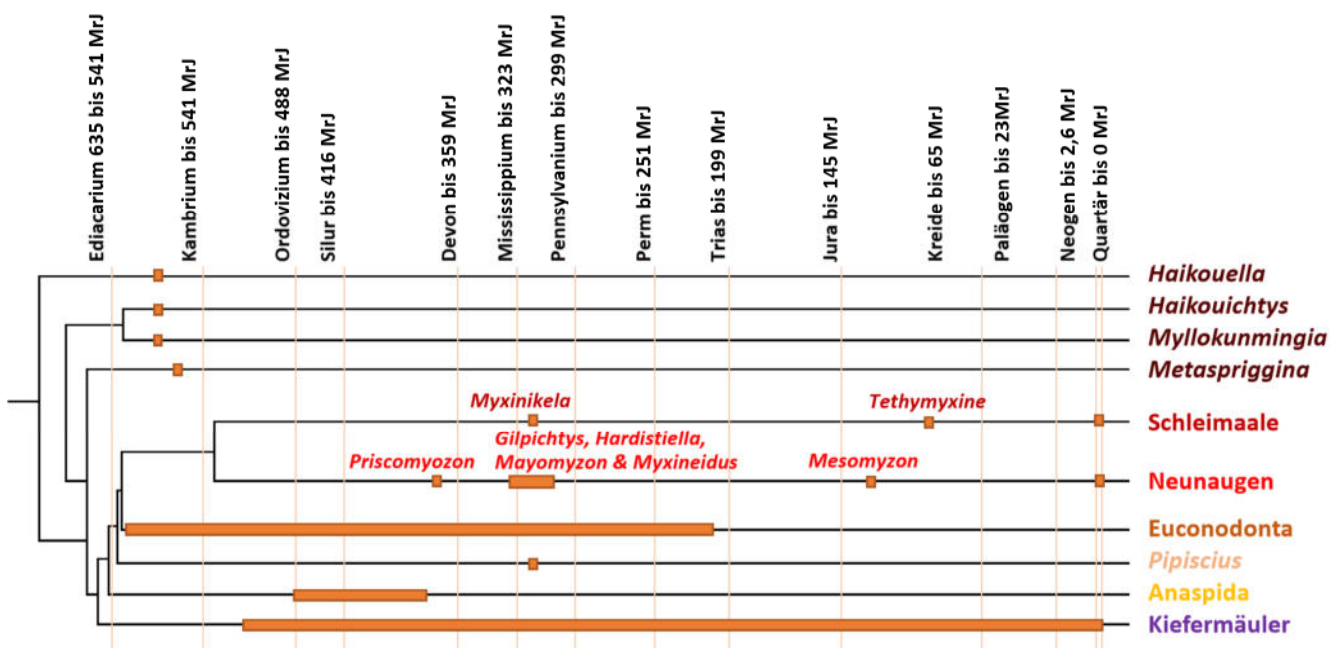


Abb. 8 Ein Cladogramm mit Alter der Fossilfunde, das die Position der Schleimaale und Neunaugen nach MIYASHITA et al. (2019) aufzeigt. Auch hier entspricht das fossile Auftreten evolutionären Erwartungen nicht. (Eigene Darstellung nach MIYASHITA et al. 2019, Fig. 3)

Noch bemerkenswerter ist, dass Neunaugen nach EVANS et al. (2018) seit mindestens 360 MrJ als „morphologisch konserviert“ betrachtet werden müssen.²⁷ Auch sie zeigen als „lebende Fossilien“ keine evolutionäre Entwicklung, sondern erscheinen voll ausgebildet in der Fossilüberlieferung. ULLRICH (2021, 110ff) betont, dass sich auch die larvalen Stadien bei der Schwanzentwicklung bei dem Teleostei-Verwandten *Aetheretmon* mit ca. 350 MrJ Alter nicht von modernen Knochenfischen unterscheiden (vgl. SALLAN 2016). Dieser Aspekt der Embryonalentwicklung zeigt also in 350 MrJ keine wesentliche evolutionäre Entwicklung – und widerspricht auch der *Rekapitulations-theorie*, dass die Individualentwicklung die Stammesgeschichte (Evolution) wiederholt. Zudem ist der angelegte embryonale Schwanz der Knochenfische nicht der evolutionäre Vorläufer der Schwänze bei Landwirbeltieren, wie fossile und ontogenetische Befunde zeigen (vgl. ULLRICH 2021, 110ff).

Weitere erstaunliche „lebende Fossilien“ finden sich unter den Fischen in allen heute existenten Großgruppen (vgl. Anhang 1 Text 1 und Infobox). Dazu gehört zum Beispiel die heutige Gattung (!) *Hexanchus* (Sechskiernerhaie), die sich seit 191 MrJ nicht wesentlich verändert haben soll. Die heutige Familie der Kahlhechte (Amiidae) hat ein fossiles Alter von 201 MrJ und die heutige Familie der Quastenflosser (Latimeriidae) ist fossil mindestens 241 MrJ alt. Die Ordnung der Coelacanthiformes (Quastenflosserartige) ist mit 388–383 MrJ noch älter. Die Ordnung der Chimaeriformes (Seekatzenartige) ist mit *Protochimaera mirabilis* seit dem Karbon vor 338–332 MrJ fossil bekannt. Dabei ist das fossile Auftreten der Familien von *allen* größeren heutigen Fischgruppen (Schleimaale, Seekatzen, Haie, Rochen, Flösselhechte, Knorpelgarnoiden und Holostei [Kahl- & Knochenhechte]) im Mesozoikum (Erdmittelalter: Trias bis Kreide) – mit *Ausnahme* der Neunaugen und Teleostei (Echte Knochenfische), bei denen dies immerhin auf die Mehrheit der Ordnungen zutrifft – ein weit verbreiteter bzw. typischer Befund (vgl. Anhang 1 Text 1). Das Phänomen „lebender Fossilien“ durchzieht somit den ganzen evolutionären „Stammbaum“ der Fische und zeigt die prinzipielle Beibehaltung des Körperbauplans trotz

massiver Umweltveränderungen (vgl. PAILLARD et al. 2020, 1f).

Die Ordnungen der Neunaugen und der Echten Knochenfische ebenso wie die Familien aller anderen heutigen Fisch-Großgruppen treten mehrheitlich als „lebende Fossilien“ im Erdmittelalter auf.

Infobox: Fossiles Auftreten von Fisch-Familien

Auftreten einiger ausgewählter heutiger Fisch-Familien in der Fossilüberlieferung mit minimalen Altersangaben (Quellen: Anhang 1 Text 1) – d. h. lebende Fossilien auf Familienebene:

Esocidae („Hechte“): 66 MrJ; heutige Gattung *Esox*: 62 MrJ
Polypteridae (Flösselhechte): 93 MrJ
Albulidae (Grätenfische): 94 MrJ; heutige Gattung *Albula*: 66 MrJ
Acipenseridae (Störe): 94 MrJ; heutige Gattung *Acipenser*: 72 MrJ
Argentinidae (Goldlachse): 101 MrJ
Polymixiidae („Bartfische“): 101 MrJ
Protopteridae (Afrikanische Lungenfische): heutige Gattung *Propterus*: 101 MrJ
Polyodontidae (Löffelstöre): 125 MrJ
Dasyatidae (Stechrochen): heutige Gattung *Dasyatis*: 129 MrJ
Scyliorhinidae (Katzenhaie): 166 MrJ; heutige Gattung *Scyliorhinus*: 134 MrJ
Brachaeluridae („Blindhaie“): 166 MrJ; heutige Gattung *Brachaelurus*: 134 MrJ
Elopidae (Frauenfische): 152 MrJ
Lepisosteidae (Knochenhechte): 157 MrJ
Squatinae (Engelhaie): heutige Gattung *Squatina*: 157 MrJ
Rhinobatidae („Gitarrenrochen“): 170 MrJ
Heterodontidae (Stierkopphaie): heutige Gattung *Heterodontus*: 170 MrJ
Rhinidae („Geigenrochen“): 174 MrJ
Hemiscylliidae (Bambushaie): 174 MrJ
Hexanchidae (Kammzähnerhaie): heutige Gattung *Hexanchus*: 191 MrJ
Callorhynchidae (Pflughnasenchimären): 191 MrJ
Amiidae (Kahlhechte): 201 MrJ
Neoceratodontidae (Australische Lungenfische): 201 MrJ; heutige Gattung *Neoceratodus*: 101 MrJ
Latimeriidae („heutige“ Quastenflosser): 241 MrJ
Schleimaal-Überfamilie Myxinoidea: 307 MrJ

Auf der höchsten systematischen Ebene im Tierreich, der Ebene der Tierstämme, stellen fast alle heutigen Tierstämme uralte Gruppen bzw. „lebende Fossilien“ seit über 500 MrJ dar. Die Tierstämme treten nämlich mehrheitlich in großer Vielfalt bereits fossil seit dem Kambrium (ca. 541–485 MrJ) in Erscheinung, denen unter den größeren fossil gefundenen Mehrzellern stratigraphisch nur die rätselhaften Ediacara-Faunen vorausgegangen sind.²⁸ So schreiben ZHANG & SHU (2021, 644): „Das Kambrium war eine völlig neue

[„refreshed“] Welt! Im Vergleich mit der Ediacara-Fauna [„Ediacarans“] sah alles neu aus und war viel einfacher zu verstehen. Die meisten lebenden Tierstämme tauchten in den ersten 20 Millionen Jahren des Kambriums zum ersten Mal in der Fossilüberlieferung auf (Erwin et al. 2011; Zhang und Shu 2014; Shu et al. 2014). Die meisten kambrischen Fossilien lassen sich problemlos in eine Stamm- oder Kronengruppe eines heute vorkommenden Tierstammes einordnen.“ Insbesondere die Mitglieder heutiger Kronengruppen können daher – wenigstens auf mittlerer systematischer Ebene – als lebende Fossilien betrachtet werden. Dazu gehören z. B. Kronen-Schwämme, Kronen-Krebstiere und seit 2021 sogar Kronen-Ringelwürmer (JUNKER 2014, 11; JUNKER 2021, 61f). THOMAS et al. (2000; nach JUNKER 2014, 3) zufolge traten ca. 80 Prozent der untersuchten Skelett-Designelemente von heutigen Kronengruppe der marinen Tierstämme in der Hauptphase der kambrischen Explosion in nur 15 MrJ plötzlich auf. Das bedeutet: „Die Lücken zwischen den Bauplänen der (modernen) Kronengruppen existierten schon, als die ersten Fossilien während der kambrischen Explosion erschienen und sind seither geblieben (ERWIN & VALENTINE 2013, 340)“ (JUNKER 2014, 11).²⁹

Aus evolutionärer Perspektive ergibt sich bei genauerer Betrachtung der Systematik von Fischen und ihren vermeintlichen Vorfahren außerdem der Befund, dass eine Reihe von Gruppen nicht als Übergangsstadium zwischen den vorherigen bzw. nachfolgenden Gruppen vermitteln kann (vgl. Anhang 2 Tab. 1–2, Abb. 2). Die Deutung der entsprechenden Merkmalsverteilungen dieser Gruppen in Form eines evolutionären Stammbaums ist in diesen Fällen daher eher evolutionär motiviert als empirisch erschlossen.

Zusammengefasst bedeutet dies: Auf höheren systematischen Ebenen treten nicht nur sehr viele Tierstämme im Kambrium, sondern auch viele Klassen von kieferlosen und kiefertragenden Fischen im Silur/Oberdevon plötzlich und ziemlich zeitgleich in der Fossilüberlieferung auf.

4) Fossil nicht überlieferte Lebensräume

Durch die neu gemachten fossilen Fischfunde wird einmal mehr das Problem der *fossil nicht überlieferten Lebensräume** sichtbar, welches sowohl evolutionäre wie auch schöpfungsorientierte Modelle betrifft.

Die fossilen Fischfunde machen sowohl in Evolutions- als auch in Schöpfungsmodellen einen häufigen Rückgriff auf „fossil nicht überlieferten Lebensräumen“ notwendig.

Grundsätzlich ist es aus Grundtypen-Perspektive nicht überraschend, dass viele Grundtypen* ausgestorben sind. Dies gilt insbesondere, da laut biblischem Bericht infolge der globalen Sintflut (Genesis 6–8) wahrscheinlich mit großen geologischen und auch ökologischen Umwälzungen zu rechnen ist, die nicht alle Grundtypen überlebt haben.³⁰ Aus Perspektive des Grundtypmodells bleibt es aber rätselhaft, wieso die frühesten bekannten Kiefermäuler den mutmaßlichen Grundtypen heutiger Fische relativ selten ähneln (wie z. B. die vielfältigen ausgestorbenen Panzerfische). So stammt laut TINTORI et al. (2015, 285f) die älteste fossile Stammart der Teleostei (Echte Knochenfische) aus der Gattung *Malingichthys* erst aus der Mitteltrias (oberes Ladinium, ca. 242–235 MrJ). Somit fehlen Mitglieder der Teleostei in ca. 50 Prozent der geologischen Zeitskala seit dem Auftreten der ersten fossilen Kiefermäuler im Silur. Eine eigene Analyse der gesamten Datenbank *The Paleobiology Database* (abgekürzt als *PaleobioDB*) zeigt zudem, dass die heutigen Familien von Lebewesen, die in der Fossilüberlieferung auftauchen, *durchschnittlich* bereits seit ca. 107 MrJ fossil bekannt sind.³¹ Sie fehlen somit seit dem Kambrium also durchschnittlich in ca. vier Fünftel der Fossilüberlieferung.³² Andererseits gehen evolutionäre Modelle ihrerseits aufgrund postulierter, aber nicht nachgewiesener Übergangsformen von einer bestenfalls zu 99 % unvollständigen Fossilüberlieferung auf Artniveau aus (s. Anhang 3). Gibt es mögliche Erklärungen für diesen Befund?

Leider gibt es bei der Erforschung von lebenden und insbesondere fossilen Grundtypen methodische Schwierigkeiten, da Grundtypen insbesondere über direkte und indirekte Kreuzungen

nachgewiesen werden (vgl. SCHERER & JUNKER 2013, 28–38). Allerdings sind Zuordnungen von Grundtypen bei heutigen Fischarten aufgrund von wenigen bekannten Kreuzungen schwierig und stecken bei den meisten heute lebenden Grundtypen noch in den Kinderschuhen³³ (vgl. SCHERER 1993, 27); dies gilt insbesondere für marine Fische.³⁴ Weiterhin sind viele Fossilfunde fragmentarisch und daher schwierig zuzuordnen – ganz zu schweigen davon, dass bei Fossilien weder Kreuzungen noch molekulargenetische Verwandtschaften (außer bei wenigen jüngeren Funden) nachweisbar sind.³⁵ Es ist somit unbekannt, wie viele fossile Fragmente heute bekannter Grundtypen bisher wirklich gefunden worden sind.³⁶

Eine weitere Erklärungsmöglichkeit für das Fehlen von Fossilien vieler heutiger Grundtypen in bestimmten Abschnitten der Fossilüberlieferung bietet die Annahme *fossil nicht überlieferter Lebensräume*. Diese Erklärung besagt, dass manche Taxa* (Gruppen von Lebewesen) in Lebensräumen lebten, die (aus verschiedenen Gründen) fossil nicht dokumentiert worden sind. In diesen Lebensräumen hätten heute bekannte Grundtypen von Kiefermäulern zwar auch im Silur schon existiert, wurden aber nicht fossilisiert (vgl. für weitere Beispiele fossil nicht überlieferter Lebensräume: Anhang 3; STEPHAN 2002, 69–71, 80–106; STEPHAN 2015, 129–131).

Wichtig ist hierbei, dass auch aus evolutionärer Perspektive mindestens ebenso gewichtige Fragen auftauchen, die zur Annahme fossil nicht überlieferter Lebensräume zwingen: Woher kommt diese plötzliche Vielfalt an Fischen und wieso haben wir deutliche Fundlücken zu späteren Funden bzw. zu den hypothetischen letzten gemeinsamen Vorfahren?³⁷ Daher müssen auch Evolutionsbiologen – zumindest was eindeutig zuzuordnende Fossilfunde angeht – von fossil nicht überlieferten Lebensräumen über Dutzende von MrJ für verschiedene Gruppen der Fische ausgehen, wie sich beispielsweise in den Diskussionen von GILES et al. (2017), ANDREEV et al. (2016; 2022a; 2022b) und ZHU et al. (2022) zeigt. Auch Abb. 7G, Abb. 8 sowie Anhang 1 Tab. 2 verdeutlichen, dass evolutionär systematische fossile Lücken für viele Fischgruppen im zwei- bis dreistelligen MrJ-Bereich

angenommen werden müssen. Ein weiteres Beispiel findet sich bei ROMANO et al. (2016, Fig. 8) bezüglich der heute noch lebenden Fischgruppen, die nach ihrem ersten fossilen Erscheinen im Süß- oder Salzwasser-Bereich verschwinden oder gar komplett für viele MrJ in der Fossilüberlieferung fehlen.³⁸ Das massive Verschwinden der Quastenflosser (Fleischflosser aus der Gruppe der Actinistia) von vor ca. 70 MrJ bis in die 1930er-Jahre gehört mittlerweile sogar zum Allgemeinwissen (ROMANO et al. 2016, 113; vgl. STEPHAN 2002, 114–118). Auch die Entdeckung von Stamm-Flösselhechten durch GILES et al. (2017) zwingt zur Annahme umfangreicher fossil nicht überlieferter Lebensräume: Von den modernen Strahlenflosser (Actinopterygii) wird „allgemein angenommen, dass sie vor oder nahe dem Ende des Mitteldevon (vor ~385 Millionen Jahren) [...] entstanden sind. Die Polypteriden (Flösselhechte und Flösselaal) stellen die am frühesten abweichende Linie der lebenden Actinopterygii dar, wobei fast alle Taxa aus dem Paläozoikum [= Erdaltertum] als enger mit anderen Actinopterygiern als mit Polypteriden verwandt angesehen werden. Im Gegensatz dazu ist das früheste Material, das dem Ast der Polypteriden zugeordnet wird, aus der mittleren Kreidezeit (ca. 100 Mya [MrJ]), was eine paläontologische Lücke von einer Viertelmilliarde Jahren bedeutet. Wir zeigen, dass *Scanilepiformes*, eine weit verbreitete triassische (ca. 252–201 Mya) Radiation [Artaufspaltung], Stamm-Polypteriden sind.“³⁹ Mit dem letzten fossilen Auftreten der Stamm-Flösselhechte vor 201 MrJ und dem ersten fossilen Auftauchen der moderneren Flösselhechte besteht aber immer noch eine fossile Überlieferungslücke von ca. 100 MrJ.

Lücken in der Fossilüberlieferung sind typische Befunde – sowohl aus evolutions- als auch aus schöpfungswissenschaftlicher Perspektive.

Lücken in der Fossilüberlieferung sind also keine Einzelfälle, sondern ein typischer, regelmäßiger Befund der fossilen Überlieferung, mit dem sich sowohl Forscher von Evolutions- als auch Grundtypmodellen auseinandersetzen müssen – wenn auch aus jeweils anderen Gründen. Das Auftreten von fossil früh bekannten und dann später zeitweise in der Fossilüberlieferung wieder

verschwundenen *Lazarus-Taxa** betrifft beide Perspektiven gleichermaßen.

Für evolutionäre Modelle existiert insgesamt – so wie bei Fischgruppen des Silur – das systematische Problem, dass unzählige zu erwartende Übergangsformen zu den richtigen Zeitpunkten in der Fossilüberlieferung fehlen. Neu entdeckte, noch ältere Fossilfunde, die wiederum häufig unbekannte und unerwartete Merkmalsmosaik aufweisen, lösen das Problem von zu überbrückenden Bauplanunterschiede in der Regel nicht, sondern verlagern es zeitlich nur nach hinten (und vergrößern es in manchen Fällen), da hier wieder von anderen bisher unbekanntem Übergangsformen ausgegangen werden muss. Dies wird auch darin deutlich, dass Ausdrücke wie „unerwarteter Merkmalsmix“ oder „die Evolutionsgeschichte der Gruppe XY muss neu geschrieben werden“ nahezu standardmäßig in Meldungen über neue Fossilfunde vorkommen.⁴⁰

Schöpfungsmodelle hingegen müssen sich mit der folgenden Frage auseinandersetzen: Warum treten moderne Großgruppen zwar typischerweise fossil früh in Erscheinung, während viele Gruppen mittlerer systematischer Ebenen (Ordnungen und v. a. Familien), die wahrscheinlich am ehesten Schöpfungseinheiten bzw. Grundtypen entsprechen (vgl. HARTMANN & JUNKER 2009; ähnlich bei BEHE 2019, 152–156), jedoch häufig fossil relativ jung sind (vgl. zu dieser Thematik ausführlich STEPHAN 2002; STEPHAN 2015)? Ausnahmen sind allerdings zahlreiche Beispiele lebender Fossilien (wie z. B. Neunaugen seit 360 MrJ), die zumindest in ihrem äußerlichen Körperbauplan der Evolution für Dutzende oder Hunderte Millionen Jahre im Wesentlichen getrotzt haben (vgl. ebd. sowie Anhang 1+4).

Fazit

Insgesamt liefern die neuesten Fisch-Funde aus dem Silur einige unerwartete Erkenntnisse, die bisherigen evolutionären Annahmen widersprechen. Sie offenbaren eine bisher ungeahnte Vielfalt und Verschiedenartigkeit der kieferlosen und kiefertragenden Fische von Beginn ihrer Fossilüberlieferung an, was nach aktuellem Kenntnisstand

als Indiz für einen unglaublich kreativen Schöpfer gewertet werden kann.⁴¹

Das erste fossile Auftreten vieler ursprünglicher Großgruppen von Fischen passt nicht zu evolutionären Erwartungen, weil sie viel zu spät in der Fossilüberlieferung auftauchen. Andererseits treten viele „moderne“ bzw. heutige Gruppen ziemlich plötzlich in der Fossilüberlieferung auf und bleiben für viele MrJ unverändert („Stasis von lebenden Fossilien“), was die Frage verschärft, welche Wirkkraft Evolutionsmechanismen auf Lebewesen überhaupt haben (BECHLY 2023a; vgl. PAILLARD et al. 2020, 1f). Außerdem müssen im evolutionären Rahmen fossile Überlieferungslücken im ein- bis dreistelligen⁴² Bereich Millionen radiometrischer Jahre angenommen werden, wenn Arten viel später auftauchen, als dies ihrer (kalibrierten) Stammbaumposition entsprechen würde (vgl. Abb. 7G+8). Man spricht hier von *Geisterlinien*.⁴³ Selbst im Durchschnitt umfassen diese evolutionären Lücken in phylogenetischen Stammbaum-Rekonstruktionen (die ja i. d. R. ihrerseits mit Fossilien kalibriert wurden) ca. 50 MrJ für die untersuchten Fisch-Gruppen (s. Anhang 1 Tab. 2).

Allerdings betrifft das Problem fossiler Lücken auch das Grundtyp-Modell, weil sich die Frage stellt, weshalb viele heute bekannte Gruppen selten in frühen Schichten auftreten (mindestens seit der Fossil-Überlieferung von Tieren mit Hartteilen ab dem Kambrium). Sowohl Grundtypen- als auch Evolutionsmodelle müssen daher von der Erklärung umfangreicher *fossil nicht überlieferter Lebensräume* ausgehen (vgl. Anhang 4 für Beispiele).⁴⁴ Aus Schöpfungsperspektive liegen seit STEPHAN (2002) leider keine weiteren umfangreichen Arbeiten zu dieser Thematik im deutschsprachigen Raum vor. Auch wenn in diesem Artikel deutlich gemacht werden konnte, dass *fossil nicht überlieferte Lebensräume* ebenfalls systematisch von evolutionären Modellen zum Ursprung der Fische benötigt werden, besteht hier auch aus Schöpfungsperspektive dringender Forschungsbedarf (vgl. Anhang 3).

Glossar:

Acanthodii: ausgestorbene Stachelhaie; ihre genaue Verwandtschaft zu Knorpel- und Knochenfischen wird diskutiert.

Antiarchi: die wahrscheinlich älteste Gruppe der ausgestorbenen Panzerfische

Arthrodira: eine Gruppe der ausgestorbenen Panzerfische

Chondrichthyes: Knorpelfische (inkl. Haie und Rochen)

Cladogramm: Dichotomes (gabeliges) Verzweigungsmuster, das die stammesgeschichtlichen Beziehungen zwischen verschiedenen Gruppen (Taxa) von Lebewesen darstellen soll. Es wird auf der Basis gemeinsamer als „abgeleitet“ interpretierter Merkmale erstellt; jede Abzweigung ist mithilfe mindestens eines abgeleiteten (apomorphen) Merkmals, also einer evolutionären Neuheit, zu begründen.

Diversifizierung: Bildung von → Verschiedenartigkeit bzw. Vielgestaltigkeit innerhalb einer Tier- oder Pflanzengruppe.

Erdmittelalter (Mesozoikum): Geologische Systeme von Trias bis Kreide (201–66 MrJ)

Fossil nicht überlieferte Lebensräume: Lebensräume, die aus verschiedenen Gründen existiert haben müssen, die aber im Fossilbefund nicht dokumentiert wurden; dies liegt daran, dass zur Bildung von Fossilien i. d. R. außerordentliche bzw. katastrophische geologische Ereignisse stattfinden müssen.

Gnathostomata: Kiefermäuler; kiefertragende Wirbeltiere

Grundtyp: Alle Individuen, die direkt oder indirekt durch Kreuzung verbunden sind, werden zu einem Grundtyp gerechnet; dabei spielt die Fruchtbarkeit der Hybriden keine Rolle, ebenso wenig, ob die Hybriden unter natürlichen Bedingungen oder in Gefangenschaft (Züchtung) entstanden sind (JUNKER & SCHERER 2013, 44). Grundtypen werden im biblischen Grundtypmodell als wissenschaftlich greifbare Entsprechung für die geschaffenen „Arten“ im Schöpfungsbericht (Genesis 1) betrachtet. Die Zuordnung von Arten zu Grundtypen ist ohne das Vorliegen gelungener Kreuzungen schwierig, da Körperbau und Molekulargenetik im Gegensatz zu gelungenen Kreuzungen weniger deutliche Indizien sind. Bei Fossilien sind in der Regel nur einige Aspekte des Körperbaus identifizierbar; molekulargenetische Analysen aufgrund erhaltener Moleküle sind nur bei wenigen Fossilien durchführbar.

Homoplasie: Ähnliche Merkmale, die unabhängig entstanden sind, die also trotz Ähnlichkeit nicht auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgeführt werden. Manche Autoren

verwenden diesen Begriff nur für evolutionär nahe verwandte Arten im Sinne von Konvergenz, andere benutzen Homoplasie hingegen als Überbegriff für Konvergenzen, Parallelentwicklungen und Reversionen.

Kronengruppe: Eine → monophyletische Gruppe, die (im Gegensatz zur → Stammgruppe) aus dem letzten gemeinsamen Vorfahren aller lebenden Formen und samt allen seinen Nachkommen besteht (ZHURAVLEV & WOOD 2018).

Lazarus-Taxon: Eine Gruppe von Lebewesen, die fossil aus einer älteren Schicht bekannt ist, in jüngeren Schichten zwischenzeitlich fehlt und in noch jüngeren Schichten wieder fossil oder gar lebend entdeckt wird.

Monophyletische Gruppe: Eine Gruppe mit gemeinsamer Abstammung und mit gemeinsamen abgeleiteten Merkmalen (*Synapomorphien*)

Morphologie: den Körperbau betreffend

Osteichthyes: Knochenfische

Paraphyletische Gruppe: Eine Gruppe ohne gemeinsame Abstammung und ohne gemeinsame abgeleitete Merkmale (*Synapomorphien*).

Phylogenie: Evolutionäre Stammesgeschichte. „Ziel phylogenetischer Forschung ist es, einen auf möglichst vielen Fakten beruhenden, möglichst widerspruchsfreien und in sich schlüssigen Stammbaumentwurf (= eine plausible Hypothese über die Verwandtschaftsbeziehungen) einer monophyletischen Tiergruppe zu erhalten.“

(NÄSSIG WA, https://lepiforum.org/wiki/page/Glossar_Phylogenie, aufgerufen am 17.11.2022.)

Placodermata bzw. Placodermi: ausgestorbene Panzerfische; wahrscheinlich → paraphyletisch

Radiation: Prozess der vielfachen Art-Aufspaltung

Stammgruppe: Eine → paraphyletische Gruppe, der die definierenden morphologischen Merkmale der Kronengruppe fehlen und deren Mitglieder alle ausgestorben sind. Der letzte gemeinsame Vorfahre gehört dementsprechend nicht zur Stammgruppe (ZHURAVLEV & WOOD 2018).

Taxon: Gruppe von Lebewesen (z. B. Art oder Gattung), die eine Einheit in der biologischen Systematik bildet.

Verschiedenartigkeit bzw. Disparität: Vorkommen von ganz verschiedenen Körperbauplänen

Anhänge

Anhang 1: Beispiele vom erstmaligen Auftauchen von Fischgruppen in der Fossilüberlieferung

Anhang 1 Tab. 1 Die von ZHAO et al. (2021) aufgeführten Beispiele fossiler Vielfalt unter den obersilurischen und unterdevonischen Fischen nach ihrem frühesten fossilen Erscheinen. Einige davon sind in Abb. 6 als Lebendrekonstruktionen abgebildet. (Eigene Darstellung nach ZHAO et al. 2021, Fig. 1+7)

Geologische Serie	Geologische Stufe	Kiefermäuler	Kronen-Kiefermäuler	Kronen-Knochenfische	Kronen-Fleischflosser	Kronen-Rhipidistia (hypothetische Gruppe: Lungenfische & Landwirbeltiere)
Obersilur	Ludfordium: 423–425,6 MrJ	konventionell definierte Panzerfische, <i>Qilinyu</i> & <i>Entelognathus</i>	Knorpelfische, <i>Lophosteus</i> ^a , <i>Andreolepis</i> ^a & <i>Megamastax</i>	Stamm-Fleischflosser: <i>Guiyu</i> , <i>Psarolepis</i> & <i>Sparalepis</i>		
Unterdevon	Lochkovium: 410,8–419,2 MrJ	<i>Janusiscus</i>	<i>Dialipina</i>	<i>Meemannia</i> ^b , <i>Achoania</i> & <i>Langdenia</i>	<i>Styloichthys</i> (vgl. ZHU & YU 2002)	<i>Youngolepis</i> , <i>Powichthys</i> & <i>Diabolepis</i>
	Pragium: 407,6–410,8 MrJ			<i>Ptyctolepis</i> (Stamm-Fleischflosser), <i>Onychodontiformes</i> (Fleischflosser)		Porolepiformes (Fleischflosser), andere Dipnomorpha, <i>Tungsenia</i> ^c
	Emsium: 393,3–407,6 MrJ		<i>Ligulalepis</i>			<i>Kenichthys</i> ^c

^a *Andreolepis* und *Lophosteus* sind „eindeutig“ Kronen-Knochenfische (BOTELLA et al. 2007, 583).

^b *Meemannia* (415 MrJ alt) wurde als Strahlenflosser revidiert mit „starker Unterstützung“ nach LU et al. (2016, 1602, 1604).

^c *Tungsenia* und *Kenichthys* sollen Schwestergruppen zu anderen Tetrapodomorpha darstellen (Tetrapodomorpha sind die Landwirbeltiere samt ihren vermeintlichen nächsten Verwandten unter den Fleischflossern). ZHU & YU (2002, 767) schreiben über dieses vermeintliche Schwestergruppenverhältnis: „Die Verwandtschaft der drei lebenden Gruppen der Sarcopterygii bzw. Fleischflosser (Tetrapoden, Lungenfische und Quastenflosser) ist umstritten. Obwohl die Meinungen immer noch auseinandergehen, deuten die meisten neueren Phylogenien darauf hin, dass die Tetrapoden enger mit den Lungenfischen als mit den Quastenflossern verwandt sind.“ Unerwartet ist aus evolutionärer Perspektive, dass Lungenfische fossil „in erstaunlicher Vielfalt aus Süß- und Meerwasser seit dem Devon“ überliefert sind, und dass sie heutzutage eines der größten Genome der Welt besitzen, das ca. 13-fach so lang ist wie das des Menschen (vgl. BINDER 2021). Dies setzt eine „sehr fein austarierte“ Genausprägung/-regulation voraus. Genetisch sind heutige Lungenfische also mitnichten als „einfache“ oder „primitive“ Lebewesen unter den Wirbeltieren anzusehen, auch wenn einige genetische Ähnlichkeiten zu Landwirbeltieren in ein evolutionäres Szenario eingepasst werden können (vgl. ebd.). KUTSCHERA & ELLIOTT (2013) gehen sogar davon aus, dass „bei Schlammpringern, Lungenfischen und den frühen Tetrapoden eine konvergente Evolution stattgefunden hat, eine Annahme, die für letztere anhand der Fossilien nicht überprüft werden kann“.

Anhang 1 Tab. 2 Gruppen von Knochenfischen nach ihren ältesten Fossilien und ihrem hypothetisch rekonstruierten Alter (kalibriertes Alter mittels „molekularer Uhren“, bzw. Geisterlinien) nach A) HUGHES et al. (2018) und B) BETANCUR-R. et al. (2013). Diese Daten sind allerdings zum Teil veraltet, wie Anhang 1 Text 1 zeigt. Trotzdem wird allgemein deutlich, dass zum Teil viele Dutzend MrJ zwischen dem ersten fossilen Auftreten und der evolutionär kalibrierten Entstehungszeit liegen. Für Knochenfische muss also mit vielfältigen *fossil nicht überlieferten Lebensräumen* gerechnet werden. Durch das Einrücken wird bei A) eine ungefähre Systematik wiedergegeben. (Eigene Darstellung basierend auf HUGHES et al. 2018, Fig. 2 und Supp. Info, 5–8; BETANCUR-R. et al. 2013, Appendix 1)^a

A) Gruppen der Knochenfische nach HUGHES et al. (2018)	„Hartes Minimalalter“ (Fossilien) MrJ	„Weiches Minimalalter“ in MrJ (kalibriert mittels „molekularer Uhren“, 95 %)	Differenz in MrJ
Osteichthyes: Knochenfische	420,7	444,9	24,2
Sarcopterygii: Fleischflosser	408,0	427,9	19,9
Dipnoi-Tetrapodomorpha (hypothetische Gruppe): Landwirbeltiere und ihre fischartigen Vorfahren	408,0	427,9	19,9
Actinopterygii: Strahlenflosser	378,2	422,4	44,2
Polypteriformes: Flösselhechte	12,4	25,8	13,4
Chondrostei: Knorpelganoiden inkl. Störartige	120,8	201,5	80,7
Neopterygii: Neuflosser (Knochenhechte, Kahlhecht und Echte Knochenfische)	250,0	331,1	81,1
Holostei: Knochenganoiden	250,0	331,1	81,1
Lepisosteiformes (Knochenhechtartige)	93,9	145,0	51,1
Teleostei (Echte Knochenfische)	151,2	252,7	101,5
Elopomorpha (evtl. paraphyletisch): Tarpun-, Grätenfisch-, Dornrückenaal- & Aalartige	149,0	250,0	101,0
Notopteridae (Messerfischähnliche) + Mormyridae (Nilhechte)	100,0	216,0	116,0
Osteoglossomorpha (Knochenzünglerähnliche)	Keine Angaben (k. A.)	k. A.	k. A.
Clupeocephala: alle Knochenfische außer Knochenzünglerähnliche & Elopomorpha	150,9	235,0	84,1
Otomorpha: Heringsartige, Glattkopffische & Ostariophys (s. u.)	150,4	228,4	78,0
Ostariophys: Salm-er-, Karpfen-, Sandfisch-, Welsartige & Neuwelt-Messerfische	126,3	158,3	32,0
Serrasalminidae (Sägesalm-er)	61,0	97,0	36,0
Siluroidei (eine Familie der Welsartigen)	65,5	146,5	81,0
Euteleosteomorpha	k. A.	k. A.	k. A.
Esociformes (Hechtartige) + Salmoniformes (Lachsfische)	76,5	87,6	11,1
Zeiogadaria (Petersfisch- und Dorschartige sowie Tiefseefisch <i>Stylephoriformes</i>)	70,6	80,9	10,3
Holocentriformes (s. u.) + Percomorphaceae (s. u.)	98,0	128,8	30,8
Holocentriformes: Soldaten- und Husarenfische	50,0	57,5	7,5
Percomorphaceae: Barschverwandte	k. A.	k. A.	k. A.
Syngnathiformes: Seenadelartige	70,5	81,0	10,5
Syngnathidae: Seenadeln	50,0	57,5	7,5
Centropomidae: Snooks	50,0	57,5	7,5
Carangini (Untergruppe der Stachelmakrelen)	49,0	65,2	16,2
Pleuronectoidei (Unterordnung der Plattfische)	50,0	57,5	7,5
Soleidae (Seezungen) + Cynoglossidae (Hundszungen)	40,5	50,0	9,5
Cichlidae (Buntbarsche, 1700 Arten)(MURRAY 2001: 45 MRJ)	45,5	100,5	55,0
Beloniformes (Hornhechtartige)	49,1	130,8	81,7
Sorgentinini (Gruppe der Neuweltlichen Ährenfische)	20,0	40,0	20,0
Chaetodontiformes (Falterfische + Ponyfische)	30,0	34,5	4,5
Tetraodontiformes (Kugelfischartige) + Lophiiformes (Armflosser wie Seeteufel)	85,0	122,0	37,0
Diodontidae (Igelartige innerhalb der Kugelfischartigen) + Tetraodontidae (s. u.)	50,0	85,0	35,0
Tetraodontidae (Vierzähler innerhalb der Kugelfischartigen)	32,0	50,0	18,0
Mittelwert			41,6

B) Gruppen von Fischen und Vergleichsgruppen nach BETANCUR-R. et al. 2013 (alphabetisch sortiert; *: gesamte Gruppe)	„Hartes Minimalalter“ (Fossilien) MrJ	„Weiches Minimalalter“ in MrJ (kalibriert mittels „molekularer Uhren“, 95 %)	Differenz in MrJ
Actinopteri (Strahlenflosser außer Flösselhechte)*	375	415	40
Actinopterygii (Strahlenflosser)*	398	423	25
Albuliformes (Grätenfische) + Anguilliformes (Aalartige)	136	216	80
Ambloplites (Steinbarsche) + Pomoxis („Crappie“)	15,5	18	2,5
Aphredoderidae (Piratenbarsche)	34	59	25
Aracnidae (Familie der Kugelfischverwandten) + Ostraciidae (Kofferfische)	50	85	35
Arapaimidae (Arapaimas)	65,5	136	70,5
Arioidea (eine Gruppe Welsartiger)	65,5	146,5	81
Aulostomus (Trompetenfische) – Panama Isthmus	50	57,5	7,5
Balistidae (Drückerfische)*	35	85	50
Bothidae (Butte)*	30	34,5	4,5
Callichthyidae (Panzer- und Schwielenwelse)	58	146,5–145,5	88
Carangiformes (Gruppe der Barschverwandte wie Barrakudas)	56	64	8
Chaetodon + Prognathodes (2 Falterfisch-Gruppen)	7,1	9	1,9
Chaetodontidae (Falterfische)*	30	34,5	4,5
Chanidae (Milchfische)	139	216	77
Chondrichthyes (Knochenfische; Neue Kronen-Kalibrierung)	338	438	100
Chondrostei (Knorpelganoiden)	125	246	121
Cichlidae (Buntbarsche) – Geophagini	49	143	94
Cichlidae (Buntbarsche) – Heroini	49	143	94
Cobitoidea (Schmerlenartige)	60	146,5–145,5	86
Cyprinidae (Karpfenfische)	48,5	146,5–145,5	97,5
Diodontidae (Igelartige) + Tetraodontidae (Kugelfisch-Familie)	50	85	35
Echeneidae (Schiffshalter) + Coryphaenidae (Goldmakrelen) + Rhyacocentridae (Königsfische)	30	34,5	4,5
Elopomorpha (evtl. paraphyletisch): Tarpun-, Grätenfisch-, Dornrückenaal- & Aalartige	149	260	111
Esocidae (Hechte) + Umbridae (Hundsfische)	76,5	87,5	11
Euteleostei (eine Kohorte von Knochenfischen)	149	260	111
Gnathostomata (Kiefernmauler)	426	519	93
Holocentridae (Soldaten- und Husarenfische)	50	57,5	7,5
Holostei (Knochenganoiden)	246	350	104
Ictaluridae (Katzenwelse)	34	63	29
Ictaluridae (s. o.) + Cranoglanidae („armorhead catfishes“)	63	146,5–145,5	83
Lampridiformes (Glanzfischartige)	56	83,5	27,5
Leiognathidae (Ponyfische)	11,5	23	11,5
Lepidosirenoidei (Lungenfisch-Familie)	70	416	346
Luvaridae (Dianafisch)	56	64	8
Molidae (Mondfische)*	41	85	44
Neopterygii (Echte Knochenfische + Knochenhechte + Kahlhecht)	260	386	126
Notopteridae (Altwelt-Messerfische)*	100	216	116
Osteichthyes (Knochenfisch)	418	438	20
Osteoglossomorpha (Knochenzünglerähnlichen)	130	260	130
Percopsidae (Barschlachse)	57	65,5	8,5
Pleuronectoidei (Plattfisch-Gruppe)	50	57,5	7,5
Polypteriformes (Flösselhechte)	5	99	94
Salmonidae (Lachsfische)	51,8	76,4	24,6
Sarcopterygii (Fleischflosser)	407	419	12
Serrasalminidae (Sägesalmer) + Hemiodontidae (Keulensalmler)	61	97	36
Siganidae (Kaninchenfische)*	56	64	8
Soleidae (Seezunge) + Cynoglossidae (Hundszungen)	40,5	50	9,5
Syngnathidae (Seenadeln)*	50	57,5	7,5
Syngnathiformes (sensu lato; Seenadelartige)	70,5	81	10,5
Tetraodontidae (Kugelfische)	32	50	18
Tetraodontiformes (Kugelfischartige)*	50	57,5	7,5
Tetrapoda (Landwirbeltiere)	330	350	20
Trachichthyidae (Sägebäuche)	32	36,5	4,5
Zenopsis + Zeus (Petersfische)	32	36,5	4,5
Mittelwert:			50,6

^a Diese Listen geben nur einen groben Überblick über den Fossilbefund (vgl. z. B. über 1300 Fischarten mit fossilem Auftreten und Verschwinden bei SEPKOŠKI 2002). Außerdem muss angemerkt werden, dass dort, wo heutzutage noch ältere Fossilien bekannt sind, dies nicht automatisch den Abstand zum „Weichen Minimalalter“ verringert. Denn dort, wo die Merkmalsmosaiken den evolutionären Erwartungen nicht entsprechen – was häufig der Fall ist –, müsste man auch das hypothetische erste Auftreten entsprechend weiter zurückdatieren.

Anhang 1 Text 1 Eine Sammlung „lebender Fossilien“ unter den Fischen auf den Ebenen von Familien und Ordnungen seit dem Mesozoikum (Erdmittelalter) – „dem Zeitalter der Dinosaurier“. Die Schleimaale und Knorpelfische stammen auf Familienebene mehrheitlich mindestens aus dem Mesozoikum und für die Neunaugen und Knochenfische gilt das mehrheitlich auf Ordnungsebene.

Wirbeltiere (Vertebrata)

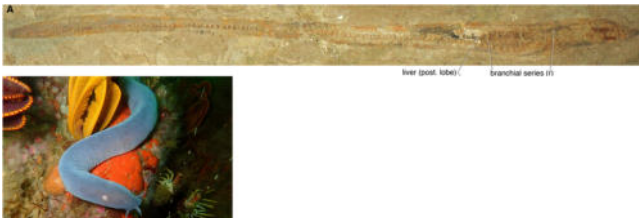
I. Agnatha (Kieferlose; paraphyletisch)

FRICKHINGER (1991, 19) schreibt: „Als im ORDOVIZIUM, also vor etwa 450 Millionen Jahren, nachweislich die ersten Kieferlosen und damit die ersten Fische auftraten, waren diese bereits voll entwickelt und hatten schon eine lange Evolution hinter sich.“ Während dem ersten Teil des Zitates zuzustimmen ist, ist die zuvor angeblich „lange Evolution“ evolutionär interpretiert.

1. Myxini (Schleimaale)

A. Myxiniformes (Schleimaalartige)

- Die Familie der Myxinidae (Schleimaale) ist mit der ausgestorbenen Art *Tethymyxine tapirostrum* seit der oberen Kreide (Cenomanium, ca. 101–94 MrJ) fossil bekannt (MIYASHITA et al. 2019, 2147+Fig.3; MIYASHITA 2020, 850f). Andere fossile Formen (*Gilpichthys* und *Myxineidus*) sind umstritten oder werden zu den Neunaugen statt zu den Schleimaalen gestellt (vgl. auch Anhang 6). Eine interessante Gattung ist aber auch *Myxinikela*, die ebenfalls in die weitere Verwandtschaft der Schleimaale gestellt wird (vgl. ebd.). MIYASHITA betrachtet (2020, 850f) *Myxinikela* als Mitglied der Myxinoidea, daher ist die Überfamilie Myxinoidea somit schon seit dem späten Karbon (Moskovium, 315–307 MrJ) fossil bekannt (vgl. NELSON et al. 2016, 20). Allerdings stehen somit nur wenige fossile Arten aus evolutionstheoretischer Sicht für ca. 500 MrJ Fossilgeschichte für die Myxiniformes zur Verfügung.

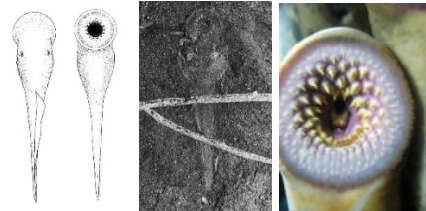


Die ausgestorbene Schleimaal-Gattung *Tethymyxine* ist mindestens 94 MrJ alt; darunter der heutige Schleimaal *Eptatretus hexatrema*. (MIYASHITA et al. 2019, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>; Peter Southwood, CC BY-SA 4.0)

2. Petromyzonti(da)

A. Petromyzontiformes (Neunaugenartige)

Die Ordnung der Petromyzontiformes (Neunaugen) ist nach GESS et al. (2006, 981; vgl. MITYASHITA et al. 2019, 2149) mit der ausgestorbenen Gattung *Priscomyzon riniensis* mindestens seit dem oberen Devon (Famennium, 371–360 MrJ) fossil nachgewiesen (s. Anhang 6). Die Autoren (ebd.) schreiben: „[S]eine Identität ist einfach festzustellen, da viele der Schlüsselspezifikationen der modernen Formen bereits vorhanden sind“.



Links und Mitte: Das fossile Neunauge *Priscomyzon riniensis* (in Rekonstruktion und Foto) ist mindestens 360 MrJ alt. Rechts: Gebiss eines heutigen Meerneunauges (*Petromyzon marinus*) zum Vergleich. (Robert Gess, CC BY-SA 3.0; Fernando Losada Rodriguez, CC BY-SA 4.0)

II. Kiefermäuler (Gnathostomata)

1. Chondrichthyes (Knorpelfische)

Die Knorpelfische enthalten nach *Catalogue of Life* 13 Ordnungen, die alle besprochen werden, und 57 Familien, von denen ca. 60 Prozent als aus dem Mesozoikum stammend vorgestellt werden.⁴⁵

I. Holocephali

Holocephali sind mindestens seit dem Mitteldevon (Givetium, ca. 388–383 MrJ) fossil bekannt (VILLALOBOS-SEGURA et al. 2023, 5) – und zwar mit der Art *Melanodus loonesi* (DARRAS et al. 2008). Allerdings wird der Begriff verschieden eng verwendet. NELSON et al. (2016, 48–50) meinen damit nur nahe Verwandte heutiger Fische. Sie berichten beispielsweise von *Helodus* aus dem Oberdevon bis zum Unterperm aus der Gruppe der Holocephali.

1) Holocephalimorpha

A. Chimaeriformes (Seekatzenartige)

Die Ordnung der Chimaeriformes ist mit *Protochimaera mirabilis* seit dem Karbon vor 338–332 MrJ fossil bekannt (LEBEDEV et al. 2021; vgl. FRICKHINGER 1991, 234). NELSON et al. (2016, 51) führen z. B. *Echinochimaera* aus dem Mississippium (359–323 MrJ) als Mitglied der Chimaeriformes an.

- Chimaeridae (Kurznasenchimären) stammen nach NELSON et al. (2016, 53) aus dem Jura; FRICKHINGER (1991, 234) gibt für die ausgestorbene Gattung *Ischyodus*

das Mitteljura (174–164 MrJ) an. Die heutige Gattung *Chimaera* stammt aus der oberen Kreide (≥ 66 MrJ; NELSON et al. 2016, 53).



Die heutige Gattung *Chimaera* (hier *C. monstrosa*, Seekatze) ist mindestens 66 MrJ alt; ihre Familie ist sogar mindestens 164 MrJ alt. (CCo)

- Rhinochimaeridae (Langnasenchimären) sind mit den ausgestorbenen Arten *Elasmodectes avitus* und *E. secans* aus England mit ca. 157–152 MrJ Alter fossil nachgewiesen (VILLALOBOS-SEGURA et al. 2023, 13; vgl. LICHT et al. 2012, 426). Auch NELSON et al. (2016, 52) führen die Familie auf den Jura zurück.



Langnasenchimären sind seit mindestens 152 MrJ fossil bekannt (hier *Harriotta* sp.). (NOAA Ocean Explorer, CC BY-SA 2.0)

- Callorhynchidae (Pflughnasenchimären) sind mit ihren ältesten ausgestorbenen Gattungen *Eomanodon* und *Brachymylus* bis zu 191 MrJ (unteres Pliensbachium) alt (LICHT et al. 2012, 426); fast genauso alt sind auch Funde aus Deutschland (DUFFIN 1995, 1; vgl. VILLALOBOS-SEGURA et al. 2023, 13). NELSON et al. (2016, 52) führen ausgestorbene fossile Gattungen aus dem Jura an.



Die Familie der Pflughnasenchimären ist mindestens 191 MrJ alt (hier *Callorhynchus milii*; Australische Pflughnasenchimäre). (firoo02flagstaf-fotos[at]gmail.com, GFDL 1.2)

II. Elasmobranchii (Plattenkiemer)

Elasmobranchii sind nach GINTER et al. (2002, 179) in Form der ausgestorbenen Ordnung Phoebodontiformes seit dem Mitteldevon vertreten – vielleicht seit dem Eifelium (393–388 MrJ), sicher aber seit dem Givetium (388–383 MrJ). NELSON et al. (2016, 43+45) ordnen die Phoebodontiformes aber als „mögliche Stammgruppen der Chondrichthyes“ ein. „Moderne“ Elasmobranchii sind fossil seit ca. 250 MrJ (der frühen Trias) bekannt, wobei wichtig zu bedenken ist, dass „Fossilien von Elasmobranchiern gezeigt haben, dass sie große Umweltveränderungen und Aussterben überstanden haben (z. B. Pimiento et al. 2017)“ (PAILLARD et al. 2020, 1f; vgl. KRIWET & BENTON 2004; BRINKMANN et al. 2010, 768). Das betrifft nicht wenige, sondern viele „lebende Taxa“ mindestens seit Mesozoikum (ebd.). Für Elasmobranchii (Plattenkiemer: Haie & Rochen) scheint die Fossilüberlieferung übrigens in Bezug auf die Daten von PAILLARD et al. (2020, 4) ziemlich vollständig zu

sein: 100 % der Ordnungen, 88 % der Familien und 56 % der Gattungen sind fossil vertreten. Diese fossil vertretenen heutigen Gattungen existieren im Mittelwert schon seit ca. 57 MrJ (vgl. ebd., supinfo1). Im Folgenden werden *alle* Ordnungen und ungefähr die Hälfte der heute lebenden Familien der Elasmobranchii vorgestellt (vgl. NELSON et al. 2016; PAILLARD et al. 2020, supinfo1).

1. Selachimorpha/Selachii (Haie)

Die Ordnung der Haie besteht aus 34 Familien, 106 Gattungen und mindestens 513 Arten (vgl. NELSON et al. 2016, 58f). Beispielsweise stammt die ausgestorbene Familie der Paleospinacidae aus dem Perm bzw. der frühen Trias (ebd.).

1) Galeomorpii

A. Carcharhiniformes (Grundhaiartige)

- **Leptochariidae** (Schlankhaie) sind mit der heutigen Gattung *Leptocharias* seit 86–84 MrJ (Santonium) fossil bekannt (PAILLARD et al. 2020, supinfo1).



Die Gattung *Leptocharias* (hier *L. smithii*, Smiths Schlankhai) ist mindestens 84 MrJ alt. (CCo)

- **Triakidae** (Glatthaie) stammen aus der Unterkreide (145–101 MrJ; NELSON et al. 2016, 70); fossil sind sie mit der heutigen Gattung *Galeorhinus* seit mindestens 94–101 MrJ (Cenomanium) vertreten (PAILLARD et al. 2020, supinfo1; FRICKHINGER 1991, 186f)



Die Gattung *Galeorhinus* (hier *G. galeus*, Hundshai) ist mindestens 94 MrJ alt und kommt in der deutschen Nordsee vor. (CCo)

- **Carcharhinidae** (Requiemhaie): Die ausgestorbene Gattung *Archaeogaleus* ist ca. 140–134 MrJ (Valanginium) alt (GUINOT et al. 2014) und die heutige Gattung *Loxodon* ist mindestens 86–84 MrJ alt (PAILLARD et al. 2020, supinfo1). Die Gattung *Galeocerdo* des bekannten Tigerhais (*G. cuvier*) ist übrigens ca. 56–48 MrJ (Ypresium) alt. NELSON et al. (2016, 71) wissen aber nur von einem fossilen Auftreten der Familie Carcharhinidae im Paläozän (66–56 MrJ).



Die Gattung *Loxodon* (hier *L. macrorhinus*, Schlitzaugenhai) ist mindestens 84 MrJ alt. (Tassapon Krajangdara, CC BY 3.0)

- **Proscylliidae** (Falsche Katzenhaie) existieren mit der ausgestorbenen Gattung *Praeproscyllium* seit 174–164 MrJ (Mitteljura; NELSON et al. 2016, 70).



Die Familie der falschen Katzenhaie (hier *Proscyllium habereri*) ist mindestens 164 MrJ alt. (出羽雀台, CC BY-SA 4.0)

- Scyliorhinidae (Katzenhaie; evtl. paraphyletisch) sind mit den ältesten Funden seit dem Jura vor ca. 168–166 MrJ (Bathonium) fossil bekannt (UNDERWOOD & WARD 2004, 454; FRICKHINGER 1991, 181f). Auch in Deutschland gibt es Funde aus dem Jura (THIES 2005, 347). Die heutige Gattung *Scyliorhinus* ist seit ca. 140–134 MrJ (Valenginium) fossil bekannt (PAILLARD et al. 2020, supinfo 1; FRICKHINGER 1991, 183). Übrigens verschwand die Katzenhai-Gattung *Thiesus* von Bathonium (166 MrJ) bis Valenginium (140 MrJ); sie gehörte also 25 MrJ lang zu den Lazarus-Taxa* (GUINOT et al. 2014, Fig. 12).



Der Kleingefleckte Katzenhai (*Scyliorhinus canicula*) kommt auch in der deutschen Nordsee vor, Gattungsgenossen (*Scyliorhinus*) gibt es seit ca. 140 MrJ. (© Hans Hillewaert, CC BY-SA 4.0)

- Hemigaleidae (Wieselhaie) sind nach HENRY (1875, 408) mit der heutigen Gattung *Hemipristis* in Form der Art *Hemipristis laogniensis* fossil seit dem Rhaetium („rhétien“, 209–201 MrJ) aus der späten Trias vertreten. In neueren Publikationen wird darauf allerdings kein Bezug genommen, so dass NELSON et al. (2016) und PAILLARD et al. (2020, supinfo1) das erste fossile Auftauchen der Gattung im Eozän (56–34 MrJ) bzw. in der Eozän-Stufe Bartonium (41–38 MrJ) angeben.



Die Gattung *Hemipristis* (hier *H. elongata*, Fossilhai) ist möglicherweise schon seit der Trias vor 201 MrJ fossil bekannt. (Tassapon KRAJANGDARA, CC BY 3.0)

B. Lamniformes (Makrelenhaiartige)

JAMBURA et al. (2021; vgl. JAMBURA et al. 2019) sehen zunehmende Anzeichen („mounting evidence“), dass *Palaeocarcharias* aus dem mittleren Jura (frühes Tithonium, ≤ 152 MrJ) das älteste Mitglied der Ordnung Lamniformes darstellt; NELSON et al. (2016, 63) sind hier unsicher.

- Lamnidae (Makrelenhaie) sind zwar die berühmtesten Haie, fossil sind sie aber nach mehreren Autoren erst seit dem frühen Paläozän bekannt (NELSON et al. 2016, 67; vgl. PAILLARD et al. 2020, supinfo 1). DIEDRICH beschrieb allerdings im Jahr 2014 einen fossilen *Isurus denticulatus* aus dem späten Turonium (94–90 MrJ) aus

Deutschland; die Gattung *Isurus* (Makohai) gibt es heute noch. Der Weiße Hai (*Carcharodon carcharias*) als größter heutiger Raubfisch (und häufigster Angreifer auf Menschen) ist fossil erst seit dem Burdigalium (20–16 MrJ) bekannt (ebd.; PAILLARD et al. 2020, supinfo 1).



Die Gattung *Isurus* (hier *I. oxyrinchus*, Kurzflossen-Makohai) greift hin und wieder Menschen an und ist ein lebendes Fossil mit mindestens 90 MrJ Alter. (CCo)

- Otodontidae: Die meisten Autoren ordnen den im Pliozän (3,6–2,6 MrJ) ausgestorbenen riesigen Megalodon (*Otodus megalodon*), der 11 bis 20 m Länge besaß, mittlerweile in eine eigene Familie statt zu den *Lamnidae* (Makrelenhaien) ein (NELSON et al. 2016, 67). Die Otodontidae gehen mit *Cretalamna* (wahrscheinlich ein Synonym für *Otodus*; ebd.) immerhin auf die Oberkreide zurück (ŽITT et al. 2006, 46+67).



Da *Cretalamna* wahrscheinlich ein Synonym für *Otodus* ist, wäre die Gattung *Otodus* des riesigen Megalodons (hier in Rekonstruktion) ein lebendes Fossil seit der Oberkreide, wenn sie nicht vor wenigen MrJ ausgestorben wäre. (Nach Jack A. Cooper, Catalina Pimiento, Humberto G. Ferrón & Michael J. Benton, <https://doi.org/10.1038/541598-020-71387-y>, CC BY-SA 4.0)

- Mitsukurinidae (Koboldhaie) gibt es seit mindestens 121–113 MrJ (Aptium; vgl. UNDERWOOD 2004, 12), auch wenn der heutige Koboldhai (*Mitsukurina*) „nur“ 56–48 MrJ (Ypresium) alt ist (PAILLARD et al. 2020, supinfo 1; vgl. NELSON et al. 2016, 65). FRICKHINGER (1991, 179) betont die enge Verwandtschaft von *Scapanorhynchus* aus der Oberkreide (spätes Santonium: 84–86 MrJ; vgl. BOURDON et al. 2011, 17) mit dem heutigen Koboldhai.



Der fossile *Scapanorhynchus lewisii* (seit 84–86 MrJ) gehört zu derselben Familie wie der heutige Koboldhai (*Mitsukurina owstoni*). (CCo; © Citron, CC BY-SA 3.0)

- Odontaspidae (Sandhaie) gibt es seit 121–113 MrJ (Aptium; vgl. UNDERWOOD 2004, 12; vgl. NELSON et al. 2016, 65). Die heutige Art Sandtigerhai (*Carcharias taurus*) ist nach PAILLARD et al. (2020, 4) die älteste aller heute noch lebenden Arten der Elasmobranchii, welche aus dem Paläozän (66–56 MrJ) stammt. Die gesamte heutige Gattung *Carcharias* ist 94–101 MrJ alt (Cenomanium; PAILLARD et al. 2020, supinfo 1; vgl. ähnlich

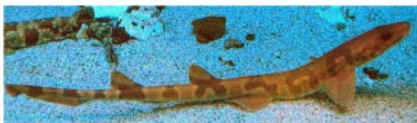
UNDERWOOD & WARD 2008, 536) und die heutige Gattung *Odontaspis* 94–90 MrJ (Turonium, ebd.).



Die Art Sandtigerhai (*Carcharias taurus*; links) ist nach PAILLARD et al. (2020, 4) die älteste aller heute noch lebenden Arten der Elasmobranchii; ihre Gattung *Carcharias* ist mindestens 94 MrJ alt. Die Gattung *Odontaspis* (*O. ferox*, Schildzahnhai rechts) ist mindestens 90 MrJ alt. (CCo)

C. Orectolobiformes (Ammenhaiartige)

- Parascyllidae (Kragenteppichhaie) sind seit dem Albiunium (113–101 MrJ) fossil nachgewiesen (NELSON et al. 2016, 60).



Die Familie Kragenteppichhaie (hier *Cirrhoscyllium japonicum*, Sattel-Teppichhai) ist mindestens 101 MrJ alt. (OpenCage Systems, CC BY-SA 2.5)

- Ginglymostomatidae (Ammenhaie) sind fossil mit den heutigen Gattungen *Ginglymostoma*, *Nebrius* und *Pseudoginglymostoma* jeweils seit dem Ende der Kreide vor 72–66 MrJ (Maastrichtium) bekannt; dies sind alle heutigen Gattungen der Familie (PAILLARD et al. 2020, supinfo1). Die ausgestorbene Gattung *Cantioscyllium* ist immerhin 84–72 MrJ alt, obwohl die Familie der Ammenhaie bis auf die Unterkreide (145–101 MrJ) zurückgeht (Campanium; KRIWET et al. 2009, 322; NELSON et al. 2016, 62).



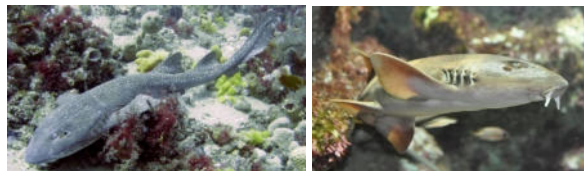
Alle heutigen Gattungen der Ginglymostomatidae sind fossil seit der späten Kreide bekannt (hier Atlantischer Ammenhai, *Ginglymostoma cirratum*). (CCo)

- Orectolobidae (Teppichhaie/Wobbegongs) sind mit der heutigen Gattung *Eucrossorhinus* seit 84–72 MrJ (Campanium) fossil vertreten (PAILLARD et al. 2020, supinfo1); die Familie Orectolobidae stammt aber aus dem Oberjura (164–145 MrJ; NELSON et al. 2016, 61). FRICKHINGER (1991, 174) meint sogar, dass die heutige Gattung *Orectolobus* seit dem Oberjura (164–145 MrJ) fossil vorkommt, ebenso wie andere fossile Gattungen (*Corysodon*, *Palaeocharcharias* und *Phorcynis*), die andere eher allgemein zur Ordnung der Ammenhaiartigen stellen (vgl. bezüglich *Phorcynis*: NELSON et al. 2016, 60).



Die Gattung *Eucrossorhinus* (hier *E. dasypogon*; Fransenteppichhai) ist mindestens seit 72 MrJ fossil bekannt – und die Gattung *Orectolobus* (Wobbegong) eventuell mindestens 145 MrJ. (Lakshmi Sawitri - 1228RajaAmpat5, CC BY 2.0; Copyright (c) 2005 Richard Ling, CC BY-SA 3.0)

- Brachaeluridae („Blindhaie“) existieren seit dem mittleren Jura wie z. B. die ausgestorbene Gattung *Paleobrachaelurus* (Callovium, 166–163 MrJ) (KRIWET 2003, 585; NELSON et al. 2016, 60). Die heutige Gattung *Brachaelurus* ist seit 140–134 MrJ (Valanginium) fossil vertreten (PAILLARD et al. 2020, supinfo1; GUINOT et al. 2014, Fig. 12; vgl. CAPPETTA 1973; NELSON et al. 2016, 60). Die heutige Gattung *Chiloscyllium* ist 121–113 MrJ (Aptium) alt; und die heutige Gattung *Eucrossorhinus* 84–72 MrJ (Campanium; PAILLARD et al. 2020, supinfo1).



Die Gattung *Brachaelurus* (hier *B. waddi*) ist mindestens 134 MrJ alt und *Chiloscyllium* (*C. griseum*, Grauer Bambushai) mindestens 113 MrJ. (David Breneman, CC BY-SA 3.0; © Citron, CC BY-SA 3.0)

- Hemiscylliidae (Bambushaie) sind seit dem Toarcium (183–174 MrJ) fossil bekannt (DELSATE 2003). NELSON et al. (2016, 61) kennen aber nur Funde aus der Unterkreide. Die heutige Gattung *Hemiscyllium* ist mindestens 72–66 MrJ (Maastrichtium) alt (PAILLARD et al. 2020, supinfo1).



Die Gattung *Hemiscyllium* (hier *H. ocellatum*, Epaulettenhai) ist mindestens 66 MrJ alt – die Familie ist sogar fossil mindestens seit 174 MrJ bekannt. (© Citron, CC BY-SA 3.0)

D. Heterodontiformes (Stierkopfhaiartige)

- Heterodontidae (Stierkopfhai) sind mit der heutigen Gattung *Heterodontus* (Stierkopfhai) seit dem mittleren Jura (Aalenium, 174–170 MrJ) fossil vertreten (GUINOT et al. 2014, Fig. 12; PAILLARD et al. 2020, supinfo1);⁴⁶ FRICKHINGER (1991, 171f) gibt stattdessen Oberjura an.



Die Gattung Stierkopfhai (hier der Kamm-Stierkopfhai, *Heterodontus galeatus*) ist mindestens 170 MrJ alt. (Ian Shaw / Reef Life, CC BY 3.0)

2) Squalimorphii

A. Echinorhiniformes („Nagelhaiartige“)

- Echinorhinidae (Nagelhaie) sind mit der heutigen Gattung *Echinorhinus* fossil seit 140–134 MrJ (Valanginium) vertreten (PAILLARD et al. 2020, supinfo1; vgl. NELSON et al. 2016, 78).



Die Gattung *Echinorhinus* (hier *E. brucus*, Nagelhai) ist mindestens 134 MrJ alt. (Hectonichus, CC BY-SA 3.0)

B. Squaliformes (Dornhaiartige)

- Somniosidae (Schlafhaie), Oxynotidae (Schweinshaie) und Dalatidae (Unechte Dornhaie) sind seit der oberen Kreide bekannt (101–66 MrJ; NELSON et al. 2016, 76f).



Schweinshaie (hier *Oxynotus caribbaeus*, Karibische Meersau) sind mindestens 66 MrJ alt. (Nakedape13, CC BY-SA 3.0)

- Squalidae (Dornhaie) wurden in der frühen Kreide nachgewiesen (145–101 MrJ; NELSON et al. 2016, 77). Sie sind mit der heutigen Gattung *Squalus* seit ca. 101–94 MrJ (Cenomanium) fossil bekannt⁴⁷; weitere heutige Gattungen sind *Centroscyminus* mit einem Alter von 84–72 MrJ (Campanium) und *Centrophorus* mit einem Alter von 72–66 MrJ (Maastrichtium) (PAILLARD et al. 2020, supinfo1).⁴⁸



Die Gattung *Squalus* (hier *S. acanthias*, Dornhai) ist über 94 MrJ alt und kommt auch in der Nordsee vor. (CCo)

C. Squatiniformes (Engelhaiartige)

- Squatinidae (Engelhaie) sind mit der heutigen Gattung *Squatina* seit ca. 164–157 MrJ (Oxfordium) fossil vertreten (PAILLARD et al. 2020, supinfo1; FRICKHINGER 1991, 194); NELSON et al. (2016, 79) geben immerhin die untere Kreide als Ursprung der Gattung an.



Die heutige Gattung *Squatina* (hier *S. squatina*, Gemeiner Engelhai) ist über 157 MrJ alt. (Julien Renoult, CC BY 4.0)

D. Pristiophoriformes (Sägehaiartige)

- Pristiophoridae (Sägehaie) sind in Form der heutigen Gattung *Pristiophorus* seit dem Albium (113–101 MrJ) bekannt (PAILLARD et al. 2020, supinfo1).



Die Gattung *Pristiophorus* (hier *P. japonicus*, Japanischer Sägehai) ist mindestens 101 MrJ alt. (OpenCago.info, CC BY-SA 2.5)

E. Hexanchiformes („Kammzählerhaiartige“)

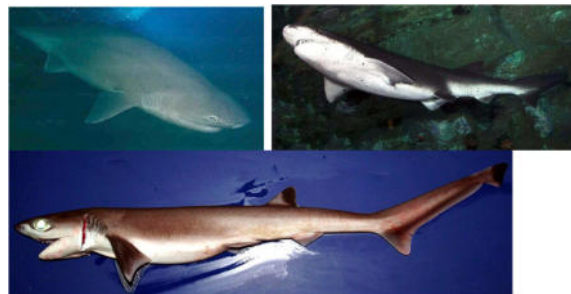
Hexanchiformes („Kammzählerhaiartige“) sind seit dem Unterjura (201–174 MrJ) mit der ausgestorbenen Familie Orthocondontidae fossil vertreten (NELSON et al. 2016, 74).

- Chlamydoselachidae (Kragenhaie): Die heutige Gattung *Chlamydoselachus* ist mindestens 86–84 MrJ (Santonium) alt (PAILLARD et al. 2020, supinfo1; vgl. NELSON et al. 2016, 74).



Die Gattung *Chlamydoselachus* (hier *C. anguineus*, Kragenhai) ist mindestens 84 MrJ alt. (© Citron, CC BY-SA 3.0)

- Hexanchidae (Kammzählerhaie) sind eine fossil sehr alte Familie. Sie existieren in Form der heutigen Gattung *Hexanchus* (Sechskiernerhaie) bereits seit ca. 191 MrJ (Unterjura, Pliensbachium: 191–183 MrJ; PAILLARD et al. 2020, 1+4, supinfo1; FRICKHINGER 1991, 188: seit Oberkreide). Die heutige Gattung *Notorynchus* ist 134–129 MrJ (Hauterivium) alt und *Heptranchias* ist 84–72 MrJ (Campanium) alt (ebd.); wobei NELSON et al. (2016, 75) sogar 201–174 MrJ (Unterjura) angeben. GOTO (2004, 250+253) berichtet darüber hinaus von einem Zahn der Hexanchidae-Familie („Hexanchidae indet.“ bzw. „Familie Hexanchidae: ?hexachid indet., Late Permian“), der in der Kashiwadaira Formation der Takayama Group in Yotsukura gefunden wurde und aus der Capitanium-Stufe des Perms stammen soll – also 264–260 MrJ alt ist.



Die Gattung *Hexanchus* (oben links: Stumpfnasen-Sechskiernerhai, *Hexanchus griseus*) ist fossil seit ca. 191 MrJ bzw. vielleicht sogar seit mindestens 260 MrJ belegt. Die Gattung *Notorynchus* (oben rechts: *N. cepedianus*, Breitnasen-Siebenkiernerhai) ist mindestens 129 MrJ alt und die Gattung *Heptranchias* (unten: *H. perlo*, Spitzkopf-Siebenkiernerhai) mindestens 72 oder gar 174 MrJ. (CCo)

2. Batoidea (Rochen)

Rochen sind seit dem Unterjura bekannt (BRINKMANN et al. 2010, 768).

A. Torpediniformes (Zitterrochenartige)

Die ausgestorbene Familie Archaeobatidae aus dieser Ordnung stammt aus dem Unterjura (201–174 MrJ; NELSON et al. 2016, 82).

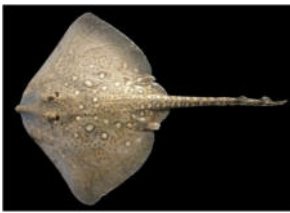
B. Rajiformes

- Platyrrhinidae (Dornrücken-Gitarrenrochen) sind mit fossilen Arten wie der ausgestorbenen Art *Tingitanius enuimandibulus* seit 94–90 MrJ (Turonium) bekannt (CLAESON et al. 2013; NELSON et al. 2016, 88).



Die Familie Dornrücken-Gitarrenrochen ist mindestens 90 MrJ alt; hier *Platyrrhinoidis triseriata*. (CCo)

- Rajidae (Echte Rochen) sind durch die ausgestorbene Gattung *Rajorhina* seit der unteren Oberkreide (≤ 101 MrJ) fossil bekannt (NELSON et al. 2016, 85; FRICKHINGER 1991, 205).



Der Nagelrochen (*Raja clavata*) kommt auch in der deutschen Nordsee vor, seine Familie ist fossil mindestens 101 MrJ alt. (© Hans Hillewaert, CC BY-SA 4.0)

C. Myliobatiformes (Stechrochenartige)

- Dasyatidae (Stechrochen) sind seit der Unterkreide (Hauterivium, 134–129 MrJ) nachgewiesen (PUCKRIDGE et al. 2012, 221; FRICKHINGER 1991, 213); was auch auf die heutige Gattung *Dasyatis* mit 134–129 MrJ fossilem Alter zutrifft (PAILLARD et al. 2020, supinfo1).

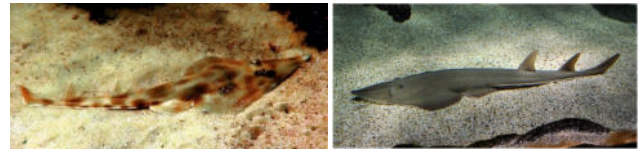


Die Gattung *Dasyatis* (hier *D. pastinaca*, Gewöhnlicher Stechrochen) ist mindestens 129 MrJ alt. (Linéi, CC BY 2.5)

D. Rhinopristiformes

- Rhinobatidae („Gitarrenrochen“) sind fossil seit dem Jura bekannt – man findet sie im Jura in Deutschland wie die ausgestorbene Art *Spathobatis moorbergensis* (Aalenium, 174–170 MrJ) (KRIWET & KLUG 2008, 66; KRIWET 1997, 296; FRICKHINGER 1991, 195–198). Die heutige

Gattung *Aptychotrema* ist durch die Art *Aptychotrema massoniae* seit dem oberen Cenomanium (≥ 94 MrJ) fossil vertreten (BERNÁRDEZ 2002, 298). Die heutige Gattung *Rhinobatus* stammt – je nach Autoren – aus dem Oberjura (Tithonium, 152–145 MrJ; GOODWIN et al. 1999) bzw. aus der Unterkreide (PAILLARD et al. 2020, supinfo1 geben als ältestes Vorkommen das Barremium an, also 129–121 MrJ; vgl. FRICKHINGER 1991, 200).



Die Gattung *Aptychotrema* (hier *A. rostrata*) ist über 94 MrJ alt und die Gattung *Rhinobatus* (hier *R. rhinobatos*; auch im Mittelmeer vorkommend) ist ca. 150 MrJ bzw. 120 MrJ alt. (Taso Viglas, CC BY 2.0; © Citron, CC BY-SA 3.0)

- Rhinidae („Geigenrochen“) sind fossil seit dem Unterjura (Lias; 201–174 MrJ) vertreten (WUERINGER et al. 2009, 448). Die heutige Gattung *Rhina* ist aber erst seit dem Messinium (7–5 MrJ) fossil bekannt (PAILLARD et al. 2020, supinfo1).



Die Familie der Geigenrochen (hier Rundkopf-Geigenrochen, *Rhina ancylostoma*) ist mindestens 174 MrJ alt. (Bobo Boom - Lisboa Oceanário, uploaded by tm, CC BY 2.0)

2. Osteichthyes (Knochenfische)

I. Actinopterygii (Strahlenflosser)

Mit der ausgestorbenen Gattung *Meemannia* sind die Strahlenflosser ca. 415 MrJ alt (LU et al. 2016, 1602+1604). Strahlenflosser besitzen nach *Catalogue of Life* 46 Ordnungen und 488 Familien, so dass hier nur ein eingeschränkter Überblick gegeben werden kann, der über 50 Prozent der Ordnungen sowie ausgewählte Familien umfasst, und deren mesozoische Herkunft nachweist.⁴⁹

1. Cladistia

A. Polypteriformes (Flösselhechtartige)

- Polypteridae (Flösselhechte): Die Fossilien von *Bawitius bartheli* (bis dahin sogar als „*Polypterus? bartheli*“ bezeichnet; vgl. GRANDSTAFF et al. 2012, 17f+21) aus der Flösselhecht-Familie aus der späten Kreide (unteres Cenomanium, ≥ 93 MrJ) sind dem heutigen Flösselhecht (*Polypterus*) ziemlich ähnlich – abgesehen von der Größe.



Der ausgestorbene Flösselhecht *Bawitius barthel* mit über 93 MrJ Alter und der heutige Senegal-Flösselhecht (*Polypterus senegalus*) gehören zu derselben Familie. (CC BY-SA 4.0, Joshua Knüppe. In: Jamale Ijouiher 2016, <https://peerj.com/preprints/2470/>; TVRGolf, CC BY-SA 4.0)

2. Actinopteri

1. Chondrostei (Knorpelganoiden)

Chondrostei sind fossil seit dem Devon (419–359 MrJ) nachweisbar (BROILI 1933, 303). FRICKHINGER (1991, 252f, 257) berichtet von Funden aus dem Mitteldevon (393–382 MrJ) wie *Stegotrachelus*, den NELSON et al. (2016, 112f) für einen „primitiven Actinopterygii“ halten. NELSON et al. (2016, 118-121) berichten aber nur von Chondrostei-Funden aus Jura und Kreide. KLEESATTEL (2001, 124) weist daraufhin, dass Flösselhechte, Löffelstöre und Störe seit der Blütezeit der Knorpelganoiden, die sich bis in die Zeit des Jura erstreckte, „weitgehend unverändert“ geblieben sind.

A. Acipenseriformes (Störartige)

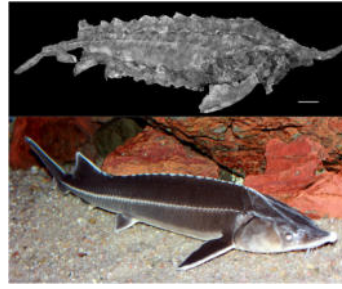
Erst kürzlich wurde die Art *Gyrosteus mirabilis* aus der Ordnung der Acipenseriformes auch im norddeutschen Ahrensburg im Unterjura (Toarcium, ca. 183–174 MrJ) entdeckt (HORNUNG & SACHS 2020, 1f+4; vgl. FRICKHINGER 1991, 368).

- Polyodontidae (Löffelstöre) sind mit der ausgestorbenen Art *Protopsephurus liui* aus der frühen Kreide (Yixian Formation, Barremium/unteres Aptium) fossil bekannt (vgl. GRANDE et al. 2002; NELSON et al. 2016, 119) – also seit ca. 125 MrJ. Nach JENNINGS & ZIGLER (2009) ist diese Familie ca. 135 MrJ alt.



Protopsephurus liui ist ca. 125 MrJ alt und stammt aus derselben Familie wie der heutige Löffelstör (*Polyodon spathula*). (Jonathan Chen, CC BY-SA 4.0; CCo)

- Acipenseridae (Störe) sind mindestens seit dem Cenomanium (101–94 MrJ) fossil nachgewiesen (VAVREK et al. 2014, 677f; vgl. NELSON et al. 119f). Die heutige Stör-Gattung *Acipenser* ist nach SEPKOSKI (2002) mindestens seit der oberen Kreide (Campanium, ca. 84–72 MrJ) fossil bekannt.



Die fossile Art *Acipenser praeparatorum* ist mindestens 72 MrJ alt; hier im Vergleich mit einem heutigen Sterlet (*A. ruthenus*). (HILDE & GRANDE [2023] J. Paleontol. 97, 189–217, doi: 10.1017/jpa.2022.81, CC BY-NC-SA 4.0; CCo)

2. Neopterygii (Neuflosser)

Wenn *Acentrophorus* zu den Stamm-Neopterygii zu rechnen ist, stammt diese Gruppe aus dem Oberperm (260–252 MrJ; NELSON et al. 2016, 121). FRICKHINGER (1991, 371–375) führt *Acentrophorus* als Holostei an.

a) Holostei

STEPHAN (2015, 227) konstatiert: „Fossil sind Knochen-Schmelzschupper (‘Holostei’) allgemein seit dem Perm und Knochenhechtartige im engeren Sinn seit der Kreide bekannt.“ FRICKHINGER (1991, 371–375) nennt das Oberperm (≤ 260 MrJ) als frühestes fossiles Auftauchen der Holostei.

A. Amiiformes (Kahlhechtartige)

Die ausgestorbene Gattung *Gymnoichthys* wurde ursprünglich als Mitglied der Amiidae aus der Trias (Anisium, 247–242 MrJ) vorgeschlagen (TAN & JIN 2013, 1+3; vgl. NELSON et al. 2016, 125; KLEESATTEL 2001, 122). Andere sind der Meinung, dass es sich hierbei um Mitglieder der entsprechenden Ordnung Amiiformes aus einer ausgestorbenen Familie (Caturidae) handelt, was dazu führt, dass die Familie der Caturidae ca. 40 MrJ älter wäre als gedacht (TAN & JIN 2013, 1+3; vgl. NELSON et al. 2016, 125). STEPHAN (2015, 227) wiederum schreibt: „Amiaartige [Kahlhechtartige] Fische treten seit Oberperm / Untertrias auf.“

- Amiidae (Kahlhechte) sind seit dem Jura fossil bekannt (vgl. NELSON et al. 2016, 126), wie zum Beispiel *Amiopsis lepidota* aus dem Oberjura (ca. 150 MrJ) in Deutschland (Solnhofener Plattenkalk; KÖLBL-EBERT & EBERT 2020). Nach LIU et al. (2003) ist mit *Guizhouamia* aber auch ein Familienmitglied der Amiidae aus der oberen Trias bekannt (237–201 MrJ; Xingyi von Guizhou, der dortige *Keichousaurus*-beinhaltende Horizont spricht eher für untere Obertrias bzw. mittlere Trias); POYATO-ARIZA (2013, 80) sieht aber Merkmale, die nicht zu den Amiiformes passen. Auch FRICKHINGER (1991, 431–436) nennt ausgestorbene Amiidae-Gattungen aus dem Oberjura mit verwandtschaftlichen Beziehungen zu heutigen Kahlhechten. Außerdem schreibt er, dass die heutige Gattung *Amia* bereits seit der Oberkreide (101–66 MrJ) fossil nachgewiesen ist (ebd.). MOORE

(2020) gibt immerhin *Amia*-Fossilien mit ca. 60 MrJ Alter an.



Der Kahlhecht *Amiopsis lepidota* (ca. 150 MrJ alt) und der heutige Kahlhecht (*Amia calva*) stammen beide aus der Familie der Amiidae. (Stan Shebs, CC BY-SA 3.0; Ghedoghedo, CC BY-SA 3.0)

B. Lepisosteiformes (Knochenhechtartige)

- Lepisosteidae (Knochenhechte): Das älteste Mitglied der Familie Lepisosteidae ist *Nhanulepisosteus mexicanus* mit 157 MrJ; dieser ist damit ca. 50 MrJ älter als der bisher älteste Fund der Familie (BRITO et al. 2017, 1f) – wie zum Beispiel *Obaichthys decoratus* aus der Unterkreide. KLEESATTEL (2001, 122) schreibt: „Als Lebende Fossilien besitzen die rezenten Knochenhechte Vorfahren, die seit der Oberkreide so gut wie nicht verändert sind“.



Obaichthys decoratus aus der Unterkreide und der heutige Alligatorhecht (*Atractosteus spatula*) gehören zu derselben Familie der Knochenhechte, die fossil seit ca. 157 MrJ bekannt ist. (CCo; Greg Hume, CC BY-SA 4.0)

b) Teleostei (Echte Knochenfische)

Hier werden nur einige wenige Familien bzw. Ordnungen beispielhaft vorgestellt, diese stammen aber aus ganz verschiedenen Bereichen des evolutionären Teleostei-Stammbaums. *Malingichthys* als Mitglied der Stamm-Teleostei ist über 235 MrJ (oberes Ladinium) alt (vgl. TINTORI et al. 2015). NELSON et al. (2016, 129f) geben ähnlich die Pholidophoridae aus der Obertrias (≤ 235 MrJ) als früheste fossile Stamm-Teleostei an; FRICKHINGER (1991, 449+56f) nennt die Untertrias als erstes fossiles Vorkommen für die zugehörige, ausgestorbene Gattung *Pholidophorus*.

1) Elopomorpha

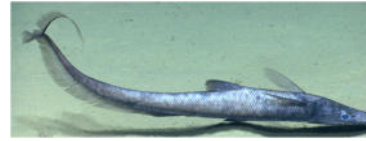
Elopomorpha stammen wahrscheinlich aus dem mittleren Oberjura (157–152 MrJ; NELSON et al. 2016, 134f).

A. Notacanthiformes (Dornrückenaalartige)

Die Ordnung ist fossil mit *Echidnocephalus* aus der Oberkreide bekannt, der nach FRICKHINGER (1991, 521)

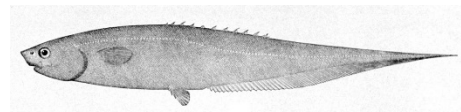
verwandtschaftliche Beziehungen zu heutigen Echsenaalen (Halosauridae) aufweist.

- Halosauridae (Echsenaale) stammen mit der ausgestorbenen Gattung *Echidnocephalus* fossil aus der Oberkreide (101–66 MrJ; NELSON et al. 2016, 137f).



Die Familie der Echsenaale (hier eine unbestimmte Art) ist mindestens 66 MrJ alt. (CCo)

- Notacanthidae (Dornrückenaale): Diese Familie ist laut FRICKHINGER (1991, 522) fossil durch die ausgestorbene Art *Pronotacanthus* seit der Oberkreide (101–66 MrJ) fossil bekannt.



Die Familie der Echsenaale (hier *Notacanthus chemnitzii*) ist mindestens 66 MrJ alt. (CCo)

B. Albuliformes (Grätenfischartige)

Arten aus der Ordnung Albuliformes stammen aus der Unterkreide (145–101 MrJ) – wie z. B. *Brannerion* mit ca. 145 MrJ Alter (ALBERT et al. 2009, 324f; vgl. NELSON et al. 2016, 1375 sowie ARRATIA 2010a, 249, 252; unteres Albium, 111–108 MrJ) und sogar aus dem oberen Jura (*Protalbula websteri* aus dem Kimmeridgium, 157–152 MrJ), sind aber in ihrer Zuordnung zu der Albulidae-Familie unsicher (vgl. ebd.).

- Albulidae (Grätenfische) sind fossil mit der Gattung *Nunaneichthys mexicanus* aus der Unterkreide (Albium bis Cenomanium: 112–94 MrJ; vgl. HERNANDEZ-GUERERO et al. 2021) bekannt. Die heutige Gattung *Albula* stammt aus der Oberkreide (101–66 MrJ; APPLGATE 1970, 412f).



Brannerion ist mindestens ca. 145 MrJ alt und gehört zu derselben Ordnung Albuliformes wie die heutige Gattung *Albula* (hier der Grätenfisch *A. vulpes*), die aus der Oberkreide stammt. (Smokeybjb, CC BY-SA 3.0; Brian Gratwicke, CC BY 2.0)

C. Anguilliformes (Aalartige)

Anguilliformes sind mit z. B. *Urenchelys abditus* fossil seit der Kreide (145–66 MrJ) vertreten (WILEY & STUART 1981, 43; vgl. NELSON et al. 2016, 139).

- Congridae (Meeraale) existieren mit der ausgestorbenen Gattung *Enchelion* seit der Oberkreide (101–66 MrJ; FRICKHINGER 1991, 536).



Die Familie der Meeraale ist mindestens 66 MrJ alt (hier *Conger conger*, Meeraal). (vtzanatos, CC BY-SA 4.0)

- Protanguillidae: Die heutige Art *Protanguilla palau* wurde vor ungefähr einem Jahrzehnt als neue Art in einer eigenen Familie beschrieben. JOHNSON et al. (2012, 935+Fig. 5) bezeichnen die Art als „lebendes Fossil“, weil er sich laut cladistischen Analysen vor über 210 MrJ von den anderen Anguilliformes abgespalten haben soll und deren primitivster Vertreter ist; dementsprechend würde sie über 200 MrJ in der Fossilüberlieferung fehlen.



Protanguilla palau wurde gerade erst entdeckt, die zugehörige Familie soll aber evolutionär gesehen 200 MrJ unentdeckt in der Fossilüberlieferung existiert haben. (G. David Johnson, Hitoshi Ida, Jiro Sakae, Tetsuya Sado, Takashi Asahida, Masaki Miya - <http://rspb.royalsocietypublishing.org/content/early/2011/09/16/rspb.2011.1289.figures-only>, CC BY 3.0)

D. Elopiformes (Tarpunartige)

Die Art *Flindersichthys denmeadi* stammt aus der Unterkreide (spätes mittleres bis spätes Albium, 113–101 MrJ) und wird der Ordnung Elopiformes zugeordnet – die Familie ist leider unbekannt (BARTHOLOMAI 2010, 43; vgl. SEPKOSKI 2002). Eine unklare Familienzuordnung gilt auch für die ausgestorbene Gattung *Daitingichthys* aus dem Oberjura mit ca. 150 MrJ (FRICKHINGER 1991, 510; vgl. ALBERT et al. 2009, 324f).

- Elopidae (Frauenfische): Auch die ausgestorbene Gattung *Elopsomolos* aus Deutschland aus dem oberen Jura (≥ 145 MrJ) wurde von NELSON et al. (2016, 135) der Ordnung Elopiformes zugeordnet. Allerdings wurden *Elopsomolos*-Funde aus dem Tithonium (152–145 MrJ) und Kimmeridgium (157–152 MrJ) von ARRATIA (2000, 156f) – auf die sich NELSON et al. beziehen – der Familie Elopidae zugeordnet.



Die Familie der Frauenfische (hier *Elops sp.*) ist wohl mindestens 152 MrJ alt. (Clinton & Charles Robertson, CC BY 2.0)

- Megalopidae (Tarpune): FRICKHINGER (1991, 511) ordnet dieser Familie die ausgestorbene Gattung *Pachythrissops* aus dem Oberjura (ca. 150 MrJ; vgl. ALBERT et al. 2009, 324f) zu.

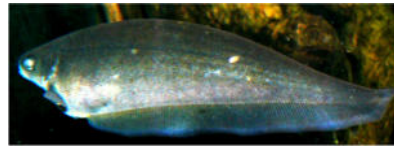


Die Familie der Tarpune (hier *Megalops atlanticus*, Atlantischer Tarpun) ist mindestens 150 MrJ alt. (Albert kok, CC BY-SA 3.0)

2) Osteoglossomorpha (Knochenzünglerähnliche)

A. Osteoglossiformes (Knochenzünglerartige)

- Notopteridae (Messerfischähnliche) stammen aus dem Cenomanium (101–94 MrJ; NELSON et al. 2016, 158).



Messerfische (hier *Xenomystus nigri*, Afrikanischer Messerfisch) sind mindestens 94 MrJ alt. (Haplochromis, CC BY-SA 3.0)

- Osteoglossidae (Knochenzüngler) sind mit der heutigen Knochenzüngler-Gattung *Scleropages* mindestens seit der Oberkreide (Maastrichtium, ca. 72–66 MrJ) fossil bekannt (ZHANG & WILSON 2017; vgl. KLEESATTEL 2001, 128). FRICKHINGER (1991, 496) nennt noch die ausgestorbene Gattung *Brychaetus* aus der Oberkreide, die NELSON et al. (2016, 157) nur aus dem Paläozän (66–56 MrJ) kennen.



Die heutige Knochenzüngler-Gattung *Scleropages* (hier *S. formosus*, Asiatischer Gabelbart) ist seit mindestens 66 MrJ fossil bekannt. (Ginkgo100, CC BY-SA 3.0)

B. Hiodontiformes

Die Ordnung ist fossil seit der Unterkreide (145–101 MrJ) bekannt; heute gibt es nur noch die Gattung Mondaugen (*Hiodon*) mit zwei Arten (NELSON et al. 2016, 155).

3) Clupeocephala

Clupeocephala sind fossil seit 153 MrJ aus dem oberen Jura in Europa bekannt (ARRATIA 2010b, 636). NELSON et al. (2016, 163) berichten immerhin von Funden aus der Unterkreide.

I) Ostarioclupeomorpha

a) Ostariophysini (Sandfisch-, Karpfen-, Salm-, Welsartige, Neuwelt-Messerfische)

CHEN et al. (2013, 2219) schreiben über die Ostariophysini (alle Ostariophysini ohne Sandfischartige [Gonorynchiformes]), dass die ältesten Fossilien aus der Unterkreide (Albium, 113–101 MrJ) stammen (vgl. NELSON et al. 2016, 179), während molekulare Analysen für einen Ursprung in Perm/Trias sprechen, was eine Überlieferungslücke von 150–200 MrJ bedeutet.

A. Siluriformes (Welsartige)

- Diplomystidae (Primitivwelse) stammen aus der oberen Oberkreide (≥ 66 MrJ; vgl. NELSON et al. 2016, 211).



Primitivwelse (hier *Diplomyxus nahuelbutaensis*) sind mindestens 66 MrJ alt. (Pablo Reyes Lobao-Tello, CC BY 3.0)

- Ariidae (Kreuzwelse) sind seit der Oberkreide (101–66 MrJ) fossil bekannt (NELSON et al. 2016, 231f).



Kreuzwelse (hier *Ariopsis seemanni*, Westamerikanischer Kreuzwels) sind mindestens 66 MrJ alt. (Xocolatl, CC BY-SA 3.0)

B. Clupeiformes (Heringsartige)

- Pristigasteridae (Beilbauchheringe): FRICKHINGER (1991, 545) ordnet die ausgestorbene Gattung *Diplomyxus* (Oberkreide, 101–66 MrJ) den Pristigasteridae zu; bei NELSON et al. (2016, 208) gehört diese Gattung zur ausgestorbenen Familie der Armigatidae.

- Chirocentridae (Wolfsheringe) sind fossil mit der ausgestorbenen Gattung *Gastroclupea* seit der Oberkreide nachgewiesen (101–66 MrJ; NELSON et al. 2016, 169).



Chirocentridae (hier *Chirocentrus dorab*) sind seit mindestens 66 MrJ fossil bekannt. (Jean-Lou Justine, CC BY-SA 4.0)

- Clupeidae (Heringe): Die ausgestorbenen Gattungen *Histiogriffis*, *Scombroclupea* und *Pseudoberyx* sind laut FRICKHINGER (1991, 556, 558, 566) ausgestorbene Heringe (Clupeidae) aus der Oberkreide (101–66 MrJ); allerdings führt er auch andere Clupeidae auf, die NELSON et al. (2016, 130) zu der ausgestorbenen Ordnung Crossognathiformes stellen.

C. Gonorynchiformes (Sandfischartige)

- Gonorynchidae (Sandfische) sind fossil zum Beispiel mit der ausgestorbenen Gattung *Charitosomus* vor ca. 100 MrJ seit der mittleren Kreide nachgewiesen (NELSON et al. 2016, 169; vgl. FRICKHINGER 1991, 576; ALBERT et al. 2009, 324f).



Sandfische (hier *Gonorynchus gonorynchus*, Beaked sandfish) sind ca. 101 MrJ alt. (Peter Southwood - Eigenes Werk, CC BY-SA 3.0)

- Chanidae (Milchfische) sind fossil seit der Unterkreide bekannt, wie zum Beispiel mit *Parachanos* und *Dastilbe* (143–101 MrJ; NELSON et al. 2016, 176f; vgl. FRICKHINGER 1991, 574).



Milchfische (hier unbekannte Art) sind mindestens 101 MrJ alt. (Elisabeth Morcel vom Autor, CC BY-SA 4.0)

II) Euteleosteomorpha

a) Protacanthopterygii

A. Argentiniformes (Goldlachsartige)

- Argentinidae (Goldlachse): Die ausgestorbenen Gattungen *Nybelinoides* und *Pattersonella* aus der Unterkreide (145–101 MrJ) wurden den Argentinidae zugeordnet (NELSON et al. 2016, 252).



Die Familie der Goldlachse (hier *Argentina silus*, Goldlachs) ist fossil seit mindestens 101 MrJ bekannt. (CCo)

B. Esociformes (Hechtartige)

- Esocidae („Hechte“) sind mit den ausgestorbenen Gattungen *Estesox* und *Oldmanosex* seit der späten Kreide (101–66 MrJ) fossil nachgewiesen; die heutige Gattung *Esox* ist mit *Esox tiemani* seit ca. 62 MrJ bekannt (NELSON et al. 2016, 249; vgl. FRICKHINGER 1991, 607).



Hechte stammen aus der Oberkreide, die heutige Gattung *Esox* (hier *E. lucius*, Europäischer Hecht) ist mindestens ca. 62 MrJ alt. (Jik jik, CC BY-SA 3.0)

C. Galaxiiformes (Galaxienartige)

- Galaxiidae (Galaxien): ANDERSON (1998) beschreibt *Stompooria rogersmithi* aus der Oberkreide (unteres Maastrichtium, ca. 70 MrJ) als Galaxiidae – NELSON et al. (2016, 255) bezeichnen diese Zuordnung als möglich („possible“); andere Review-Autoren wissen seltsamerweise nichts von diesem Fund (LEE et al. 2007 sowie KAULFUSS et al. 2020). Die heutige Gattung *Galaxias* stammt aber erst aus dem Miozän (23–5 MrJ) (ebd.).



Die Galaxien-Familie (hier die Art *Galaxis vulgaris*) ist fossil wohl ca. 70 MrJ alt. (Zureks, CC BY-SA 3.0)

D. Salmoniformes (Lachsartige)

Die Ordnung Salmoniformes ist möglicherweise mit Gattungen aus der Kreide wie *Kermichthys*, *Leptolepides* und *Paravinciguerria* (unteres Cenomanium, ≤ 101 MrJ) sowie *Orthogonikleithrus* aus dem Oberjura fossil nachgewiesen (NELSON et al. 2016, 244; ARRATIA 2000, 139; SEPKOSKI 2002). KONWERT (2017, 11–29) erwähnt *Leptolepides* und *Orthogonikleithrus*, zieht dabei aber keine Verbindung zu den Salmoniformes. FRICKHINGER

(1991, 613, 620) ordnet auch *Humbertia* und *Gharbouria* aus der Oberkreide den Salmoniformes zu.

b) Stomiati

A. Osmeriformes (Stintartige)

Möglicherweise ist die Ordnung Osmeriformes (Stintartige) mit *Spaniodon* fossil seit der Kreide (145–66 MrJ) bekannt (NELSON et al. 2016, 256).

B. Stomiiformes (Maulstachler)

FRICKHINGER (1991, 623) ordnet dieser Ordnung die ausgestorbenen Gattungen *Idrissia* und *Protostomias* aus der Unterkreide (101–145 MrJ) zu.

c) Neoteleostei

i) Paracanthopterygii

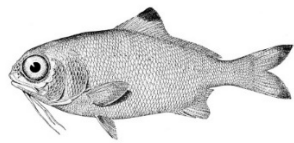
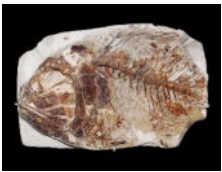
A. Zeiformes (Petersfischartige)

Die Ordnung Zeiformes ist mit der ausgestorbenen Art *Cretazeus rinaldii* in der mittleren Oberkreide (ca. 90–80 MrJ) fossil nachgewiesen (NELSON et al. 2016, 290).

ii) Polymixiiformes (Bartfischartige)

A. Polymixiiformes (Bartfischartige)

- Polymixiidae („Bartfische“) sind fossil seit der frühen Oberkreide mit vielen verschiedenen ausgestorbenen Gattungen bekannt (≤ 101 MrJ; NELSON et al. 2016, 286).



Berycopsis ist eine ausgestorbene Gattung aus der frühen Oberkreide (ca. 100 MrJ) und stammt aus derselben Familie wie die heutige Gattung *Polymixia* (Bartfisch). (the paleobear, CC BY 2.0; CCo)

iii) Acanthopterygii (Stachelflosser)

a. Berycimorphaceae

A. Beryciformes (Schleimkopfartige)

Die Ordnung Beryciformes ist mit *Handuichthys* und *Pseudomonocentris* im Übergang von Albium zu Cenomanium (ca. 101 MrJ) fossil nachgewiesen (NELSON et al. 2016, 279). FRICKHINGER (1991, 733) erwähnt noch *Cryptoberyx* und andere Gattungen aus der Oberkreide.

- Polymixiidae (Bartfische): Diese Familie ist nach FRICKHINGER (1991, 743) mit der ausgestorbenen Gattung *Pycnosterinx* fossil seit der Oberkreide (95 MrJ; ALBERT et al. 2009, 324f) nachgewiesen. NELSON et al. (2016, 286) führen stattdessen neben der ausgestorbenen Gattung *Berycopsis* vier weitere Gattungen dieser Familie aus dem Cenomanium an (Oberkreide: 101–94 MrJ).



Bartfische (hier *Polymixia lowei*) gibt es fossil seit mindestens ca. 95 MrJ. (CCo)

B. Trachichthyiformes

- Trachichthyidae (Sägebäuche) sind fossil seit der Oberkreide (101–66 MrJ) nachgewiesen – z. B. mit *Lisoberyx* (NELSON et al. 2016, 308; vgl. FRICKHINGER 1991, 716–722). Nach FRICKHINGER (1991, 720) kommt *Lisoberyx* aber schon ab der Unterkreide vor (145–101 MrJ); und bei ALBERT et al. (2009, 324f) wird das Alter dieser ausgestorbenen Gattung mit ca. 95 MrJ angegeben.



Sägebäuche (hier *Optivus elongatus*) sind mindestens 101 MrJ alt. (CCo)

b. Holocentrimorphaceae

A. Holocentriformes („Soldaten- und Husarenfischartige“)

Die Ordnung Holocentriformes ist mit mehreren ausgestorbenen Gattungen (z. B. *Alloberyx*) in der Kreide (145–66 MrJ) fossil bekannt (NELSON et al. 2016, 304).

- Myripristinae (Soldatenfische) Die ausgestorbenen Gattungen *Ctenocephalichthys* und *Paraspinus* aus der Oberkreide sind mindestens 95 MrJ alt; *Stichoberyx* aus der Unterkreide kommt sogar auf ein Alter von 125 MrJ (FRICKHINGER 1991, 725+729+731; ALBERT et al. 2009, 324f).



Soldatenfische sind fossil seit mindestens 125 MrJ bekannt (hier *Myripristis jacobus*, Karibischer Halsband-Soldatenfisch). (CCo)

c. Percomorphaceae (Barschverwandte)

A. Gasterosteiformes (bzw. Gasterosteales, Stichlingsartige)

Die Gasterosteiformes sind möglicherweise als (Teil-) Ordnung aus der Oberkreide (101–66 MrJ) mit *Gasterorhamphosus zuppichinii* fossil bekannt (NELSON et al. 2016, 410). FRICKHINGER (1991, 762) ordnet diese Gattung der Familie Centriscidae (Schnepfenfische) aus der Ordnung Syngnathiformes (Seenadelartige) zu.

B. Tetraodontiformes (Kugelfischartige)

- Aracanidae (Urkofferrische) sind mit der ausgestorbenen Gattung *Plectocertacicus* fossil seit der Oberkreide (101-66 MrJ) bekannt (FRICKHINGER 1991, 927).



Urkofferrische (hier *Aracana ornata*, Schmuck-Kofferrisch) sind fossil seit mindestens 66 MrJ bekannt. (Adrian Parnham, CC BY 2.0)

C. Beloniformes (Hornhechtartige)

- Hemiramphidae (Halbschnabelhechte) sind laut FRICKHINGER (1991, 697) seit der Oberkreide (101-66 MrJ) mit der ausgestorbenen Gattung *Cobitopsis* fossil bekannt.



Halbschnabelhechte (hier *Hemiramphus far*) sind fossil seit mindestens 66 MrJ bekannt. (Sahat Ratmuangkhwang, CC BY 3.0)

D. Acanthuriformes (Doktorfischartige)

- Chaetodontidae (Falterfische) sind fossil seit dem Cenomanium (101-94 MrJ) nachgewiesen (NELSON et al. 2016, 156).



Falterfische (hier Orangestreifen-Falterfisch, *Chaetodon ornatissimus*) sind mindestens 94 MrJ alt. (Aquaimages, CC BY-SA 2.5)

d. Eurypterygii

A. Myctophiformes (Laternenfischartige)

- Myctophidae (Laternenfische) sind nach FRICKHINGER (1991, 658, 661-665) mit *Hakelia*, *Nematonotus* und *Lep-tosomus* und anderen ausgestorbenen Gattungen fossil seit der Oberkreide (101-66 MrJ) vertreten. ALBERT et al. (2009, 324f) geben für die ersten beiden Gattungen ein Alter von 95 MrJ an.



Laternenfische gibt es mindestens seit 95 MrJ (hier Larve eines Laternenfisches). (CCo)

A. Aulopiformes (Eidechsenfischartige)

Die Ordnung ist fossil seit der Oberkreide bekannt (NELSON et al. 2016, 267; FRICKHINGER 1991, 643f).

- Synodontidae (Eidechsenfische): Laut FRICKHINGER (1991, 637) gehört die ausgestorbene Gattung *Sardinius*

aus der Oberkreide mit einem Alter von ca. 95 MrJ (ALBERT et al. 2009, 324f) zu dieser Familie.



Eidechsenfische (hier *Synodus foetens*) gibt es mindestens seit 95 MrJ. (CCo, NOAA)

II. Sarcopterygii (Fleischflosser)

Stamm-Fleischflosser sind nach ZHAO et al. (2021, Fig. 1+7) mit z. B. *Guiyu* und *Psarolepis* ca. 425 MrJ alt.

1. Dipnoi/Dipnomorpha (Lungenfische)

Die Fleischflosser-Klasse der Lungenfische (Dipnoi) existiert seit mindestens 410 MrJ im Unterdevon (OTERA 2011, 236f; vgl. KEMP et al. 2016; NELSON et al. 2016, 107; BROILI 1933, 303; FRICKHINGER 1991, 977f). Kronen-Dipnoi sind mindestens 411 MrJ alt (oberes Lochkovium; ZHAO et al. 2021, Fig. 1+7). Als „primitivste“, ausgestorbene Gattungen zählen nach NELSON et al. (2016, 107) *Youngolepis*, *Powichthys* und *Glyptolepis*.

A. Ceratodontiformes/Dipneusti (Lungenfischartige)

Aus der Trias (251-201 MrJ) sind einige ausgestorbene Familien von Lungenfischartigen bekannt (NELSON et al. 2016, 18f). Interessanterweise sollen die heute lebenden Australischen Lungenfische (Neoceratodontidae) „primitiver“ (basaler) sein als die folgenden fossilen Lungenfisch-Gattungen (KEMP et al. 2016, Fig. 2): *Ceratodus* (ca. 240/200 MrJ), *Gosfordia* (ca. 240 MrJ) und *Ptychoceratodus* (ca. 250 MrJ). *Gnathorhiza* (ca. 300/250 MrJ) und *Perspehonichthys* (ca. 300 MrJ) sollen sogar noch „moderner“ (abgeleiteter) sein (!) als die heutigen Südamerikanischen und Afrikanischen Lungenfische, die ihrerseits abgeleiteter sind als die Australischen Lungenfische (ebd.). Damit repräsentieren heutige Lungenfische Körperbaupläne, die evolutionär gesehen weit über 300 MrJ alt sein müssen. KEMP & BERRELL (2013, 499) schreiben: „Lungenfische evolvieren langsam, und viele Merkmale des Gebisses und der Kieferknochen sind bei Gattungen unterschiedlichen Alters ähnlich oder sogar fast identisch, insbesondere bei Mitgliedern der Familien Ceratodontidae und Neoceratodontidae aus der südlichen Hemisphäre.“ Ceratodontidae-Arten kamen von Untertrias (252-247 MrJ) bis Tertiär (Paläogen bis Neogen: 66-5,3 MrJ) vor (KEMP 1986, 181; FRICKHINGER 1991, 992f).

- Neoceratodontidae (Australische Lungenfische) existieren in Form der heutigen Gattung *Neoceratodus* (Australischer Lungenfisch) fossil schon seit der Oberkreide (ca. 145 bzw. 101 MrJ; vgl. OTERA 2011, 236, Fig. 3; KEMP & BERRELL 2013, 500). THENIUS (2003, 100) schreibt sogar: „Im Aussehen unterscheidet sich der australische Lungenfisch praktisch nicht von fossilen

Formen aus dem jüngsten Erdaltertum (z. B. *Uronemus* im Perm).“ Laut FRICKHINGER (1991, 990) ist die Gattung *Uronemus* fossil schon seit dem Unterkarbon bekannt. NELSON et al. (2016, 109) ordnen *Epiceratodus* aus der Trias (251–201 MrJ) ebenfalls der Familie Neoceratodontidae zu.



Australische Lungenfische existieren in Form der heutigen Gattung *Neoceratodus* (hier *N. forsteri*) seit mindestens 101 MrJ; ihre Familie reicht aber bis in die Trias vor über 201 MrJ zurück. (Tannin, CC BY-SA 3.0)

- Protopteridae (Afrikanische Lungenfische) sind mit der heutigen Gattung *Protopterus* (Afrikanische Lungenfische) seit der Unterkreide fossil vertreten (ca. 145 bzw. 101 MrJ; vgl. OTERA 2011, 236, Fig. 3).



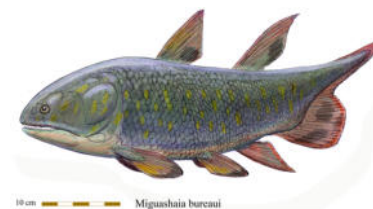
Fossilreste von *Protopterus protopteroideus* aus der Unterkreide (ca. 101 MrJ) und *Protopterus annectens* (Westafrikanischer Lungenfisch). (Ghedo, CC BY-SA 4.0; Cedricguppy - Loury Cédric, CC BY-SA 4.0)

2. Actinistia (Quastenflosser)

Die Fleischflosser-Klasse der Quastenflosser (Actinistia) ist mit dem „primitiven“ *Miguashaia bureaui* mindestens ca. 375 MrJ alt (MONDÉJAR FERNÁNDEZ et al. 2022, 1f+12; CLOUTIER 1996, 228). „Unsere neue Analyse wirft ein Schlaglicht auf die Lebensgeschichte und die Paläoökologie von *Miguashaia bureaui* und zeigt, dass die schwache Verknöcherung des Endoskeletts, die bei der heute lebenden *Latimeria chalumnae* bekannt ist, trotz der Unterschiede in Größe und Lebensraum bis vor mindestens 375 Millionen Jahren zurückverfolgt werden kann“ – „... was einen bemerkenswerten Fall von histologischer Stasis in der Quastenflosser-Evolution darstellt“ (MONDÉJAR FERNÁNDEZ et al. 2022, 1f+12). MONDÉJAR FERNÁNDEZ et al. (2021, 1) ergänzen hinsichtlich Schuppen-Mikroanalysen von *Miguashaia bureaui*: „Vergleiche mit *Latimeria* und anderen ausgestorbenen Taxa zeigen, dass diese Merkmale durchgängig über die gesamte Quastenflosser-Evolution hinweg konserviert sind, mit nur geringfügigen Veränderungen in bestimmten Taxa.“ Auch ZHU et al. (2012, 1) halten zu Artikelbeginn fest: „Der charakteristische Körperbau der anatomisch modernen Quastenflosser [...] lässt sich auf fossile Formen aus dem späten Mitteldevon (vor 385,3–391,8 Mya [MrJ]) zurückführen“. ZHU et al. (2012, 1, Fig. 5) berichten außerdem von einem noch älteren Actinistia-Mitglied, das sogar abgeleiteter ist als

Miguashaia bureaui (vgl. auch MONDÉJAR FERNÁNDEZ et al. 2021, Fig. 11 und CAVIN et al. 2017, Fig. 3): „Hier berichten wir über den frühesten bekannten Quastenflosser-Schädel (*Euporosteus yunnanensis* sp. nov.) aus dem frühen Devon (oberes Pragianum [≥ 408 MrJ]) Yunnan, China.“ Cladistische Analysen ergaben eine Stellung „als Kronengruppe [„crownward“] von *Diplocercides* oder als dessen Schwestertaxon“ (ebd.). So „erweitert die neue Form den Zeitrahmen der anatomisch modernen Quastenflosser um etwa 17 Millionen Jahre. Dieser Befund unterstützt die Möglichkeit, dass *Eoactinistia* auch ein anatomisch moderner Quastenflosser ist“ (ebd.). JOHANSON et al. (2006, 443) hatten *Eoactinistia*, der aus dem oberen mittleren Pragianum (ca. 409 MrJ) stammt, als Actinistia eingeordnet (vgl. MONDÉJAR FERNÁNDEZ et al. 2021, 2). Kronen-Actinistia sind sogar ca. 415 MrJ (mittleres Lockkovium) alt (ZHAO et al. 2021, Fig. 1+7). KLEESATTEL (2001, 139) schreibt etwas vereinfachend: „Weiterhin sensationell ist die Tatsache, dass zwischen den ältesten fossilen Quastenflossern aus dem Mittleren Devon vor 400 Millionen Jahren und den rezenten [heutigen] Tieren kaum ein morphologischer Unterschied festzustellen ist. Ihr Bauplan hat sich also über Jahrmillionen nicht verändert.“

„[S]ensationell ist die Tatsache, dass zwischen den ältesten fossilen Quastenflossern [...] vor 400 Millionen Jahren und den rezenten Tieren kaum ein morphologischer Unterschied festzustellen ist. Ihr Bauplan hat sich also über Jahrmillionen nicht verändert.“

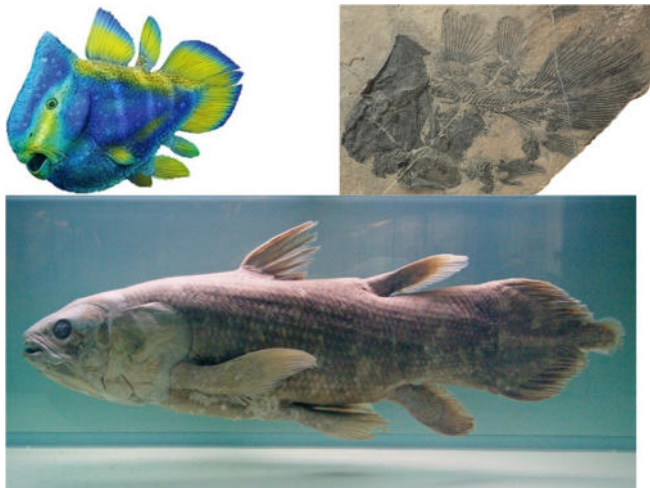


Rekonstruktion des Actinistia *Miguashaia bureaui*, der mindestens ca. 375 MrJ ist. (DiBgd, CC BY-SA 4.0)

A. Coelacanthiformes (Quastenflosserartige)

LONG (1999, 37+40) berichtet von *Garvinia* aus dem oberen Mitteldevon (388–383 MrJ) und stellt diesen zu den Coelacanthiformes. MONDÉJAR FERNÁNDEZ et al. (2021, Fig. 11) hatten *Garvinia* in ihrer cladistischen Analyse in Bezug auf die Mikroanatomie der Schuppen nicht eingeschlossen und geben *Coelacanthus* aus dem mittleren Guadalupium (269–265 MrJ) als ältesten Fund der Coelacanthiformes an. THENIUS (2003, 104) schreibt: „Das Aussehen von *Latimeria chalumnae* entspricht weitgehend dem von *Coelacanthus* aus der Permzeit.“ Und NELSON et al. (2016, 104) halten für die Coelacanthiformes fest: „Es gibt einen guten Fossilbericht für diese Gruppe vom späten Devon bis zur späten Kreide.“

- Latimeriidae („heutige“ Quastenflosser): *Foreyia maxkuhni* gehört mit einem Alter von ca. 241 MrJ (frühes Ladinium) zur Familie (Latimeriidae) der heutigen Quastenflosser (*Latimeria*), von der einige Funde aus der Trias bekannt sind (CAVIN et al. 2017, 1+3). Ebenfalls aus dem Ladinium stammt der Latimeriide *Garnbergia ommata* (MARTIN & WENZ 1984, 1f); er wird aber bei MONDÉJAR FERNÁNDEZ et al. (2021, Fig. 11) als älter als *Foreyia* angegeben, der laut SEPKOSKI (2002) aus dem Anisium (247–242 MrJ) stammt. NELSON et al. (2016, 106) wissen nur von Funden aus Jura und Kreide.



Foreyia maxkuhni (in Rekonstruktion und als Fossil) ist ca. 241 MrJ alt und stammt aus derselben Familie wie der heutige Quastenflosser (*Latimeria*). (CAVIN et al. 2017, CC BY 4.0; sybarite48 - Uploaded by Funk-Monk, CC BY 2.0)

Anhang 2: Eigene Auswertung der cladistischen Analyse von MIYASHITA et al. (2019) über die frühesten Fischgruppen

Anhang 2 Tab. 1 Eigene Auswertung der 168 quantifizierte Merkmale umfassenden cladistischen Analysen von MIYASHITA et al. (2019) in Prozent nach gemeinsamen Merkmalen in Bezug auf die Gruppe der jeweiligen Spalte.^a **Grün** ist jeweils die ähnlichste Gruppe je Zeile markiert und **fett** ist jeweils die ähnlichste Gruppe je Spalte. (Eigene Darstellung basierend auf MIYASHITA et al. 2019, Data Set S01–03, eigene Auswertung)

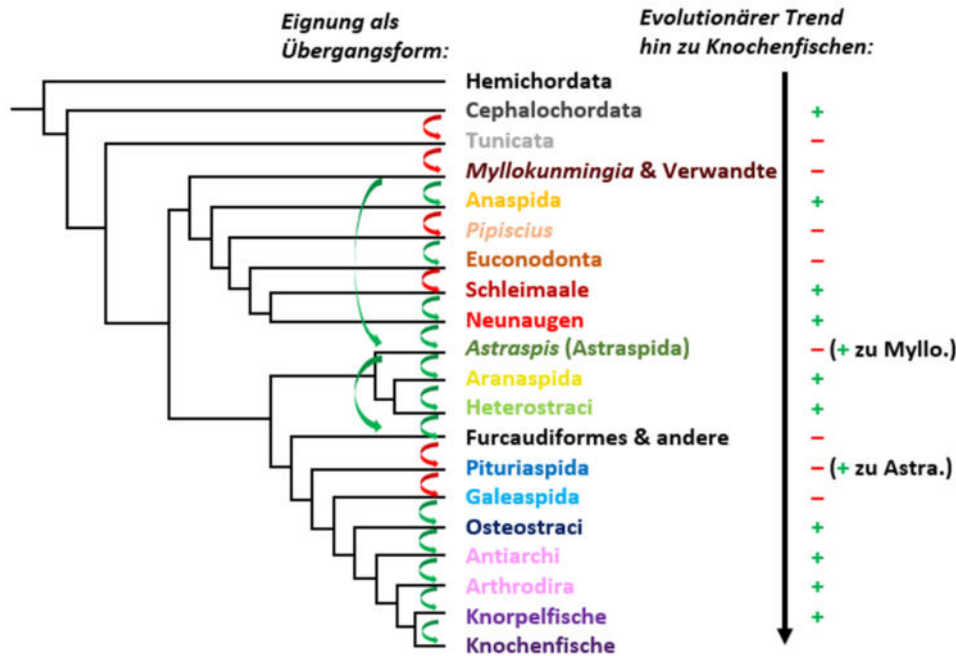
	Hemichordata (Kiemenslochtiere)	Cephalochordata (Schädellose)	Tunicata (Manteltiere)	<i>Pikaia</i> +	<i>Mylokunmingia</i>	<i>Pipiscius</i> +	<i>Birkenia</i> (Anaspida) +	Gilpichthys + (Neunauge-Stammart)	Euconodontia (Kegehzähne)	<i>Myxinikela</i> + (Schleimaal-Stammart)	<i>Neomyxine biniplicata</i> (Schleimaal)	<i>Petromyzon marinus</i> (Neunauge)	Arandaspida +	<i>Astraspis</i> + (Astraspida)	Heterostraci +	Furcacaudiformes +	Galeaspida +	Pituriaspida +	Osteostraci +	Chondrichthyes*	Osteichthyes*	Antiarchi +	Arthrodira +
Hemichordata	100,0	78,0	85,7	88,4	76,2	67,0	26,0	68,4	53,4	59,2	40,4	38,1	25,2	28,4	21,5	28,4	27,4	48,0	7,0	22,4	20,6	28,9	21,4
Cephalochordata	78,0	100,0	81,5	95,5	85,7	73,4	33,7	75,8	58,0	64,3	47,8	39,3	29,1	29,5	29,8	34,7	31,6	44,0	11,6	28,5	26,1	32,0	25,5
Tunicata	85,7	81,5	100,0	87,5	76,2	70,2	26,9	70,5	55,7	61,2	41,6	40,5	29,1	29,5	25,6	27,4	27,4	46,0	10,1	23,6	23,0	28,9	21,4
<i>Pikaia</i>	58,9	63,7	58,3	100,0	81,0	67,0	26,9	70,5	53,4	60,2	39,8	35,1	23,3	25,0	21,5	30,5	25,6	40,0	3,1	18,2	17,6	23,4	17,2
<i>Mylokunmingia</i>	38,1	42,9	38,1	60,7	100,0	70,2	37,5	72,6	55,7	62,2	41,0	41,1	27,2	31,8	24,8	43,2	28,2	46,0	10,1	21,8	18,2	24,2	20,0
<i>Pipiscius</i>	37,5	41,1	39,3	56,3	78,6	100,0	32,7	83,2	62,5	70,4	37,9	45,2	41,7	35,2	32,2	40,0	30,8	50,0	14,0	21,8	18,8	24,2	17,9
Euconodontia	28,0	30,4	29,2	42,0	58,3	58,5	41,3	65,3	100,0	52,0	33,5	32,1	36,9	40,9	29,8	43,2	23,1	42,0	20,2	24,2	22,4	23,4	27,6
<i>Myxinikela</i>	34,5	37,5	35,7	52,7	72,6	73,4	42,3	78,9	58,0	100,0	52,8	43,5	31,1	29,5	24,8	34,7	33,3	46,0	21,7	18,8	18,2	21,1	16,6
<i>Neomyxine biniplicata</i>	38,7	45,8	39,9	57,1	78,6	64,9	39,4	77,9	61,4	86,7	100,0	61,3	33,0	31,8	38,0	42,1	39,3	46,0	31,0	29,1	27,9	32,0	27,6
<i>Petromyzon marinus</i>	38,1	39,3	40,5	52,7	82,1	80,9	45,2	83,2	61,4	74,5	64,0	100,0	42,7	43,2	37,2	50,5	51,3	46,0	46,5	37,6	34,5	32,8	31,7
<i>Birkenia</i> (Anaspida)	16,1	20,8	16,7	25,0	40,5	44,7	100,0	41,1	42,0	34,7	25,5	28,0	65,0	65,9	57,9	68,4	44,4	62,0	33,3	32,1	27,3	37,5	31,0
Arandaspida	15,5	17,9	17,9	21,4	33,3	45,7	55,8	40,0	43,2	32,7	21,1	26,2	100,0	78,4	70,2	60,0	43,6	70,0	40,3	33,9	35,8	39,8	40,7
<i>Astraspis</i> (Astraspida)	14,9	15,5	15,5	19,6	33,3	33,0	67,3	33,7	40,9	26,5	17,4	22,6	67,0	100,0	58,7	58,9	36,8	52,0	31,8	31,5	32,7	33,6	35,9
Heterostraci	15,5	21,4	18,5	23,2	35,7	41,5	62,5	35,8	40,9	30,6	28,6	26,8	82,5	80,7	100,0	69,5	55,6	78,0	49,6	45,5	47,9	51,6	52,4
Furcacaudiformes	16,1	19,6	15,5	25,9	48,8	40,4	62,5	42,1	46,6	33,7	24,8	28,6	55,3	63,6	54,5	100,0	40,2	60,0	34,1	42,4	32,7	35,9	36,6
Galeaspida	19,0	22,0	19,0	26,8	39,3	38,3	50,0	37,9	30,7	39,8	28,6	35,7	49,5	48,9	53,7	49,5	100,0	84,0	58,9	38,8	37,6	54,7	44,1
Pituriaspida	14,3	13,1	13,7	17,9	27,4	26,6	29,8	26,3	23,9	23,5	14,3	13,7	34,0	29,5	32,2	31,6	35,9	100,0	17,1	20,6	21,2	34,4	24,1
Osteostraci	14,3	16,1	16,7	15,2	29,8	34,0	51,9	32,6	45,5	35,7	28,0	41,1	64,1	62,5	63,6	58,9	76,1	66,0	100,0	52,1	54,5	61,7	64,8
Chondrichthyes	22,0	28,0	23,2	26,8	42,9	38,3	48,1	38,9	44,3	31,6	29,8	36,9	52,4	56,8	59,5	71,6	52,1	66,0	55,0	100,0	86,7	68,8	82,8
Osteichthyes	20,2	25,6	22,6	25,9	35,7	33,0	43,3	36,8	42,0	30,6	28,6	33,9	56,3	60,2	64,5	55,8	53,0	70,0	58,9	87,3	100,0	82,0	91,7
Antiarchi	22,0	24,4	22,0	26,8	36,9	33,0	46,2	32,6	34,1	27,6	25,5	25,0	49,5	48,9	54,5	48,4	59,8	88,0	51,2	55,2	64,2	100,0	73,1
Arthrodira	18,5	22,0	18,5	22,3	34,5	27,7	43,3	31,6	45,5	24,5	24,8	27,4	57,3	59,1	62,8	55,8	54,7	70,0	62,8	74,5	81,2	82,8	100,0

^a Bei Chondrichthyes gab es 3 Kriterien und bei Osteichthyes 1 Kriterium, das aus einem Merkmalsspektrum bestand. In den beiden Spalten von Chondrichthyes und Osteichthyes wurden diese aus methodischen Gründen von Hand mit eingerechnet; in deren beiden Zeilen wurden sie aber nicht händisch einberechnet, sondern nur maschinell mit den anderen Gruppen in den Spalten auf exakte Gleichheit verglichen.

Anhang 2 Tab. 2 Cladistische Position nach dem morphologischen Datensatz mit 168 quantifizierten Merkmalen (nach MIYASHITA et al. 2019, Fig S6, Data Set S01–03) in Bezug auf die Frage, ob Gruppen sich als Übergangsformen zur nächsten Gruppe innerhalb der Systematik nach eben diesem Datensatz eignen. Vom Verfasser wurde untersucht, ob die Gruppe jeweils von ihren Merkmalen her zwischen der vorherigen und der folgenden Gruppe vermittelt. Außerdem wurde die Frage gestellt, ob es einen Trend hin zu einer Ähnlichkeit mit Knochenfischen gibt oder nicht. An den Stellen, wo es zur Aufspaltung kommt, wurden zwei Varianten berechnet (blau). (Eigene Darstellung basierend auf MIYASHITA et al. 2019, Data Set S01–03)

Systematische Position	Merkmalsähnlichkeit zur „Nachfolger“-Gruppe in %	Merkmalsähnlichkeit der „Vorgänger“- zur „Nachfolger“-Gruppe in %	Eignet sich dementsprechend als Übergangsstadium	Ähnlichkeit zu Knochenfischen in %	Langfristiger evolutionärer Trend zu Knochenfischen
Hemichordata	zu Cephalochordata: 78 %			20,6	
Cephalochordata	zu Tunicata: 81,5 %	Hemichordata zu Tunicata: 85,7 %	Nein	26,1	Ja
Tunicata	zu <i>Myllokunmingia</i> & V.: 76,2 %	Cephalochordata zu <i>Myllokunmingia</i> & V.: 85,7 %	Nein	23,0	Nein
<i>Myllokunmingia</i> & Verw.	zu <i>Anaspida</i> : 37,5 % zu <i>Astraspis</i> : 31,8 %	Tunicata zu <i>Anaspida</i> : 26,9 % Tunicata zu <i>Astraspis</i> : 29,5 %	Ja Ja	18,2	Nein
Anaspida	zu <i>Pipiscius</i> : 44,7 %	<i>Myllokunmingia</i> & V. zu <i>Pipiscius</i> : 70,2 %	Nein	27,3	Ja
<i>Pipiscius</i>	zu Euconodonta: 62,5 %	<i>Anaspida</i> zu Euconodonta: 42 %	Ja	18,8	Nein
Euconodonta	zu Schleimaale: 33,5 %	<i>Pipiscius</i> zu Schleimaale: 37,9 %	Nein	22,4	Nein
Schleimaale	zu Neunaugen: 61,3 %	Euconodonta zu Neunaugen: 32,1 %	Ja	27,9	Ja
Neunaugen	zu <i>Astraspis</i> : 43,2 %	Schleimaale zu <i>Astraspis</i> : 31,8 %	Ja	34,5	Ja
<i>Astraspis</i> (<i>Astraspida</i>)	zu <i>Arandaspida</i> : 67 % zu Furcaudiformes & a.: 58,9 %	Neunaugen zu <i>Arandaspida</i> : 42,7 % <i>Myllokunmingia</i> & V. zu Furcaudiformes & a.: 43,2 %	Ja Ja	32,7	Nein (Ja zu Myllo.)
Arandaspida	zu Heterostraci: 70,2 %	<i>Astraspis</i> (<i>Astraspida</i>) zu Heterostraci: 58,7 %	Ja	35,8	Ja
Heterostraci	zu Furcaudiformes & a.: 69,5 %	<i>Arandaspida</i> zu Furcaudiformes & a.: 60 %	Ja	47,9	Ja
Furcaudiformes & andere	zu Pituriaspida: 60 %	Heterostraci zu Pituriaspida: 78 %	Nein	32,7	Nein
Pituriaspida	zu Galeaspida: 35,9 %	Furcaudiformes & a. zu Galeaspida: 40,2 %	Nein	37,6	Nein (Ja zu Astra.)
Galeaspida	zu Osteostraci: 58,9 %	Pituriaspida zu Osteostraci: 17,1 %	Ja	21,2	Nein
Osteostraci	zu Antiarchi: 61,7 %	Galeaspida zu Antiarchi: 54,7 %	Ja	54,5	Ja
Antiarchi	zu Arthrodira: 73,1 %	Osteostraci zu Arthrodira: 64,8 %	Ja	64,2	Ja
Arthrodira	zu Knorpelfische: 74,5 %	Antiarchi zu Knorpelfische: 55,2 %	Ja	81,2	Ja
Knorpelfische	zu Knochenfische: 86,7 %	Arthrodira zu Knochenfische: 81,2 %	Ja	86,7	Ja
Knochenfische					

Anhang 2 Abb. 1 Grafische Darstellung der Ergebnisse aus Anhang 2 Tab. 2: Grüne Pfeile links zeigen, dass die entsprechende Gruppe der Nachfolger-Gruppe im Vergleich zur Vorgängergruppe prozentual stärker ähnelt. Rote Pfeile links zeigen hingegen an, dass rein vom Prozentsatz der geteilten gemeinsamen Merkmale die Vorgängergruppe der Nachfolgergruppe stärker ähnelt als die vermeintlich dazwischen geschaltete Gruppe. Rechts: Plus- und Minussymbol zeigen, ob es im Vergleich zur Vorläuferart einen Trend in Richtung Knochenfische gibt (+) oder nicht (-). Die Systematik basiert auf einem der zehn Cladogramme von MIYASHITA et al. 2019 (Fig S6; s. Abb. 71a). Da es an zwei Stellen cladistische Aufgabelungen gibt, wurden dort jeweils die ursprünglichste und die abgeleitete Gruppe mit der nachfolgenden Gruppe verglichen. (Eigene Darstellung basierend auf MIYASHITA et al. 2019 Fig S6, Data Set S01–03)



Anhang 2 Tab. 2 und Anhang 2 Abb. 1 zeigen, dass von der gesamten Ähnlichkeit her sechs Gruppen (Cephalochordata, Tunicata, Anaspida, Euconodonta, Furcaudiformes & andere, Pituriaspida) nicht zwischen der jeweils ursprünglicheren und der jeweils abgeleiteteren Gruppen vermitteln.

Außerdem ist nur bei einer knappen Mehrheit ein entsprechender langfristiger evolutionärer Trend von Hemichordata bis hin zu Knochenfischen zu beobachten; acht von 18 Gruppen folgen diesem Trend nicht. Von einer sich linear darstellbaren Evolutionsreihe entsprechend der cladistischen Positionen kann also nicht die Rede sein. Natürlich geht man heute aus evolutionärer Perspektive statt von einer linearen Evolutionsreihe von einem „geschlängelten Zickzack-Kurs“ in Bezug auf die Fitnesslandschaft aus, da ja die Evolution eben nicht zielgerichtet Trends verfolgt, sondern die gerade erreichbaren „Fitness-Gipfel“ verwirklicht. Dies ist innerhalb des Neodarwinismus natürlich korrekt, stellt aber nur eine

hypothetische Möglichkeit dar – sofern man den Darwinismus nicht a priori als wahr voraussetzt. Dafür bräuchte es konkrete genetische und ökologische Modelle mit den jeweils wirkenden Evolutionsfaktoren sowie Fossilfunde, die zeitlich und von den Merkmalen her gut in Übergangspositionen passen. Man kann sich allerdings schon die grundsätzliche Frage stellen, welchen argumentativen Stellenwert *abgestufte Ähnlichkeiten* und *evolutionäre Trends* – Hauptargumente des Darwinismus, die oft auch als Gegenargumente gegen Schöpfungsmodelle vorgebracht werden – überhaupt besitzen. Wenn ihr Vorhandensein als Argumente für evolutionäre Modelle im Vergleich mit Schöpfungsmodellen gewertet werden sollen, sollte man gegensätzliche Befunde bei großen systematischen Gruppen nicht einfach ad hoc mit einem Verweis auf die evolutionären „Fitnesslandschaften“ abtun. Sonst wird Evolution zur leeren Phrase, die „alles und nichts“ erklärt und den Boden wissenschaftlich überprüfbarer Theorien verlässt.

Anhang 3: Lückenhaftigkeit der Fossilüberlieferung

Anhang 3 Text 1: Lückenhaftigkeit der Fossilüberlieferung aus Evolutions- und Schöpfungsperspektive

Charles DARWIN war sich der Tatsache bewusst, dass in der Fossilüberlieferung zahlreiche Zwischenformen zwischen heute lebenden und fossilen Taxa fehlen, die man auf Grundlage der Evolutionstheorie erwarten würde (vgl. KOTULLA 2020, 3f). DARWIN wusste auch um das plötzliche Auftreten ganzer Gruppen verwandter Arten innerhalb von geologischen Formationen (insbesondere auf der Ebene fast aller Tierstämme und vieler Tierklassen im Kambrium: vgl. ebd.; JUNKER 2014; JUNKER 2022). Diesen Problemen begegnete er mit der Hypothese, dass die Fossilüberlieferung *sehr lückenhaft* sei (ebd.).

Und so wird von Evolutionsbiologen bis heute häufig auf die mutmaßlich extreme Unvollständigkeit der Fossilüberlieferung verwiesen. Schließlich werden ca. 4 Milliarden Jahre Evolutionsgeschichte und nahezu unzählige Übergangsformen vorausgesetzt. Daher lautet eine häufige Erklärung: Der Prozess des Fossilisierens sei einfach ein unglaublich seltenes Ereignis – so könne man die in der Regel diskontinuierlichen Fossilüberlieferung mit abrupt auftauchenden Taxa erklären (vgl. BECHLY 2022a sowie die Zitate in Anhang 5 von SIMPSON 1953; BENTON 2009; ZRZAVÝ et al. 2009, 403f; JUNKER 2014; VOJE et al. 2018, 509 sowie HÖSSJER et al. 2021, 2 und BECHLY 2024b).

SIMPSON schätzte die Anzahl der Spezies, die seit Beginn der Evolution diese Erde bevölkert haben sollen, auf 500 Millionen (Spanne von 50 bis 4000 Millionen) – und CAILLEUX ging von 17 bis 860 Millionen aus (nach TEICHERT 1956, 967). Davon wurde aber die überwältigende Mehrheit bis heute nicht gefunden, so dass fossil nicht überlieferte Lebensräume in großer Zahl postuliert werden müssen. Doch wie viele fossile Arten sind eigentlich bekannt?

KLEESATTEL (2001, 22) meint: „Man kennt weniger als 200 000 ausgestorbene Arten von einer Gesamtzahl, die wenigstens 10 Millionen, vermutlich

aber ein Vielfaches davon, umfasst hat.“ ALROY (2002, 3706) schätzt, dass man zum damaligen Zeitpunkt ca. 280.000 fossile Arten von Wirbellosen entdeckt hat: „1970 waren etwa 192.000 fossile Arten von Wirbellosen bekannt, und jedes Jahr werden mindestens 3.000 weitere Arten benannt.“ Weiterhin nennt er 3.350⁵⁰ valide nordamerikanische fossile Säugetierarten (ebd.). Geht man davon aus, dass Wirbellose den Großteil der Tiere darstellen, könnte man ableiten, dass man heute grob geschätzt ca. 350.000 fossile Spezies von Tieren kennt (so auch BECHLY 2022a)⁵¹. Davon sind aber nicht alle ausgestorben, da laut Anhang 3 Tab. 1 ca. sechs Prozent der fossilen Arten immer noch leben.

Legt man ca. 500 Millionen postulierte Spezies in der Evolutionsgeschichte insgesamt und ca. 350.000 fossil bekannte Arten zugrunde, würde dies bedeuten, dass immer noch fast 500 Millionen Spezies seit Beginn ihres evolutionären Auftretens in *fossil nicht überlieferten Lebensräumen* existiert haben müssten. Dies beträfe über 99 % *aller* Spezies (eigentlich 99,93 %) – eine Zahl, die auch BARNOSKY et al. (2011, 51) und SCHWEITZER et al. (2021, 43) angeben. KLEESATTEL (2001, 149) geht aufgrund der evolutionären Perspektive ebenso davon aus, dass 99,9 Prozent aller Arten „mit ziemlicher Sicherheit“ wieder ausgestorben sind. Und BARKER (2023, 10) meint gar: „Seit den Anfängen des Lebens haben etwa 5 Milliarden Arten die Erde bewohnt. Mehr als neunundneunzig Prozent von ihnen sind heute ausgestorben.“ Dementsprechend würden 99,993 % der fossilen Arten fehlen!

Eine weitere Unvollständigkeit der Fossilüberlieferung aus evolutionärer Perspektive ergibt sich aus den Lücken zwischen den molekular kalibrierten Erscheinungszeitpunkten und den Zeitpunkten des erstmaligen fossilen Nachweises betreffender Arten oder höherer Taxa. Man spricht hier von *Geisterlinien* (vgl. Anhang 4 sowie Anhang 1 Tab. 2 für die Fische) – doch auch Strato-Cladogramme machen Geisterlinien häufig erforderlich.⁵²

BENTON (2009, 117) schreibt in einem dezidiert antikreationistischen Artikel: „Zeigt uns die Fossilüberlieferung 50 % oder 90 % oder 99,99999 % der ausgestorbenen Arten? Das kann natürlich nie festgestellt werden.“ Interessanterweise nennt er

die Option ca. 1 % (und darunter) gar nicht, die aus evolutionärer Perspektive wohl am ehesten zu erwarten wäre (s. o.).

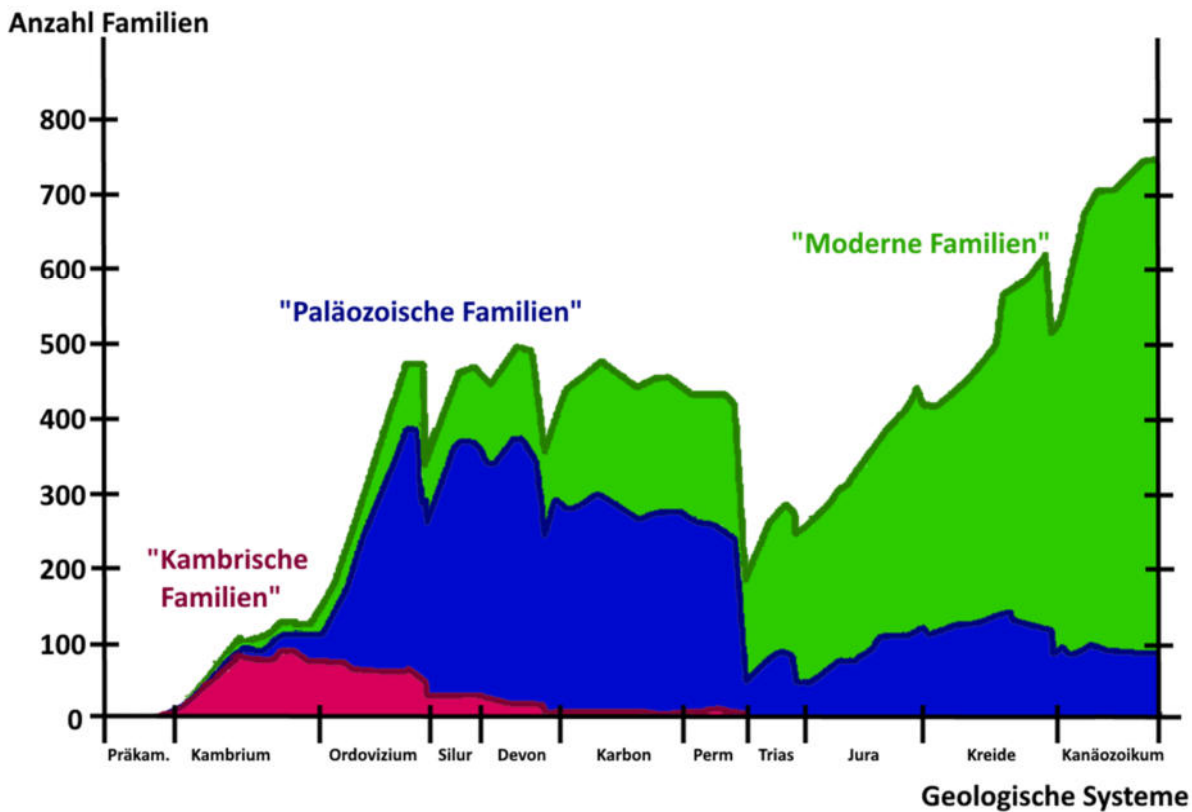
Unter Evolutionsbiologen ist die Diskussion um die Vollständigkeit der Fossilüberlieferung trotz (oder vielleicht gerade wegen) ganz verschiedener Ansätze⁵³ zu deren Ermittlung in der Fachwelt nicht annähernd entschieden, wie auch folgende Zitate zeigen:

- „Der Unterschied zwischen dem potenziellen [maximal zu entdeckenden] Fossilbestand und der Realität kann sehr groß sein (Paul 1988; Forey et al. 2004)“ (BENTON et al. 2011, 64).
- „Es wurden zwei gegensätzliche Standpunkte vertreten: Entweder ist der Fossilnachweis gut genug (z. B. Sepkoski et al. 1981; Benton 1995; Benton et al. 2000; Stanley 2007) oder nicht gut genug (z. B. Raup 1972; Alroy et al. 2001, 2008; Peters & Foote 2002; Alroy 2010), um die wichtigsten Muster der globalen Diversifizierung im Laufe der Zeit aufzuzeigen. Eine Auflösung zwischen diesen gegensätzlichen Standpunkten scheint nicht naheliegend (Benton 2009; Erwin 2009; Marshall 2010)“ (BENTON et al. 2011, 63).
- „Jeder Zeitabschnitt, jede geografische Region und jede Klade ist anders beprobt, so dass eine globale Antwort wahrscheinlich nie gefunden werden kann.“ (BENTON et al. 2011, 90f)
- „Eine eindeutige Antwort [„a single answer“] auf die Frage, ob der Fossilienbestand durch Makroevolution oder Megabias [Verzerrung] bestimmt wird, wird es aufgrund der zeitlichen, geografischen und taxonomischen Varianz in den Daten wahrscheinlich nie geben“ (BENTON et al. 2011, 63).

Schöpfungswissenschaftler hingegen können nur darüber spekulieren, wie viele Grundtypen Gott ursprünglich erschaffen hat. Im biblischen Grundtyp-Modell kann man aufgrund von bspw. Genesis 2,1f und Exodus 20,11 davon ausgehen, dass nach der Schöpfungswoche keine neuen Grundtypen mehr erschaffen wurden.⁵⁴ Dementsprechend kann man schlussfolgern, dass sich durch Aussterbeereignisse der Anteil der überlebenden Grundtypen nach der Schöpfung (seit dem Sündenfall) stetig verringert hat⁵⁵ – dies gilt umso mehr, je stärker die geologischen und ökologischen Umwälzungen waren (wie vermutlich

infolge der Sintflut gemäß Genesis 6–8), die die Grundtypen unter massiven Selektionsdruck gebracht haben. Je weniger Zeit man in der Vergangenheit zurückgeht, desto mehr heute noch lebende Grundtypen sind daher zu erwarten. Wichtig ist vor allem, dass aus Grundtypen-Perspektive die entscheidende Ebene Schöpfungseinheiten (hebr. „*min*“; hier: Grundtypen) sind. Grundtypen sind am ehesten auf mittlerer systematischer Ebene zu suchen – also vereinfacht gesagt auf der Ebene von Familien und nicht auf der Ebene von Arten. Bei gradueller Evolution ist hingegen *jede einzelne Art* im allumfassenden Stammbaum des Lebens zu verorten. Für Schöpfungswissenschaftler wiederum ist vor allem die Frage relevant, inwiefern sich heutige Grundtypen als lebende Fossilien in der Fossilüberlieferung ausmachen lassen. Und wo insofern Lücken bestehen, als heutige Grundtypen in tieferen geologischen Schichten fehlen.

Ein erster Anhaltspunkt findet sich bei ZRZAVÝ et al. (2009, 416, Abb. 6.19) in einer Abbildung mit fossilen marinen Familien über die geologischen Systeme seit dem Ediacarium (vor 541 MrJ). Bis auf die Mikrofossilien findet sich die gleiche Darstellung dazu auch in Anhang 3 Abb. 1. Die Gruppen sind (relativ) subjektiv eingeteilt – von Interesse sind an diesem Punkt vor allem die „Modernen“ Familien (obwohl heute auch noch andere Gruppen existieren). Die Anzahl von grob 650 fossilen „Modernen Familien“ am Ende des Känozoikums (Erdneuzeit, nach der Kreide vor ca. 66 MrJ) fällt in der Retrospektive über das Erdmittelalter (Trias bis Kreide) moderat ab – so dass fast noch 200 moderne Familien bis ins mittlere Karbon im oberen Erdaltertum gefunden werden. Allerdings fällt deren Teil bis ins untere Erdaltertum (Ordovizium und Kambrium) noch stärker ab, so dass nur einige wenige „Moderne“ Familien auch dort gefunden werden. Aus Kurzzeit-Schöpfungsperspektive würde man aber erwarten, dass die Fossilüberlieferung (wenigstens der Tiere) wahrscheinlich nach dem Sündenfall stattgefunden hat (vgl. Genesis 1,30; Römer 8,20f) und dass also auch im Erdaltertum die heute noch lebenden Grundtypen vertreten waren. Daher müsste man deutliche Lücken der Fossilüberlieferung im frühen Erdaltertum und moderate Lücken von heutigen Tierfamilien im Erdmittelalter annehmen.



Anhang 3 Abb. 1 Ein Überblick über marine Familien der Tiere („Fauna“) in den geologischen Systemen (nach BOKULICH 2021, Fig. 1). Die Einteilung in „Kambrische“, „Paläozoische“ und „Moderne“ Familien ist insofern subjektiv, als auch in der Erdneuzeit (Känozoikum) „Paläozoische“ Familien in der Fossilüberlieferung vorkommen – und „Moderne“ Familien im Kambrium. (Eigene Darstellung nach BOKULICH 2021, Fig. 1 – diese basiert auf SEPKOSKI 1984).

Anhang 3 Abb. 1 bleibt allerdings nur ein erster Anhaltspunkt, weil die Daten fast 40 Jahre alt sind und die Einteilung der Familien in die Gruppen sehr unkonkret ist. Daher wurde eine eigene

Analyse auf Grundlage der umfassenden Fossilien-Datenbank *PaleobioDB* durchgeführt (Stand 16.12.2022; siehe Anhang 3 Tab. 1 sowie Anhang 3 Abb. 3–5).

Anhang 3 Tab. 1 Eigene Analyse der Fossilien-Datenbank *PaleobioDB* nach ausgestorbenen und noch lebenden Taxa. Ergebnisse einer digitalen Suche der Einträge der *PaleobioDB* (16.12.2022, Einstellungen s. Anhang 3 Abb. 3): Hier sind grob geschätzt fast 40 % der bisher bekannten fossilen Arten eingeschlossen. Für ausgewählte Gruppen: s. Anhang 3 Tab. 2. (Eigene Darstellung basierend auf *PaleobioDB*)

Status	Alle Lebewesen auf <i>PaleobioDB</i> : enthaltene Taxa: 234048			Fossiles Auftreten heute noch lebender Taxa im Fossilbefund = „lebende Fossilien“:		
	lebend	ausgestorben	lebende in %	Min. erstes fossiles Auftreten (MrJ) im Mittelwert	Max. erstes fossiles Auftreten (MrJ) im Mittelwert	Hierbei untersuchte Taxa
Stamm	63	17	78,75	416,77	452,35	63 lebende Stämme
Klasse	125	73	63,13	397,42	419,88	125 lebende Klassen
Ordnungen	731	553	56,93	209,16	220,06	731 lebende Ordnungen
Familien	3494	5807	37,57	103,08	110,77	3493 lebende Familien
Gattungen	11635	53970	17,73			
Arten	9000	143343	5,91			

Die für die Grundtyp-Perspektive besonders interessante mittlere systematische Ebene ergibt, dass heute lebende Familien ca. 38 % der Fossilüberlieferung ausmachen – der Anteil unterscheidet sich aber stark je Familie (s. Anhang 3 Tab. 2: von ca. 23 % bei Stachelhäutern bis ca. 81 % bei Pflanzen) – und heutige Ordnungen ca. 57 %. Heutige Familien lassen sich durchschnittlich ca. 107 MrJ zurück in der Fossilüberlieferung verfolgen und heutige Ordnungen sogar ca. 215 MrJ; Lücken in der Fossilüberlieferung müssen aus Schöpfungsperspektive also vor deren ersten fossilen Auftreten angenommen werden. Höhere systematische Ebenen wie Klassen und Stämme machen hingegen eine deutliche Mehrheit in der Fossilüberlieferung aus (63 % bzw. 79 %) und lassen sich auch sehr weit (410 MrJ bzw. 435 MrJ) in der Fossilüberlieferung zurückverfolgen.

Geht man vom Beginn der Fossilüberlieferung komplexen makroskopischen Lebens vor maximal 600 MrJ aufgrund von präkambrischen Makrofossilien aus der Lantian-Formation (Südchina) aus (vgl. JUNKER 2014; NARBONNE 2011), dann fehlen heutige Familien im Durchschnitt in 82 % der Fossilüberlieferung und sind in ca. 18 % vorhanden (= 107 MrJ / 600 MrJ).⁵⁶

Heutige Familien, die in der Fossilüberlieferung auftreten, sind also im Durchschnitt 107 MrJ alt. Familien als „lebende Fossilien“⁵⁷ aus dem Mesozoikum sind somit die Regel und nicht die Ausnahme.

Anhang 3 Tab. 2 Eigene Analyse ausgewählter Gruppen von Lebewesen aus *PaleobioDB* (16.12.2022, Eigenschaften: s. Anhang 3 Tab. 3) bezüglich der Frage, welche der im Fossilbefund auftauchenden Gruppen noch leben. Einen beträchtlichen Anteil bilden jeweils heute noch lebende Familien (**grün hervorgehoben**). Die Gruppe †Acanthoidii (Stachelhaie) ist ausgestorben und wurde nur zu Vergleichszwecken mit aufgeführt. Es sind allerdings nur die Taxa in die Analyse miteinbezogen, die eine Information über den Status lebend/ausgestorben enthalten. (Eigene Darstellung)

	Alle Tetrapoda (Vierbeiner: Amphibia bis Mammalia): 39853 Taxa			Säugetiere (Mammalia): 19665 Taxa			Aves (Vögel): 4844 Taxa			Reptilia (Reptilien): 16456 Taxa		
Status	lebend	ausgestorben	lebende in %	lebend	ausgestorben	lebende in %	lebend	ausgestorben	lebende in %	lebend	ausgestorben	lebende in %
Klasse	5 (polyphyletisch; klassisch: 4 ^a)	0	100,00	1	0	100,00	1	0	100,00	2	0	100,00
Ordnungen	84	59	58,74	31	25	55,36	42	16	72,41	48	25	65,75
Familien	461	962	32,40	184	382	32,51	175	93	65,30	241	393	38,01
Gattungen	1835	10911	14,40	764	5181	12,85	715	767	48,25	997	4528	18,05
Arten	2583	19674	11,61	953	10669	8,20	1302	1452	47,28	1552	7232	17,67
	Amphibia (Amphibien): 1640 Taxa			Actinopterygii (Strahlenflosser): 8687 Taxa			Chondrichtyes (Knorpelfische): 2904 Taxa			†Acanthoidii (Stachelhaie): 100 Taxa		
Status	lebend	ausgestorben	lebende in %	lebend	ausgestorben	lebende in %	lebend	ausgestorben	lebende in %	lebend	ausgestorben	lebende in %
Klasse	1	0	100,00	2	0	100	1	0	100,00	0	1	0
Ordnungen	4	1	80,00	72	27	72,73	17	20	45,95	0	5	0
Familien	36	61	37,11	295	164	64,27	65	85	43,33	0	14	0
Gattungen	72	482	13,00	643	1248	34,00	102	617	14,19	0	33	0
Arten	77	763	9,17	331	2900	10,24	45	1768	2,48	0	46	0
	Echinodermata (Stachelhäuter): 7222 Taxa			Arthropoda (Glieder Tiere): 69524 Taxa			Mollusca (Weichtiere): 59243 Taxa			Plantae (Pflanzen): 11762 Taxa		
Status	lebend	ausgestorben	lebende in %	lebend	ausgestorben	lebende in %	lebend	ausgestorben	lebende in %	lebend	ausgestorben	lebende in %
Stamm										15	9	100,00
Klasse	5	19	20,83	18	3	85,71	9	0	100,00	24	15	61,54
Ordnungen	44	62	41,51	99	94	51,30	73	56	56,59	100	35	74,07
Familien	133	441	23,17	1193	1580	43,02	434	912	32,24	284	68	80,68
Gattungen	209	2161	8,82	4060	15713	20,53	2327	8273	21,95	998	2901	25,60
Arten	50	3647	1,35	1367	39286	3,36	3210	39059	7,59	323	6500	4,73

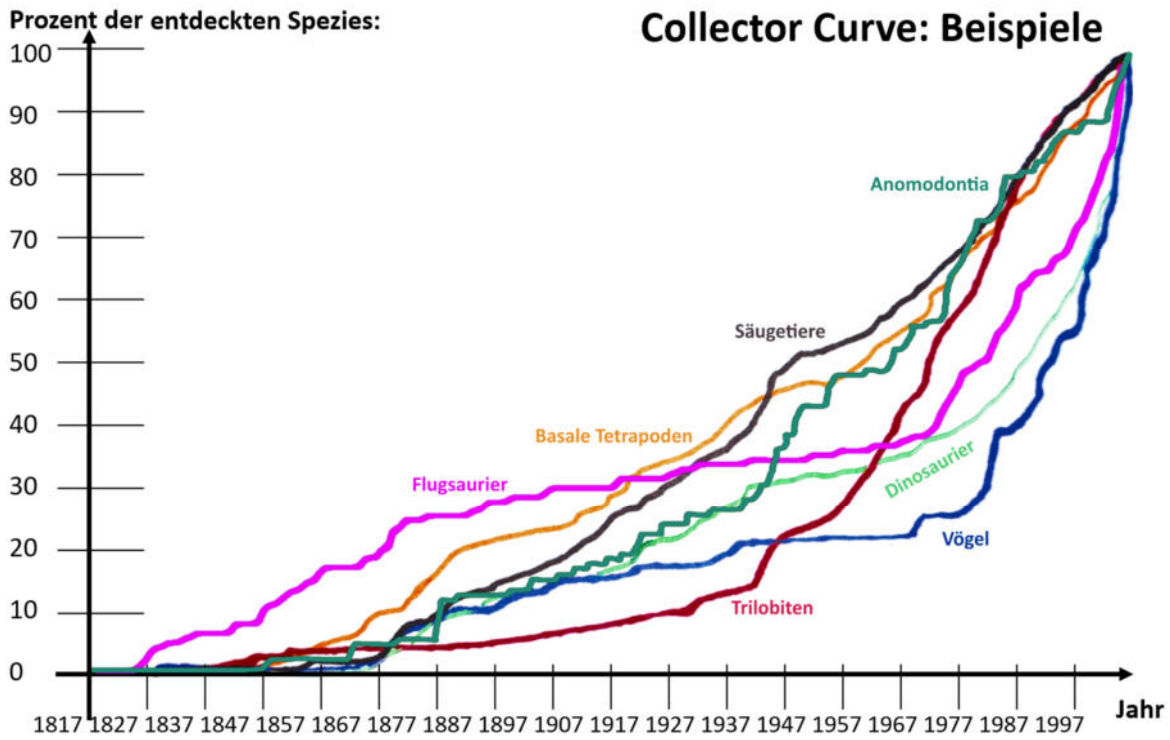
^a Klassisch: Amphibien, Reptilien, Vögel und Säugetiere.

Unter Wissenschaftlern ist die Frage, wie vollständig bzw. wie lückenhaft die Fossilüberlieferung ist, insgesamt ziemlich umstritten und die Antworten unterscheiden sich auch je nach Methodik und untersuchten Gruppen von Lebewesen (vgl. FOOTE & SEPKOSKI 1999, Fig. 1; PUCHALSKI et al. 2008; BENTON 2009, z. B. 120f; BENTON et al. 2011, z. B. Fig. 6, 63, 65, 77f; KALMAR & CURRIE 2010, 51; BROCKLEHURST et al. 2012, 19; TUTIN & BUTLER 2017; BINDER 2018; SULING 2021). So diskutieren BENTON et al. (2011) verschiedene Ansätze zur Bestimmung der Vollständigkeit der Fossilüberlieferung. Dabei warnen sie bezüglich der *Collector Curve* (Artenfindungskurve über Zeit): „Der Ansatz der Collector Curve kann keinen Aufschluss darüber geben, wie gut die Fossilzeichnungen dieser Taxa die Realität widerspiegeln“ (S. 78). Dieser Befund ist zutreffend. *Letztlich ist keine Methode – inklusive der Collector Curve – dazu geeignet, die Vollständigkeit der Fossilüberlieferung in dem Sinne zu beurteilen, dass man sicher wüsste, wie viele verschiedene Taxa in der Erdgeschichte insgesamt existiert haben.* Allerdings hat die Collector Curve den Vorteil, dass sie langfristige Trends hinsichtlich der Entdeckung neuer fossiler Taxa im Laufe der Forschungsgeschichte aufzeigt, die man auch in die Zukunft extrapolieren kann. Die Aussagekraft ist dann nicht, wie viele Taxa jemals existiert haben, sondern wie hoch die Anzahl der Fossilien ist, die bisher auffindbar war und (extrapoliert) in Zukunft auffindbar sein könnte. Es geht also nur um den zukünftig erwartbaren Umfang von empirischen Befunden aus der Fossilforschung. Dies ist von Bedeutung, weil manche Evolutionsbiologen nicht nur argumentieren, dass viele Zwischenformen eben einfach nicht fossilisiert worden seien, sondern auch behaupten, dass man die gesuchten

fossilen Zwischenformen ja noch irgendwann finden würde (vgl. SCHOLL 2022b, 20). Nie fossilisierte Zwischenformen sind aber nur ein rein spekulatives Argument und haben daher kein *empirisches* Gewicht in der Diskussion um Schöpfung oder Evolution. Bezüglich eventuell noch auffindbarer Zwischenformen kann die Collector Curve aber zumindest eine *begründete* Prognose ermöglichen, ob unter den fossil erhaltenen und prinzipiell auffindbaren Funden noch mit evolutionären Zwischenformen im großen Stil zu rechnen ist oder nicht.

Prinzipiell kann man erwarten, dass bei der Collector Curve irgendwann eine Sättigung erreicht ist und man die meisten Fossilien gewisser Taxa bereits gefunden hat. Dies lässt sich im Allgemeinen daran erkennen, dass Fossilienforscher immer längere Zeitspannen suchen müssen, um statt bereits bekannter fossiler Arten noch neue unentdeckte Arten zu finden. Dann kann generell davon ausgegangen werden, dass – wenigstens innerhalb gewisser Gruppen – nicht mehr in großem Umfang mit angeblich noch aufzufindenden fossilen Zwischengliedern zu rechnen ist.

Die folgende Abbildung zeigt einige Beispiele für Collector Curves nach BENTON (2009) und BENTON et al. (2011). Allerdings haben diese in Anhang 3 Abb. 2 aufgeführten Collector Curves einige Nachteile: Es sind nur einige ausgewählte Gruppen eingetragen (ca. 2,5 % der fossil bekannten Arten), die letzten 20 Jahre Forschungsgeschichte fehlen, und aus Grundtyp-Perspektive ist insbesondere die mittleren systematischen Ebenen (am ehesten Familien) statt Arten von Bedeutung.



Anhang 3 Abb. 2 Collector Curves mit ausgewählten Beispielen nach BENTON (2009, Fig. 4) – ergänzt um Anomodontia (Gruppe der Synapsiden) und Flugsaurier nach BENTON et al. (2011, Fig 6). Die Gesamtzahlen der gefundenen Arten unterschieden sich im Jahr 2003 nach BENTON et al. (2011, Fig 6) je Gruppe deutlich: 4.126 Trilobiten, 3.340 nordamerikanische Säugetiere, 694 Dinosaurier, 515 Tetrapoden, 221 Vögel, 130 Flugsaurier und 124 Anomodontia. Das sind insgesamt 9.150 Arten, die immerhin grob geschätzt ca. 2,5 % der Fossilüberlieferung repräsentieren. (Eigene Skizze nach BENTON 2009, Fig. 4; BENTON et al. 2011, Fig 6).

Um den oben genannten Kritikpunkten zu begegnen, wurde hier eine eigene Analyse der Daten bei *PaleobioDB* in Bezug auf die jährlich verzeichneten Fossilfunde für alle dort verzeichneten Arten durchgeführt. Diese Analyse basiert immerhin auf grob geschätzt 40 % aller heute bekannten fossilen Arten.⁵⁸ In Anhang 3 Abb. 3 zeigt sich, dass es seit bereits einem halben Jahrhundert insgesamt keine deutlich wahrnehmbare Steigerung der jährlich neu beschriebenen fossilen ausgestorbenen Familien gegeben hat. Eher im Gegenteil scheint sich eine gewisse Sättigung abzuzeichnen. Dies gilt auch für die in Anhang 3 Abb. 5 dargestellten untersuchten Großgruppen der Lebewesen – mit Ausnahme der Arthropoden und tendenziell einem sehr leichten Anstieg bei Vögeln⁵⁹. Ganz besonders die heutigen Pflanzenfamilien stellen mit einem Anteil von 81 % einen hohen Anteil in der Fossilüberlieferung der Pflanzen dar. Im Gegensatz zu Tieren können sie drohenden Gefahren auch nicht entfliehen und fossilisieren leichter.

Anhang 3 Abb. 3 zeigt allerdings nicht die pro Jahr aufsummierte Collector Curve, sondern nur den jährlichen Anstieg der Collector Curve – nämlich jeweils die neu entdeckten fossilen Taxa. Die aufsummierte Collector Curve ist in Anhang 3 Abb. 4 dargestellt. Sollte diese – entsprechend einer zu erwartenden Sättigungskurve – einen sigmoidalen Verlauf nehmen, so ist zu erwarten, dass sich beim Anstieg in Anhang 3 Abb. 3 eine langfristige Abnahme bei den jährlich neu beschriebenen ausgestorbenen Fossilien abzeichnet. Dies ist tatsächlich der Fall und spricht dafür, dass die aufsummierte Collector Curve langfristig einen sigmoidalen Verlauf nehmen könnte, dessen maximaler Anstieg seit Jahrzehnten überschritten ist, sodass dieser sich einem Sättigungswert nähert.

Extrapoliert man die bisherige Entwicklung unter Voraussetzung einer sigmoidalen Collector Curve ganz grob und orientiert sich am maximalen Anstieg der Funde heute nicht mehr lebender fossiler Familien, könnte eine Sättigung bei ca. 10.000 insgesamt zu findenden ausgestorbenen fossilen Familien eintreten (s. Anhang 3 Abb. 4). Bei einem Anteil von ca. 38 % heute noch lebenden Familien in der Fossilüberlieferung, könnte man aufgrund der bisherigen Ausführungen schlussfolgern, dass man alles in allem grob 6000

ausgestorbene Familien in der Fossilüberlieferung entdecken wird.

Allerdings ist auch die heute noch lebende Vielfalt noch nicht vollständig erforscht. Was die heutige Vielfalt angeht, schätzte ALROY (2002, 3706), dass es ca. 3,5 bis 10,5 Millionen lebende Spezies heute gibt. SWEETLOVE (2011) geht hingegen von ca. 1,2 Mio. beschriebenen und insgesamt ca. 8,7 Mio. ($\pm 1,3$ Mio.) heute lebenden Spezies aus. Dies würde bedeuten, dass wir nicht einmal 15 Prozent der noch lebenden Arten kennen. Dies sind aber lediglich Schätzungen.

Eine eigene Analyse der umfassenden taxonomischen Datenbank *Catalogue of Life*⁶⁰ ergab Folgendes: Es sind insgesamt 2.006.380 Arten und 201.274 Gattungen registriert, von denen 1.884.252 Arten und 187.022 Gattungen heute noch leben. Somit sind dort 122.128 Arten sowie 14.252 Gattungen als ausgestorben registriert.⁶¹ Von insgesamt 13.041 Familien leben heute noch 11.579 – entsprechend sind 1.462 Familien als ausgestorben in der Datenbank eingetragen.⁶² Für diese 11.579 heute noch lebenden Familien wurde in Anhang 3 Abb. 6 eine eigene Analyse bezüglich jährlich gefundenen (oben) und aufsummierten (unten) neu beschriebenen Familienfunden erstellt. Es scheint noch keine Sättigung sichtbar, was bedeutet, dass die Anzahl an heute lebenden Familien noch nicht wirklich abschätzbar ist. Betrachtet man aber nur das Reich der Tiere in der Analyse in Anhang 3 Abb. 6 unten, die über die Hälfte der entsprechenden heute lebenden Familien enthält, wurde der maximale Anstieg bereits seit ca. hundert Jahren erreicht. Das bedeutet wahrscheinlich, dass sich auch hier die Anzahl neubeschriebener Familien pro Jahr langfristig verringern wird. Eine Erhöhung der Anzahl von unentdeckten Familien mit großwüchsigen, heute noch lebenden Arten um Zehnerpotenzen scheint nicht wahrscheinlich. Da von den 11.579 heute lebenden Familien insgesamt 10.439 Familien Tiere und Pflanzen darstellen,⁶³ könnte man erwarten, dass die meisten von ihnen in der Vergangenheit theoretisch Makrofossilien hätten bilden könnten. Es sind aber lediglich ca. 3.500 heute noch lebende Familien in der Fossilien-Datenbank *PaleobioDB* erfasst – also nur ca. ein Drittel der heute lebenden Familien. Entweder liegt dies an der

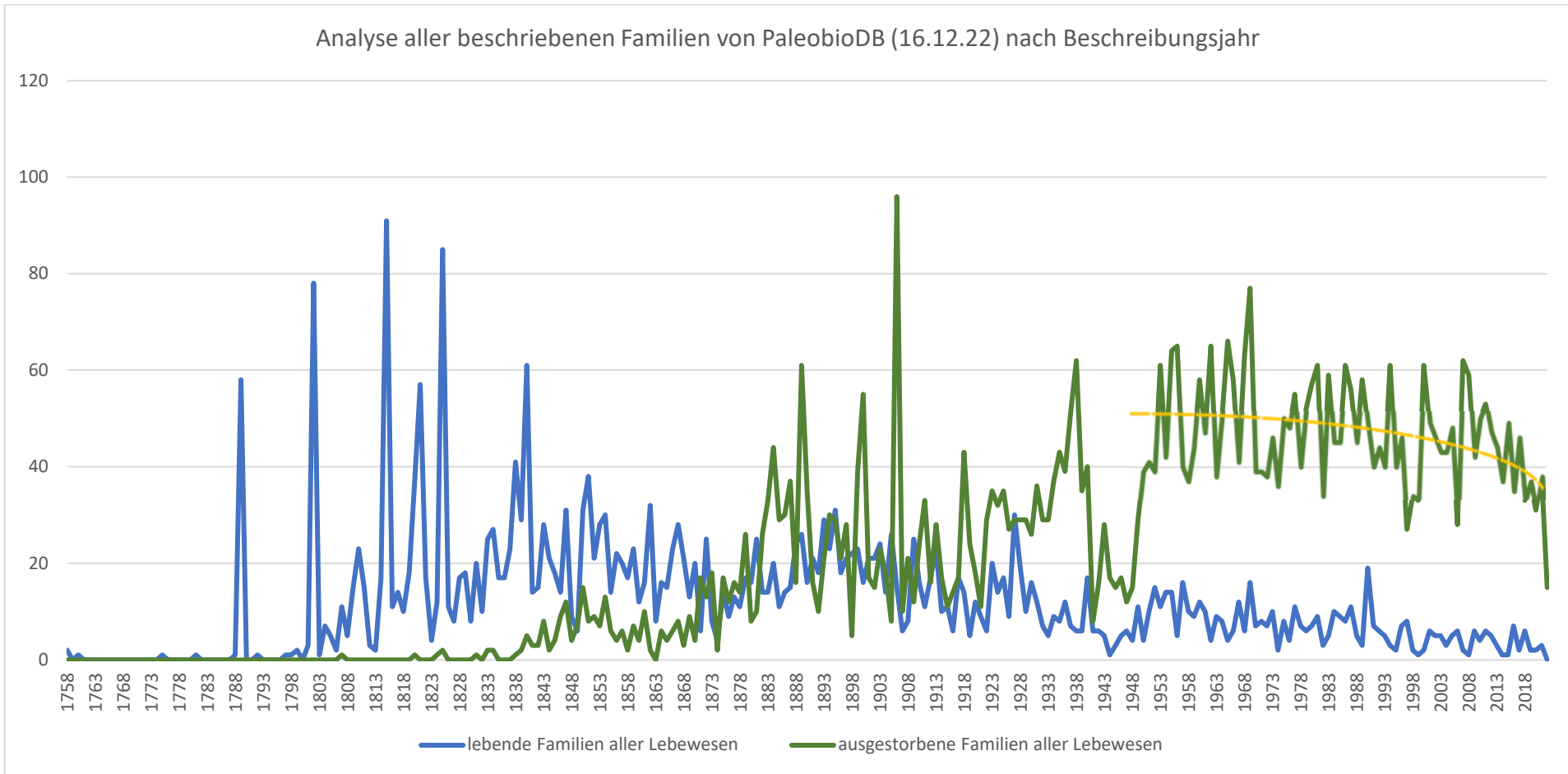
Unvollständigkeit von *PaleobioDB*⁶⁴ oder es zeigt, dass generell nur jede dritte Pflanzen- bzw. Tierfamilie überhaupt auffindbare Fossilien hinterlassen hat. Letzteres würde dafür sprechen, dass die Fossilüberlieferung insgesamt höchstens zu einem Drittel auf Familienebene vollständig ist – unabhängig von der Frage, wann diese in der Fossilüberlieferung auftauchen.

Fasst man die hier vorgestellten Befunde zusammen, ergibt sich – eingegrenzt auf die Methode der Auswertung der Collector Curve und den makroskopischen Bereich der Lebewesen –, dass weder unter fossilen noch unter heute lebenden Familien Veränderungen um Größenordnungen durch zukünftige Entdeckungen zu erwarten sind: Sowohl die Entdeckung bisher unbekannter ausgestorbener als auch lebender Familien – wenigstens aus den meisten Gruppen im Reich der Tiere – scheint sich in gewissem Maß einer Sättigung zu nähern. Das wiederum bedeutet: *Es ist nicht zu erwarten, dass die Fossilüberlieferung noch um Größenordnungen mehr bisher unbekannte, aber evolutionär postulierte fossile Zwischenstufen zutage fördert.* An dem aktuellen Zustand, dass die Fossilüberlieferung aus evolutionärer Perspektive massiv unvollständig ist, wird sich also wahrscheinlich nicht viel ändern. *Denn schließlich gehen viele Evolutionsbiologen aufgrund einer lückenlosen Evolution aller heute lebenden Arten aus einem gemeinsamen Vorfahren heraus auf Artniveau immer wieder von einer Unvollständigkeit der Fossilüberlieferung von mindestens 99 Prozent aus.*⁶⁵

Die damit zusammenhängende Schätzung, dass es vielleicht 100 bis 500 Millionen ausgestorbene Arten gäbe, entbehrt aber jeder empirischen Grundlage und ist *reine evolutionäre Spekulation.* Immerhin sind 6 % der Arten und ca. 38 % der Familien der Fossilüberlieferung (in *PaleobioDB*) noch heute lebend. Es kommt hinzu, dass die Anzahl der insgesamt zu entdeckenden fossilen Familien (aufgrund der extrapolierten Collector Curve) nur bei ca. 10.000 liegen dürfte. Diese Schätzung übersteigt die Anzahl von heute ca. 11.500 bekannten Tier- und Pflanzen-Familien nicht. *Es ist aufgrund der bisherigen Entwicklung der Collector Curve nicht zu erwarten, dass die Fossilüberlieferung das systematische Fehlen der evolutionär postulierten Zwischenglieder generell in Zukunft noch lösen wird.*

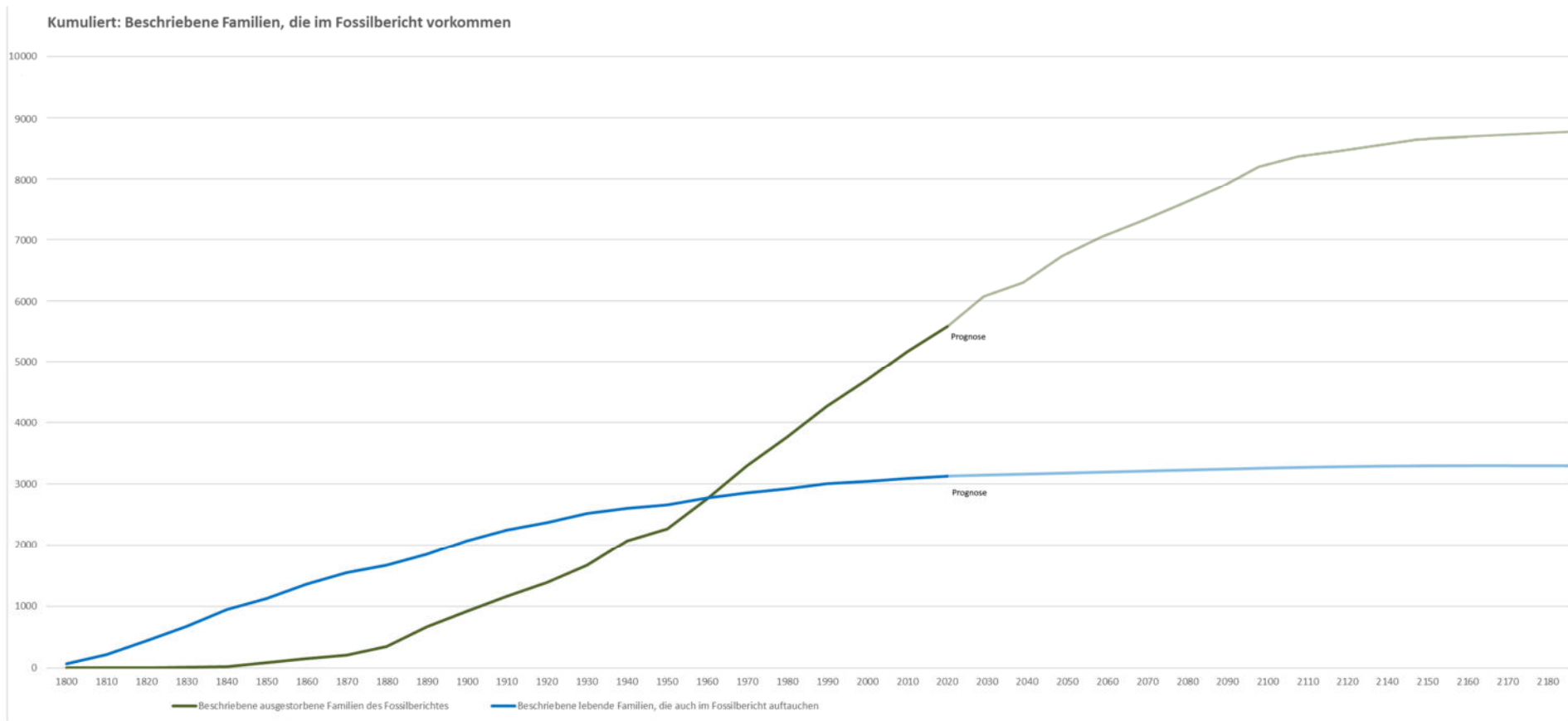
Aus *Grundtyp-Perspektive* ist die Fossilüberlieferung hingegen insofern *unvollständig*, als die heute noch lebenden und zugleich fossil auffindbaren Familien (in einfacher Gleichsetzung mit Grundtypen als der relevanten Einheit⁶⁶) im Durchschnitt vor ca. 107 MrJ in der Fossilüberlieferung auftauchen und davor fehlen. Geht man vom frühesten fossilen Auftreten von Makrofossilien aus – *so fehlen Familien maximal in 82 % der geologischen Zeitskala.*⁶⁷

Diese (vorläufigen) Ergebnisse, die auf breiter Datenbasis erstellt wurden, zeigen, dass sich Schöpfungswissenschaftler aufgrund offener Fragen hinsichtlich des Fehlens von Taxa in der Fossilüberlieferung nicht vor Evolutionsbiologen verstecken müssen.⁶⁸

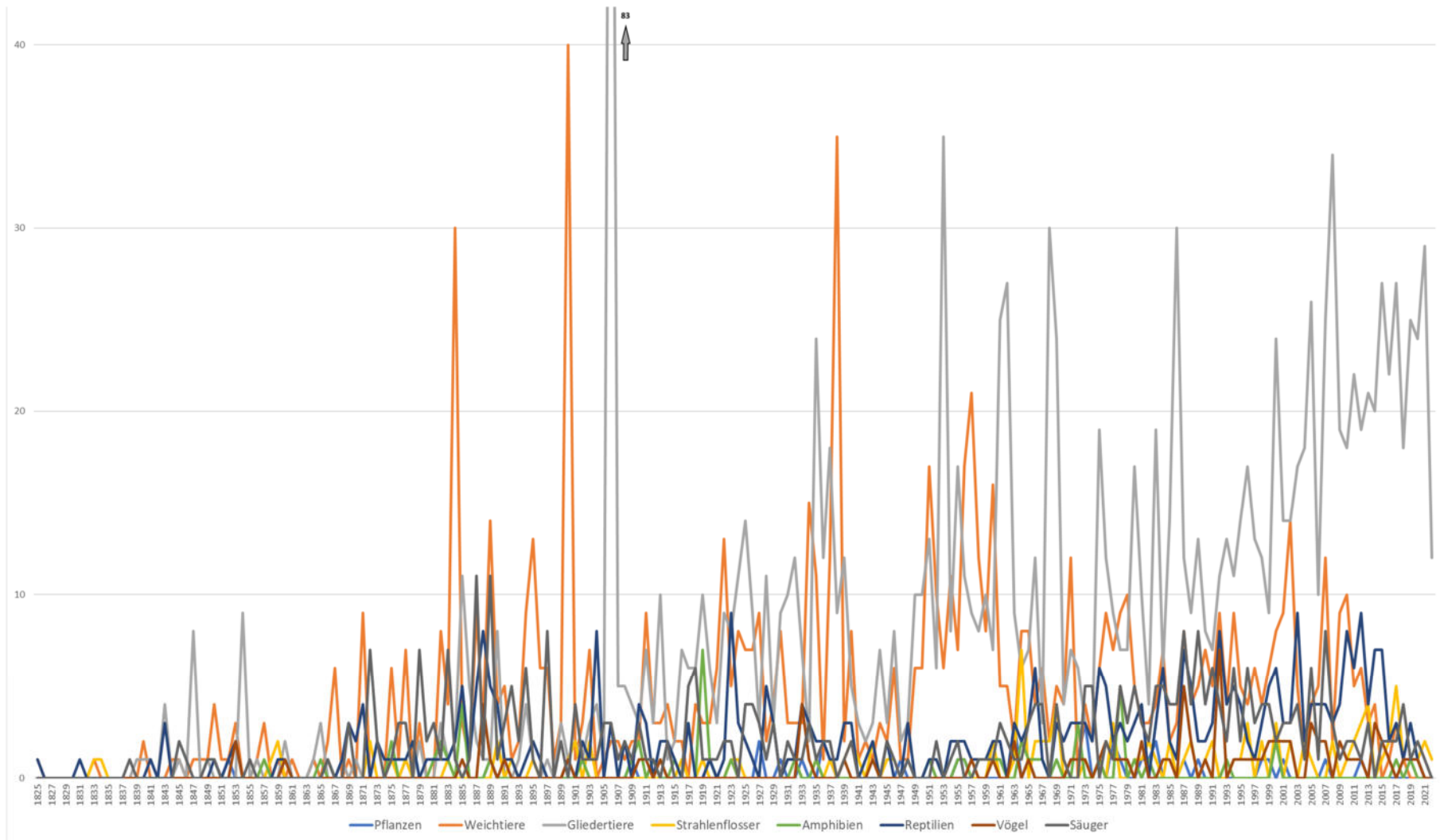


Anhang 3 Abb. 3 Die neu beschriebenen Familien aller Lebewesen pro Jahr, die in der Fossilüberlieferung auftauchen nach *PaleobioDB* in der eigenen Analyse.^a Zu beachten ist, dass die ausgestorbenen Familien (grün) im entsprechenden Jahr aufgrund der fossilen Entdeckung beschrieben worden sind. Die noch lebenden Familien (blau) sind normalerweise aufgrund lebender Exemplare im genannten Jahr beschrieben und erst später in der Fossilüberlieferung entdeckt worden. Es wird deutlich, dass die Anzahl an neuentdeckten fossilen Familien weiter ansteigt. Allerdings gibt es tendenziell (wie die nur grob angedeutete orangene Trendlinie zeigt) einen Rückgang jährlich neu entdeckter ausgestorbener Familien. Geht man von einer sigmoidalen Collector Curve aus, hat die Fundsituation neuentdeckter ausgestorbener Familien ihren Wendepunkt erreicht und nähert sich nun schrittweise ihrer Sättigung. (Eigene Darstellung)

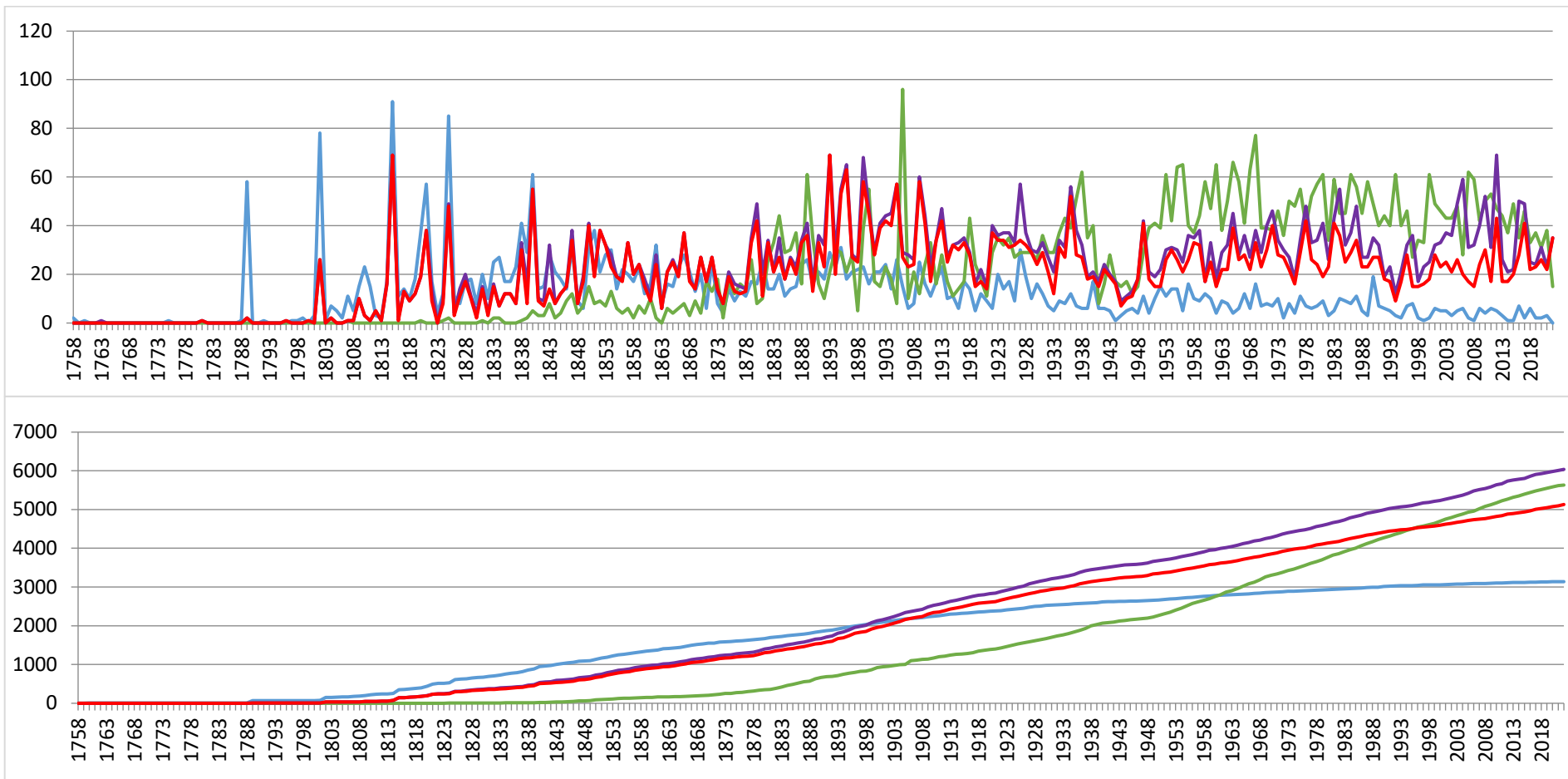
^a Ergebnisse einer digitalen Suche der Einträge der *PaleobioDB* unter den Einstellungen: Taxa / accepted taxa only / tsv / 4000–0 Mya / attribution. Daten analysiert nach: <https://paleobioDB.org/classic?a=display-DownloadGenerator>, aufgerufen am 16.12.2022. Nur Familien mit Beschreibungsjahr und Lebensstatus wurden einbezogen.



Anhang 3 Abb. 4 Grafisch dargestellte grob abgeschätzte Entwicklung der aufsummierten Collector Curve von Neubeschreibungen von Familien aller Lebewesen, die in der Fossilüberlieferung auftreten, in 10-Jahres-Schritten: Grün markiert sind die ausgestorbenen Familien des Fossilberichtes und blau markiert sind die beschriebenen Familien, die auch im Fossilbericht auftauchen.⁶⁹ Hellere Farben zeigen eine Prognose an. Die hellgrüne Farbe (oben rechts) stellt hierbei eine Prognose unter der Voraussetzung einer ungefähr punktsymmetrischen sigmoidalen Collector Curve dar. Wenn sich die Entwicklung entsprechend fortsetzen würde, könnte man davon ausgehen, dass bei maximal 10.000 ausgestorbenen und 4.000 lebenden Familien in der noch zu entdeckenden Fossilüberlieferung eine Sättigung eintritt. Der Anteil ausgestorbener Familien in der Fossilüberlieferung wäre dann maximal dreimal so hoch wie der Anteil noch lebender Familien. (Eigene Darstellung)



Anhang 3 Abb. 5 Collector Curves für neubeschriebene ausgestorbene Familien ausgewählter Großgruppen der Lebewesen basierend auf einer eigenen Analyse der Daten von *PaleobioDB* (16.12.2022, unter den bei Anhang 3 Abb. 3 genannten Parametern für die Gruppen: Plantae, Mollusca, Arthropoda, Actinopterygii, Amphibia, Reptilia, Aves & Mammalia). Es wird deutlich, dass in der/den letzte/n Dekade/n bei allen Gruppen außer den Gliedertieren eine Abnahme an neu beschriebenen ausgestorbenen Familien zu verzeichnen ist, was ebenfalls für eine Sättigung spricht. (Eigene Darstellung)



Anhang 3 Abb. 6 Collector Curve für die Erstbeschreibung fossiler und heute lebender Familien: lebende (blau) und ausgestorbene Familien (grün) der Fossilüberlieferung (nach *PaleobioDB*: s. Anhang 3 Abb. 3) sowie die heute lebenden Familien (lila) – davon nur die Tiere (Animalia, rot) (nach *Catalogue of Life* (Stand 23.12.2022; jeweils das erste angegebene Datum). **Oben:** Die neu beschriebenen Familien pro Jahr im Vergleich. **Unten:** Die aufsummierte Collector Curve (vgl. Anhang 3 Abb. 4). Für das vollendete Jahr 2021 beruht diese Abbildung auf 3.138 noch lebenden fossilen, 5.620 ausgestorbenen fossilen und 6.006 heute lebenden Familien. Bei heute lebenden Familien (lila) insgesamt (nach *Catalogue of Life*) ist keine so deutlich eintretende Sättigung erkennbar wie bei fossilen ausgestorbenen (grün) oder gar fossil noch lebenden Familien (blau). Allerdings kann dieser Eindruck auch ein Artefakt der Tatsache sein, dass hunderte von mikroskopischen Lebewesen (oder Viren, die ja gar keine Lebewesen im engeren Sinne sind) aufgrund der technischen Möglichkeiten in den letzten Jahrzehnten beschrieben wurden. Daher wurde auch eine Kurve der neu beschriebenen heutigen Tiere (rot) angefertigt, da Tiere (abgesehen von Pflanzen und einigen Pilzen) mit Abstand die größte Gruppe der Lebewesen darstellen, die Makrofossilien bilden können. Die heute lebenden Tiere (rot) haben ihren maximalen Anstieg in der Grafik oben bereits vor über einem Jahrhundert gehabt, auch wenn die Sättigung noch nicht eingetreten ist.

Anhang 4: Beispiele für fossil nicht überlieferte Lebensräume und Lazarus-Taxa

STEPHAN (2002) berichtet ausführlich über die Forschungsgeschichte⁷⁰, die Befunde und auch mögliche Ursachen *fossil nicht überlieferter Lebensräume*. Beispielhafte Befunde von Lücken in der Fossilüberlieferung – abgesehen von den in Anhang 1 Tab. 2 vielfältig genannten Beispielen bei Fischen – sind folgende:

Eine 130 MrJ lange fossile Überlieferungslücke klafft zwischen *Odoraia* und *Wingertshellicus* – einer Gruppe „einzigartiger“ Gliederfüßer (STEPHAN 2002, 69–71).

Ungefähr 50 % der Gattungen, die an der Perm-Trias-Grenze verschwanden, tauchen ca. 9–10 MrJ später wieder auf (S. 74). Nach Massenaussterben der unteren Oberkreide (Cenoman-Turon-Ereignis) traten 50 % der vermeintlich ausgestorbenen Tiere doch später wieder auf (S. 80). Solche in der Fossilüberlieferung zeitweise verschwundenen Arten werden *Lazarus-Taxa* genannt.

Der Schwamm *Ammonella quadrata* hat bezüglich des Skelettbaus enge Beziehungen zu Protospongiidae aus dem Erdaltertum, was eine Überlieferungslücke von 210 MrJ (Oberdevon bis Oberjura) vermuten lässt. Auch ein Hornschwamm des Oberjura in Süddeutschland (Nusplinger Plattenkalk) schließt an Formen aus dem Kambrium an – was für eine Lücke von ca. 330 MrJ spricht (S. 84).

Der langarmige Breitschildkrebis *Coleia longipes* trat im Nusplinger Plattenkalk (ca. 152 MrJ) auf und war zuvor nur aus dem im Toaricum bekannt (ca. 30 MrJ vorher).

Der Seeigel *Paracidaris florigemma* im Oberjura taucht nach einer Lücke von 7–8 MrJ wieder auf (S. 85).

Die Nautilusartigen verschwanden zweimal für 2,5 bzw. 5 MrJ aus der Fossilüberlieferung (S. 105f).

Man dachte, dass Urmützenschnecken (Mollusca) seit dem Devon vor 375 MrJ ausgestorben seien, allerdings wurden Dutzende Arten der Urmützenschnecken-Gruppe *Tryblidiida* seit

dem Jahr 1952 in der Tiefsee bis ca. 6000 m Tiefe lebendig wiederentdeckt (ebd., S. 107f; LINDBERG 2009, 191–193). Diese Entdeckung hat „unsere Vorstellung von der Evolution der Mollusca [Weichtiere] kräftig umgestaltet“ (LINDBERG 2009, 191).

Weitere interessante Beispiele fossil nicht überlieferter Lebensräume sind: Die Oligozän-Ablagerung Landesplattenberg im Senftal enthält über 3.500 Wirbeltiere, aber seltsamerweise keine Wirbellosen, welche doch existiert haben müssen (STEPHAN 2002, 92). Die Gruppe der Schleichenlurche (Gymnophiona) sind heute mit 160 Arten bekannt und weit verbreitet, aber fossil „fast Fehlanzeige“ (STEPHAN 2002, 99f). Trotz vermuteter Evolutionsgeschichte von ca. 300 MrJ sind erst ab dem Jahr 1973 wenige ältere Fossilien gefunden worden (S. 99f).

Zusätzliche Beispiele für Lazarus-Taxa finden sich bei STEPHAN (2015):

Damals neu entdeckte Tetrapoden-Spuren waren ca. 18 MrJ älter als die ältesten Körperfossilien der Tetrapoden aus dem frühen Oberdevon wie *Acanthostega* und *Ichthyostega* – und ca. 10 MrJ älter als tetrapodenähnliche Fische wie *Panderichthys* und *Tiktaalik* aus dem Grenzbereich Mittel-/Oberdevon (S. 127). Obwohl Fußspuren aus Polen (Zachełmie Quarry) mit einem Alter von 390 MrJ aus dem unteren Mitteldevon in Zweifel gezogen wurden, konnten QVARNSTRÖM et al. (2018, 1) ihre Identität als früheste fossile Tetrapoden-Spuren mit paläoökologischen Untersuchungen untermauern. Die Autoren sprechen von einem zeitlichen Vorsprung von 14 MrJ zu den ältesten „eindeutigen“ Tetrapoden-Fossilien und von 5 MrJ Vorsprung zu tetrapodenähnlichen Elpistostegalia wie *Panderichthys*. Laut BARLEY (2010) in *Newscientist* sollen die Tetrapodenspuren aus Polen sogar 397 MrJ alt sein.

Ein Kieselschwammriff vor der Westküste Kanadas stellt „ein modernes Analogon“ zu solchen des Jura dar (STEPHAN 2015, 128f).

Auch bei „praktisch sämtlichen Hauptgruppen der Dinosaurier“ kommen längere Abwesenheitszeiten in der Fossilüberlieferung vor (S. 129f).

Die Chroniosuchier (Reptilomorpha) waren vom Perm bis zur mittleren Trias verschwunden (S. 130).

Ähnliches gilt für Echsen der Choristodera-Gruppe, die nicht nur in Jura bis Tertiär (168–11,6 MrJ), sondern auch in der Trias gefunden wurden (S. 130); SCHOCH (2015, 239–241) weist sogar „eindeutige“ Choristodera in der Mitteltrias Süddeutschlands (Ladinium, 242–237 MrJ) nach, was eine Lücke von 30 MrJ zu *Pachystropheus* und 80 MrJ zu *Cteniogenys* in der Fossilüberlieferung bedeutet (ebd.).

Die Nagetierfamilie (Diatomyidae) der in Laos neu entdeckten Laotischen Felsenratte (*Leonastes*), galt seit dem Miozän (11 MrJ) als ausgestorben (STEPHAN 2015, 130f).

In Bezug auf die Fische lässt sich beispielhaft ergänzen, dass die Katzenhai-Gattung *Thiesus* von Bathonium (166 MrJ) bis Valenginium (140 MrJ) aus der Fossilüberlieferung verschwand; sie gehörte also 25 MrJ lang zu den Lazarus-Taxa (GUINOT et al. 2014, Fig. 12).

Für Elasmobranchii (Plattenkiemer: Haie und Rochen) scheint die Fossilüberlieferung übrigens in Bezug auf die Daten heutiger Taxa von PAILLARD et al. (2020, 4) ziemlich vollständig zu sein: 100 % der Ordnungen, 88 % der Familien und 56 % der Gattungen sind fossil vertreten. Diese fossil vertretenen heutigen Gattungen existieren im Mittelwert schon seit ca. 57 MrJ (vgl. ebd., supinfo1).

Zahlreiche weitere Beispiele in Bezug auf Insekten aus der Kreide finden sich bei SULING (2021): „Viele der heute noch lebenden Familien, die man vor dem Albium [= Stufe der Unterkreide] [...] allein aus Sedimenteinschlüssen kennt, sind in der Oberkreide gar nicht oder allein als Bernsteineinschlüsse nachgewiesen.“ (ebd., 3).

Anhang 5: Zitate-Sammlung bezüglich der aus evolutionärer Perspektive unvollständigen bzw. unerwarteten Fossilüberlieferung (*kursive* Hervorhebungen ergänzt)

„Trotz dieser Beispiele bleibt es wahr, wie jeder Paläontologe weiß, dass die meisten neuen Arten, Gattungen und Familien und fast alle neuen Kategorien oberhalb der Familien plötzlich in den Aufzeichnungen erscheinen und nicht durch bekannte, allmähliche, vollständig kontinuierliche Übergangssequenzen angeführt werden.“ (George G. SIMPSON [1953] *The Major Features of Evolution*. Columbia University Press, S. 360, nach: <https://www.talkorigins.org/faqs/quotes/mine/part1-2.html>, aufgerufen am 07.12.2022.) Es empfiehlt sich, dieses Zitat im erweiterten Kontext auf der angegebenen antikreationistischen Website nachzulesen, da es zeigt, dass evolutionäre Modelle zwar theoretische Erklärungsangebote für diesen Befund aufweisen können, der fossile Befund, der im Zitat beschrieben wird, aber *real* ist. So erklärt SIMPSON (1953, ebd.) beispielsweise: „Die Chance, dass die Überreste eines Organismus begraben werden, versteinern, im Gestein bis heute erhalten bleiben, dann an der Oberfläche des trockenen Landes freigelegt und von einem Paläontologen gefunden werden, bevor sie zerfallen, ist äußerst gering, praktisch verschwindend gering. Die Entdeckung eines Fossils einer bestimmten Art – unter den Tausenden von Millionen, die die Erde bevölkert haben –, erscheint selbst einem Paläontologen [...] fast wie ein Wunder.“

Selbst Charles DARWIN (1872, in dt. Übersetzung von 2002, 189) fragte: „Wenn Arten aus anderen Arten durch unmerkliche kleine Abstufungen entstanden sind, warum sehen wir nicht überall unzählige Übergangsformen? Warum bietet nicht die ganze Natur ein Gewirr von Formen dar, statt dass die Arten, wie sie sich uns zeigen, wohl begrenzt sind?“ Konkreter führt DARWIN aus (ebd., 357): „Darunter [unter den hauptsächlichen Einwänden gegen seine Theorie] ist allerdings eine von handgreiflicher Schwierigkeit: nämlich die Verschiedenheit der spezifischen Formen und der Umstand, dass sie nicht durch zahllose Übergangsglieder ineinander verschmolzen sind.“

Dennoch hält er an der Evolutionstheorie fest und geht davon aus, dass „auch die Anzahl der Zwischenvarietäten, welche vordem auf der Erde vorhanden waren, eine wahrhaft ungeheure gewesen sein“ muss (ebd.). Im Anschluss fragt er aber dennoch: „Woher kömmt es dann, dass nicht jede geologische Formation und jede Gesteinsschicht voll von solchen Zwischenformen ist? Die Geologie enthüllt uns sicherlich keine solche fein abgestufte Organismenreihe; und dies ist vielleicht die handgreiflichste gewichtigste Einrede, die man meiner Theorie entgegenhalten kann. Die Erklärung liegt aber, wie ich glaube in der äussersten Unvollständigkeit der geologischen Urkunden“ (S. 357f). DARWIN bekräftigt dann noch einmal (S. 365): „Jedermann gibt die ausserordentliche Unvollständigkeit unserer paläontologischen Sammlungen zu.“ Besonders trieb DARWIN dabei Folgendes um (S. 385f): „Es gibt noch eine andere und verwandte Schwierigkeit, welche noch bedenklicher ist; ich meine das plötzliche Auftreten von Arten aus mehreren der Hauptabtheilungen des Thierreichs in den untersten fossilführenden Schichten. [...] Was nun die Frage betrifft, warum wir aus diesen vermuthlich frühesten Perioden vor dem cambrischen System keine an Fossilien reichen Ablagerungen mehr finden, so kann ich darauf keine genügende Antwort geben.“

Auch BENTON (2009, 121) schlägt als Erklärung für den lückenhaften Fossilbefund vor: „Zum Beispiel korreliert die Aufzeichnung der Vielfalt im Laufe der Zeit eng mit der Gesteinsaufzeichnung [...]. *Könnte es sein, dass das Muster der Fossilvielfalt einfach eine Aufzeichnung der Gesteinsverfügbarkeit ist?* Wenn in einem bestimmten Zeitabschnitt viel Sedimentgestein abgelagert wurde, könnten viele Fossilien gefunden werden.“

ZRZAVÝ et al. (2009, 403f) schreiben: „Eine Gruppe von Paläontologen um Stephen Jay Gould [...] und Niles Eldredge [...] legte Anfang der 70er-Jahre des 20. Jahrhunderts eine Alternative vor, mit der Begründung, dass *fast nirgendwo graduelle Änderungen zu sehen* sind. Diese an sich *unbestrittene Tatsache* erklärte man üblicherweise mit der *Unvollständigkeit fossiler Funde*: Selbst, wenn die Evolution graduell verlief, würden sowieso nur isolierte Punkte fossil erhalten bleiben. [...] Der *Mangel an ‚Übergangsgliedern‘* entsteht

dadurch, dass die Evolution der Neuheiten nur in kleinen und schwer zu entdeckenden Populationen irgendwo an der Peripherie des Verbreitungsgebiets der ursprünglichen Art stattfindet. Im Regelfall ist das nicht dort, wo wir etwas ausgegraben haben. Die neue Art kann nur durch nachträgliche Migration in das Gebiet ihres Vorfahren gelangen – und *erscheint dort dann relativ plötzlich im Fossilbericht*“ (ZRZAVÝ et al 2009, 403f).

Bei JUNKER (2014; z. T. in dt. Übersetzung) finden sich einige Feststellungen zu diesem Thema, z. B.: „Die Fossilienaufzeichnungen enthalten zahlreiche Belege für zwei scheinbar widersprüchliche Muster: *Ausbrüche morphologischer Innovationen*, die oft mit adaptiven Radiationen innerhalb von Gruppen in Verbindung gebracht werden, und *langfristige Stabilität der Morphologie*“ (DAVIDSON & ERWIN 2010, 184)“ (JUNKER 2014, 35; auf S. 11 führt er auch ERWIN & VALENTINE 2013, 157 hierzu an). Das widerspreche aber evolutionstheoretischen Erwartungen (JUNKER 2014, 11). „Wenn jede dieser Hauptgruppen im Fossilbericht auftaucht, umfasst sie einen Großteil, wenn nicht die gesamte morphologische Bandbreite (Disparität), die in der späteren Geschichte der Gruppe zu finden ist. Wenn wir in der Linne’schen Hierarchie der Stämme, Klassen, Ordnungen usw. nach unten gehen, stellen wir fest, dass *alle marinen Stämme* (mit Ausnahme der Bryozoen [Moostierchen]) *bereits im frühen Kambrium auftraten* und es *keine Anzeichen für Zwischenformen* zwischen den Stämmen gibt (Erwin et al. [...]). Die *meisten der großen Klassen*, die auch im Kambrium vorhanden waren, sind in Bezug auf die gemeinsamen Merkmale, durch die die Klassen definiert werden, *seither im Wesentlichen unverändert geblieben*“ (DAVIDSON & ERWIN 2010, 184)“ (JUNKER 2014, 35). „Der Befund der *frühen und bald maximalen Verschiedenartigkeit* gilt nicht nur für die *kambrischen Formen*, sondern auch für *Untergruppen*, die erst in jünger datierten geologischen Systemen fossil in Erscheinung treten. Dies hat eine im Jahr 2013 veröffentlichte systematische Studie über die Fossilabfolgen verschiedener Organismengruppen gezeigt (HUGHES et al. 2013). Demnach wird der *Höhepunkt der Verschiedenartigkeit* der untersuchten Gruppen *frühzeitig erreicht und nimmt im Laufe der Fossilüberlieferung ab*“ (JUNKER 2014, 12). „... es ist klar, dass diese Kladen, sobald

sie einmal etabliert waren, Millionen von Jahren überdauerten. Diese *biotische Stabilität* steht jedoch im *Gegensatz zu den sich verändernden Bedingungen des kambrischen Meeresbodens*“ (ERWIN & VALENTINE 2013, 157)“ (JUNKER 2014, 35). „[I]n der Mehrzahl der untersuchten *kambrischen und frühpaläozoischen Kladen*, im Allgemeinen auf *Klassenebene*, *übersteigt die morphologische Disparität zunächst die taxonomische Vielfalt bei weitem*. ... *Es ist genau das Gegenteil der Erwartung*, dass die morphologische Vielfalt im Laufe der Zeit allmählich zunimmt“ (ERWIN & VALENTINE 2013, 341)“ (JUNKER 2014, 35).

Auch bei VOJE et al. (2018) wird deutlich, dass Stasis ein Problem der Fossilüberlieferung ist, das Evolutionsbiologen mit verschiedenen Evolutionsmodellen zu ergründen suchen: „*Langfristige phänotypische Stasis wird häufig im Fossilbericht beobachtet* [...]. *Das Verständnis langfristiger morphologischer Stasis* (d. h. geringe oder keine Nettoevolution in einer Linie auf makroevolutionären Zeitskalen; Eldredge und Gould 1972; Gould und Eldredge 1977; Gould 2002) *bleibt eine große Herausforderung in der Evolutionsbiologie* (Bradshaw 1991; Hansen und Houle 2004; Voje 2016)“ (VOJE et al. 2018, 509). „Darüber hinaus *sagt die populationsgenetische Theorie schnellere Veränderungsraten bei quantitativen Merkmalen voraus als das, was üblicherweise im Fossilbericht beobachtet wird* (Lynch 1990; Cheetham et al. 1994) [...]. Dennoch *scheint Stasis ein üblicher Modus der Evolution im Fossilbericht zu sein* (Hunt 2007; Hopkins und Lidgard 2012; Hunt et al. 2015; Voje 2016)“ (ebd.).

HÖSSJER et al. (2021, 2) fassen das evolutionäre Problem des Fossilbefundes folgendermaßen zusammen und nennen zahlreiche Beispiele (vgl. noch ausführlicher bei BECHLY 2024b): „*Der Fossilnachweis wird häufig so interpretiert, dass es lange Perioden der Stasis gibt* (Voje et al., 2018), die von *abrupteren Veränderungen* und *„explosiven“ Ursprüngen unterbrochen* werden (Bechly und Meyer, 2017). Zu diesen Veränderungen gehören zum Beispiel die *Evolution des Lebens* (Bell et al., 2015), die *Photosynthese* (Hecht, 2013), die *Vielzelligkeit* und die *„Avalon Explosion“* (Shen et al., 2008), *Tierkörperpläne* und die *„Kambrische Explosion“* (Erwin und Valentine, 2013), *komplexe Augen* (Paterson et al., 2011), *Kiefer und Zähne von Wirbeltieren* (Fraser

et al., 2010), *Terrestrialisierung* (z. B. bei Gefäßpflanzen, Arthropoden und Tetrapoden) (Bateman et al., 1998), die *Metamorphose von Insekten* (Labandeira, 2011), das *Flugverhalten und die Federn von Tieren* (Wu et al., 2018; Yang et al., 2019), die *Fortpflanzungssysteme*, einschließlich der *Blütenstände* von Angiospermen, *Eier* von Amnioten und die *Plazenta* von Säugetieren (Chuong, 2013; Doyle, 2012; Roberts et al, 2016; Sauquet, 2017; Specht und Bartlett, 2009), *Echolocation* bei Walen (Churchill et al., 2016; Park et al., 2016) und *Fledermäusen* (Simmons et al., 2008) [...]. Basierend auf der radiometrischen Datierung der verfügbaren *Zeitfenster im Fossilbericht* wird angenommen, dass diese *genetischen Veränderungen* auf einer *makroevolutionären Zeitskala sehr schnell stattgefunden haben.*“

Anhang 6: Ein Update zur Herkunft von Schleimaalen und Neunaugen

Zusammenfassung eines Artikels von Günter BECHLY (2024a) über die evolutionäre Herkunft von Schleimaalen und Neunaugen, der in der Korrekturphase des hier vorliegenden Online-Artikels erschienen ist (dort finden sich auch die Literaturangaben).

Zu den Fossilien von Schleimaalen und Neunaugen

Myxinikela aus dem Oberkarbon mit gut entwickelten Augen – im Gegensatz zu heutigen blinden Schleimaalen – wurde zuerst als fossiler Schleimaal eingestuft; doch heute werden eher Ähnlichkeiten zu Neunaugen betont. *Tethymyxine* – ein 100 MrJ alter fossiler Schleimaal – stammt aus der modernen Familie Myxinidae (MIYASHITA et al. 2019; s. Kap. 3.1). Die Zugehörigkeit von *Gilpichthys* aus dem Oberkarbon (Pennsylvanium) ist umstritten (Schleimaal, Neunauge vs. basaler Schleimaal), dies gilt ähnlich auch für den ungefähr gleich alten *Myxineidus*.

Mayomyzon aus dem Oberkarbon und *Hardistiella* aus dem Unterkarbon (Mississippium) wurden als fossile Neunaugen beschrieben. *Priscomyzon* aus dem Devon ähnelt hinsichtlich des Mundapparates modernen Neunaugen mehr als mindestens 35 MrJ jüngere Neunaugen aus dem Karbon. Das zwingt Evolutionsmodelle zur Annahme von Geisterlinien. KARDONG (2018) schlussfolgert in einem Standardhandbuch: „Leider sind die frühesten Neunaugen, die im Devon auftauchen, den modernen Neunaugen bereits sehr ähnlich. Das ist nicht verwunderlich, da sich die Rundmäuler wahrscheinlich schon viel früher von anderen Wirbeltieren unterschieden haben [als fossil nachweisbar ist].“

Zwei Neunaugenarten der Gattung *Yanliamyzon* aus dem mittleren Jura sind wiederum modernen fleischfressenden Neunaugen bereits sehr ähnlich. *Mesomyzon* aus der Unterkreide wird als Kronenart unter den heute lebenden Neunaugen eingeordnet (BROWNSTEIN & NEAR 2023) – aufgrund der fossilen Ammonoites-Larve ist somit der typisch dreiphasige Lebenszyklus der Neunaugen in dieser frühen Zeit nachgewiesen (CHANG et al. 2014). Ebenfalls aus der Unterkreide sind mit *Caeruleum miraculum* (neben der kleineren Art *Caeruleum gracilis*) Neunaugen bekannt, die heutigen großen Neunaugen von der Größe her ähneln.

Weitere mögliche Kandidaten von fossilen Neunaugen (wie *Pipiscius*) aus dem Karbon sind als Neunaugen sehr umstritten.

Zur Verwandtschaft zwischen Schleimaalen, Neunaugen und Gnathostomata (Kiefermäulern)

Es bleibt eine heiß diskutierte Frage in der Evolutionsbiologie, ob Schleimaale und Neunaugen am nächsten miteinander verwandt sind (die *Rundmäuler-Hypothese*: Cyclostomata), oder ob Neunaugen mit den Gnathostomata (Kiefermäulern: von Fischen bis zu Säugetieren) näher verwandt sind als mit den Schleimaalen. Seit dem frühen 19. Jahrhundert wurde allgemein die Rundmäuler-Hypothese unterstützt, dem wurde in den 1970ern bis 1990ern widersprochen, um danach aufgrund früher molekularer Studien doch wieder in Richtung Rundmäuler-Hypothese zu tendieren.

JANVIER (2008) kommentiert, dass „diese Ergebnisse Morphologen und Physiologen sehr verwirren; und die meisten von ihnen kehren nun zu der alten Ad-hoc-Erklärung der Cyclostomata-„Degeneration“ zurück“, wonach viele Merkmale der Rundmäuler durch Rückbildungen zu erklären seien. Ähnlich betonen auch JANVIER & SANSOM (2016) sowie MIYASHITA et al. (2019) den Widerspruch zwischen morphologischen und molekularen Daten – dies erschwert die Klärung der Frage, ob die Rundmäuler-Hypothese richtig ist. FUJIMOTO et al. (2013) bezeichnen diese Diskrepanz als „eine Quelle des Streits über die Evolution der frühen Wirbeltiere, und es gab etwa drei Jahrzehnte lang keinen Konsens über die phylogenetische Position des Schleimaals [„the hagfish“]“. BENTON et al. (2015) hingegen meinen, „dass morphologische Daten in dieser Frage unschlüssig [„indecisive“] sind, und dass sowohl proteinkodierende als auch nicht-kodierende molekulare Daten die Cyclostomata-Monophylie [= Abstammungsgemeinschaft] eindeutig unterstützen“.

NEAR (2009) äußert sich sehr deutlich über dieses Problem und nennt die Unstimmigkeit zwischen morphologischen und genetischen Merkmalen bei Schleimaalen, Neunaugen und Gnathostomata „eines der problematischsten Themen“ in der Phylogenie (Stammbaumerstellung) der Wirbeltiere. Auch sein umfassender morphologischer und molekulargenetischer Datensatz konnte das Problem nicht lösen – bereits das Hinzufügen weniger morphologischer Daten kann nämlich die aufgrund molekularer Daten gewonnene phylogenetischen Schlussfolgerungen (für die Rundmäuler-Hypothese) verändern [„can alter“], so dass er „ein angemessenes Maß an Skepsis“ bezüglich der Rundmäuler-Hypothese beibehält.

BECHLY (2024a) meint außerdem, dass auch nicht alle genetischen Daten für die Rundmäuler-Hypothese sprechen (z. B. die Interpretation der Cyp26A1-Genfamilie). Auch die Bedeutsamkeit von micro-RNA

(miRNA) für die Phylogenie wurde kontrovers diskutiert: Manche Wissenschaftler unterstützen die darauf aufbauende Schlussfolgerung, dass die Rundmäuler-Hypothese bestätigt sei; THOMSON et al. (2014) sahen aber Hinweise darauf, „dass die Fähigkeit von miRNA-Daten, den [Stamm-]Baum des Lebens aufzulösen, überbewertet wurde, und wir mahnen zur Vorsicht bei ihrer Anwendung und Interpretation“. Auch mitochondriale DNA-Analysen (RASMUSSEN et al. 1998) und Vergleiche der 7S-RNA (d. i. eine bestimmte RNA mit ca. 300 Basen mit einem Sedimentationskoeffizienten von 7 Svedberg) (GÜRSOY et al. 2000) sprachen für ein engeres Verwandtschaftsverhältnis von Gnathostomata mit Schleimaalen – statt mit Neunaugen –, was gegen die Rundmäuler-Hypothese spricht.

BECHLY (2024a) führt in Anlehnung an MICKOLEIT (2004, 27f) einen Überblick der Argumente für und gegen die Rundmäuler-Hypothese auf. Neben molekular-genetischen Befunden (wenn auch nicht alle, s. o.) und einem verdoppelten Genom werden sieben gemeinsame morphologische bzw. entwicklungsbiologische Merkmale der Rundmäuler aufgelistet. Dagegen werden von MICKOLEIT (2004, 27f) zehn morphologische bzw. entwicklungsbiologische Merkmale ins Feld geführt, die Neunaugen mit Gnathostomata teilen (nicht aber mit den Schleimaalen).

Diese völlig widersprüchlichen Befunde bringt Befürworter der beiden Lager von Evolutionsbiologen dazu, dass man jeweils die Argumente der Gegenseite „mit Ad-hoc-Hypothesen wegdiskutiert“ (BECHLY 2024a). Daher verwundert es nicht, dass diese Diskussion „seit über einem Jahrhundert Gegenstand hitziger Debatten ist“ (GAI & ZHU 2012).

Auch der Blutfarbstoff Hämoglobin, den sowohl Kieferlose (Schleimaale und Neunaugen) als auch Gnathostomata besitzen, bringt keine Klarheit hinsichtlich einer gemeinsamen Abstammungsgeschichte, da nach HOFFMAN et al. (2010) in beiden Abstammungslinien das Hämoglobin unabhängig erworben worden sein soll.

Außerdem gibt es Probleme bei einer beliebten Standard-Hypothese zum Urzustand der Wirbeltiere: Aus auffallenden Ähnlichkeiten zwischen dem Lanzettfischchen (Unterstamm Schädellose) und der Ammocoetes-Larve der Neunaugen hatte man abgeleitet, dass die Ammocoetes-Larve der Urzustand der Wirbeltiere sei. YASUI & KAJI (2008) unterstützen nun aber die Interpretation, dass die Ähnlichkeiten des Mundapparates von Ammocoetes-Larven der Neunaugen und Lanzettfischchen eine Homoplasie aufgrund ähnlicher Ernährungsgewohnheiten ist – also ein unabhängig

erworbenes Merkmal statt eines gemeinsamen Urzustands der Wirbeltiere. Auch ROOT et al. (2023) fanden keine direkte Homologie (Merkmal mit gemeinsamer Abstammungsgeschichte) zwischen dem Kiefergelenk-gewebe der Gnathostomata und Schleimhautknorpel („mucocartilage“) der Neunaugen. Außerdem könnte es sein, dass die alte fossile Art *Priscomyzon riniensis* aus dem Devon vor ca. 360 MrJ eine ausgestorbene Neunaugen-Jungtierform darstellt, die wie ein kleines erwachsenes Neunauge aussah und damit gar kein Ammocoetes-Larvenstadium heutiger Neunaugen besaß – dies ist aber umstritten, da es sich theoretisch auch um bisher unbekannte Zwergneunaugen handeln könnte, die ihr Ammocoetes-Larvenstadium verloren haben.

KURATANI et al. (2002) schreiben zudem, dass es verschiedene „rätselhafte Merkmale beim Neunauge gibt, bei denen wir nicht feststellen können, ob sie primitiv oder fortgeschritten sind [...]; dies ist ein Problem, das wiederum die Frage nach den phylogenetischen Beziehungen zwischen Neunaugen, Schleimaalen und Gnathostomata sowie nach dem Ursprung des Kiefers aufwirft“.

BECHLY (2024a) kritisiert weiterhin: „Mehrere Studien an verwesenden Körpern von Lanzettfischchen, Schleimaalen, Neunaugen und deren Ammocoetes-Larven zeigten, dass diese mit fortschreitendem Zerfallsprozess immer mehr wie primitive Chordaten [Chordatiere] aussehen (Sansom et al. 2010b, 2011, Gabbott et al. 2021).“

Die Schlussfolgerung liegt nahe (und wurde auch von SANSOM et al. 2010b) so formuliert, dass häufig auch andere stammesgeschichtliche Entwicklungsreihen dann durch den Zerfallsprozess vorgetäuscht werden könnten.⁷¹

Aus evolutionstheoretischen Gründen („Stammwirbeltiere“ bereits im Kambrium und aufgrund der Berechnungen mit molekularen Uhren) sind sich die meisten Experten einig, dass Rundmäuler bereits im Kambrium auftraten und damit Teil der berühmten „Kambrischen Explosion“ (dem plötzlichen fossilen Auftreten fast aller marinen Tierstämme im Kambrium) wären. Allerdings beginnt die tatsächliche Fossilüberlieferung der Rundmäuler erst in Devon bzw. Karbon. Dies zwingt zur Annahme von umfangreichen Geisterlinien. BENTON et al. (2015) halten es sogar für möglich, dass kambrische „Stammwirbeltiere“ wie *Haikouichthys*, *Myllokunmingia* und *Zhongjianichthys* Kronen-Rundmäuler sind, was deren evolutionäre Entstehung noch weiter zurück datieren würde.

Fazit:

Fasst man BECHLYS (2024) Befunde zusammen, liegen der evolutionäre Ursprung sowie die Verwandtschaftsbeziehungen bei Schleimaalen, Neunaugen und Gnathostomata im Grunde völlig im Dunkeln.

Literatur

- ALBERT JS, JOHNSON M & KNOUFT JH (2009) Fossils provide better estimates of ancestral body size than do extant taxa in fishes. *Acta Zoologica* 90, Suppl. 1, 308–335, <https://doi.org/10.1111/j.1463-6395.2008.00364.x>.
- ALROY J (2002) How many named species are valid? *PNAS* 99, 3706–3711, www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.062691099.
- ANDERSON ME (1998) A Late Cretaceous (Maastrichtian) galaxiid fish from South Africa. *J. L. B. Smith Institute of Ichthyology Spec. Publ.* 60, <http://www.bioline.org.br/request?fs98001>.
- ANDREEV P et al. (2016) The systematics of the Mongolepidida (Chondrichthyes) and the Ordovician origins of the clade. *PeerJ* 4, e1850, doi: 10.7717/peerj.1850.
- ANDREEV PS et al. (2022a) The oldest gnathostome teeth. *Nature* 609, 964–968, doi: 10.1038/s41586-022-05166-2.
- ANDREEV PS et al. (2022b) Spiny chondrichthyan from the lower Silurian of South China. *Nature* 609, 969–974, doi: 10.1038/s41586-022-05233-8.
- APLEGATE SP (1970) The vertebrate fauna of the Selma Formation of Alabama. *Fieldiana: Geology Memoires* 3, 385–433, <https://libsysdigi.library.uiuc.edu/OCA/Books2008-08/vertebratefauna038appl/vertebratefauna038appl.pdf>.
- ARGYRIOU T (2021) The Fossil Record of Ray-Finned Fishes (Actinopterygii) in Greece. In: VLACHOS E (ed.) *Fossil Vertebrates of Greece Vol. 1*, 91–142, https://doi.org/10.1007/978-3-030-68398-6_4.
- ARRATIA G (2000) Remarkable teleostean fishes from the Late Jurassic of southern Germany and their phylogenetic relationships. *Mitt. Mus. Nat.kd. Berl., Geowiss. Reihe* 3, 137–179, doi: 10.5194/fr-3-137-2000.
- ARRATIA G (2010a) Critical analysis of the impact of fossils on teleostean phylogenies, especially that of basal teleosts. In: ELLIOTT DK, MAISEY JG, YU Y & MIAO D (eds.) *Morphology, Phylogeny and Paleobiogeography of Fossil Fishes*. Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München, 247–274.
- ARRATIA G (2010b) The Clupeocephala re-visited: Analysis of characters and homologies. *Revista de Biología Marina y Oceanografía* 45, S1: 635–657, <https://www.scielo.cl/pdf/revbiolmar/v45s1/art09.pdf>.
- BARKER AM et al. (2019) Hybridization between sympatric hammerhead sharks in the western North Atlantic Ocean. *Biol. Lett.* 15, 20190004, <https://doi.org/10.1098/rsbl.2019.0004>.
- BARKER C (2023) *Das ultimative Dinosaurier Lexikon*. Übersetzt von EHRHARDT K. Ravensburger Verlag, Ravensburger.
- BARLEY S (2010) Oldest footprints of a four-legged vertebrate discovered, vom 06.01.2010, <https://www.newscientist.com/article/dn18346-oldest-footprints-of-a-four-legged-vertebrate-discovered/>.
- BARNOSKY A et al. (2011) Has the Earth's sixth mass extinction already arrived? *Nature* 471, 51–57, <https://doi.org/10.1038/nature09678>.
- BARTHOLOMAI A (2010) Revision of *Flindersichthys denmeadi* Longman 1932, a marine teleost from the Lower Cretaceous of the Great Artesian Basin, Queensland. *Memoirs of the Queensland Museum. Nature* 55, 43–68, <https://www.researchgate.net/publication/286704518>.
- BECHLY G (2022a) Fact Check: Hawaiian Silverswords Fail the Species Pair Challenge. *Evolution News*, veröffentlicht am 03.05.2022, <https://evolutionnews.org/2022/05/fact-check-hawaiian-silverswords-fail-the-species-pair-challenge/>.
- BECHLY G (2022b) Fossil Friday: Walking Whales and Why All Critiques of the Waiting Time Problem Fail. *Evolution News*, veröffentlicht am 30.09.2022, <https://evolutionnews.org/2022/09/fossil-friday-walking-whales-and-why-all-critiques-of-the-waiting-time-problem-fail/>.
- BECHLY G (2023a) Fossil Friday: Evolutionary Stasis in Fossil Damselflies Challenges Darwinism. *Evolution News*, veröffentlicht am 03.03.2023, <https://evolutionnews.org/2023/03/fossil-friday-evolutionary-stasis-in-fossil-damselflies-challenges-darwinism/>.
- BECHLY G (2023b) Fossil Friday: The Devonian Nekton Revolution. *Evolution News*, veröffentlicht am 12.05.2023, <https://evolutionnews.org/2023/05/fossil-friday-the-devonian-nekton-revolution/>.
- BECHLY G (2024a) Fossil Friday: Hagfish and Lampreys Overturn Scenarios of Vertebrate Phylogeny and Evolution. *Evolution News*, veröffentlicht am 15.03.2024, <https://evolutionnews.org/2024/03/fossil-friday-hagfish-and-lampreys-overturn-established-scenarios-of-vertebrate-phylogeny-and-evolution/>.
- BECHLY G (2024b) Fossil Friday: Discontinuities in the Fossil Record – A Problem for Neo-Darwinism, vom 10.05.2024, <https://evolutionnews.org/2024/05/fossil-friday-discontinuities-in-the-fossil-record-a-problem-for-neo-darwinism/>.
- BEHE M (2019) *Darwin Devolves: The New Science About DNA That Challenges Evolution* (English Edition). Kindle Ausgabe. HarperOne.
- BENTON M (2009) The completeness of the fossil record. *Significance* 6, 117–121, <https://doi.org/10.1111/j.1740-9713.2009.00374.x>.
- BENTON M, DUNHILL A, LLOYD G, & MARX F (2011) Assessing the quality of the fossil record: Insights from vertebrates. *Geol. Soc. Spec. Publ.* 358, 63–94, <https://doi.org/10.1144/SP358.6>.
- BERNARD E (2022) *Fischfossilien beleuchten Ursprung der Kiefermäuler. bild der wissenschaft*, veröffentlicht am 28.09.2022, <https://www.wissenschaft.de/erde-umwelt/fischfossilien-beleuchten-ursprung-der-kiefermaeuler/>.
- BERNÁRDEZ E (2002) *Los dientes de seláceos del Cretácico de la Depresión Central Asturiana*. Tesis Doctoral Universidad de Oviedo, Departamento de Geología, https://www.researchgate.net/publication/262728577_Los_dientes_de_selaceos_del_Cretacico_de_la_Depresion_Central_Asturiana.
- BETANCUR-R. R et al. (2013) The Tree of Life and a New Classification of Bony Fishes. *PLOS Currents Tree of Life*. Edition 1, 18.04.2013, doi: 10.1371/currents.tol.53ba26640df0ccaee75bb165c8c26288.
- BINDER H (2018) Neues von Bernstein-Inkluden. Unerwartete Einsichten zur Geschichte von Gliederfüßern. *Stud. Integr. J.* 25, 96–100.
- BINDER H (2021) Lungenfische – Genome und ihre Interpretation. *Genesisnet News*, veröffentlicht am 16.03.21, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=289>.
- BOKULICH A (2021) Using Models to Correct Data: Paleodiversity and the Fossil Record. *Synthese* 198, 5919–5940, doi: 10.1007/s11229-018-1820-x.
- BORGER P (2022) Schnelle Anpassung von Darwinfinken. *Stud. Integr. J.* 29, 130–131.
- BOTELLA H et al. (2007) Jaws and teeth of the earliest bony fishes. *Nature* 448, 583–586, <https://doi.org/10.1038/nature05989>.
- BOURDON J et al. (2011) Selachians from the Upper Cretaceous (Santonian) Hosta Tongue of the Point Lookout Sandstone, central New Mexico. *New Mexico Museum of Natural History and Science, Bulletin* 52, <https://www.researchgate.net/publication/281481624>.
- BRANDT M (2023) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. 2. stark erw. Aufl. *Studium Integrale Special*. SCM Hänssler, Holzgerlingen.
- BRINKMANN W et al. (2010) Palaeobiogeography and stratigraphy of advanced Gnathostomian fishes (Chondrichthyes and Osteichthyes) in the Early Triassic and from selected Anisian localities (report 1863-2009). *Literaturbericht. Zentralblatt für Geologie und Paläontologie. Teil 2*, 2009(5/6):765–812, <https://doi.org/10.5167/uzh-34071>.

- BRITO PM, ALVARADO-ORTEGA J & MEUNIER FJ (2017) Earliest known lepisosteoid extends the range of anatomically modern gars to the Late Jurassic. *Sci. Rep.* 7, 17830, <https://doi.org/10.1038/s41598-017-17984-w>.
- BROCKLEHURST N, UPCHURCH P, MANNION PD & O'CONNOR J (2012) The Completeness of the Fossil Record of Mesozoic Birds: Implications for Early Avian Evolution. *PLoS One* 7, e39056, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0039056>.
- BROILI F (1933) Weitere Fischreste aus den Hunsrückschiefern. Sitzungsberichte der mathematisch-naturwissenschaftlichen Abteilung der Bayerischen Akademie der Wissenschaften zu München. H. 2, Verlag der Bayerischen Akademie der Wissenschaften, https://www.zobodat.at/pdf/Sitz-Ber-Akad-Muenchen-math-KI_1933_0269-0313.pdf.
- CAPPETTA H (1973) Selachians from the Carlile Shale (Turonian) of South Dakota. *J. Paleontol.* 47, 504–514, <http://www.jstor.org/stable/1303199>.
- CAVIN L et al. (2017) Heterochronic evolution explains novel body shape in a Triassic coelacanth from Switzerland. *Sci. Rep.* 7, 13695, <https://doi.org/10.1038/s41598-017-13796-0>.
- CHANG M, WU F, MIAO D & ZHANG J (2014) Discovery of fossil lamprey larva from the Lower Cretaceous reveals its three-phased life cycle. *PNAS* 111, 15486–15490, www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1415716111.
- CHEN WJ, LAVOUÉ S & MAYDEN RL (2013) Evolutionary origin and early biogeography of otophysan fishes (Ostariophysi: Teleostei). *Evolution* 67, 2218–2239, <https://doi.org/10.1111/evo.12104>.
- CLAESON KM, UNDERWOOD CJ & WARD DJ (2013) †*Tingitanius tenuimandibulus*, a new platyrhinid batoid from the Turonian (Cretaceous) of Morocco and the cretaceous radiation of the Platyrhinae. *J. Vertebr. Paleontol.* 33, 1019–1036, <https://doi.org/10.1080/02724634.2013.767266>.
- CLOUTIER R (1996) The primitive actinistian *Miguashaia bureaui* Schultze (Sarcopterygii). In: SCHULTZE HP & CLOUTIER (eds.) Devonian Fishes and Plants of Miguasha, Quebec, Canada. Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München.
- COCKERELL TDA (1936) The Fauna of the Sunchal (or Margas Verdes) formation, Northern Argentina. *Am. Mus. Novit.* 886, 1–9, <https://digitallibrary.amnh.org/bitstream/handle/2246/4185/v2/dspace/ingest/pdfSource/nov/N0886.pdf?sequence=1&isAllowed=y>.
- CREMO MA & THOMPSON RL (2017) Verbotene Archäologie. Die verborgene Geschichte der menschlichen Rasse. 5. Aufl. Kopp Verlag.
- CROMPTON N (2018) Die genetische Familie der Haliotidae – Hybridisierung, Fortpflanzungsisolation und sympatrische Artbildung. *W+W Special Paper B-18-2*, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/die-genetische-familie-der-haliotidae-hybridisierung-fortpflanzungsisolation-und-sympatrische-artbildung/>.
- CROMPTON N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. *W+W Special Paper B-19-3*, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/mendelsche-artbildung-und-die-entstehung-der-arten/>.
- CROMPTON N (2020) Die Paradiesvögel, ihre Hybriden und die Rolle der sexuellen Selektion. *W+W Special Paper B-20-4*, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/paradiesvoegel-hybriden-selektion/>.
- CROMPTON N (2021) Die Radiation der Silberschwert-Gruppe (Familie Asteraceae) von Hawaii und die Rolle der Polyploidie. *W+W Special Paper B-21-3*, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/radiation-silberschwert-gruppe/>.
- CRUZ VP et al. (2014) First identification of interspecies hybridization in the freshwater stingrays *Potamotrygon motoro* and *P. falkneri* (Myliobatiformes, Potamotrygonidae). *Conserv. Genet.* 16, 241–245, [doi:10.1007/s10592-014-0642-8](https://doi.org/10.1007/s10592-014-0642-8).
- DARRAS L, DERYCKE C, BLIECK A & VACHARD D (2008) The oldest holoccephalan (Chondrichthyes) from the Middle Devonian of the Boulonnais (Pas-de-Calais, France) Le plus ancien holocéphale (Chondrichthyes) dans le Dévonien moyen du Boulonnais (Pas-de-Calais, France). *C. R. Palevol* 7, 297–304, <https://doi.org/10.1016/j.crpv.2008.04.002>.
- DARWIN C (1882; dt. Übersetzung 2002) Über die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl oder die Erhaltung der begünstigten Rassen im Kampfe um's Dasein. Nach der letzten englischen Auflage wiederholt durchgesehen von J. Victor Carus. Parkland Verlag.
- DELSATE D (2003) Une nouvelle faune de poissons et requins toarciens du Sud du Luxembourg (Dudelange) et de l'Allemagne (Schömberg). *Bull. Acad. Soc. Lorr. Sci.* 42 (1–4), <https://www.academia.edu/624730/>.
- DIEDRICH CG (2014) Skeleton of the Fossil Shark *Isurus denticulatus* from the Turonian (Late Cretaceous) of Germany – Ecological Coevolution with Prey of Mackerel Sharks. *J. Paleontol.* Volume 2014, ID 934235, <https://doi.org/10.1155/2014/934235>.
- DONNELLAN SC et al. (2015) Fiddling with the proof: the magpie fiddler ray is a colour pattern variant of the common southern fiddler ray (Rhinobatidae: Trygonorrhina). *Zootaxa* 3981, 367–384, [doi:10.11646/zootaxa.3981.3.3](https://doi.org/10.11646/zootaxa.3981.3.3).
- DUFFIN CJ (1995) Holocephalans in the Staatliches Museum für Naturkunde in Stuttgart 3. First chimaeroid from the Lias of Baden-Württemberg (Early Toarcian of Ohmden). *Stuttgarter Beiträge zur Naturkunde Serie B (Geologie und Paläontologie)* 231, 1–12, https://www.zobodat.at/publikation_volumes.php?id=64571.
- DUPRET V & ZHU M (2008) The earliest phyllolepid (Placodermi, Arthrodira) from the Late Lochkovian. *Geol. Mag.* 145, 257–278, <https://www.researchgate.net/publication/225090029>.
- ENGELMAN RK (2023) A Devonian Fish Tale: A New Method of Body Length Estimation Suggests Much Smaller Sizes for *Dunkleosteus terrelli* (Placodermi: Arthrodira). *Diversity* 15, 318, <https://doi.org/10.3390/d15030318>.
- ERWIN DH (2020) The origin of animal body plans: a view from fossil evidence and the regulatory genome. *Development* 147, dev182899. [doi:10.1242/dev.182899](https://doi.org/10.1242/dev.182899).
- EVANS TM, JANVIER P & DOCKER MF (2018) The evolution of lamprey (Petromyzontida) life history and the origin of metamorphosis. *Rev. Fish Biol. Fisheries* 28, 825–838, <https://doi.org/10.1007/s11160-018-9536-z>.
- FOOTE M & SEPHOSKI JJ (1999) Absolute measures of the completeness of the fossil record. *Nature* 398, 415–417, <https://doi.org/10.1038/18872>.
- FRICKHINGER KA (1991) Fossilien Atlas Fische. Mergus, Verl. Für Natur- u. Heimtierkunde Baensch.
- GAI Z et al. (2022) Galeaspid anatomy and the origin of vertebrate paired appendages. *Nature* 609, 959–963, [doi: 10.1038/s41586-022-04897-6](https://doi.org/10.1038/s41586-022-04897-6).
- GESS RW et al. (2006) A lamprey from the Devonian period of South Africa. *Nature* 443, 981–984, [doi: 10.1038/nature05150](https://doi.org/10.1038/nature05150).
- GILES S, XU GH, NEAR T & FRIEDMAN M (2017) Early members of 'living fossil' lineage imply later origin of modern ray-finned fishes. *Nature* 549, 265–268, Peer reviewed version, http://pure-oai.bham.ac.uk/ws/portalfiles/portal/54676230/Main_Text_FINAL_UPLOADED.pdf.
- GINTER M, HAIRAPETIAN V & KLUG C (2002) Famennian chondrichthyans from the shelves of North Gondwana. *Acta Geol. Pol.* 52, 169–215, <https://geojournals.pgi.gov.pl/agp/article/view/10071/8601>.
- GOODWIN MB et al. (1999) Mesozoic continental vertebrates with associated palynostratigraphic dates from the northwestern

- Ethiopian plateau. *J. Vertebr. Paleontol.* 19, 728–741, <https://www.jstor.org/stable/4524042>.
- GOTO M (1994) Palaeozoic and early Mesozoic fish faunas of the Japanese Islands. *Island Arc* 3, 247–254, <https://doi.org/10.1111/j.1440-1738.1994.tb00114.x>.
- GRANDE L, JIN F, YABUMOTO Y & BEMIS WE (2002) *Protosephurus liui*, a well-preserved primitive paddlefish (Acipenseriformes: Polyodontidae) from the Lower Cretaceous of China. *J. Vertebr. Paleontol.* 22, 209–237, doi:10.1671/0272-4634(2002)022[0209:PLAWPP]2.0.CO;2.
- GRANDSTAFF BS, SMITH JB, LAMANNA M & LACAVARA KJ (2012) *Bawitius*, gen. nov., a giant polypterid (Osteichthyes, Actinopterygii) from the Upper Cretaceous Bahariya Formation of Egypt. *J. Vertebr. Paleontol.* 32, 17–26, doi:10.1080/02724634.2012.626823.
- GUINOT G, CAPETTA H & ADNET S (2014) A rare elasmobranch assemblage from the Valanginian (Lower Cretaceous) of southern France. *Cretaceous Research* 48, 54–84, doi: 10.1016/j.cretres.2013.11.014.
- HARTMANN F & JUNKER R (2009) Paßten alle Tiere in die Arche Noah? W+W Diskussionsbeitrag 4/90, letzte Aktualisierung: 10.09.2009, <https://www.wort-und-wissen.org/disk/d90-4/>.
- HENRY MJ (1875) L'Infralias dans la Franche-Comté [The Lower Lias of Franche-Comté]. *Mémoires de la Société d'Émulation du Doubs*, 4e série 10, 287–486, <https://ia803403.us.archive.org/28/items/HenryJ.1875LInfraliasDansLaFranche-Comte/Henry%20J.%201875%20-%20L%27Infra-lia%20dans%20la%20Franche-Comt%C3%A9.pdf>.
- HERNANDEZ-GUERRERO C, CANTALICE KM, GONZALEZ-RODRIGUEZ KA & BRAVO-CUEVAS VM (2021) The first record of a pterothrissin (Albuliformes, Albulidae) from the Muhi Quarry, mid-Cretaceous (Albian-Cenomanian) of Hidalgo, central Mexico. *J. South Am. Earth Sci.* 107, 103032, <https://doi.org/10.1016/j.jsames.2020.103032>.
- HORNUNG JJ & SACHS S (2020) First record of *Gyrosteus mirabilis* (Actinopterygii, Chondrosteidae) from the Toarcian (Lower Jurassic) of the Baltic region. *PeerJ* 8:e8400, doi 10.7717/peerj.8400.
- HÖSSJER O, BECHLY G & GAUGER A (2021) On the waiting time until coordinated mutations get fixed in regulatory sequences. *J. Theor. Biol.* 524, 110657, <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2021.110657>.
- HUGHES LC et al. (2018) Comprehensive phylogeny of ray-finned fishes (Actinopterygii) based on transcriptomic and genomic data. *PNAS* 115, 6249–6254, www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1719358115.
- JAMBURA PL et al. (2019) Micro-computed tomography imaging reveals the development of a unique tooth mineralization pattern in mackerel sharks (Chondrichthyes; Lamniformes) in deep time. *Sci. Rep.* 9, 9652, <https://doi.org/10.1038/s41598-019-46081-3>.
- JAMBURA PL, STUMPF S & KRIWET J (2021) Skeletal remains of the oldest known pseudocoracid shark *Pseudocorax kindlimanni* sp. nov. (Chondrichthyes, Lamniformes) from the Late Cretaceous of Lebanon. *Cretaceous Research* 125, 104842, doi: 10.1016/j.cretres.2021.104842.
- JANVIER P (2008) Early Jawless Vertebrates and Cyclostome Origins. *Zool. Sci.* 25, 1045–1056, <https://doi.org/10.2108/zsj.25.1045>.
- JENNINGS & ZIGLER (2009) Biology and Life History of Paddlefish in North America: An Update. *American Fisheries Society Symposium* 66, 1–22, <https://www.researchgate.net/publication/256080506>.
- JOHANSON Z et al. (2006) Oldest coelacanth, from the Early Devonian of Australia. *Biol. Lett.* 2, 443–446, doi:10.1098/rsbl.2006.0470.
- JOHNSON GD et al. (2012) A 'living fossil' eel (Anguilliformes: Protanguillidae, fam. nov.) from an undersea cave in Palau. *Proc. R. Soc. B.* 279, 934–943, <http://doi.org/10.1098/rspb.2011.1289>.
- JUNKER J (2013) Deutung des Lebens unter Voraussetzung von Schöpfung. In: SCHERER S & JUNKER J (Hrsg.) *Evolution. Ein kritisches Lehrbuch*. 7. Aufl. Weyel Lehrmittelverlag Gießen, 306–344.
- JUNKER J et al. (2013) Fossile Arten als Vorstufen und Bindeglieder? In: SCHERER S & JUNKER J (Hrsg.) *Evolution. Ein kritisches Lehrbuch*. 7. Aufl. Weyel Lehrmittelverlag Gießen, 241–276.
- JUNKER R (2014) Zur neueren Diskussion über die kambrische Explosion. *W+W Special Paper B-14-1*, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-14-1_kambrische_explosion.pdf.
- JUNKER R (2016) Plastizität der Lebewesen: Baustein der Makroevolution? *W+W Special Paper B-14-2*, <https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-14-2-plastizitaet.pdf>.
- JUNKER R (Hrsg.) (2017a) *Genesis, Schöpfung und Evolution. Beiträge zur Auslegung und Bedeutung des ersten Buches der Bibel*. 3. Aufl. SCM Hänssler.
- JUNKER R (2017b) Dino-Federvieh – Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug. *W+W Special Paper B-17-1*, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/dino-federvieh-zum-ursprung-von-vogelfeder-und-vogelflug/>.
- JUNKER R (2019) Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde. *W+W Special Paper B-19-4*, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/sind-voegel-dinosaurier-eine-kritische-analyse-fossiler-befunde/>.
- JUNKER R (2021) Der älteste fossile Ringelwurm mit „modernen“ Merkmalen. *Stud. Integr. J.* 28, 61f.
- JUNKER R (2022) Ein Update zur „kambrischen Explosion“. *Stud. Integr. J.* 29, 103–106.
- JUNQING W (1991) The Antiarchi from Early Silurian Hunan. *Vert. PalAs.* 29, 240–244, <http://www.ivpp.cas.cn/cbw/gjzdwxb/xbwzxx/200812/W020090813371138329343.pdf>.
- KALMAR A & CURRIE DJ (2010) The completeness of the continental fossil record and its impact on patterns of diversification. *Paleobiology* 36, 51–60, <https://doi.org/10.1666/0094-8373-36.1.51>.
- KAULFUSS U et al. (2020) A Review of Galaxias (Galaxiidae) Fossils from the Southern Hemisphere. *Diversity* 12, 208, doi:10.3390/d12050208.
- KEATING JN & DONOGHUE PCJ (2016) Histology and affinity of anaspids, and the early evolution of the vertebrate dermal skeleton. *Proc. Biol. Sci.* 283, 20152917, doi: 10.1098/rspb.2015.2917.
- KEMP A & BERRELL RW (2013) Lungfish as environmental indicators. In: ARRATIA G, SCHULTZE HP & WILSON MVH (eds.) *Mesozoic Fishes 5 – Global Diversity and Evolution*, 499–508. Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München, https://pfeil-verlag.de/wp-content/uploads/2015/05/4_59d19.pdf.
- KEMP A (1989) The Biology of the Australian Lungfish, *Neoceratodus forsteri* (Krefft 1870). *Journal of morphology. Supplement*, 1, 181–198, <https://www.researchgate.net/publication/227883503>.
- KEMP A, CAVIN L & GUINOT G (2016) Evolutionary history of lungfishes with a new phylogeny of post-Devonian genera. *Palaeogeogr. Palaeoclimatol. Palaeoecol.* 471, preprint, <http://manuscript.elsevier.com/S0031018216304138/pdf/S0031018216304138.pdf>.
- KLEESATTEL W (2001) *Die Welt der Lebenden Fossilien. Eine Reise in die Urzeit*. Wissenschaftliche Buchgesellschaft, Darmstadt.
- KLUG C et al. (2010) The Devonian nekton revolution. *Lethaia* 43, 465–477, <https://doi.org/10.1111/j.1502-3931.2009.00206.x>.
- KÖLBL-EBERT M & EBERT M (2020) Frischer Fisch aus dem Jura-Meer. Project: Biodiversity and Paleoecology of Actinopterygii in Late Jurassic Plattenkalk deposits (Solnhofen-Archipelago, Wattendorf, Nusplingen and Cerin). In: *Geschichte des Marktes Pförring*. Verlag Friedrich Pustet, <https://www.researchgate.net/publication/340930867>.
- KONWERT M (2017) Contributions to the Taxonomy, Diversity and Palaeobiogeography of certain basal Teleostei (Osteichthyes,

- Actinopterygii) from the Early and Late Jurassic of Central Europe. Inauguraldissertation zur Erlangung des akademischen Grades eines Doktors der Naturwissenschaften (Dr. rer. nat.) der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald, https://epub.uni-greifswald.de/frontdoor/deliver/index/docId/2028/file/Diss_Martin_Konwert.pdf.
- KOTULLA M (2020) Gültigkeit und Grenzen geologischer Zeitbestimmung. Online-Loseblattsammlung 2-22, Stand: 10/2020. The Art of Charles Darwin: Unermessliche Zeit und unvollständige Fossilüberlieferung (v2010), <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/geologie-loseblattsammlung/>.
- KOTULLA M (2023) Entgegnung auf das „Faraday Paper 8“ mit dem Titel „Das Alter der Erde“ von Robert S. White. W+W-Diskussionsbeitrag 1/23, <https://www.wort-und-wissen.org/disk/faraday-paper-8/>.
- KRIWET J & BENTON MJ (2004) Neoselachian (Chondrichthyes, Elasmobranchii) diversity across the Cretaceous–Tertiary boundary. *Palaeogeogr. Palaeoclimatol. Palaeoecol.* 214, 181–194, <https://doi.org/10.1016/j.palaeo.2004.02.049>.
- KRIWET J & KLUG S (2008) Diversity and biogeography patterns of Late Jurassic neoselachians (Chondrichthyes: Elasmobranchii). In: CAVIN et al. (eds.) *Fishes and the Break-up of Pangaea*. Geological Society, London, Special Publications 295, 55–70, doi: 10.1144/SP295.5.
- KRIWET J (1997) Beitrag zur Kenntnis der Fischfauna des Oberjura (unteres Kimmeridgium) der Kohlengrube Guimarota bei Leiria, Mittel-Portugal: 2. Neoselachii (Pisces, Elasmobranchii). *Berliner geowiss. Abh.* 25, 293–301, <https://www.researchgate.net/profile/Juergen-Kriwet/publication/234106871>.
- KRIWET J (2003) Neoselachian remains (Chondrichthyes, Elasmobranchii) from the Middle Jurassic of SW Germany and NW Poland. *Acta Palaeontol. Pol.* 48, 583–594, <http://app.pan.pl/acta48/app48-583.pdf>.
- KRIWET J, NUNN EV & KLUG S (2009) Neoselachians (Chondrichthyes, Elasmobranchii) from the Lower and lower Upper Cretaceous of north-eastern Spain. *Zool. J. Linn. Soc.* 155, 316–347, <https://doi.org/10.1111/j.1096-3642.2008.00439.x>
- KUTSCHERA U & ELLIOTT JM (2013) Do mudskippers and lungfishes elucidate the early evolution of four-limbed vertebrates?. *Evo. Edu. Outreach* 6, 8, <https://doi.org/10.1186/1936-6434-6-8>.
- KUTZELNIGG H (2009) Die „Lebenden Steine“ und ihre Verwandten (Aizoaceae: Ruschieae). *Stud. Integr. J.* 16, 100–104, <http://www.sijournal.de/index2.php?artikel=jg16/heft2/sij162-5.html>.
- LANDGREN L, GUSTAFSSON L & KUTZELNIGG H (2011) Grundtypstudien an Papageien. *Stud. Integr. J.* 18, 4–16, <https://www.sijournal.de/jg18/heft1/sij181-1.html>.
- LEBEDEV OA et al. (2021) The earliest chimaeriform fish from the Carboniferous of Central Russia. *J. Syst. Paleontol.* 19, 821–846, <https://doi.org/10.1080/14772019.2021.1977732>.
- LEE DE, MCDOWALL RM & LINDQVIST JK (2007) Galaxias fossils from Miocene lake deposits, Otago, New Zealand: The earliest records of the Southern Hemisphere family Galaxiidae (Teleostei). *J. R. Soc. N. Z.* 37, 109–130, doi: 10.1080/03014220709510540.
- LEMASTER JC (2018) Evolution’s waiting-time problem and suggested ways to overcome it – A critical survey. *BIO-Complexity* 2, 1–9, doi:10.5048/BIO-C.2018.2.
- LICHT M et al. (2012) Contribution to the molecular phylogenetic analysis of extant holocephalan fishes (Holocephali, Chimaeriformes). *Org. Divers. Evol.* 12, 421–432, doi: 10.1007/s13127-011-0071-1.
- LIDGARD S & LOVE AC (2018) Rethinking Living Fossils. *BioScience* 68, 760–770, <https://doi.org/10.1093/biosci/biy084>.
- LINDBERG DR (2009) Monoplacophorans and the origin and relationships of mollusks. *Evo. Edu. Outreach* 2, 191–203, doi: 10.1007/s12052-009-0125-4, <https://escholarship.org/content/qt342063m8/qt342063m8.pdf>.
- LINDEMANN W (2010) Täuschen Verwesungsstadien evolutionäre Abfolgen vor? *Genesisnet News*, vom 17.03.2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n144.php.
- LIU GB et al. (2003) New discovered fishes from Keichousaurus-bearing horizon of Late Triassic in Xingyi of Guizhou. *Acta Palaeontol. Sin.* 42, 346–366, http://gswxb.cnjournals.cn/gswxb/article/abstract/20030341?st=article_issue.
- LONG J et al. (2008) Live birth in the Devonian period. *Nature* 453, 650–652, <https://doi.org/10.1038/nature06966>.
- LONG JA (1999) A new genus of fossil coelacanth (Osteichthyes: Coelacanthiformes) from the Middle Devonian of southeastern Australia. *Rec. West Aust. Mus. Suppl.* 47, 37–53, <https://www.researchgate.net/publication/257938613>.
- LU J et al. (2016) The Oldest Actinopterygian Highlights the Cryptic Early History of the Hyperdiverse Ray-Finned Fishes. *Curr. Biol.* 26, 1602–1608, doi:10.1016/j.cub.2016.04.045.
- MAISEY JG et al. (2017) Pectoral morphology in *Doliodus*: bridging the ‘acanthodian’-chondrichthyan divide. *American Museum Novitates* 2017, 1–15, <https://doi.org/10.1206/3875.1>.
- MARINO IAM et al. (2015) Multiple paternity and hybridization in two smooth-hound sharks. *Sci. Rep.* 5, 12919, doi:10.1038/srep12919.
- MARTIN M & WENZ S (1984) Decouverte d’un nouveau Coelacanthidé, *Garnbergia ommata* n.g., n.sp., dans le Muschelkalk supérieur du Baden-Württemberg. *Stuttgarter Beiträge zur Naturkunde. Serie B (Geologie und Paläontologie)* 105, 1–17, https://www.zobodat.at/pdf/Stuttgarter-Beitraege-Naturkunde_105_B_0001-0017.pdf.
- MCCOY F (1855) A synopsis of the classification of the British Palaeozoic rocks, by the Rev. Adam SEDGWICK. With a systematic description of the British Palaeozoic fossils in the Geological museum of the University of Cambridge, by Frederick MCCOY. J.W. Parker and Son, London.
- MILLER FM, CLOUTIER R & TURNER S (2003) The oldest articulated chondrichthyan from the Early Devonian period. *Nature* 425, 501–504.
- MIYASHITA T (2020) A Paleozoic stem hagfish *Myxinikela siroka* – revised anatomy and implications for evolution of the living jawless vertebrate lineages. *Can. J. Zool.* 98, 850–865, doi: 10.1139/cjz-2020-0046.
- MIYASHITA T et al. (2019) Hagfish from the Cretaceous Tethys Sea and a reconciliation of the morphological-molecular conflict in early vertebrate phylogeny. *PNAS* 116, 2146–2151, doi: 10.1073/pnas.1814794116.
- MONDÉJAR-FERNÁNDEZ J et al. (2021) A microanatomical and histological study of the scales of the Devonian sarcopterygian *Miguashaia bureaui* and the evolution of the squamation in coelacanths. *J. Anat.* 2021;00, 1–28.
- MONDÉJAR FERNÁNDEZ J et al. (2022) Life history and ossification patterns in *Miguashaia bureaui* reveal the early evolution of osteogenesis in coelacanths. *PeerJ* 10, e13175, <https://doi.org/10.7717/peerj.13175>
- MONTANARI SR et al. (2016) The importance of ecological and behavioural data in studies of hybridisation among marine fishes. *Rev. Fish Biol. Fisheries* 26, 181–198, <https://doi.org/10.1007/s11160-016-9420-7>.
- MOORE AG (2020) Earliest Known Material of *Amia*, Bowfin, From The Sentinel Butte Formation (Paleocene), Medora, North Dakota. *Theses and Dissertations* 383, https://csuepress.columbusstate.edu/theses_dissertations/383.

- MORGAN JAT et al. (2011) Detection of interspecies hybridisation in Chondrichthyes: hybrids and hybrid offspring between Australian (*Carcharhinus tilstoni*) and common (*C. limbatus*) blacktip shark found in an Australian fishery. *Conserv. Genet.* 13, 455463, doi:10.1007/s10592-011-0298-6.
- MURRAY AM (2001) The oldest fossil cichlids (Teleostei: Perciformes): Indication of a 45 million-year-old species flock. *Proc. Royal Soc. B* 268, 679–684, doi: 10.1098/rspb.2000.1570.
- NARBONNE G (2011) When life got big. *Nature* 470, 339–340, https://doi.org/10.1038/470339a.
- NELSON JS, GRANDE TC & WILSON MVH (2016) *Fishes of the World*. 5. Ed. John Wiley & Sons, Inc., Hoboken.
- OTERA O (2011) Current knowledge and new assumptions on the evolutionary history of the African lungfish, *Protopterus*, based on a review of its fossil record. *Fish and Fisheries* 12, 235–255, doi: 10.1111/j.1467-2979.2010.00389.x.
- PAILLARD A, SHIMADA K & PIMIENTO C (2020) The fossil record of extant elasmobranchs. *J. Fish Biol.* 98, 445–455, doi: 10.1111/jfb.14588.
- PODBREGAR N (2022) Urzeitliches „Fossil-Aquarium“ entdeckt; vom 29.09.2022, https://www.scinexx.de/news/biowissen/urzeitliches-fossil-aquarium-entdeckt/.
- POYATO-ARIZA FJ (2013) History of two lineages: Comparative analysis of the fossil record in Amiiformes and Pycnodontiformes (Osteichthyes, Actinopterygii). *Span. J. Palaeont.* 28, 79–90, https://ojs.uv.es/index.php/sjpalaeontology/article/view/17833.
- PUCHALSKI SS, EERNISSE DJ & JOHNSON CC (2008) The effect of sampling bias on the fossil record of chitons (Mollusca, Polyplacophora)*. *Amer. Malac. Bull.* 25, 87–95, doi: 10.4003/0740-2783-25.1.8.
- PUCKRIDGE M, LAST PR, WHITE WT & ANDREAKIS N (2012) Phylogeography of the Indo-West Pacific maskrays (Dasyatidae, Neotrygon): a complex example of chondrichthyan radiation in the Cenozoic. *Ecol. Evol.* 3, 217–232, https://doi.org/10.1002/ece3.448.
- PUTNAM N et al. (2008) The amphioxus genome and the evolution of the chordate karyotype. *Nature* 453, 1064–1071, https://doi.org/10.1038/nature06967.
- QU Q, ZHU M & WANG W (2013) Scales and Dermal Skeletal Histology of an Early Bony Fish *Psarolepis romeri* and Their Bearing on the Evolution of Rhombic Scales and Hard Tissues. *PLoS ONE* 8, e61485, doi:10.1371/journal.pone.0061485.
- QVARNSTRÖM M et al. (2018) Non-marine palaeoenvironment associated to the earliest tetrapod tracks. *Sci. Rep.* 8, 1074, https://doi.org/10.1038/s41598-018-19220-5.
- ROMANO C et al. (2016) Permian–Triassic Osteichthyes (bony fishes): diversity dynamics and body size Evolution. *Biol. Rev.* 91, 106–147, https://doi.org/10.1111/brv.12161.
- SALLAN L (2016) Fish ‘tails’ result from outgrowth and reduction of two separate ancestral tails. *Curr. Biol.* 26, R1224–1225, https://doi.org/10.1016/j.cub.2016.10.036.
- SANFORD J et al. (2015) The waiting time problem in a model hominin population. *Theor. Biol. Med. Model.* 12, 18, https://doi.org/10.1186/s12976-015-0016-z.
- SANSOM RS, RANDLE E & DONOGHUE PCJ (2015) Discriminating signal from noise in the fossil record of early vertebrates reveals cryptic evolutionary history. *Proc. R. Soc. B.* 282, 20142245, http://doi.org/10.1098/rspb.2014.2245.
- SCHERER S & JUNKER J (2013) Artbegriffe und Taxonomie. In: SCHERER S & JUNKER J (Hrsg.) *Evolution. Ein kritisches Lehrbuch*. 7. Aufl. Weyel Lehrmittelverlag Gießen, 28–38.
- SCHERER S (1993) Basic types of life. In: SCHERER S (Hrsg.) *Typen des Lebens. Studium Integrale Biologie*. Pascal Verlag Berlin, 11–30.
- SCHOCH RR (2015) Reptilien des Lettenkeupers. In: HAGDORN H, SCHOCH R & SCHWEIGERT G (Hrsg.): *Der Lettenkeuper – Ein Fenster in die Zeit vor den Dinosauriern*. Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart, 231–264, http://www.palaeodiversity.org/pdf/08Suppl/10Palaeodiversity_SB_Schoch.pdf.
- SCHOLL B (2022a) Homininen-Schädel: „Stolpersteine“ des Grundtypmodells? Eine schöpfungstheoretische Deutung der Funde von Dmanisi. W+W Special Paper B-22-1, https://www.wort-und-wissen.org/artikel/homininen-schaedel/.
- SCHOLL B (2022b) „Totales Chaos“: Unklare Abstammungsverhältnisse bei Menschenaffen und Menschen. W+W Special Paper B-22-2, https://www.wort-und-wissen.org/artikel/miozaene-affen/.
- SCHWEITZER MH, SCHROETER ER & CZAJKA CD (2021) *Dinosaurs. How We Know What We Know*. CRC Press. Boca Raton & Oxon.
- SEPKOSKI J (2002) A compendium of fossil marine animal genera. *Bull. Am. Paleontol.* 364, 560, retrieved from the original 20/27.02.2009, https://web.archive.org/web/20090220223520/http://strata.ummp.lsa.umich.edu/jack/showgenera.php?taxon=611&rank=class.
- STEPHAN M (2002) Der Mensch und die geologische Zeittafel. Warum kommen Menschenfossilien nur in den obersten geologischen Schichten vor? SCM Hänssler.
- STEPHAN M (Hrsg.) (2015) *Sintflut und Geologie. Schritte zu einer biblisch-urgeschichtlichen Geologie*. 4. Aufl. SCM Hänssler.
- SULING M (2021) Kretazische Insekten im Gestein und als Einschlüsse. W+W Special Paper B-21-2, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-21-2_kretazische-insekten.pdf.
- SWEETLOVE L (2011) Number of species on Earth tagged at 8.7 million. *Nature News*, vom 23.08.2011, https://doi.org/10.1038/news.2011.498.
- TAN K & JIN F (2013) Re-study on *Gymnoichthys inopinatus* from Middle Triassic of Luoping, Yunnan, China. *Vert. PalAs.* 51, 1–16, https://www.researchgate.net/publication/271161370.
- TEICHERT C (1956) How Many Fossil Species? *J. Paleontol.* 30, 967–969, https://www.jstor.org/stable/1300432.
- THENIUS E (2003) „Lebende Fossilien“ im Tier- und Pflanzenreich. Fiktion oder Realität? *Schriften Verein zur Verbreitung naturwissenschaftlicher Kenntnisse* 141, 99–123, https://www.zobodat.at/pdf/SVVNWK_141_0099-0123.pdf.
- THENIUS E (2007) „Lebende Fossilien“ im Organismenreich. Paläontologie und Molekularbiologie als wichtigste Grundlagen. Kataloge der oberösterreichischen Landesmuseen. Neue Serie 66, 75–96, https://www.zobodat.at/pdf/DENISIA_0020_0075-0096.pdf.
- THIES D (2005) A catshark (Neoselachii, Carcharhiniformes, Scyliorhinidae) from the Late Jurassic of Germany. *Paläontologische Zeitschrift* 79/3, 339–348, https://www.researchgate.net/publication/225406354_A_catshark_Neoselachii_Carcharhiniformes_Scyliorhinidae_from_the_Late_Jurassic_of_Germany.
- TINTORI A et al. (2015) Oldest stem Teleostei from the Late Ladinian (Middle Triassic) of Southern China. *Riv. Ital. Paleontol. Stratigr.* 121, doi:10.13130/2039-4942/6519.
- TUTIN SL & BUTLER RJ (2017) The completeness of the fossil record of plesiosaurs, marine reptiles from the Mesozoic. *Acta Paleontol. Pol.* 62, 563–573, https://doi.org/10.4202/app.00355.2017.
- ULLRICH H (2021) Fossilien widersprechen dem Biogenetischen Grundgesetz. *Stud. Integr. J.* 28, 110–113.
- UNDERWOOD CJ & WARD DJ (2004) Neoselachian sharks and rays from the British Bathonian (Middle Jurassic). *Palaeontology* 47, 447–510, doi: 10.1111/j.0031-0239.2004.00386.x.
- UNDERWOOD CJ & WARD DJ (2008) Sharks of the order Carcharhiniformes from the British Coniacian, Santonian and Campanian (Upper Cretaceous). *Palaeontology* 51, 509–536, https://doi.org/10.1111/j.1475-4983.2008.00757.x.
- UNDERWOOD CJ (2004) Barremian and Aptian (Cretaceous) sharks and rays from Speeton, Yorkshire, north-east England. *Proc. Yorkshire Geol. Soc.* 55, 107–118, https://core.ac.uk/download/pdf/7642.pdf.

- VAVREK M, MURRAY AM & BELL PR (2014) An early Late Cretaceous (Cenomanian) sturgeon (Acipenseriformes) from the Dunvegan Formation, northwestern Alberta, Canada. *Can. J. Earth Sci.* *51*, 677–681, doi: 10.1139/cjes-2014-0052.
- VILLALOBOS-SEGURA E et al. (2023) A Synoptic Review of the Cartilaginous Fishes (Chondrichthyes: Holocephali, Elasmobranchii) from the Upper Jurassic Konservat-Lagerstätten of Southern Germany: Taxonomy, Diversity, and Faunal Relationships. *Diversity* *15*, 1–70, doi: 10.3390/d15030386.
- VOJE KL, STARRFELT J & LIOW LH (2018) Model Adequacy and Microevolutionary Explanations for Stasis in the Fossil Record. *Am. Nat.* *191*, 509–523, doi: 10.1086/696265.
- WALTER RP et al. (2013) First record of living *Manta alfredi* × *Manta birostris* hybrid. *Mar. Biodiv.* *44*, 1–2, doi:10.1007/s12526-013-0183-2.
- WHALEN CD & BRIGGS DEG (2018) The Palaeozoic colonization of the water column and the rise of global nekton. *Proc. Royal Soc. B* *285*, 20180883, <https://doi.org/10.1098/rspb.2018.0883>.
- WILEY EO & SEWART JD (1981) *Urenchelys abditus*, New Species, the First Undoubted Eel (Teleostei: Anguilliformes) from the Cretaceous of North America. *J. Vertebr. Paleontol.* *1*, 43–47, <https://www.jstor.org/stable/4522834>.
- WOOD TC (2016) A list and bibliography of identified baramins. *Journal of Creation Theology and Science Series B: Life Sciences* *6*, 91–101, <https://www.coresci.org/jcts/index.php/jctsb/article/view/16>.
- WU F, CHANG M & JANVIER P (2021) A new look at the Cretaceous Lamprey *Mesomyzon* Chang, Zhang & Miao, 2006 from the Jehol Biota. *Geodiversitas* *43*, 1293–1307, doi: 10.5252/geodiversitas2021v43a23.
- WUERINGER BA, SQUIRE L & COLLIN SP (2009) The biology of extinct and extant sawfish (Batoidea: Sclerorhynchidae and Pristidae) *Rev. Fish Biol. Fisheries* *19*, 445–464, doi: 10.1007/s11160-009-9112-7.
- ZHANG & SHU (2021) Current understanding on the Cambrian Explosion: questions and answers. *PalZ* *95*, 641–660, <https://link.springer.com/content/pdf/10.1007/s12542-021-00568-5.pdf>.
- ZHANG JY & WILSON MVH (2017) First complete fossil *Scleropages* (Osteoglossomorpha). *Vert. PalAs.* *55*, 1–23, <https://www.researchgate.net/publication/313879117>.
- ZHAO W et al. (2021) The Silurian-Devonian boundary in East Yunnan (South China) and the minimum constraint for the lungfish-tetrapod split. *Sci. China Earth Sci.* *64*, 1784–1797, <https://doi.org/10.1007/s11430-020-9794-8>.
- ZHAO WJ & ZHU M (2010) Siluro-Devonian vertebrate biostratigraphy and biogeography of China. *Palaeoworld* *19*, 4–26, preprint, https://www.researchgate.net/publication/257364089_Siluro-Devonian Vertebrate Biostratigraphy_and_Biogeography_of_China.
- ZHU M & YU X (2002) A primitive fish close to the common ancestor of tetrapods and lungfish. *Nature* *418*, 767–770, doi:10.1038/nature00871.
- ZHU M et al. (2012) Earliest known coelacanth skull extends the range of anatomically modern coelacanths to the Early Devonian. *Nat. Commun.* *3*, 772, <https://doi.org/10.1038/ncomms1764>.
- ZHU Y et al. (2022) The oldest complete jawed vertebrates from the early Silurian of China. *Nature* *609*, 954–958, doi: 10.1038/s41586-022-05136-8.
- ZHURAVLEV AY & WOOD RA (2018) The two phases of the Cambrian Explosion. *Sci. Rep.* *8*, 16656, <https://doi.org/10.1038/s41598-018-34962-y>.
- ŽITĚT J et al. (2006) Late Cretaceous environments and communities as recorded at Chrtínky (Bohemian Cretaceous Basin, Czech Republic). *Bull. Geosci.* *81*, 43–79, doi: 10.3140/bull.geosci.2006.01.043.
- ZRZAVÝ J, STORCH D & MIHULKA S (2009) *Evolution. Ein Lese-Lehrbuch.* Hrsg. der deutschen Ausgabe: BURDA H & BEGALL S. Spektrum Akademischer Verlag Heidelberg.

Danksagung

Ich möchte Dr. Reinhard Junker und Michael Kotulla für viele fachliche Hinweise danken. Für Orthografiekorrekturen danke ich außerdem Gertrud Günther.

Anmerkungen

- 1 Evolutionsbiologen sehen i. d. R. Millionen radiometrische Jahre (MrJ) als reale Millionen Jahre an (was allerdings nicht validiert ist; vgl. KOTULLA 2023). Aus Lesbarkeitsgründen wird darauf aber nicht jedes Mal im Text hingewiesen.
- 2 ANDREEV et al. (2022a, 964) weisen auf noch ältere, aber unsichere fossile Spuren der Fische hin: „Zu den frühesten Überresten von Chondrichthyes [Knorpelfische] (Elasmobranchii [Plattenkiemer: Hai- und Rochenartige], Holocephali [Chimären: heute nur noch die Gruppe der Seekatzen] und ihre ‚Acanthodii‘-schen [= Stachelhai-] Vorfahren) gehören Körperfossilien aus dem späten Silur und frühen Devon, isolierte Zähne aus dem späten Silur und dem frühen Devon sowie, was noch wichtiger ist, isolierte Schuppen und Flossenstacheln aus dem Ordovizium und dem Silur. Die Konvergenz von schuppenbasierten Merkmalen und der Mangel an verfügbaren Daten haben die Zuordnung dieser fragmentarischen Exemplare zu Kieferwirbeltieren weiter erschwert. Ihre Einbeziehung in phylogenetische Analysen hat diese Unsicherheiten unterstrichen, indem sie zu Baumtopologien geführt hat, die mit der Zusammensetzung der Stamm*- und Kronengruppen* der Chondrichthyes, die anhand von artikulierten Fossilien ermittelt wurden, nicht vereinbar sind.“ Und MILLER et al. (2003, 501) berichten: „Knorpelfische [...] haben fossile Nachweise von Schuppen und Hautzähnen, die möglicherweise auf das späte Ordovizium vor etwa 455 Millionen Jahren zurückgehen.“ Außerdem schreiben sie (ebd.) von den bisher ältesten artikulierten Hai-Überresten namens *Pucapampella*, die auf ca. 394 MrJ datiert wurden (spätes Unterdevon), und stellen anschließend einen neuen artikulierten Hai-Fund mit Namen *Doliodous problematicus* mit dem Alter von 409 MrJ (mittleres Unterdevon) vor. Die Zahnstruktur sei vergleichbar mit der einiger Xenacanthiformes (ausgestorbene Gruppe der „Süßwasserhaie“) aus der Gruppe der Plattenkiemer (ebd., 502). Auf der Website des *American Natural History Museum* heißt es: „Er wird als der ‚am wenigsten haiförmige Hai‘ bezeichnet und entstand vermutlich aus einer Gruppe von Fischen, die als Acanthodii bzw. Stachelhaie bekannt sind.“ (DAVIS J: Shark evolution: a 450 million year timeline, aufgerufen am 21.11.2022, <https://www.nhm.ac.uk/discover/shark-evolution-a-450-million-year-timeline.html>) Auch MAISEY et al. (2017) sprechen von einer Mosaik-Struktur von *Doliodous* zwischen Stachelhaien und Formen mit haifischartigen Merkmalen.
- 3 Bisher galt *Shimenolepis* aus der Gruppe der Antiarchi* als ältester Panzerfisch, der ebenfalls aus dem unteren Silur (Telychian, ca. 438,5 bis 433 MrJ) stammt (vgl. JUNGQING 1991, 244; ZHAO & ZHU 2010, 6). Der bisher älteste Panzerfisch aus der Gruppe der Phyllolepidia stammt nach DUPRET & ZHU (2008, 257, 260, Fig. 11) aus dem unteren Devon (oberes Lochkovium, ca. 419 bis 410 MrJ); die ältesten Panzerfische der Wuttagoonaspida-Gruppe stammen aus dem mittleren Devon (Givetium, ca. 388–383 MrJ). FRICKINGER (1991, 118-127, 144) gibt folgende Panzerfische aus dem unteren Devon an: *Stensioella* (Stensioelliformes), *Gemuendia* (Rhenaniformes), *Lunaspis* (Petalichthyiformes) und *Pterichtyodes* (Arthrodiformes). Aus dem Oberdevon nennt er *Ctenurella* (Ptyctodontiformes) und *Phyllolepis* (Phyllolepidiformes).
- 4 Bilder der Fossilien finden sich unter „Figures“ auf der jeweiligen Website der Originalartikel.
- 5 <https://www.scinexx.de/news/biowissen/urzeitliches-fossil-aquarium-entdeckt/>
- 6 LONG et al. (2008, 650) berichten über einen interessanten Fund bei einem Panzerfisch aus der Gruppe der Ptyctodontida (bzw. Ptyctodontiformes) namens *Materpiscis attenboroughi*: Dieser Fisch enthielt im Uterus einen ziemlich großen Embryo und stellt damit den ältesten Fund eines lebendgebärenden Panzerfisches bereits vor ca. 380 MrJ (Oberdevon) dar. Ein anderes Ptyctodontida-Mitglied namens *Austroptyctodus gardineri* besitzt drei Embryonen in derselben Position. Bisher waren Fälle von lebendgebärenden (viviparen) Wirbeltieren in der Fossilüberlieferung „extrem selten“ (ebd.); der neue Fund verlegt die fossil nachgewiesene Viviparie ca. um 200 MrJ weiter in die Vergangenheit. Immerhin von Ichtyosauriern und Mosasauriern aus dem Erdmittelalter gibt es Belege (ebd.). Aus der unteren Kreide in Montana könnte ein Knorpelfisch der Holocephali (dazu gehören die Seekatzen) vivipar gewesen sein (ebd.). Auch wenn es die Autoren so klar nicht formulieren: Viviparie bei Säugetieren stellt ein weiteres Beispiel für parallele Evolution (Homoplasy) dar.
- 7 Die Position einzelner Panzerfische und Panzerfischgruppen ist beispielsweise in den verschiedenen cladistischen Analysen von ANDREEV et al. (2022a, Extended Data, Fig. 9), ANDREEV et al. (2022b, Extended Data, Fig. 6) und ZHU et al. (2022, Extended Data, Fig. 5) – in insgesamt 7 verschiedenen Cladogrammen – ziemlich ungeklärt.
- 8 SANSOM et al. (2015, 3) geben das ungefähre Alter folgender kieferloser Fische an: Osteostraci: 433 MrJ, Heterostraci: 433 MrJ, Galeaspida: 439 MrJ, und Theolodonti (evtl. polyphyletisch*): 458 MrJ. Auch die Gruppe der Panzerfische ist nicht älter als die ältesten hier beschriebenen Panzerfische (vgl. JUNGQING 1991, 244; ZHAO & ZHU 2010, 6; DUPRET & ZHU 2008, 257, 260, 268).
- 9 Ein Morphoraum ist ein (z. T. auch dreidimensionales) Koordinatensystem, bei dem für jede Achse der Wert des jeweiligen Merkmals eingetragen wird.
- 10 ANDREEV et al. (2016, Fig. 2) positionieren in einem Cladogramm die Shiqianolepididae und die Mongolepididae (Mongolepiden) als Schwestergruppe der Euchondrichthyes innerhalb der Gruppe der Knorpelfische; sie sind also mit den Euchondrichthyes (z. B. Elasmobranchii: Hai- und Rochenartige) noch näher verwandt als die Acanthodii.
- 11 „Fossile Vertreter der Kronengruppe der Knochenfische sind von der Periode des späten Silur vor 418 Millionen Jahren (Myr [MrJ]) bis heute bekannt. Im Gegensatz dazu sind die Stamm-Knorpelfische und Stamm-Knochenfische noch weitgehend unbekannt. Zwei ausgestorbene paläozoische Gruppen, die Acanthodii [Stachelhaie] und Placodermata [Panzerfische], könnten zu diesen Stammgruppen oder zur gemeinsamen Stammgruppe der Gnathostomier [Kiefermäuler] gehören, aber sowohl ihre Verwandtschaft als auch ihr monophyletischer Status sind umstritten. Hier berichten wir über eindeutige Beweise für Knochenfisch-Merkmale in Kieferknochen der spät-silurischen (423–416 Myr) Fische *Andreolepis hedei* und *Loiphosteus superbus*“ (BOTELLA et al. 2007, 583).
- 12 ANDREEV et al. (2022b, 969) schreiben: „Unsere Ergebnisse zeigen, dass diese Bedingungen in der Stammgruppe der Chondrichthyes [Knorpelfische] unabhängig voneinander erworben wurden, wodurch *Fanjingshania* zu einer wachsenden Zahl von Taxa hinzukommt, die innerhalb der konventionell definierten Acanthodii [Stachelhaie] eingeordnet werden.“
- 13 Treten verschiedene Merkmalsmosaik innerhalb erschaffener Grundtypen auf, weisen sie hingegen eher auf Plastizität (vorprogrammierte Anpassungsfähigkeit) hin (vgl. JUNKER 2016), was sich ebenfalls widerspruchsfreien Stammbaumrekonstruktionen widersetzt. Die Zuordnung (bzw. Benennung) von Grundtypen aufgrund von fossilen Merkmalsmosaiken ist aber schwierig zu bewerkstelligen (s. u.).
- 14 „Odontoden sind harte Strukturen aus Zahnbein und Blutgefäßkanälen, die an der Hautoberfläche oder in der Nähe von Körperöffnungen von diversen Tierarten zu finden sind.“ (<https://www.fischlexikon.eu/fischlexikon/glossar/glossar.php?id=105>, aufgerufen am 04.11.2022).

- 15 Für die Anaspida werden bei KEATING & DONOGHUE (2016, Fig. 1) vier völlig verschiedene Positionen unter den kieferlosen Fischen - von ganz basal - z. B. als Schwestergruppe der Neunaugen - bis ganz abgeleitet als Schwestergruppe der Panzerfische diskutiert. Die Autoren schreiben interessanterweise (ebd., 1): „Fossile kieferlose Fische [...] bieten einen unvergleichlichen Einblick über den Ursprung und die Entwicklung des Skeletts, die nur durch die Unsicherheit über die phylogenetische Position und die evolutionäre Bedeutung von Schlüsselgruppen gehindert werden.“ Ihre Ergebnisse (unter Parsimonie und Gleichbehandlung der Merkmale des *Dermalskeletts* - also nicht aller Merkmale) zeigen, „dass die Anaspiden monophyletisch sind und sich unter den Stamm-Gnathostomen befinden. Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass das Hautskelett der Anaspiden ein *degeneriertes* Derivat eines histologisch komplexeren Skeletts der Vorfahren der Wirbeltiere ist und nicht auf primitiver Einfachheit zurückgeht. Hypothesen, dass es sich bei den Anaspiden um die *Vorfahren* der skelettierenden Neunaugen oder um eine abgeleitete Linie von kieferlosen Wirbeltieren mit paarigen Flossen handelt, werden *zurückgewiesen*“ (ebd., 1, Hervorhebung hinzugefügt).
- 16 Die hier diskutierten Befunde liefern somit eine Bestätigung der Darstellung der frühen Chordatiere wie *Pikaia*, *Mylokunmingia* und *Haikouichthyes*, in *Evolution: Ein kritisches Lehrbuch*: „Allgemein stellt CARROLL (1993, S. 16) über die ältesten bekannten Wirbeltiere fest, dass sie sich voneinander so sehr unterscheiden, daß ihre verwandtschaftlichen Beziehungen nur schwer zu konstruieren sind. Jede dieser Gruppen besitzt ein Mosaik ursprünglicher und abgeleiteter Merkmale, aber keine nähert sich dem anatomischen Merkmalsmuster, das man für primitive Vorfahren der anderen Gruppen erwartet würde.“ Evolutionstheoretisch wird daher vermutet, dass Knochen mehrfach unabhängig in vielen verschiedenen Entwicklungslinien erworben wurden“ (JUNKER et al. 2013, 245). Interessanterweise schreiben ZRZAVÝ et al. (2009, 217f) auch, dass vermeintlich gemeinsame Merkmale der Wirbeltiere nicht gemeinsame Apomorphien der Wirbeltiere als ganze Gruppe darstellen, sondern nur Apomorphien verschiedener Wirbeltiergruppen, „die in vielen Fällen sogar mehrfach unabhängig voneinander entstanden.“ So fehlt auch Schleimaalen „ein Großteil der angeblichen Wirbeltierapomorphien (z. B. Wirbel, ein Hautskelett, unpaarige Flossen mit Strahlen, Linsenaugen) und sie haben nur zwei Bogengänge im Innenohr“ (ebd.); dies könnte bedeuten, dass es sich um eine sekundäre Reduktion oder um einen ursprünglichen Zustand handelt (vgl. auch Anhang 6). Die dritte Option, dass sie unabhängig erschaffen wurden, wird aus evolutionärer Perspektive natürlich nicht diskutiert. Für ZRZAVÝ et al. (2009, 217f) bleiben daher folgende gemeinsame Merkmale aller Wirbeltiere übrig: „ein komplizierter Kiemenapparat [gilt nur für Fische und Amphibien], ein dreiteiliges Gehirn in einem einfachen gebauten Schädel, paarige Augen, Hör- und vielleicht auch Riechorgane, paarige Nieren und ein endokrines Drüsensystem.“
- 17 Bei MIYASHITA et al. (2019, Tab. S3) wird deutlich, dass unter den Wirbeltieren selbst innerhalb der aus evolutionärer Perspektive herausgepickten und vermeintlich definierenden Merkmale einer Gruppe (Synapomorphien = gemeinsam abgeleitete Merkmale) eine Reihe unpassender bzw. unsystematischer Merkmale bei den einzelnen Gruppen auftreten. ZRZAVÝ et al. (2009, 215) erklären solche Befunde folgendermaßen: „Ein Bauplan charakterisiert den gemeinsamen Vorfahren dieses Taxons, muss aber, insbesondere bei höheren Taxa, den jeweiligen rezenten [heutigen] Arten nicht gleichen.“ Hierbei handelt es sich aber wieder um eine *ad-hoc-Hypothese* (d. h. eine Hilfs-Hypothese ohne direkte Belege zur Rettung des Kerns einer Theorie; vgl. STEPHAN 2015, 245), die nur innerhalb des evolutionären Paradigmas eine Erklärungskraft besitzt. Näher an den empirischen Daten ist man hingegen dann, wenn man gemeinsame tatsächlich vorhandene Merkmale zur Bestimmung von Systematiken bzw. Verwandtschaften verwendet und nicht solche, die nur bei vermeintlichen Vorfahren einmal vorhanden waren. RUST (2011, 11; zitiert bei KOTULLA 2020, 4f) schreibt in seiner Monographie *Fossilien*

– *Meilensteine der Evolution* zur Deutung der Fossilüberlieferung Folgendes: „Ohne evolutionäres Denken und eine zugrunde liegende Theorie der Evolution bleiben die Fossilien lediglich interessante und für die Altersbestimmung nützliche Überreste von Organismen vergangener Zeiten. Eine ‚Geschichte des Lebens‘ erzählen sie ohne die Einsicht, dass der beobachtbare Wandel auf Evolution beruht, indes nicht.“

- 18 Die Stachelhaie erscheinen zudem schnell in großer Vielfalt. Anhang 1 Tab. 1 zeigt nämlich nur eine kleine Auswahl der Vielfalt unter den frühen Fischen. So sind die Acanthodii (Stachelhaie) im Silur im Zeitraum von ca. 439–419 MrJ mit mindestens 30 Gattungen belegt. Im frühen Devon (419–393,3 MrJ) sind es immerhin mindestens 65 Gattungen (vgl. https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=List_of_acanthodian_genera&oldid=1101849015, aufgerufen am 17.11.2022). *PaleobioDB* führt immerhin 18 bzw. 23 Gattungen im letztgenannten Zeitraum namentlich auf (vgl. <https://paleobioodb.org/classic/displayDownloadGenerator>, „Acanthodii“, „accepted taxa only“, „age range overall“; aufgerufen am 16.12.22).
- 19 So schreibt STEPHAN (2015, 127): „Tatsächlich existiert aber eine [fossil] geordnete Abfolge [...], die bei *grober* Betrachtung recht gut mit Makroevolution erklärt werden kann, wenn man von der Problematik des plötzlichen Erscheinens ganzer Lebewesengruppen und weitgehend fehlenden passenden Übergangsformen zwischen den Hauptgruppen der Lebewesen absieht.“
- 20 Fossiles Auftreten nach SANSOM et al. (2015, 3) ungefähr: Osteostraci: 433 MrJ, Heterostraci: 433 MrJ, Galeaspida: 439 MrJ, und Thelodonti (evtl. polyphyletisch): 458 MrJ.
- 21 In der Fachliteratur findet sich der Begriff „Devonische Nekton-Revolution“, womit neben den vielen Fischgruppen auch andere schwimmende Meeresbewohner wie z. B. Ammoniten gemeint sind, die sich schnell in verschiedene Gruppen aufgespalten haben sollen. Unter Wissenschaftlern ist es heute allerdings umstritten, ob es tatsächlich eine „Devonian Nekton Revolution“, also ein großes Radiations-Event der Artaufspaltung, gab. KLUG et al. (2010; vgl. BECHLY 2023) sprechen sich dafür aus, WHALEN & BRIGGS (2018) dagegen. Der Streit beschäftigt sich allerdings mehr mit der Frage nach der Fortbewegungsart der fossilen Arten statt mit ihren phylogenetischen Positionen und ist daher nicht ganz der treffende Begriff für das, was hier als „evolutionärer Schnellstart“ der Fische bezeichnet wird. Eine gewisse Ähnlichkeit findet sich auch bei der Bezeichnung des Devons als „Zeitalter der Fische“, wobei dieser Begriff wohl vor allem auf die *Häufigkeit* der Fische unter den Wirbeltierfossilien abzielt (vgl. PODBREGAR 2022; KUTSCHERA & ELLIOTT 2013).
- 22 *Pipiscius*, Anaspida, Schleimaale, Neunaugen, Osteostraci, Heterostraci, Galeaspida, Pituriaspida, verschiedene Panzerfischgruppen (vgl. z. B. DUPRET & ZHU 2008; ZHU et al. 2022; ANDREEV et al. 2022b), Stachelhaie, Knorpelfische sowie die Knochenfische Fleischflosser (in Form von Quastenflossern sowie Lungenfischen) und Strahlenflosser erscheinen innerhalb von „nur“ ca. 20 MrJ in der Fossilüberlieferung (im Silur bis Oberdevon).
- 23 Der Paläontologe Günter BECHLY (2022a) schreibt über das Thema Artentstehung und Zeitfenster in der Fossilüberlieferung: „Unter den 350.000 beschriebenen fossilen Arten können wir zahlreiche abrupte Ursprünge neuer Körperformen innerhalb eines Zeitfensters von 5–10 Millionen Jahren feststellen. Unter den schätzungsweise 8,7 Millionen rezenten [lebenden] Arten finden wir keine derartigen Unterschiede im Körperbau bei Artenpaaren, die sich nach Untersuchungen der molekularen Uhr in einem ähnlichen Zeitrahmen entwickelt haben. Dies widerspricht den Erwartungen aus einer darwinistischen Perspektive.“
- 24 „In den letzten Jahrzehnten haben sich für Erklärungen komplexer biologischer Veränderungen im Rahmen der Modernen Evolutionären Synthese erhebliche Wartezeiten ergeben“ (LEMASTER 2018, 1). Vgl. z. B. SANFORD et al. (2015) in Bezug auf die menschliche Evolution. Ihre Ergebnisse fassen SANFORD et al. (2015, 1) so zusammen: „Biologisch realistische numerische Simulationen ergaben, dass eine

- solche Population unverhältnismäßig lange Wartezeiten benötigte, um selbst die kürzesten Nukleotidstränge zu etablieren. Der Aufbau eines Strangs von zwei Nukleotiden dauerte im Durchschnitt 84 Millionen Jahre. Der Aufbau eines Strangs mit fünf Nukleotiden dauerte im Durchschnitt 2 Milliarden Jahre. Wir stellten fest, dass die Wartezeiten durch höhere Mutationsraten, stärkere Fitnessvorteile und größere Populationsgrößen verkürzt wurden. Doch selbst mit den großzügigsten Parametern war die Wartezeit, die für die Etablierung eines bestimmten Nukleotidstrangs innerhalb dieser Art von Population erforderlich war, durchweg prohibitiv [für Makroevolution].“ Schließlich schlussfolgern sie (ebd.): „Wir zeigen, dass das Problem der Wartezeit eine erhebliche Einschränkung für die Makroevolution der klassischen Homininenpopulation darstellt. Die routinemäßige Etablierung spezifischer vorteilhafter Stränge von zwei oder mehr Nukleotiden wird sehr problematisch.“ BECHLY (z. B. 2022b, 2023) bespricht dieses Problem in Bezug auf die fossile Evolution der Wale und der Federn; es ist aber auch auf andere große Evolutionsschritte mit komplett neuen Körperbauplänen auf höherer systematischer Ebene übertragbar. Zur Mathematischen Modellierung: s. HÖSSJER et al. (2021).
- 25 Vgl. NELSON et al. (2016, 1+14); JANVIER (2008, Fig. 1: A–G); QU et al. (2013, Fig. 1: H); MIYASHITA et al. (2019, Fig. S6–8A: I) sowie KEATING & DONOGHUE (2016, Fig. 5–6: J).
- 26 Eine Liste mit dem fossilen Auftauchen und Verschwinden von über 1300 Fischarten findet sich z. B. bei SEPKOSKI (2002) – auch hier ließen sich – ebenso wie für viele fossile Lebewesen in der Datenbank *PaleobioDB* – durch eine aufwendige Analyse viele weitere Überlieferungslücken im Umfang von vielen MrJ nachweisen.
- 27 CHANG et al. (2014) schreiben, dass „die Fossilienaufzeichnungen gezeigt haben, dass viele allgemeine Merkmale der heutigen erwachsenen Neunaugen bereits im späten Devon (ca. 360 Mio. Jahre) ausgebildet waren“ (s. auch Anhang 6). Sie führen aus, dass metamorphosierende Larven des fossilen Neunauges *Mesomyzon mengae* aus der Unterkreide [ca. 125 MrJ] in China „überraschend modern aussehen und zeigen, dass sich der dreistufige Lebenszyklus in seiner heutigen Form spätestens in der frühen Kreidezeit entwickelt hat“. Und WU et al. (2021, 1294) ergänzen: „Es zeigt nicht nur ein ziemlich modernes Aussehen in der äußeren Morphologie, sondern auch einen dreistufigen Lebenszyklus (Larve, Metamorphose und Erwachsener), der durch ein Stadium der radikalen Metamorphose unterbrochen wird.“ Trotz einer Reihe Ähnlichkeiten mit heutigen und auch fossilen Neunaugen sowie einigen einzigartigen Merkmalen geben die Autoren aber keine Familie, sondern nur die Ordnung der Neunaugen (Petromyzontiformes) als Zuordnung an.
- 28 Man könnte die Ediacara-Faunen-/Floren auch so interpretieren, dass sie spezielle, isolierte, Lebens- bzw. Ablagerungsräume repräsentieren und gar kein genetischer oder chronologischer Zusammenhang mit den kambrischen Ablagerungsräumen bestehen muss.
- 29 ZRZAVÝ et al. (2009, 216–219) versuchen zwar gegen die Entstehung grundsätzlich verschiedener Baupläne bei Tierstämmen im Kambrium zu argumentieren, bleiben aber in ihrer Argumentation bis auf wenige Beispiele (z. B. ein paar Arthropoden-Apomorphien) ziemlich pauschal. Schließlich geben sie aber indirekt doch zu (ebd., 219): „„Baupläne“ entstehen offenbar, weil wir die „Übergangsglieder“ nicht kennen oder nicht zur Kenntnis nehmen.“
- 30 Vgl. zu dieser kontroversen Thematik: STEPHAN 2015, z. B. 14f, 125f, 128, 187, 194, 198f, 201–203, 215ff, 222ff, 244.
- 31 Nach einer eigenen Analyse von *PaleobioDB* (siehe Anhang 3 Tab. 1) sind fossil 9.000 lebende (6 %) und 143.343 ausgestorbene Arten bekannt (also ca. 40 % der geschätzten 350.000 fossil bekannten Arten; s. Anhang 3). Außerdem wurden 3.493 noch lebende Familien (38 %) und 5.807 ausgestorbene Familien beschrieben. Die heute noch lebenden Familien treten im Schnitt vor 103 bis 111 MrJ fossil in Erscheinung. Beispiele der Anteile heute noch lebender Familien unter den fossilen Familien: Säuger: 33 %, Vögel: 65 %, Reptilien: 38 %, Amphibien: 37 %, Strahlenflosser: 64 %, Knorpelfische: 43 %,

Stachelhäuter: 23 %, Gliedertiere: 43 %, Weichtiere: 32 % und Pflanzen: 81 % (FRICKHINGER [1991, 37] gibt an, dass es ca. 720 Fisch-Familien gibt, von denen 263 nur fossil, 233 nur heute lebend und 224 sowohl fossil als auch lebend vorkommen). Von den jeweiligen Ordnungen (57 %) sind in der Fossilüberlieferung 731 Ordnungen noch lebend und 553 ausgestorben. Die heutigen Ordnungen sind fossil im Schnitt seit ca. 209 bis 220 MrJ nachweisbar. Unter den Klassen sind 125 lebende (63 %) und 73 ausgestorbene Klassen zu finden; die fossil im Schnitt vor 397 bis 420 MrJ in Erscheinung getreten sind. Von den Stämmen sind 63 lebend (79 %) und 17 ausgestorben; diese existieren im Schnitt fossil seit 417 bis 452 MrJ. Betrachtet man die Anzahl an pro Jahr neu beschriebenen fossilen Familien, so fällt zudem auf, dass seit den 1950er-Jahren die Anzahl der pro Jahr neu entdeckten Familien bei ca. 50 Familien stagniert und seit den 1990ern abfallend ist (unter 40 neu entdeckte fossile Familien / Jahr). Dies scheint für eine eintretende Sättigung bei noch zu entdeckten fossilen Familien zu sprechen. Ergebnisse einer digitalen Suche der Einträge der *PaleobioDB* unter den Einstellungen: Taxa / accepted taxa only / tsv / 4000–0 Mya / attribution. Daten analysiert nach: <https://paleobiodb.org/classic?a=displayDownloadGenerator>, aufgerufen am 16.12.2022.

- 32 Andererseits sind über 100 MrJ aus evolutionärer Perspektive dennoch eine relativ lange Zeit, bedenkt man, dass sich vermeintlich in deutlich weniger Zeit spitzmausähnliche Vorfahren zu Menschen entwickelt haben sollen. Andersherum gesagt, treten heutige Familien im Durchschnitt immerhin zu ca. einem Fünftel der Fossilüberlieferung seit dem Kambrium auf.
- 33 Im Jahr 1993 waren im deutschsprachigen Raum nur 14 Grundtypen bearbeitet worden (SCHERER 1993, 11). Diese Forschung der Grundtypenbiologie ist zeitaufwändig und komplex (vgl. SCHERER 1993; SCHERER & JUNKER 2013, 28–38; JUNKER 2013, 312–326), hat aber in den letzten Jahren doch einige Fortschritte gemacht: z. B. bezüglich der Mittagsblumengewächse (Ruschieae) (KUTZELNIGG 2009), der Papageien (LANDGREN et al. 2011), der Seeohren (CROMPTON 2018), der Buntbarsche der ostafrikanischen Seen (vgl. CROMPTON 2019, 26), der Paradiesvögel (CROMPTON 2020), der Silberschwerter von Hawaii (CROMPTON 2021), der Darwinfinken auf den Galapagos-Inseln (BORGER 2022, vgl. CROMPTON 2019, 25) sowie der Menschen (u. a. BRANDT 2023; SCHOLL 2022a). Einen Überblick von den – sich zum Teil aufgrund ganz verschiedener Ansätze stark widersprechenden – Studien über ca. 140 verschiedene Grundtypen (engl. „basic types“ oder „baramin“) findet man bei WOOD (2016). Eine umfassende Datensammlung über Grundtypen von KUTZELNIGG findet sich zurzeit in der Vorbereitungsphase.
- 34 Laut den Evolutionsbiologen BARKER et al. (2019, 1) sind bisher nur 111 Hybriden unter Meeresfischen dokumentiert (unter insgesamt 176 Spezies – von ca. 20.000 marinen Fischarten insgesamt; vgl. MONTANARI et al. 2016 für die betreffenden Fisch-Gruppen). Neben ihrem eigenen molekulargenetischen Nachweis der Hybridisation (Kreuzbarkeit) von Bogenstirn- und Carolina-Hammerhai geben BARKER et al. (2019,) nur fünf weitere molekulargenetische Arbeiten über Hybride (Mischlinge) unter Knorpelfischen an: Australischer und Kleiner Schwarzspitzenhai (MORGAN et al. 2011), Riff- und Riesenmanta (WALTER et al. 2013), Pfauenaugenstechrochen und „Großer Flusstachelrochen“ (CRUZ et al. 2014), zwei Fiddler-Rochenarten (DONNELLAN et al. 2015) sowie Grauer Glatthai und Schwarzpunkt-Glatthai (MARINO et al. 2015).
- 35 Das Grundtypmodell ist somit in der Fossilüberlieferung meist nicht direkt überprüfbar. Als indirekter Hinweis kann aber das Fehlen des gegenteiligen evolutionären Befundes – nämlich der Auffindbarkeit von zahlreichen Übergangsformen mit den erwarteten Merkmalen und geologischen Altern – gewertet werden.
- 36 CREMO & THOMPSON (2017, z. B. 25, 33) sprechen sogar von paradigmatisch begründeten „Wissensfiltern“, die bei der Frage eine Rolle spielen, welche Fossilien genauer untersucht und dann weiterhin bekannt gemacht werden und welche nicht.

- 37 Fig. S9 in MIYASHITA et al. (2019) zeigt beispielsweise anhand der Länge der Äste im kalibrierten Cladogramm große Lücken von ein- bis dreistelligen MrJ zwischen dem fossilen Auftreten und dem theoretisch evolutionär errechneten Entstehen von hier besprochenen Gruppen.
- 38 Im Süßwasser verschwinden nach ROMANO et al. (2016, Fig. 8) die Fossilien der Actinistia (zu denen die Ordnung der Quastenflosser gehört) von ca. 285 MrJ bis 248 MrJ und die der Holostei (Knochenschmelzschuppe z. B. der Kahlhecht) verschwinden von 271 bis 248 MrJ- und sind dann einige Millionen Jahre sehr selten. In der Fossilüberlieferung insgesamt verschwinden die Holostei von ca. 271 bis 262 MrJ sogar komplett von der Bildfläche. In marinen Sedimenten im Besonderen treten die Holostei überhaupt erst in den letzten 252 MrJ auf.
- 39 Man dachte früher, dass moderne Strahlenflosser erst im mittleren Devon (ca. 385 MrJ) entstanden seien, wobei Flösselhechte die älteste lebende Linie der Strahlenflosser sein sollen (GILES et al. 2017). „Die ältesten [zuvor anerkannten] Polypteriden [Flösselhechte] stammen aus der mittleren Kreide und sind damit mindestens 285 Myr [Mio. Jahre] jünger als der vorhergesagte Ursprung des Stammbaums. Sie unterscheiden sich kaum von den modernen Arten, die aus dem Miozän (ca. 20 Myr) stammen“ (ebd.).
- 40 BENTON (2009, 119f) beschäftigt sich mit dieser Thematik und argumentiert, dass aber der „grobe“ fossile und molekulargenetische Befund (S. 121) weiterhin zu evolutionsbiologischen Vorstellungen passt und sich seit DARWIN bis auf eine weitere Verschiebung in frühere Zeiten in der Fossilüberlieferung insgesamt wenig geändert habe – außer einem großen Wissensgewinn über die frühesten Lebensformen und die frühen Menschen. Allerdings stellen der hier vorgestellte „obersilur-unterdevonische Schnellstart der Fische“ sowie andere „Explosionen“ des Lebens wie die kambrische bezüglich der meisten frühen heute bekannten Tierstämme die Frage, wie grob man denn eigentlich auf den Fossilbefund schauen muss, um noch eine schrittweise Makroevolution zu sehen. Ganz zu schweigen davon, dass die frühe Evolution des Menschen – oder gar der Menschenaffen an sich – keineswegs belegt ist (vgl. BRANDT 2023; SCHOLL 2022a; 2022b). Nichtsdestotrotz sind entsprechende Meldungen zum „Umschreiben der Evolutionsgeschichte“ natürlich teilweise übertrieben (vgl. SCHOLL 2022b). BENTON (2009, 199) verweist des Weiteren auf viele neugefundene fossile frühe Vögel als evolutionär erwartbare Übergangsformen statt als „große Überraschungen“. Doch hat JUNKER (2017b; 2019) aufgezeigt, dass weder die Fossilüberlieferung der Theropoden (Raubosaurier) und der frühen Vögel noch die Entstehung von Vogelfeder und -flug im Detail problemlos evolutionäre Erwartungen widerspiegeln.
- 41 „If numerous species, belonging to the same genera or families, have really started into life at once, the fact would be fatal to the theory of evolution through natural selection“ (DARWIN 1872, 432; nach KOTULLA 2020, 3).
- 42 So zum Beispiel bei den Otophysi: Die ältesten Fossilien stammen aus der Unterkreide (Albium, 113–101 MrJ), während molekulare Analysen für einen Ursprung in Perm/Trias sprechen, was 150–200 MrJ fossiler Überlieferungslücke entspricht (CHEN et al. 2013, 2219).
- 43 Ein Beispiel für eine solche Geisterlinie sind die schädellosten Lanzettfischchen, deren letzten gemeinsamen Vorfahren mit den Wirbeltieren vermeintlich vor 550 MrJ gelebt haben sollen (PUTNAM et al. 2008); allerdings existieren nach FRICKHINGER (1991, 19) für Lanzettfischchen keine fossilen Belege (so auch *PaleobioDB*, aufgerufen am 08.08.2024).
- 44 Eine Ausnahme stellen Modelle dar, welche von immer wieder auftretenden Schöpfungsereignissen bzw. -eingriffen ausgehen – diese sind aus christlicher Sicht aber exegetisch anhand biblischer Texte bisher nicht ausreichend begründet worden (vgl. JUNKER 2017a; STEPHAN 2015, 21–37; s. auch Anhang 3).
- 45 <https://www.catalogueoflife.org/data/taxon/8X6G5>, aufgerufen am 22.03.2023.

- 46 Nach *fossilworks* (http://www.fossilworks.org/cgi-bin/bridge.pl?a=taxonInfo&taxon_no=124932, aufgerufen am 18.03.2023) soll es noch ältere Heterodontidae aus dem Karbon (ca. 318 MrJ) geben (z. B. *Centrodus striatulus*: ≥ 299 MrJ; Fundort: „Common in the bituminous carboniferous shale of Carlisle, Lanarkshire“ nach MCCOY 1855, 611).
- 47 HENRY (1875, 406) gibt die Gattung „Spinax?“ als Fund in der unteren Lias an (Lias meint hier wohl Unterjura 201–174 MrJ).
- 48 NELSON et al. (2016, 75) sehen in Centrophoridae aus der frühen Oberkreide (≤ 101 MrJ) eine eigene Familie. FRICKHINGER (1991, 191f) gibt *Protospinax* als Squalidae an, aber NELSON et al. (2016, 78) stellen diese ausgestorbene Gattung in die eigene Ordnung namens *Protospinaciformes*.
- 49 <https://www.catalogueoflife.org/data/taxon/8VR36>, aufgerufen am 22.02.2023.
- 50 ALROY (ebd.) geht davon aus, dass ca. 24–31 % der aktuell benannten fossilen nordamerikanischen Säugetierarten nicht valide sind – sonst wäre die Zahl noch höher.
- 51 BECHLY (2022a) schreibt: „Unter den 350.000 beschriebenen fossilen Arten können wir zahlreiche abrupte Ursprünge neuer Körperformen innerhalb eines Zeitfensters von 5–10 Millionen Jahren feststellen. Unter den schätzungsweise 8,7 Millionen rezenten [lebenden] Arten finden wir keine derartigen Unterschiede im Körperbau bei Artenpaaren, die sich nach Untersuchungen der molekularen Uhr in einem ähnlichen Zeitrahmen entwickelt haben. Dies widerspricht den Erwartungen aus einer darwinistischen Perspektive.“
- 52 Auch bei anderen Gruppen finden sich häufig evolutionär postulierte Geisterlinien im Bereich von meist ein bis zwei Dutzend MrJ. Vgl. z. B. die Archosaurier bei BENTON et al. (2011, Fig. 8). BENTON et al. (2011, 83) schreiben zudem: „Der Fossilnachweis mesozoischer Vögel enthält sicherlich sehr viele Geisterbereiche (55 Geisterbereiche auf [stratigrafischer] Stufenebene und nur 29 Aufzeichnungen auf Stufenebene)“.
- 53 Ein Beispiel: BINDER (2018) hat auf der Grundlage einer Studie mit heutigen Gliederfüßern darauf hingewiesen, dass im Fall von Bernstein die direkt in der Nähe lebenden Gliederfüßer (v. a. Insekten und Spinnen) eine gute Chance zur Fossilisation in Bernstein haben. Allerdings scheint sich nicht die komplette Artvielfalt des Ökosystems im Bernstein zu erhalten. Vgl. detaillierter zum Erhalt von Insekten in Sediment- und Bernsteineinschlüssen: SULING (2021).
- 54 „So wurden vollendet der Himmel und die Erde und all ihr Heer. Und Gott hatte am siebten Tag sein Werk vollendet, das er gemacht hatte“ (Genesis 2,1f); und: „Denn in sechs Tagen hat der HERR den Himmel und die Erde gemacht, das Meer und alles, was in ihnen ist, und er ruhte am siebten Tag“ (Exodus 20,11; je Elberfelder CSV Übersetzung).
- 55 An dieser Stelle wird auf eine Diskussion zu der Fragestellung, ob Grundtypen auch innerhalb oder gar vor der Schöpfungswoche schon hätten aussterben können, sowie auf die Frage der Dauer der Schöpfungswoche verzichtet, sondern es wird vom Tod der Tierwelt nach dem Sündenfall (Genesis 3) ausgegangen. Vgl. dazu z. B. STEPHAN (2015, 21–37) sowie ausführlich JUNKER (2017).
- 56 Der Anteil der fossil anzunehmenden Lücken aus Schöpfungsperspektive könnte drastisch verringert werden, wenn in einem Sintflutmodell überzeugend gezeigt werden könnte, dass verschiedene geologische Schichten verschiedenen Lebensräumen entsprechen. Grundtypen würde man fossil dann frühestens mit dem erstmaligen Auftreten der geologischen Schichten ihres Lebensraums erwarten und nicht schon davor.
- 57 Im Gegensatz zur Evolutionsbiologie wird der Begriff hier lediglich auf den Befund bezogen, dass heute noch lebende Taxa als solche (was natürlich bei Fossilien gewisse Subjektivität mit sich bringt) wie z. B. Familien bereits seit langer Zeit in der Fossilüberlieferung vertreten sind. Evolutionäre Stellungen oder seltenes, relikartiges Vorkommen als rein evolutionär motivierte Kriterien zur Bestimmung

- „lebender Fossilien“ wird hier nicht miteinbezogen (vgl. KLEESATTEL 2001, 18; LIDGARD & LOVE 2018, 6f).
- 58 Natürlich hat diese Analysen gewichtige Grenzen: Erstens sind auch in der *PaleobioDB* Fehler enthalten, obwohl diese Datenbank überprüft und auch mit unzähligen Quellenangaben versehen wird. Und zweites kann natürlich sowohl die Zuordnung einer Gruppe mit einer systematischen Ebene als auch die korrekte Artzuschreibung einer fossilen Art unzutreffend gewählt werden (vgl. SCHOLL 2022b in Bezug auf Miozäne Menschenaffen und Homininen).
- 59 Allerdings ergibt Anhang 1 Tab. 2, dass die Vögel prozentual bisher noch relativ wenig ausgestorbene fossile Familien in der Fossilüberlieferung aufweisen – dies könnte eventuell mit schlechteren Fossilisationsumständen bei Vögeln (fragile Knochen) zu tun haben.
- 60 Es wurde nur nach akzeptierten Taxa gesucht: <https://www.catalogueoflife.org/data>, aufgerufen am 23.12.2022.
- 61 Geht man von ca. 350.000 bekannten fossilen Arten aus und berücksichtigt man, dass nach Anhang 3 Tab. 1 nur ca. 5,91 % der fossilen Arten in *PaleobioDB* heute noch lebende Arten sind, ergibt dies rechnerisch 21.685 heute bekannte Arten, die auch fossil bekannt sind. Dies sind nur 1,1 % von 1.884.252 heute lebenden Arten und in *Catalogue of Life* verzeichneten Arten. Die restlichen ca. 98,9 % heute lebender Arten sind also fossil nicht in *PaleobioDB* verzeichnet bzw. unbekannt. Aus Grundtypperspektive ist dies (im Gegensatz zu fehlenden mittleren Systematischen Ebenen in der Fossilüberlieferung) aber nicht problematisch, da Grundtypen durch MENDELSche Artbildung bzw. Transposon-Aktivität sehr schnell neue Arten hervorbringen können (vgl. z. B. CROMPTON 2019, z.B. S. 3, 10, 18; sowie CROMPTON 2021; BORGER 2022).
- 62 Das bedeutet, dass *PaleobioDB* in Bezug auf fossile Arten deutlich umfangreicher ist als *Catalogue of Life*.
- 63 Insgesamt (lebend und fossil) sind 9.355 Familien der Animalia sowie 1.084 Familien der Plantae erfasst – diese können oft Makrofossilien bilden. Dazu kommen noch Familien, die z. T. Mikrofossilien bilden könnten: 870 Familien der Fungi, 1.097 Familien der Chromista (spezielle Gruppe von Eukaryota mit Plastiden-Ähnlichkeiten; z. B. Pantoffeltierchen), 223 Familien der Protozoa, 297 Familien der Bacteria, 27 Familien der Archaea. Des Weiteren 163 bzw. 166 Familien Viren (bezogen auf die 10 Kingdoms bzw. 6 Realms der Viren). (*Catalogue of Life*, aufgerufen am 23.12.2022).
- 64 Dann sind immerhin grob 40 % der ca. 350.000 bekannten fossilen Arten in *PaleobioDB* verzeichnet, aber auf Familienebene sind dem Verfasser keine diesbezüglichen Angaben bekannt.
- 65 Damit meinen sie aber nicht, dass unter ca. 350.000 heute bekannten fossilen Arten 1 % der ca. 1,8 Mio. heute bekannten Arten auftauchen, sondern sie gehen von ca. 100 bis 500 Mio. Arten aus, von denen 99 % bis heute ausgestorben sein sollen.

- 66 Im Grundtypenmodell ist eine solche lückenlose Kette auf Artniveau nicht notwendig, da durch MENDELSche Artbildungsprozesse aus Grundtypen aufgrund präexistenter genetischer Programme innerhalb kürzester Zeit durch Rekombination ganz verschiedene Arten entstehen können (vgl. z. B. CROMPTON 2019, z.B. S. 3, 10, 18; sowie CROMPTON 2021; BORGER 2022). Diese besitzen dann jeweils Merkmalsmosaiken der ursprünglich erschaffenen Grundtypen, ohne dass eine entsprechend gigantische Zahl an Übergangsformen zwischen ihnen existiert haben muss. Daher ist auf evolutionärer Ebene am ehesten das Artniveau entscheidend, während Grundtypenmodelle auf mittlerer systematischer Ebene arbeiten.
- 67 Es sei noch angemerkt, dass das Fehlen heutiger Taxa in der Fossilüberlieferung (egal, ob schon entdeckt oder nicht) beide Perspektiven betrifft – allerdings auf unterschiedlichen taxonomischen Ebenen (unterste systematische Einheit der Art vs. taxonomische Entsprechung der Grundtypen; s. die vorherige Fußnote).
- 68 Der Ansatz von diskontinuierlicher Schöpfung in unterschiedlichen Episoden bzw. Epochen (bzw. von Theistischer Evolution in Evolutionsschüben) wird hier nicht in der Tiefe diskutiert. Bequemerweise könnte man in diesen Perspektiven natürlich sagen, dass man den Fossilbericht als Tatsachenbericht so akzeptiert, wie er aktuell ist: Lebewesen kamen eben erst ungefähr dann in Existenz, als sie auch in der Fossilüberlieferung auftauchten (bzw. kurz davor). Dieser Ansatz muss sich aber die Kritik gefallen lassen, dass sich erstens das fossile Auftauchen vieler Taxa ständig ändert – das aktuelle Wissen entspricht also nicht eins zu eins der Realität der Vergangenheit. Und zweitens ist der Fossilbericht definitiv unvollständig (wenn auch vielleicht nicht in dem Maße, wie Evolutionsbiologen annehmen), wie das häufige Phänomen der *Lazarus-Taxa* und *Geisterlinien* (z. B. Anhang 4) zeigt. Weiterhin müsste man in diesem Ansatz erklären, ob tatsächlich nur ein Drittel der heutigen Familien bzw. nur ca. 1 % der heutigen Arten überhaupt fossil auftaucht (dann fehlen ja zwei Drittel der Familien und über 99 % der Arten in der gesamten geologischen Zeitskala), oder ob das ein Verzerrungsproblem aufgrund der Daten von *PaleobioDB* und *Catalogue of Life* ist.
- 69 Ergebnisse einer Suche der Einträge der *PaleobioDB* unter den Einstellungen „Taxa“, „csv“, „Simple form“, „accepted names only“, „attribution“ innerhalb der letzten 600 MrJ. Daten analysiert nach: <https://paleobiodb.org/classic?a=displayDownloadGenerator>, aufgerufen am 09.12.2022. Eine feingliedrigere Form dieser Kurven findet sich in Anhang 1 Abb. 5 mit dem Datensatz vom 16.12.2022.
- 70 Diese Theorie geht auf Georges CUVIER (1769–1832) zurück.
- 71 Vgl. LINDEMANN W (2010) Täuschen Verwesungsstadien evolutionäre Abfolgen vor? *Genesisnet News* vom 17.03.2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n144.php.