

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).

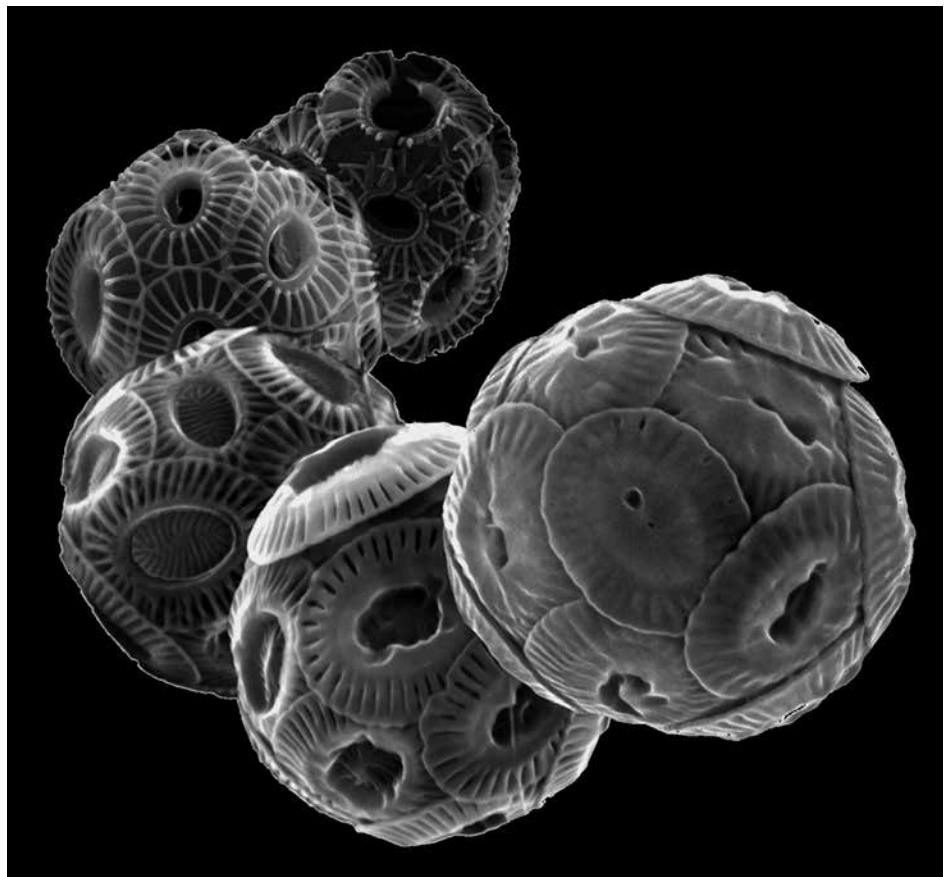


Abb. 1 Morphotypen der Kalkalge *Emiliania huxleyi* mit unterschiedlichem Kalzifizierungsgrad. Vorne: stark kalzifizierte Organismen, der Kalzifizierungsgrad nimmt nach hinten ab. (Foto: Luc BEAUFORT, CEREGE, Univ. Aix-Marseille/CNRS)

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 Säugetierevolution 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-

weite Umweltzerstörung, durch den Klimawandel und das Aussterben der Dinosaurier den Freiraum für den Siegeszug der modernen plazenta-besitzenden Säugetiere (Plazentalier). Innerhalb nur weniger Jahr-millionen, so die Geschichte weiter, traten zahlreiche Vertreter der modernen Ordnungen dieser Säugetiergruppe explosionsartig auf, begleitet von der ebenso rasch aufblühenden Vielfalt unter den Beuteltieren (Marsupialier), die einen anderen modernen Zweig der Säugetiere repräsentieren. Die klassische biologische Systematik der Säugetiere und die Fossilüberlieferung stützte dieses Bild bis zum Ende des 20. Jahrhunderts. In den letzten zwanzig Jahren haben zahlreiche neue Fossilfunde und ein nahezu unüberschaubarer Zuwachs molekulargenetischer Daten das klassische Bild zur Evolution der Säugetiere jedoch aufgelöst. Tiefgreifende Änderungen bisheriger Modelle zur Systematik und Evolu-

tion der Säuger wurden vollzogen, andere sind nur teilweise akzeptiert oder werden unvermindert kontrovers diskutiert (YODER et al. 2013). Die bis zur Jahrtausendwende geltende Systematik der plazentalen Säugetiere unterschied auf der Grundlage *morphologischer Kriterien* die basale Überordnung die Xenarthra („Nebengelenktiere“ wie Ameisenbär, Faultier und Gürteltiere) von den Überordnungen der Ungulata (Huftiere, u.a. mit Seekühen, Rüsseltieren, Unpaarhufern, Paarhufern), der Archonta (u.a. mit Primaten, Fledermäusen, Spitzhörnchen) und der Anagalida (wie Nagetiere, Hasenartige, Spitzmaus) (Abb. 1, links). Die Integration von molekularen Daten änderte diese Gruppierung tiefgreifend. Der auf molekulargenetischen Daten basierende Stammbaum, den SPRINGER et al. (2004) vorstellten, ordnet die 18 plazentalen Säugetierordnungen ebenfalls vier Überordnungen zu:

Xenarthra, Afrotheria, Laurasiatheria und Euarchontoglires. Die zuletzt genannten drei neu geschaffenen Überordnungen tragen ihren Namen aufgrund der Region, in der ihre stammesgeschichtliche Abspaltung von den übrigen Überordnungen mit den ihnen zugeordneten Säugetierordnungen und -familien vermutet wird. Diese neuen Überordnungen fassen z. T. Ordnungen plazentaler Säugetiere auf eine Weise zusammen, wie sie nach morphologischen Kriterien nie zusammengestellt würden (Abb. 1, rechts). Z.B. stehen die Fledermäuse nun den Huftieren näher als den Primaten, und die Elefantenspitzmäuse (Rüsselspringer) gehören nicht mehr zu den Insektenfressern oder Hasenartigen, sondern sind eine Untergruppe der Afrotheria und damit enger verwandt mit den Erdferkeln. Nach BININDA EMONDS et al. (2012) haben die vergleichend systematischen Forschungen der letzten Jahre dennoch eine weitestgehende Übereinstimmung von morphologischen und molekularbiologischen Datensätzen innerhalb der Xenarthra, Laurasiatheria und Euarchontoglires gezeigt (allerdings nur um den „Preis“ der Annahme vieler Konvergenzen, wenn diese Systematik stammesgeschichtlich interpretiert wird, s.u.). Bei den Afrotheria ist dies jedoch nicht gelungen. Der stammesgeschichtliche Ursprung dieser äußerlich sehr inhomogen erscheinenden Gruppe, zu der z.B. Seekühe, Erdferkel, Elefanten und die Goldmulle zählen, wird in Afrika vermutet. Aufgrund der auch durch jüngere DNA-Sequenzanalysen gefestigten, modernen Systematik muss davon ausgegangen werden, dass im Rahmen der evolutionären Diversifikation der Säugetiere innerhalb und zwischen den einzelnen Überordnungen zahlreiche und ausgeprägte konvergente Merkmalsentwicklungen erfolgt sein müssen (z.B. Konvergenz zwischen madagassischem und europäischem Igel, Abb. 2). Die extrem hohe Anzahl von Konvergenzen, die bei den plazentalen Säugetieren, ob rezent oder fossil) anzunehmen ist, bezeichneten SPRINGER et al. als Phänomen der korrelierenden Merkmalsevolution. SPRINGER et al.

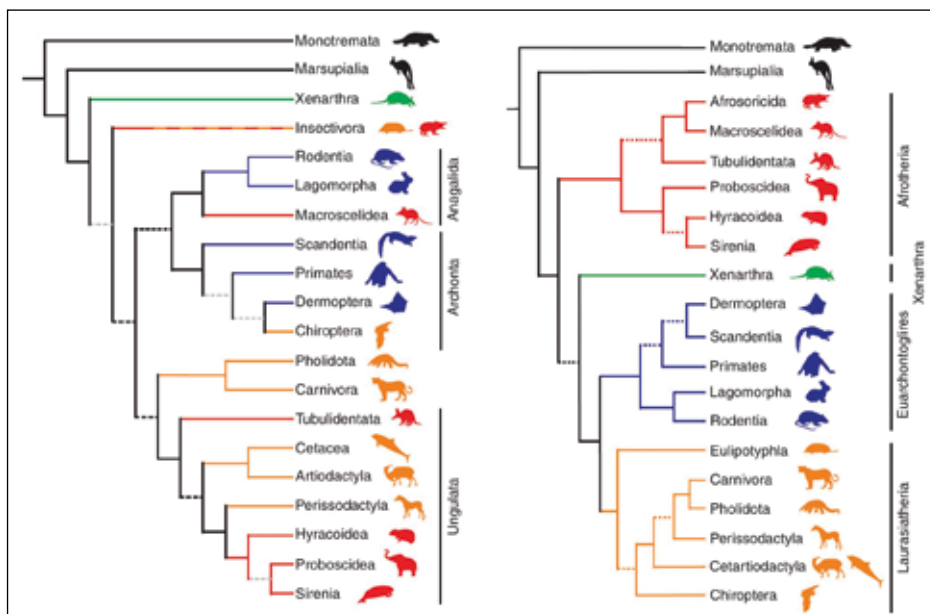


Abb. 1 Links der bislang akzeptierte Baum der plazentalen Säugetiere nach morphologischen Merkmalen, rechts der sich abzeichnende Baum nach molekularen Daten. (Aus SPRINGER et al. 2004)



Abb. 2 Madagassischer (links) und europäischer Igel. Eines von vielen Konvergenzbeispielen unter Säugetieren. (GNU Freie Dokumentations-Lizenz)