

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-

hungen zu bringen sind (FUTUYMA 2007; VALENTINE 2004; vgl. JUNKER & SCHERER 2006). Zur Lösung dieses Problems wurden bereits hypothetische Vorläufer postuliert, die etwa durch geringe Größe, zarten Bau oder schlechte Fossilisationsbedingungen nicht erhalten sein sollen. Die aus dem Präkambrium überlieferten, zum Teil mikroskopisch kleinen Fossilien belegen jedoch, dass eine zarte Struktur nicht prinzipiell einen Hinderungsgrund für eine Fossilisation darstellt (JUNKER & SCHERER 2006, 231). Weiterhin legen Sequenzvergleiche von Genen nahe, dass sich die Entstehung der Tierstämme tatsächlich in kürzester Zeit vollzog, der durch die Fossilien übermittelte Eindruck also die Realität widerspiegelt und kein Trugbild darstellt (JUNKER 2006). Von der Entdeckung frühkambrischer Fossilien erhofft man sich daher Aufschluss über die Evolution der einzelnen Tierstämme.

Aus Ningqiang (Süd-China) vermeldet ein internationales Forscherteam den Fund eines auffallend gut erhaltenen Embryos einer Rippenqualle (Ctenophora) aus dem frühen Kambrium (SCHOPF 2007). Mittels Raman-Spektroskopie und Konfokalmikroskopie konnten bei dem nur 190 Mikrometer messenden Fossil kleinste Strukturen sichtbar gemacht werden, so zum Beispiel die Mundöffnung und die typischen acht Kammreihen, die alle Arten der Ctenophora aufweisen. Auffallend ist allerdings das Fehlen der Tentakel. Die Forscher schließen daraus, dass diese zu einem späteren Zeitpunkt evolviert sind. Der Embryo war von einer Membran umschlossen und befand sich in einem fortgeschrittenen Entwicklungsstadium, kurz vor dem Schlüpfen. Schlüsse auf adulte (erwachsene) Exemplare können gezogen werden, da sich Rippenqualen in allen Entwicklungsstadien ab der befruchteten Eizelle in erster Linie durch ihre Größe unterscheiden, nicht jedoch vom grundsätzlichen Aufbau (PURVES 2006, S. 767). Das Alter des Fossils wird mit 540 Ma angegeben (SCHOPF 2007, 6291) und reicht damit beinahe bis an den Anfang der Kambrischen Explosion zurück, deren Beginn mittlerweile auf 542 Ma (FUTUYMA 2007) datiert wird. Der Embryo gleicht mit seinen Merkmalen bereits früher gefundenen Fossilien ausgewachsener Tiere der Art *Maotianoascus octonarius* aus der Chengjiang-Fauna in Süd-China, die auf ein Alter von 530 Ma datiert werden und damit deutlich jünger sind.

Die Evolution der Rippenqualen liegt nach wie vor im Dunkeln, bisher wurden lediglich Vendobionten der Edicara-Fauna als Vorfahren vorgeschlagen. Die Autoren merken jedoch an, dass dafür viele undokumentierte Zwischenschritte nötig wären, um die tiefgreifenden Veränderungen in Bau und Funktion zu realisieren. Die Rippenqualen wurden auch schon als Zwischenglied zwischen den Schwämmen und Nesseltieren vermutet, hier treten jedoch noch größere Schwierigkeiten beim Versuch auf, diese Stämme miteinander zu verbinden (SCHOPF 2007, 6291).



Mit dem Fund dieser ältesten bekannten Rippenqualle konnten keine neuen Hinweise auf eventuelle Vorfahren oder die Verwandtschaftsbeziehungen zu anderen Tierstämmen gewonnen werden. Vielmehr wurde ein weiteres Mal bestätigt, dass bereits beim erstmaligen Auftauchen der einzelnen Tierstämme im Kambrium differenzierte Baupläne vorlagen, die deutlich voneinander abgegrenzt sind und zum Teil über viele „hochentwickelte“ Merkmale verfügen. Wieder einmal wird deutlich, dass mehr „Wissen“ nicht unbedingt mehr Klarheit für naturalistische Ursprungsmodelle bedeutet – die Lage hat sich im Gegenteil verschärft. [FUTUYMA DJ (2007) Evolution. München, 97-99; JUNKER R (2006) Entstehung der kambrischen Tierwelt – auch nach molekularen Daten explosiv. Stud. Int. J. 13, 46f.; JUNKER R & SCHERER (2006) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen, 229 ff.; PURVES WK (2006) Biologie. München, 766 f.; SCHOPF WJ (2007) Raman spectra of a Lower Cambrian ctenophore embryo from southwestern Shaanxi, China. Proc. Natl. Acad. Sci. 104, 6289-6292; VALENTINE JS (2004) On the origin of phyla. Chicago und London.] C. Passon

Abb. 1: Rippenqualle *Mnemiopsis leidyi* (Foto und ©: Jan Langmaack; www.tauchen24.info; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

Du Wurm? Du Qualle!

Das Tierreich besteht aus zwei großen Untergruppen, den zweiseitig symmetrischen Tieren (z.B. Wirbeltiere) und den radiärsymmetrischen, wie Schwämme, Quallen und Rippenqualen. Ein merkwürdiger, kleiner Wurm (*Buddenbrockia*), der als Parasit in Moostierchen (Bryozoa) lebt, entzog sich lange Zeit einer genauen Einordnung. Das kleine Tier ist wurmförmig und führt auch wurmartig-schlagende und schnelle Bewegungen aus. Es besitzt keinen Magen, keine inneren Organe oder Sinnesorgane. Entlang der Körperachse befinden sich unter der Haut vier Muskelstränge, mit denen dieses Tier seine wurmartigen Bewegungen ausführt. Diese Parasiten bilden Sporen, die sich an neue Wirte durch nesselzellähnliche Kapseln