

Gegensatz zum Hydrocephalus mit äußerlich eher zu großer Schädelkapsel um eine primäre oder sekundäre Wachstumsreduktion des Gehirnschädels handelt bei gleich bleibender Gehirnstruktur (HARTWIG-SCHERER 2007).

[FEUILLET L, DUFOUT, H & PELLETIER J et al. (2007) Brain of a white-collar worker. *Lancet* 370, 262; HARTWIG-SCHERER S (2007) Hickhack um den „Hobbit“. *Stud. Int. J.* 14, 35-37; <http://www.nature.com/news/2007/070716/full/070716-15.html>] S. Hartwig-Scherer

Genomik: Sind Seeanemonen auch nur Menschen?

Von allen Tierstämmen setzt sich lediglich der Stamm Porifera – die Schwämme – bereits auf einer sehr grundlegenden Ebene ab: Den Vertretern dieses Stamms fehlt es an echtem Gewebe, was ihnen – in Kombination mit ihrem relativ einfachen Grundbauplan – den wenig schmeichelhaften Namen „Nebentiere“ (Parazoa) einbrachte (vgl. CAMPBELL 2007; 754ff.). Zu den gewebelosen Tieren gesellt sich lediglich noch ein weiterer Tierstamm – Placozoa –, der durch eine einzige Art vertreten wird (neue Ergebnisse legen jedoch eine weitaus größere Vielfalt nahe; vgl. VOIGT et al. [2004]). Die verbliebene Vielfalt der Tierstämme gehört zur Abteilung (Divisio) der Eumetazoa, die also auch alle Würmer, Gliederfüßer wie Insekten, Fische, Dinosaurier, Vögel und Menschen mit einschließt.

Die älteste Gruppe innerhalb der Eumetazoa, denen von der Evolutionsbiologie ein monophyletischer Ursprung bescheinigt wird, sind die Radiata, die aufgrund ihres zentralen Hohlraums auch als „Hohltiere“ bekannt sind. In ihrem Stamm der Cnidaria finden wir neben Quallen und Korallen auch die Seeanemonen als einer der im Evolutionsparadigma frühesten Vertreter der Gewebetiere überhaupt.

Aufgrund dieser Stellung im evolutionären Gesamtgefüge hatten die Seeanemonen immer als sehr primitive Organismen gegolten – diese aus dem gängigen Evolutionsverständnis abgeleitete Ansicht wurde nun durch eine Genom-Sequenzierung der Sternchenanemone *Nematostella vectensis* massiv in Frage gestellt. Die Untersuchungen von PUTMAN et al. (2007) legten eine ungeahnte Komplexität offen, die bis dahin nicht für möglich gehalten worden war. Insgesamt, so die Forscher, sei das komplexe Seeanemonen-Genom dem der Wirbeltiere ähnlicher als beispielsweise dem der Fliegen (untersucht an der Fruchtfliege *Drosophila melanogaster*). Viele der genetischen Eigenschaften der Seeanemone erinnerten gar an das menschliche Erbgut. Diese anfänglich vorhandene und bei den Fliegen und Fadenwürmern im Laufe der vorausgesetzten Evolution wieder verlorene Komplexität widerspricht laut PHILLIPS (2007) dem „weithin vertretenen Standpunkt, dass Organismen durch Evolution komplexer werden“.

Aus der Perspektive der Schöpfungsforschung

ist es eine erklärte Erwartung, dass auch geologisch früher auftretende Lebewesen voll entwickelt sind und große Komplexität aufweisen können. Die Befunde von PUTNAM et al. (2007) passen außerdem zum Konzept des Baukastensystems (JUNKER 2003), wonach genetische Ähnlichkeiten oberhalb der Grundtyp-Ebene nicht auf eine gemeinsame Stammesgeschichte zurückzuführen, sondern durch einen gemeinsamen Urheber, welcher die selben „Bausteine“ für den Aufbau ansonsten ganz verschiedenartiger Baupläne verwenden kann, während diese Organismengruppen im naturalistischen Evolutionsparadigma weit getrennt sein sollten. Diese Interpretation geht jedoch über eine naturwissenschaftliche Interpretation hinaus und bedarf einer gesonderten Betrachtungsweise.

Dass diese hochkomplexen genetischen Strukturen bereits zu Beginn der Geschichte der Eumetazoa vorhanden sind und nicht erst nach einer langen evolutionären Strecke graduell auftauchen, stellt für gängige Evolutionsvorstellungen eine große Herausforderung dar und passt zu einer Interpretation, welche das Auftauchen neuer Eigenschaften nicht von evolutivem Fortschritt abhängig macht. Interessanterweise ist dieser Eindruck so offensichtlich, dass auch solche Wissenschaftler, welche von einem rein naturgesetzlich erklärbaren Ursprung der biologischen Information durch ungelinkte Prozesse ausgehen, gerne auf „Schöpfungsvokabular“ zurückgreifen – so beispielsweise DANIEL ROKHSAR, der oben beschriebenes Phänomen folgendermaßen kommentiert: „We have this basic toolkit now for the whole animal kingdom [...] It gives a kind of unity to all animals that I think is kind of surprising“ (PHILLIPS 2007).

Die Frage jedoch, ob diese Einheit durch einen gemeinsamen Vorfahren erreicht wird, oder vielmehr Ausdruck desselben Urhebers ist, ist angesichts oben vorgestellter Forschungsergebnisse offener denn je.

[CAMPBELL NA (2006) Biologie. Pearson Studium. München; JUNKER R (2003) Baum, Baukasten, Netzwerk. *Stud. Int. J.* 10; 3-11. PHILLIPS ML (2007) Surprises in sea anemone genome. <http://www.the-scientist.com/news/display/53364/>; PUTMAN NH et al. (2007) Organization of Eumetazoan Gene Repertoire and Genomic Sea Anemone Genome Reveals Ancestral. *Science* 317, 86; VOIGT O et al. (2004) Placozoa – no longer a phylum of one. *Current Biology* 14, R944-945] C. Heilig

Rippenquallen aus dem Kambrium

Die Kambrische Explosion stellt nach wie vor eines der größten Rätsel in der Geschichte des Lebens dar. Während einer im konventionellen geologischen Rahmen vergleichsweise kurzen Zeitspanne von nur 10 bis 25 Ma entstanden nahezu alle modernen Tierstämme mit Hartteilen, ohne dass passende Vorfahren bekannt wären. Zusätzlich kommt hinzu, dass die gefundenen Tierstämme über ein komplexes Merkmalsmuster verfügen und miteinander kaum in verwandtschaftliche Bezie-