

der Lebewesen bewirken und deren Neubildung oft evolutiv durch natürliche Selektion verursacht wird. Die folgende Feststellung aber lässt aufhorchen: Wie viele genetische Veränderungen zur Artbildung erforderlich sind, ist weitgehend unbekannt! Die Autoren führen verschiedene, von den Fachleuten diskutierte theoretische Modelle an. Wenn beispielsweise keine geographische Isolation im Spiel ist, erfolgt Artneubildung durch eine kleine Anzahl von Genen, was dem ausgleichenden Effekt durch den Genfluss (Vermischung) entgegenwirkt. Untersuchungen an Insekten und Pflanzen haben aber gezeigt, dass genetische Veränderungen in nur wenigen Bereichen des Genoms oft mit bestimmten Erscheinungsformen (Phänotyp) im Zusammenhang stehen und z. B. bei Schmetterlingen nur zu verschiedenen Morphphen (Flügelmuster-Variationen), nicht aber zu neuen Arten führen. NOSIL et al. führen auch die Buntbarsche (Cichlidae) an, in denen wenige Genbereiche die unterschiedlichen Farbmuster bestimmen. Aber neue Arten entstehen dadurch nicht. Damit meinen sie hier, dass zu einer stabilen, das Genom umfassenden Differenzierung auch eine veränderte Kiefergestalt und Körperform einbezogen werden müssen; dass also viele genetische Bereiche betroffen sind. Am Ende der Diskussion kommen die Autoren zu dem Schluss, dass bei der Artneubildung wenige oder viele Genbereiche involviert sein können; es komme dabei auf die Umstände an.

Die Autoren fügen an, dass noch viel Arbeit zu tun bleibt, um experimentell nach den ursächlichen Effekten der verschiedenen Einflussgrößen der Artbildung zu suchen. Sie äußern die Hoffnung, dass Evolutionsbiologen durch die Vereinigung von Theorie und empirischen Daten eine Möglichkeit haben, die Entstehung neuer Arten besser zu verstehen. NOSIL et al. beschließen ihren Beitrag mit der Feststellung, dass eine grundsätzliche Hauptfrage das Ausmaß betreffe, in dem mikroevolutionäre Prozesse größere, makroevolutionäre Muster der Biodiversität erklären können, wie dies bei der

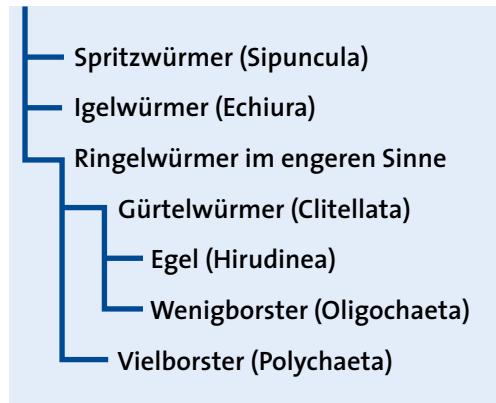
Ausbreitung der Buntbarsche (Cichlidae) beobachtet werden kann.

Zunächst ist es erfrischend zu lesen, wie viel Unwissen hinter etablierten Lehrbuchaussagen stecken kann; das kann zu Freiraum für ein ungebundeneres Nachdenken führen. Für den Autor war der Schlusssatz insofern sehr aufschlussreich, als für die Vielfalt der Familie der Buntbarsche (Cichlidae) auf der chromosomalen Ebene durch die Mendel'schen Gesetze und auf der molekularbiologischen Ebene durch die transponierbaren Elemente durchaus erfolgversprechende Erklärungsansätze vorliegen (CROMPTON 2019). Evolutionsbiologen aber haben noch eine viel größere Aufgabe zu lösen, nämlich wie die Fülle der unterschiedlichsten Baupläne der Lebewesen entstanden sein kann. Verglichen damit sind die Herausforderungen für diejenigen, die von einer Schöpfung ausgehen, bei diesem Thema relativ klein!

[CROMPTON N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 1. Woher kommt die Artenvielfalt? Stud. Integr. J. 26, 86-92 • NOSIL P, FEDER JL & GOMPERT Z (2021) How many genetic chances create new species? Science 371, 777-779] H. Binder

■ Der älteste fossile Ringelwurm mit „modernen“ Merkmalen

Den Tierstamm der Ringelwürmer (Annelida) kennen wir vor allem durch unseren heimischen Regenwurm (*Lumbricus*). Er gehört zur Klasse der Gürtelwürmer (Clitellata) und zur Unterklasse der Wenigbor-



Tab. 1 Systematik der Ringelwürmer (Annelida)

ter (Oligochaeta). Eine zweite, sehr formenreiche Klasse der Ringelwürmer bilden die Vielborster (Polychaeta), die sich durch den Besitz zahlreicher Borsten auszeichnen, die als Stützelemente und Fortbewegungsapparat dienen. Zu den Wenigborstern gehören auch die Egel (Hirudinea). Auch die deutlich artenärmeren Igelwürmer (Echiura) und Spritzwürmer (Sipuncula) gehören zu den Ringelwürmern (Tab. 1). Insgesamt sind die Ringelwürmer ausgesprochen formenreich und umfassen etwa 18.000 Arten.

Die Ringelwürmer gehören zu den zahlreichen Tierstämmen, die fossil seit der sogenannten „kambrischen Explosion“ bekannt sind (vgl. ERWIN & VALENTINE 2013); sie sind ab dem Unterkambrium nachgewiesen. Die meisten kambrischen Formen werden zu den Vielborstern gerechnet und unterscheiden sich deutlich von heutigen Formen (CHEN et al. 2020, 250). Unter den Fossilien der noch älteren Ediacara-Fauna (Präkambrium) konnten keine eindeutigen Ringelwürmer nachgewiesen werden (CHEN et al.



Abb. 1 Rekonstruktion von *Dinnychaeta*. (Aus CHEN et al. 2020; mit freundlicher Genehmigung)

2020, 252). Die Ringelwürmer erscheinen in der Fossilüberlieferung daher plötzlich.

Kürzlich berichteten CHEN et al. (2020) von einer neu entdeckten Gattung aus dem Unterkambrium der Canglangpu-Formation (Yunnan-Provinz China), die zu den ältesten fossil erhaltenen Formen der Ringelwürmer gehört und zwar zur Unterklasse der Vielborster. Zu Ehren von Danny EIBYE-JACOBSEN, der viel zum Verständnis fossiler Ringelwürmer beigetragen hat, wurde die neue Gattung *Dannychaeta tucolus* genannt („chaeta“ = Borsten). Der Artname *tucolus* ist aus den lateinischen Wörtern *tubus* (Röhre) und *colus* (Bewohner) zusammengesetzt und bezieht sich auf die festsitzende Lebensweise in Röhren am Grund eines Gewässers. Einer der Forscher, Hong CHEN, äußerte sich überrascht über den Fund: „Wir waren ziemlich überrascht, einen Polychaeten-Wurm aus der Zeit vor 514 Millionen Jahren zu finden, der in einer Röhre lebte, zumal er Arten, die heute noch leben, so ähnlich ist.“ Der Kopf hat ein ausgeprägtes, spatelförmiges vorderes Ende mit verlängerten Fortsätzen. Der vordere Bereich des Körpers ist breit und gedungen; der Hinterkörper langgestreckt und mit zweigliedrigen Fortsätzen zur Fortbewegung ausgestattet. Diese Merkmalskombination teilt *Dannychaeta* mit der heutigen Vielborster-Familie Megaloniidae die neue Gattung ist aber größer als die heutigen Megaloniiden, deren Körperdurchmesser unter 1 mm beträgt. Nach Angabe der Forscher ist *Dannychaeta* der älteste Vielborster, der eindeutig zu den Kronen-Ringelwürmern gehört (Kronengruppen sind solche Tier- oder Pflanzengruppen, zu denen auch Vertreter der heutigen Lebewelt gehören).

CHEN et al. stellen zu Beginn ihrer Arbeit fest, dass die frühe Evolution der Anneliden unklar oder umstritten sei; zum Teil sei dies darauf zurückzuführen, dass molekulare Stammbäume (auf der Basis des Vergleichs des Erbguts heutiger Formen) und die Fossilüberlieferung nicht zusammenpassen. Fossilien von Ringelwürmern aus dem Kam-

brium weisen Baupläne auf, die auf eine Lebensweise am Seeboden hindeuten, wohingegen molekulare Studien darauf hindeuten, dass festsitzende und in Röhren lebende Gruppen an der Basis der Ringelwürmer stehen. Als Röhrenbewohner unterstützt *Dannychaeta* somit die Deutung der Phylogenomik. *Dannychaeta* vergrößert die Vielfalt der unterkambrischen Ringelwürmer. Der differenzierte Kopf ist einzigartig unter den kambrischen Fossilien. CHEN et al. (2020, 252) merken an, dass *Dannychaeta* bestätige, dass die Kronen-Ringelwürmer bereits im Unterkambrium vertreten waren. Die Ringelwürmer zeigten eine „frühe Erkundung ökologischer Nischen durch festsitzende Formen“. Ringelwürmer der Stammgruppe lebten im frühen Kambrium gleichzeitig mit Mitgliedern der Kronengruppe. Auch die Spritzwürmer sind bereits im Unterkambrium vertreten. Das heißt: Eine größere ökologische Vielfalt tritt ohne Vorläufer in Erscheinung, was nicht zu einer schrittweisen Evolution passt.

Außerdem kommt das Bewohnen von Röhren bei verschiedenen nicht näher verwandten Ringelwürmern vor (CHEN et al. 2020, 252) und müsste daher mehrmals unabhängig entstanden sein. Einmal mehr zeigt sich, dass Konvergenz (unabhängige Entstehung) eher die Regel als die Ausnahme ist, was evolutionstheoretisch nicht zu erwarten ist.

[ERWIN D & VALENTINE JW (2013) The Cambrian Explosion. Greenwood Village • CHEN H, PARRY LA, VINTHER J, ZHAI D, HOU X & XIAOYA M (2020) A Cambrian crown annelid reconciles phylogenomics and the fossil record. Nature 583, 249–252] R. Junker

■ Das 3D-Genom des Menschen: ganz anders als das des Schimpansen

Das Genom eines Organismus umfasst die gesamte DNA der Zelle, einschließlich der DNA in den Zellorganellen. Der größte Teil des Genoms von Mensch und Schimpanse (etwa 3 Milliarden Nukleotide A, C, T und G) befindet sich in den Chro-

mosomen im Zellkern. Man stellt sich die Chromosomen normalerweise als lineare Makromoleküle vor, aber im Zellkern sind sie alles andere als linear. Vielmehr bilden sie gezielt 3D-Strukturen, wie z.B. Schleifen, Windungen und Schlingen. Alle bisher untersuchten pflanzlichen und tierischen Genome weisen je nach Zelltyp (z.B. Leber, Lunge, Gehirn, etc.) komplexe und ausgeprägte dreidimensionale (3D) Strukturen in ihren Chromosomenkonfigurationen auf. Die 3D-Konfiguration wird durch Codes bestimmt, die in der DNA oder in mit der DNA assoziierten Proteinen (den sogenannten Histonen) vorhanden sind.

Angesichts der Variabilität der Genomkonfigurationen innerhalb einer einzigen Art von Lebewesen war dieser Bereich der Molekularbiologie für die Evolutionsforschung bisher schwierig. Nun zeigt eine neue Studie, die in der Zeitschrift *Trends in Genetics* veröffentlicht wurde, dass die menschliche 3D-Konfiguration des Genoms markant und einzigartig für den Menschen ist. Damit werden frühere Forschungen bestätigt, die zeigten, dass sie sich von der 3D-Anordnung des Genoms von Schimpansen genauso deutlich unterscheidet wie von derjenigen von Mäusen (ERES & GILAD 2020).

Eine der besten Möglichkeiten, die 3D-Konfiguration von Chromosomen im Zellkern empirisch zu erfassen, ist die Suche nach sogenannten „topologically associating domains“ (kurz: TADs) in den DNA-Sequenzen des Chromosoms (vgl. Abb. 1). TADs sind DNA-Sequenzen, die in bestimmten Zelltypen bevorzugt miteinander in Kontakt treten und interagieren und mit biologischen Funktionen in Verbindung gebracht werden. Sie sind stark mit sogenannten CCCTC-Bindungs-faktor- (CTCF) und Cohesin-Bindungsstellen angereichert, so dass gut definierte chromosomale Bereiche entstehen – eine Art Plattformen, die zusammenarbeitende Genprogramme miteinander verbinden. Bis vor kurzem konnten TADs nicht untersucht werden, weil es dafür keine geeigneten Technolo-