

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 %

Selektionsdruck auf, der das kleine Genom erzwingt. Die antarktische Zuckmücke stellt damit ein Beispiel für die enorme Flexibilität von Lebewesen dar und ihr Erbgut könnte sich als gutes Studienobjekt für ein besseres Verständnis der nicht-codierenden DNA-Abschnitte erweisen.

[KELLEY JL, PEYTON JT, FISTON-LAVIER A-S, TEETS NM, YEE M-C, JOHNSTON JS, BUSTAMANTE CD, LEE RE & DENLINGER DL (2014) Compact genome of the antarctic midge is likely an adaption to an extreme environment. Nat. Commun. 5:4611 doi: 10.1038/ncomms5611] H. Binder

■ Mit großen Augen – neue fossile Augenfliegen

Augenfliegen (Pipunculidae) sind durch ihre auffällig großen, fast den gesamten Kopf einnehmenden Augen charakterisiert. Die Weibchen legen

nach dem Paarungsflug ihre Eier als Parasiten (Endoparasiten) in Wirten, meist Zikaden ab. Etwas mehr als 1400 Arten sind beschrieben (etwa 110 davon kommen in Deutschland vor) und weitere ca. 1300 werden – noch nicht wissenschaftlich erfasst – vermutet. Über die Vergangenheit der Augenfliegen weiß man aus der Fossilüberlieferung vergleichsweise wenig. Bisher sind 12 Einschlüsse in Bernstein und 5 Fossilien als Abdrücke (compression fossils) dokumentiert.

Aufgrund genetischer Studien wird das Alter für den Beginn der Entfaltung dieser Familie der Zweiflügler (Diptera) mit ungefähr 70 Millionen Jahren angegeben (WIEGEMANN et al. 2011). Christian KEHLMAIER vom Senckenberg Museum in Dresden hat nun gemeinsam mit Kollegen in zwei Veröffentlichungen

drei fossile Augenfliegen beschreiben. Zwei als Einschlüsse in Baltischem Bernstein erhaltene Formen konnten sie mit computertomographischen Methoden (Micro-CT) sehr genau untersuchen und beschreiben. In einer Pressemitteilung der Senckenberg-Gesellschaft für Naturforschung wird KEHLMAIER mit folgenden Worten zitiert: „Das sind schon ganz besondere Details, die wir an den etwa 40 bis 50 Millionen Jahre alten Tieren zeigen konnten“, um dann fortzufahren: „Die Lebensweise und das Aussehen der Augenfliegen haben sich vor 70 Millionen Jahren entwickelt. Die nun neu beschriebenen fossilen Arten lassen vermuten, dass schon relativ kurz nach der Etablierung der großäugigen Tiere ein reichhaltiges Artenspektrum existiert haben muss, das dem heutigen in keiner Weise nachsteht.“ Befunde dieser Art werden vor allem bei Inklusionen in fossilem Harz regelmäßig angetroffen.

Bei der Interpretation der Fossilfunde im evolutionstheoretischen Deutungsrahmen muss häufig ein schnelles Auftreten angenommen werden, dem nur noch vergleichsweise geringe Änderungen folgten. [ARCHIBALD SB, KEHLMAIER C & MATHEWES RW (2014) Early Eocene big headed flies (Diptera) from the Okanagan Highlands, Western North America. Can. Entomol., doi: 10.4039/tce.2013.79; KEHLMAIER C, DIERICK M & SKEVINGTON JH (2014) Micro-CT studies of amber inclusions reveal internal genital features of big-headed flies, enabling a systematic placement of *Metanephrocerus* Aczél 1948 (Insecta: Diptera: Pipunculidae). Arthropod Systematics & Phylogeny 72, 23-36; WIEGEMANN BM, TRAUTWEIN MD et al. (2011) Episodic radiation in the fly tree of life. Proc. Natl. Acad. Sci. 108, 5690-5695.] H. Binder



Abb. 1 Eine heutige Augenfliege mit den charakteristisch großen Facettenaugen. (© Nikola RAHMÉ, Senckenberg-Gesellschaft für Naturforschung)



Abb. 2 Bisher größte bekannte fossile Augenfliege *Metanephrocerus belgardeae*. (© S. Bruce ARCHIBALD, Senckenberg-Gesellschaft für Naturforschung)

■ Von Anfang bis heute fast unverändert: Programmierter Zellabbau

Die molekularen Bestandteile, die dem programmierten Zellabbau (oder Zelltod, Apoptose) zugrunde liegen, sind zwischen Mensch und Koralle austauschbar. Aus evolutionsbiologischer Perspektive muss ein erstaunliches Ausmaß an evolutionärem Stillstand (Stasis; Konservierung) postuliert werden. Ausgerechnet unter den basalen und damit als