

den Rippenquallen jedoch deutlich verschieden (MAXMEN 2013).

Außerdem muss nun angenommen werden, dass die Schwämme durch Verlust von zuvor vorhandenen Eigenschaften entstanden sind. Beide Konsequenzen sind evolutionstheoretisch problematisch. Andererseits sind Schwämme physiologisch nicht primitiv. Insgesamt sind sie demnach eine klar abgrenzbare Gruppe. Einmal mehr zeigt sich, dass die Gewinnung neuer Daten nicht automatisch zunehmende Klarheit über Verwandtschaftsverhältnisse bringt. Durch die hier vorgestellten Erkenntnisse werden diese komplizierter und evolutionäre Erklärungen schwieriger.

[BLACKSTONE NW (2009) A New Look at Some Old Animals. PLoS Biol 7(1), <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pbio.1000007>; MAXMEN A (2013) Genome reveals comb jellies' ancient origin. Nature, doi:10.1038/nature.2013.12176; MAXWELL EK, RYAN JF, SCHNITZLER CE, BROWNE WE & BAXEVANIS AD (2012) MicroRNAs and essential components of the microRNA processing machinery are not encoded in the genome of the ctenophore *Mnemiopsis leidyi*. BMC Genomics 2012, 13:714, doi:10.1186/1471-2164-13-714; MOROZ LL, KOHN A, CITARELLA M, GRIGORENKO A, KOCOT K, HALANYCH K & ROGAEV E (2013) The Genome of the Ctenophore *Pleurobranchia bachei*: Molecular Insights into Independent Origins of Nervous Systems. <http://sicb.org/meetings/2012/schedule/abstractdetails.php?id=527>; PENNISI E (2013) Nervous System May Have Evolved Twice. Science 339, 391; SCHIERWATER B, EITEL M, JAKOB W, OSIGUS HJ, HADRY H, DELLAPORTA SL, KOLOKOTRONIS SO, DESALLE R (2009) Concatenated Analysis

Sheds Light on Early Metazoan Evolution and Fuels a Modern „Urmetazoon“ Hypothesis. PLoS Biol. 7(1), <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pbio.1000020>] R. Junker

■ Eichelwürmer – eine weitere Tiergruppe der kambrischen Explosion

Die größte Diskontinuität in der Fossilgeschichte ist zweifellos das plötzliche fossile Erscheinen verschiedenster Tiergruppen im geologischen System des Kambriums (VALENTINE 2004, ERWIN & VALENTINE 2013). DARWIN sah in diesem Befund eine mögliche Bedrohung für seine gradualistische Evolutionstheorie. Im Laufe der Zeit wurden seither viele weitere Fossilien entdeckt, auch unterhalb der Präkambrium-Kambrium-Grenze, doch nur wenige vor-kambrische Formen sind als Vorläufer der kambrischen Vielfalt diskutabel, und viele kambrische Funde haben die Diskontinuität verstärkt.

Eine der bekanntesten Fossilagerstätten, die wesentlich zur Kenntnis der kambrischen Vielfalt beigetragen haben, ist der mittelmambische Burgess-Schiefer Kanadas (auf ca. 505 Millionen Jahre datiert), dessen „irre Wundertiere“ von Stephen J. GOULD (1989) ausführlich einem breiten Publikum vorgestellt werden. Aus dem Burgess-Schiefer sind auch seit über 100 Jahren wurmartige Organismen bekannt, die als *Spartobranchius tenuis* klassifiziert wurden. Aber erst kürzlich wurde durch eine genaue Analyse (CARON et al. 2013) nachgewiesen, dass es sich dabei eindeutig um Eichelwürmer handelt, eine Tiergruppe, die zusammen mit den Pterobranchia (Flügelkiemer) zu den Hemichordaten („Halbchordatiere“) gehören (s. Kasten; vgl. auch GEE 2013). Die bis zu 10 cm langen Eichelwürmer leben am Meeresboden und graben Gänge. Sie bewegen sich im Meeresboden durch wellenförmige Muskelkontraktionen vorwärts und leben von im Schlamm enthaltenen organischen Partikeln mit Hilfe eines Nahrungstrichters am Vorderende.

Erstaunlich ist, dass die kambrischen Eichelwürmer heutigen Formen aus der Gruppe der Harri-

maniiden gleichen. „Es ist fast so, als wenn man ein Foto eines heutigen Exemplars machen würde“ wird Christopher CAMERON zitiert, der heutige Eichelwürmer untersucht (<http://www.cbc.ca/news/technology/story/2013/03/13/science-phallus-fossil-acorn-worm.html>). Bislang waren die Eichelwürmer erst aus der Trias bekannt (nach radiometrischer Datierung vor 200–250 Millionen Jahren). Die Eichelwürmer tragen damit nicht nur zur „Verstärkung“ der kambrischen Explosion bei, sondern sind auch ein Beispiel für *Stasis* – das nahezu unveränderte „Stehenbleiben“ eines Bauplans über geologische Zeiträume hinweg.

Da auch die Pterobranchia (s.o.) aus dem Kambrium bekannt sind, ist klar, dass der Ursprung der Hemichordaten entsprechend ins Unterkambrium verlegt werden muss (CARON et al. 2013, 503). Einen Unterschied gibt es jedoch bei den fossilen Formen im Vergleich zu den heutigen. Bei den Fossilien wurden häufig faserige Röhren gefunden; in einem Fall war ein Eichelwurm mit dieser Röhre assoziiert. Daher kann man annehmen, dass die kambrischen Eichelwürmer anders als die heutigen zeitweise in Röhren lebten. Dieser Befund wurde von S. CONWAY MORRIS, einem der Bearbeiter so interpretiert, dass es sich hier um einen Hinweis handle, dass die fossilen Eichelwürmer Übergangsformen zu den Pterobranchia seien (<http://www.bbc.co.uk/nature/21745029>), die generell solche Röhren bilden. (Deren Röhren können viel leichter fossilisiert werden und sind als Graptolithen bekannt.) Doch warum



Abb. 1 Bunte Vielfalt von Eichelwürmern. (Aus SPENGLER, J.W.: Die Enteropneusten des Golfes von Neapel und der angrenzenden Meeres-Abschnitte. Berlin 1893)

Hemichordaten

„Halbe Chordatiere“; auch als Kiemlochtiere bezeichnet; Tierstamm mit weniger als 100 bekannten Arten; diese besitzen einen weichen, wurmförmlichen, aber innen ungegliederten Körper, sind äußerlich dreigeteilt (Kopfschild, Kragen und Rumpf). Werden traditionell als Urform der Chordatiere angesehen, zu denen auch die Wirbeltiere gehören (die Chorda ist ein flüssigkeitsgefüllter Stützstab); ihre systematische Stellung ist aber umstritten.

aufgrund des Besitzes solcher Röhren die kambrischen Eichelwürmer einen evolutionären Übergangstatus haben sollen, ist unklar. Viel plausibler ist ein Szenario, wonach die Eichelwürmer ursprünglich ebenso wie die Pterobranchia solche Röhren ausgebildet haben, diese später aber verloren haben (CARON et al. 2013, 505).

[CARON JB, CONWAY MORRIS S & CAMERON CB (2013) Tubicolous enteropneusts from the Cambrian period. *Nature* 495, 503-506; ERWIN DH & VALENTINE JW (2013) The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity. Greenwood Village, Colorado; GEE H (2013) Tubular worms from the Burgess Shale, *Nature* 495, 458-459; GOULD SJ (1989) Wonderful life. The Burgess shale and the nature of history. New York; VALENTINE JW (2004) On the origin of phyla. Chicago and London] R.Junker

■ Das Genom von Kalkalgen – neue Einsichten in deren Ökologie

Während man sich an Meldungen von neu sequenzierten Genomen von immer mehr Lebewesen inzwischen fast gewöhnt hat, ist die Ermittlung des gesamten Erbguts von Mikroorganismen nach wie vor eine große Herausforderung. Das hat u.a. folgenden Grund: Nach derzeitigen Erkenntnissen stimmt die DNA-Sequenz im Erbgut zweier Menschen zu ca. 99 % überein, dagegen beträgt z.B. die Übereinstimmung bei zwei Stämmen der Kalkalgenart *Emiliania huxleyi* nur 70 oder 80 %. Was also ist die DNA-Sequenz dieser einzelligen Alge? Dieses Phänomen ist typisch für Mikroorganismen und erschwert die Analyse von deren Genom. Bei Bakterien hat man daher das Konzept des Pan-Genoms entwickelt und erfolgreich genutzt. Dabei ermittelt man den Genbestand, der bei allen Vertretern einer Art vorliegt (Kerngenom) und beschreibt dann summarisch die einzelnen Gene, die darüber hinaus bei verschiedenen Stämmen vorkommen; die Summe über all diese Gene wird als Pan-Genom bezeichnet. Das Pan-Genom von *E. huxleyi* ist jetzt erstmals bestimmt worden. Dafür hat eine 75-köpfige Autorengruppe vierzehn verschiedene Stämme von *E. huxleyi* sequenziert (READ et al. 2013).

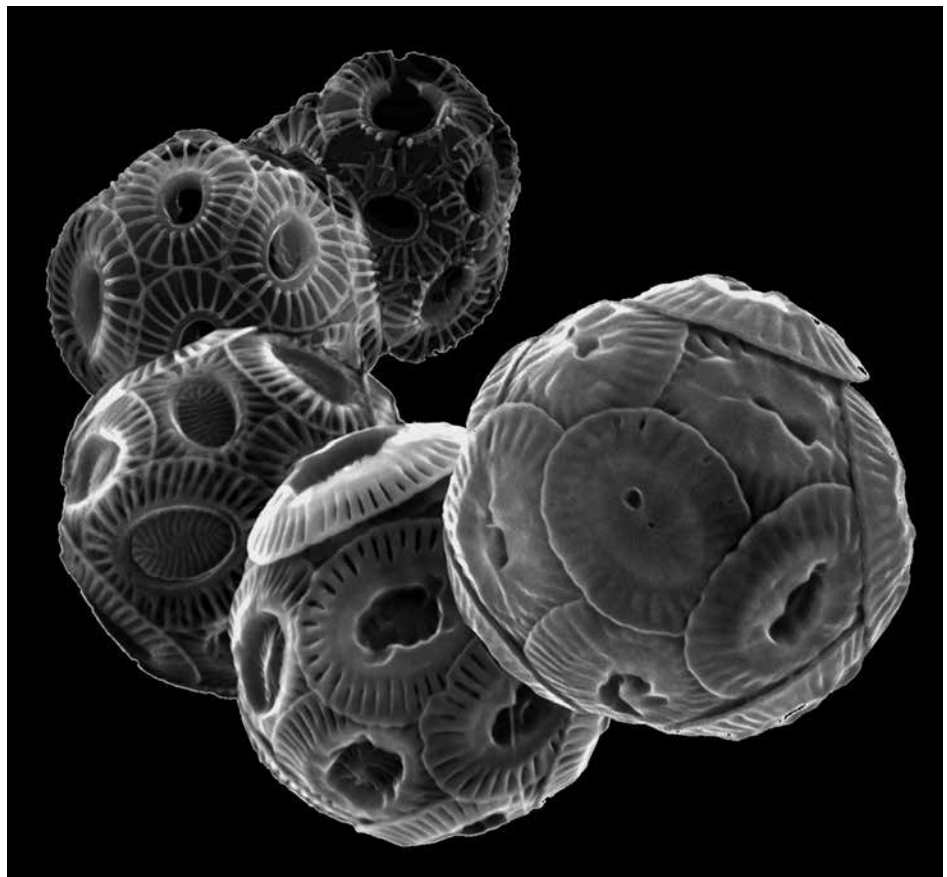


Abb. 1 Morphotypen der Kalkalge *Emiliania huxleyi* mit unterschiedlichem Kalzifizierungsgrad. Vorne: stark kalzifizierte Organismen, der Kalzifizierungsgrad nimmt nach hinten ab. (Foto: Luc BEAUFORT, CEREGE, Univ. Aix-Marseille/CNRS)

Die Bedeutung der Kalkalgen (*Coccolithophorales*) liegt darin, dass sie durch Algenblüten in Meeres-Ökosystemen in ihren filigranen Kalkhüllen enorme Mengen an CO₂ binden und damit Einfluss auf die Entwicklung klimatischer Verhältnisse nehmen.

Das Genom des *E. huxleyi*-Stammes CCMP1516 besteht aus 141,7 Millionen Basenpaaren und enthält 30 569 proteincodierende Gene. Etwa 2/3 davon scheinen zum Kerngenom zu gehören; etwa 25% der in CCMP1516 gefundenen Gene lassen sich in mindestens drei der anderen untersuchten Stämme nicht nachweisen. Im Erbgut dieses einzelligen Organismus sind also mehr Proteine codiert als im Genom des Menschen – die Zahl der proteincodierenden Gene korreliert also nicht mit der Komplexität der Organismen.

Im erstaunlich variablen Genom dieser Kalkalgen sehen die Autoren einen Ansatz zur Erklärung der phänotypischen (gestaltlichen) Variabilität sowie der physiologischen und damit verbunden auch ökologischen Vielfalt von *E. huxleyi*. Möglicher-

weise eröffnet die hier vorgestellte Studie den Zugang zu weiteren Erkenntnissen, wie das Genom nicht als „Buch des Lebens“, sondern als eine Komponente von Organismen in Wechselwirkung mit anderen Einflussgrößen des Ökosystems Lebensformen prägt.

[READ B, KEGEL J, KLUTE MJ et al. (2013) Pan genome of the phytoplankton *Emiliania* underpins its global distribution. *Nature*; doi: 10.1038/nature12221; Pressemitteilung des Alfred Wegener Instituts: <http://tinyurl.com/qj6ohxc>] H. Binder

■ Moleküle und Anatomie im Konflikt? Die Systematik der Säugetiere

Die klassische evolutionsbiologische Sicht der Säugetiervolution lässt sich wie folgt zusammenfassen: Während der Zeit der Dinosaurier (Mesozoikum) existierten nur einzelne insektenjagende Vertreter urtümlicher Säugetiergruppen, die sich deutlich von den heutigen unterscheiden. Der Einschlag eines großen Asteroiden vor ca. 66 Millionen Jahren schuf u.a. durch die darauf folgende welt-