

■ Ein weiterer Baustein der kambrischen Explosion: Gliederfüßer als Filtrierer

Die kambrischen Gesteinsschichten bergen eine große Anzahl verschiedenster Baupläne, die recht abrupt in der Fossilüberlieferung erscheinen. Die dort auch vertretenen Anomalocariden galten bisher als furchterregende Räuber. Nun hat sich herausgestellt, dass einige von ihnen Filtrierer waren, die Kleinstlebewesen aus dem Wasser siebten. Damit sind sie ein weiterer Baustein der kambrischen Tier-Vielfalt und wieder einmal ein Beispiel für Kon-

vergenz – die mehrmalige unabhängige Entstehung eines komplexen Bauplanelements.

Im Jahr 1989 beschrieb der unvergessene Paläontologe Stephen J. GOULD in seinem Buch „Wonderful Life“ (deutsch 1991) die ungewöhnliche Tierwelt des Kambriums, besonders des mittekambrischen Burgess-Schiefers in Britisch-Kolumbien (Kanada). Unter dessen Fossilien klassifizierte er 20 neue Tierstämme mit großen Bauplan-Unterschieden, die er als „irre Wundertiere“ bezeichnete; die äußerst vielgestaltigen Tiere nannte er „einzigartige Gliederfüßer“ mit

einem „Maximum an anatomisch leistungsfähigen Möglichkeiten“. Seiner Meinung nach übertreffen die Burgess-Fossilien „wahrscheinlich das gesamte Spektrum des wirbellosen Lebens in den heutigen Ozeanen“.

Zu diesen „irren Wundertieren“ gehören die Anomalocariden („ungewöhnliche Garnelen“). Mit einer Länge von bis zu zwei Metern gehörten sie zu den größten Tieren der kambrischen Gewässer. Sie werden zu den Gliederfüßern (Arthropoda) gerechnet. Mit ihren Seitenlappen am segmentierten Rumpf waren sie wahrscheinlich gute und wendige Schwimmer.

Die Anomalocariden galten bislang als formidable Räuber, doch neuere Untersuchungen stellen das teilweise in Frage und liefern ein überraschendes Ergebnis. Neue Fossilfunde aus Nordgrönland legen nahe, dass einige Arten der Anomalocariden sich mit Hilfe einer ausgeklügelten Filtriertechnik von Plankton ernährten – ähnlich wie die heutigen Bartenwale wie z. B. der Blauwal. Untersucht wurden fünf fossil erhaltene, stachelbewehrte, ca. 12 cm lange Anhänge und zwei mit dem Kopfschild verbundene Anhänge von *Tamisiocaris borealis* aus der unterkambrischen Sirius-Passet-Konservat-Lagerstätte. Dabei wurden die beiden langen, stachelbewehrten Anhänge am Kopf genauer unter die Lupe genommen. Die Greifer erwiesen sich als beweglich und die filigranen Fortsätze besitzen feine, ineinander greifende Stacheln. Diese interpretieren die Forscher als Werkzeuge, mit deren Hilfe *Tamisiocaris* Organismen ab einer Größe von etwa ½ Millimeter aus dem Wasser gefischt hat (VINTHER et al. 2014). „Ausgestreckt bilden sie eine Art Kamm, den der Urzeit-Gliederfüßer durch das Wasser gezogen haben könnte wie eine Art Netz. Rollte er dann die Anhänge zum Mund hin ein, bildeten ihre Borsten einen dichten Käfig, in dem gefangene Organismen hängenblieben“ (PODBREGAR 2014).

Aufgrund der Filtrierer-Fähigkeit stellen die Forscher *Tamisiocaris* in die neue Gruppe der Cetiocaridae (Walgarnelen; *cetus*, lat. = Wal; „caris“ steht

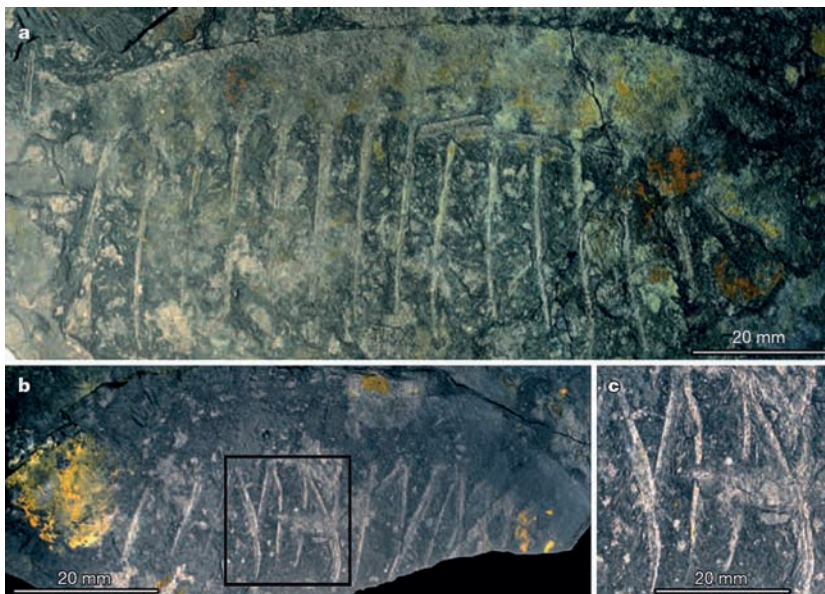


Abb. 1 Vordere Körperanhänge von *Tamisiocaris borealis* von der Sirius Passet-Lagerstätte (Unterkambrium Nordgrönland). **a** Isoliertes Körperanhang, **b** Isoliertes Körperanhang mit den ansitzenden Stacheln im Detail, **c** Details der Stacheln (vergrößert aus b). (Aus VINTHER et al. 2014)

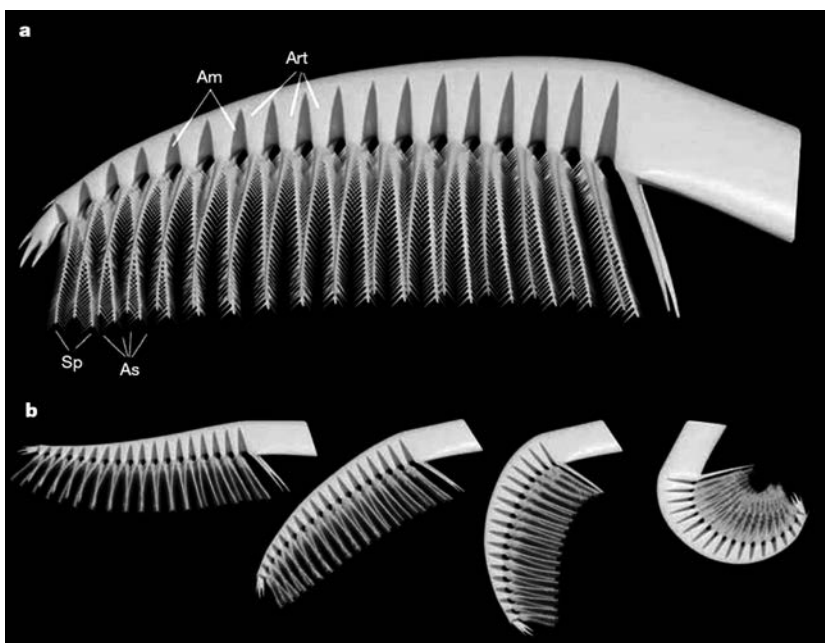


Abb. 2 Rekonstruktion von Anhängen von *Tamisiocaris*. **a** Einzelner Anhang mit Membranen (Am), einzelnen Abschnitten (Art), Stacheln (Sp) und Hilfsstacheln (As). **b** Mutmaßliche Abfolge der Bewegungen der Vorderen Anhänge von *Tamisiocaris*. (Aus VINTHER et al. 2014)

für Garnele). Die Autoren schließen, dass ein vielfältiges Ökosystem mit gut entwickelten Nahrungsketten in den offenen Meeren ausgeprägt gewesen sei. Denn um als Filtrierer leben zu können, ist eine hohe Primärproduktion und ausreichend Plankton Voraussetzung. VINTHER et al. (2014) geben auch eine Übersicht über die Vielfalt des Baus der Anhänge der Anomalocariden, z.B. solche mit dreizackigen Stacheln oder mit scherenartigen Anhängen und stellen fest (S. 498), dass die außerordentliche morphologische Vielfalt der Anhänge zeige, dass es sich bei den Anomalocariden nicht um ein gescheitertes Evolutionsexperiment handle, sondern um eine umfangreiche Radiation im Laufe der kambrischen Explosion.

Die Untersuchung ist in zweierlei Hinsicht bemerkenswert. Zum einen vergrößern die Beobachtungen an *Tamisiocaris* die Vielfalt an ausgeklügelten Einrichtungen, die bereits im Unterkambrium ohne erkennbare Vorfahren präsent waren. Zum anderen zeigen sie einmal mehr, dass komplexe Einrichtungen mehrfach (oft vielfach) unabhängig auftauchen – in diesem Fall die Fähigkeit der Nahrungsfiltrierung. Eine ganze Reihe von Filtrierern gibt es außer den bereits erwähnten Bartenwalen auch unter den Gliederfüßern; und die Filtrierer sind nun um ein interessantes Mitglied erweitert worden, das diese Fähigkeit unabhängig erworben haben muss (Konvergenz). VINTHER et al. (2014) erwähnen, dass bei den Ceticaridae ähnliche Einrichtungen zum Filtrieren verwirklicht sind wie bei anderen Filtrierern unter den Gliederfüßern (z.B. den Rankenfußkrebse, Cirripedia). Dabei muss bedacht werden, dass diese Fähigkeit sehr anspruchsvoll ist und viele Details zusammenstimmen müssen. Ein allmählicher Erwerb oder – wie man evolutionstheoretisch vermutet – ein Umbau von einer räuberisch lebenden Ausgangsform ist sehr fragwürdig. Denn um ernährungsmäßig über die Runden kommen zu können, muss die Filtrierfunktion gut ausgebaut sein. Und der Verlust des räuberischen Nahrungserwerbs kann selektiv wohl kaum begünstigt

werden, solange die neue Art des Nahrungsgewinns nicht ausreichend funktioniert.

VINTHER et al. (2014, 499) dagegen werten die Existenz der filtrierenden Gattung *Tamisiocaris* und das Ausmaß unabhängiger (konvergenter) Entstehung ähnlicher Konstruktionen als Beleg für Vorhersagbarkeit und Kanalisierung der Evolution. Worin diese Kanalisierung aber bestehen soll, ist völlig unklar und wird nicht thematisiert.

Intelligente Strukturen können aus wissenschaftlicher Perspektive als Hinweis auf eine intelligente Verursachung gewertet werden. Auch wenn man über den Prozess der Designentstehung naturwissenschaftlich nichts aussagen kann, bedeutet dies nicht gleichzeitig, dass der Schluss auf einen übernatürlichen Entstehungsprozess deshalb unberechtigt wäre.

[GOULD SJ (1989) Wonderful Life. New York: W. W. Norton & Co. (dt. 1991: Zufall Mensch. München – Wien); VINTHER J, STEIN M, LONGRICH NR & HARPER DAT (2014) A suspension-feeding anomalocarid from the Early Cambrian. Nature 507, 496-500; PODBREGAR N (2014) Sanfte Riesen im Urzeitmeer. http://www.wissenschaft.de/erde-weltall/palaeontologie/-/journal_content/56/12054/3250966/Sanfte-Riesen-im-Urzeitmeer/] R. Junker

■ Antarktische Mücke mit Minigenom

Belgica antarctica ist der wissenschaftliche Name einer Zuckmücke (Familie Chironomidae), die als einziges Insekt beschrieben ist, dessen Lebensraum ausschließlich die Antarktis ist (endemische Verbreitung). In diesem Ökosystem ist sie extremen Lebensbedingungen ausgesetzt, wie z. B. tiefen Temperaturen, wiederkehrender ausgeprägter Trockenheit, hoher UV-Strahlung etc. Die Larven, die während ihrer zweijährigen Ent-

wicklung die meiste Zeit des Jahres in Eis eingeschlossen sind, entwickeln sich zu Beginn ihres dritten Sommers zu flügellosen erwachsenen Mücken. Diese suchen krabbelnd Fortpflanzungspartner, paaren sich, legen Eier und sterben nach 7-10 Tagen.

David L. DENLINGER, unter dessen Leitung bereits eine Reihe von Studien über *B. antarctica* veröffentlicht worden ist, hat nun eine Untersuchung über deren Erbgut vorgelegt (KELLEY et al. 2014). Das Genom ist mit 99 Millionen Basenpaaren (99 Mbp) auffällig klein, selbst das der parasitischen Kleiderlaus (*Pediculus humanus humanus*) ist mit ca. 105 Mbp umfangreicher, wie auch das der Fruchtfliege (*Drosophila melanogaster*) mit ca. 140 Mbp. Dabei codieren knapp 19 Mbp (ca. 19,4 %) für mehr als 13.500 Proteine. Die Autoren zeigen durch einen Vergleich mit anderen Mücken, dass im Genom von *B. antarctica* mit 19 Mbp ein hoher Anteil codierender DNA enthalten ist (Tab. 1).

Der absolute Umfang der codierenden DNA ist bei stark unterschiedlichen Genomgrößen durchaus vergleichbar, in allen Mücken liegen also ähnlich viele Gene vor. Die Kleinheit des Genoms von *B. antarctica* resultiert nach den vorliegenden Daten vor allem aus dem geringen Anteil an im Genom beweglichen Sequenzabschnitten (transposable elements), aus der geringen Menge sich wiederholender Sequenzbereiche und aus kürzeren und weniger in den Genen enthaltenen Einschüben (Introns).

Das von KELLEY et al. (2014) präsentierte Erbgut ist das kleinste bisher bekannte Insektengenom. Die extremen Lebensbedingungen in der Antarktis stellen *B. antarctica* einerseits vor enorme Herausforderungen und bauen andererseits einen großen

Tab. 1 Absolute Größe der codierenden DNA und ihr relativer Anteil am Gesamtgenom sowie die Anteile flexibler DNA-Elemente bei einigen Mückenarten. (Nach KELLEY et al. 2014)

	codierende DNA	Anteil flexibler DNA-Elemente
<i>Aedes aegypti</i> (Gelbfiebermücke)	22 Mbp (1,6 %)	47 %
<i>Anopheles gambiae</i> (Stechmücke)	20,7 Mbp (7,6 %)	16 %
<i>Culex quinquefasciatus</i> (Stechmücke)	24,9 Mbp (4,3 %)	29 %
<i>Drosophila melanogaster</i> (Fruchtfliege)	22,8 Mbp (13,6 %)	20 %
<i>B. antarctica</i> (antarkt. Zuckmücke)	19 Mbp (19,4 %)	0,12 %