

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-

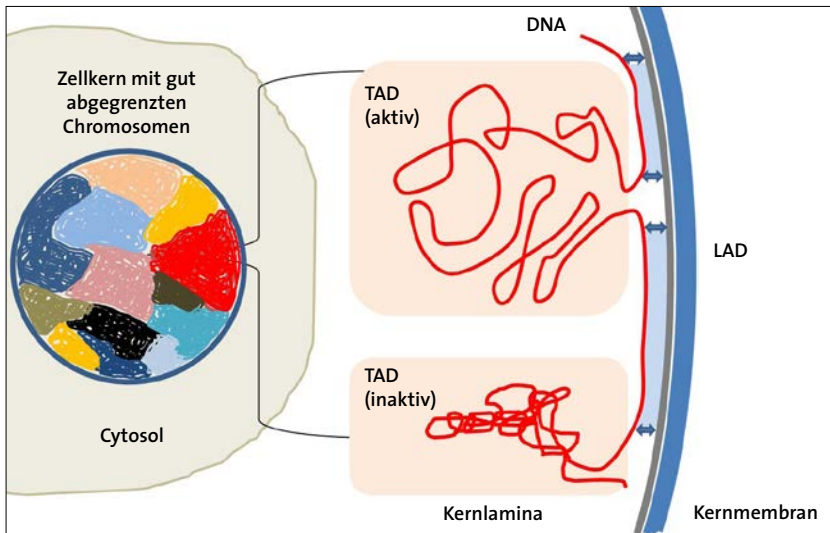


Abb. 1 Neu entdeckte funktionelle Elemente im Genom sind TAD und LAD. TADs sind definiert als Regionen, deren DNA-Sequenzen vorzugsweise miteinander in Kontakt stehen. Lamina-assoziierte Domänen (LADs) sind Teile des Chromatins, die stark mit der Lamina des Zellkerns interagieren. Die Lamina ist ein dichter Verbund von Fibrillen (winzigen Fasern). LADs bilden Langstreckeninteraktionen innerhalb der Chromosomen und sind für die 3D-Konfiguration des Genoms verantwortlich, d.h. sie bestimmen, wie die Chromosomen im Kernraum positioniert sind.

gien gab. Die jüngste Entwicklung von Techniken zur Analyse von Chromosomenkonformationen offenbarte ihre Existenz im Jahr 2012 (DIXON et al. 2012).

Es zeigt sich, dass TADs einen großen Teil der Chromosomen der Eukaryonten (Organismen mit kernhaltigen Zellen) ausmachen. Bei Säugetieren ist die mittlere TAD-Länge etwa 880.000 DNA-Buchstaben (Basen) lang – ein beträchtlicher Abschnitt der DNA, der typischerweise mehrere Gene und viele regulatorische Schalter und Kontrollfunktionen enthält (YU & REN 2017). Die 3D-Genomstruktur wird vor allem durch epigenetische Modifikationen (wie Acetylierung oder Phosphorylierung) von Histonen bestimmt, das sind Proteine, um die die DNA gewickelt sind. Diese Modifikationen zeigen nur eine etwa 70-prozentige Ähnlichkeit zwischen Mensch und Schimpanse (CAIN et al. 2012). Bemerkenswerterweise zeigte eine andere Studie aus dem Jahr 2012, dass Menschen für dasselbe Merkmal eine Ähnlichkeit von ebenfalls etwa 70 % mit Mäusen aufwiesen (WOO & LI 2012). Mit anderen Worten: Menschen unterschieden sich in Bezug auf diese spezielle Metrik der Genomkonformation genauso sehr von Mäusen wie von Schimpansen.

In der in *Trends in Genetics* vorgestellten Studie untersuchten die Wissenschaftler nun die TAD-Ähnlichkeit zwischen Menschen und Schimpansen. Sie fanden heraus, dass beim Vergleich von Menschen und Schimpansen „nur 43% der TADs konserviert [= ähnlich] sind“ und „nicht mehr als 78% der Domänen und 83% der TAD-Grenzen von Menschen und Schimpansen geteilt werden“. Dieses unerwartete Ergebnis veranlasste sie zu der Schlussfolgerung: „Unserer Meinung nach gibt es keine solide Grundlage für die verbreitete und oft unbestrittene Vorstellung, dass TADs hoch konserviert sind“ (ERES et al. 2020). Ein Mangel an Konservierung bedeutet hier: unerwartet große Unterschiede, viel zu groß für eine gemeinsame Abstammung.

Diese neue Studie stellt die vermeintliche sehr enge Verwandtschaft zwischen Mensch und Schimpanse weiter in Frage. Sie unterstreicht vielmehr die Einzigartigkeit beider Genome (vgl. BORGER 2019). Diese Befunde stehen dagegen in völliger Übereinstimmung mit der Schöpfung, wie sie in dem ersten Buch der Bibel beschrieben wird, wo es heißt, dass Gott die Geschöpfe nach ihrer Art und den Menschen zu seinem Bilde geschaffen hat (1. Mose 1,25–27). Diese tiefgründige Wahrheit wird durch die moderne Genetik immer wieder bestätigt.

[BORGER P (2019) Das Erbgut von Mensch und Schimpanse. Stud. Integr. J. 26, 4–10 • CAIN CE et al. (2011) Gene Expression Differences Among Primates Are Associated With Changes in a Histone Epigenetic Modification. Genetics 187, 1225–1234 • DIXON JR et al. (2012) Topological domains in mammalian genomes identified by analysis of chromatin interactions. Nature 485, 376–380 • ERES IE & GILAD Y (2020) A TAD Skeptic: Is 3D Genome Topology Conserved? Trends Genet. 37, 216–223 • YU M & REN B (2017) The Three-Dimensional Organization of Mammalian Genomes. Ann. Rev. Cell Dev. Biol. 33, 265–289 • WOO YH & LI WH (2012) Evolutionary Conservation of Histone Modifications in Mammals. Mol. Biol. Evol. 29, 1757–1767] P. Borger

■ Standing Variation: Das Rätsel der Buntbarsche gelöst?

Im afrikanischen Viktoriasee gibt es hunderte Arten von Buntbarschen, die alle möglichen ökologischen Nischen des Sees einnehmen. Man beobachtet Pflanzenfresser, Räuber und Aasfresser und sogar fast parasitär lebende Schuppenfresser. Viele Arten sind in ihrem biologischen Erscheinungsbild so unterschiedlich, dass man auf den ersten Blick meinen könnte, es handle sich um verschiedene Fischfamilien. Dennoch gehören alle Buntbarsche zu einer Familie, den *Cichlidae*.

Interessanterweise ist der Viktoriasee aus geologischer Sicht sehr jung: Vor etwa 14.000 radiometrischen Jahren war der See komplett ausgetrocknet und es gab keine Buntbarsche (JOHNSON 2000). Die Entwicklung dieser Fische – die Mindestschätzung ist, dass es über fünfhundert verschiedene Arten gegeben haben könnte – erfolgte innerhalb eines geologischen Augenblicks.

Wie schnell Artbildung ablaufen kann, erweisen fünf Cichliden-Arten, die nur im Nabugabo-See leben, einem kleinen Ausläufer des Viktoriasees, von dem er seit ca. 4.000 Jahren durch einen Sandwall abgeschnitten ist. Hier entstand ein ganzes Ökosystem innerhalb weniger Tausend Jahre. Eine derart schnelle Artbildung lässt für die Erzeugung neuer Gene bei weitem keinen ausreichenden zeitlichen Spielraum. Tatsächlich ist der Grad