

Neumundtiere „sprechen“ gegen Evolution

Über den Ursprung der Deuterostomier

In einer Überblicksarbeit über die Deuterostomia („Neumundtiere“), zu denen die Wirbeltiere und damit auch wir Menschen gehören, stellen NANGLU et al. (2023) eine Reihe von Widersprüchlichkeiten in der Systematik zusammen. Die mutmaßliche frühe Evolutionsgeschichte liegt im Dunkeln. Die Probleme rühren letztlich daher, dass die Merkmalsbeziehungen der höheren Taxa* netzartig und nicht stammbaumartig sind – entgegen evolutionstheoretischer Vorhersagen.

Reinhard Junker

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Introbild Hufeisenwurm
Phoronis hippocrepis (Géry
Parent, gemeinfrei)

Die meisten Tiere sind zweiseitig symmetrisch gebaut und haben zwei ungefähr spiegelbildliche Körperseiten. Sie werden daher als **Bilateria** („Zweiseitentiere“) bezeichnet (vgl. Abb. 5). Dazu gehören so unterschiedliche Gruppen wie Wirbeltiere, Gliederfüßer, Schnecken oder Würmer; auch die Stachelhäuter (Echinodermata) wie z. B. Seesterne und Seeigel, obwohl Stachelhäuter meist fünf Symmetrieachsen besitzen.¹ Die fünfstrahlige Radiärsymmetrie der Stachelhäuter wird als sekundär interpretiert, da ihre Larvenstadien zweiseitig symmetrisch sind.

Die mit Abstand größten Untergruppen der Bilateria sind die **Protostomia** („Urmundtiere“) und **Deuterostomia** („Neumundtiere“) (vgl. Abb. 1, 5+6). Diese beiden Bezeichnungen nehmen Bezug auf die Entwicklung des Urmundes in der Embryonalentwicklung. Bei den Protostomiern bleibt der Urmund die vordere

Körperöffnung und wird zum definitiven Mund, während sich bei den Deuterostomiern der Urmund zum After entwickelt und der definitive Mund neu entsteht.²

Entsprechend ist bei den Protostomiern das Zentralnervensystem bauchseitig, bei den Deuterostomiern rückenseitig. Die bekanntesten Tiergruppen der Protostomier sind die Gliederfüßer (wie Insekten, Spinnen und Krebse), Weichtiere und Ringelwürmer; auch viele andere Gruppen gehören dazu. Die Deuterostomier haben vor allem die Stachelhäuter wie z. B. Seesterne und Seeigel und die Chordatiere in ihren Reihen, außerdem gehören die **Hemichordata** dazu (Kiemlochtiere, bestehend aus Eichelwürmern und Flügelkiemern; vgl. Abb. 2+6). Die zahlenmäßig weitaus größte Gruppe der **Chordata** (Chordatiere) sind die Wirbeltiere (Fische, Amphibien, Reptilien, Vögel und Säugetiere).

Angesichts der sehr verschiedenen Baupläne der Deuterostomier scheint es paradox, dass sie eine gemeinsame Abstammungsgeschichte teilen sollen. Begründet wird die Zusammengehörigkeit neben der Gemeinsamkeit der Entwicklung des Urmundes zum After durch weitere Entwicklungsmerkmale wie das Muster der radialen Teilung* der Embryonalzellen und die Entstehung der Leibeshöhle aus Ausstülpungen des Urdarms (Enterocoelie). Außerdem ist das Vorhandensein von Rachenöffnungen ein wichtiges vereinigendes morphologisches Merkmal, auch wenn es bei den modernen Stachelhäutern nicht verwirklicht ist, was evolutionstheoretisch als späterer Verlust interpretiert wird (NANGLU et al. 2023, 317). Dieses Vorgehen ist typisch in evolutionären Stammbaumrekonstruktionen: Passen Merkmale nicht in evolutionäre Rekonstruktionen, werden sie als sekundäre Änderungen interpretiert, oft als sekundärer Verlust. Sofern aber nicht durch passende Fossilfunde oder konkrete molekulargenetische Evolutionskonzepte eine solche sekundäre Änderung glaubhaft belegt werden kann, handelt es sich um rein spekulative Hilfhypothesen.

„Keine Hypothese kann völlig verworfen werden und keine Theorie kann von sich behaupten, sich gegen ihre Konkurrenten durchgesetzt zu haben.“

Eine Forschergruppe hat kürzlich eine Überblicksarbeit über den gegenwärtigen Stand des Wissens zum Ursprung der Deuterostomier veröffentlicht (NANGLU et al. 2023). Die darin zusammengetragenen Befunde entsprechen vielfach und in wichtigen Aspekten nicht den Erwartungen an eine evolutive Entstehung. Die

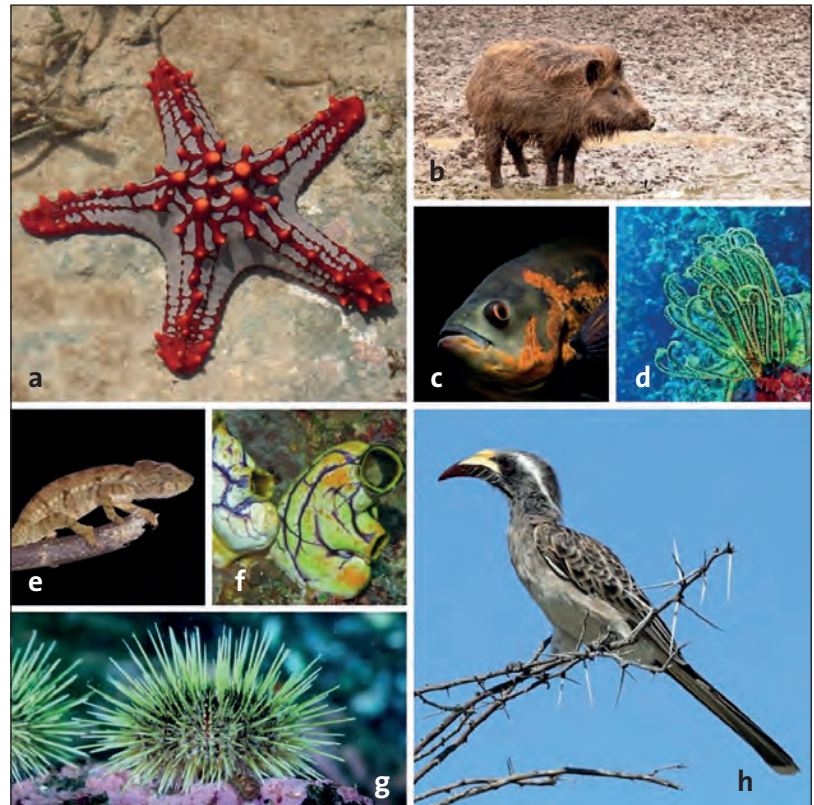


Abb. 1 Vielfalt von Deuterostomiern. **a** Walzensseestern (*Protoreaster linckii*), **b** Wildschwein (*Sus scrofa*), **c** Pfauenaugenbuntbarsch (*Astronotus ocellatus*), **d** Bennett-Federstern (*Oxycomanthus bennetti*), **e** Pantherchamäleon (*Furcifer pardalis*), **f** Gold-Seescheide (*Polycarpa aurata*), **g** Grüner Seeigel (*Strongylocentrotus droebachiensis*) und **h** der Grautoko (*Tockus nasutus*). (Michael Gäbler, CC BY 3.0)

Autoren stellen fest, dass die frühe Evolution der Deuterostomier nur unzureichend erforscht und umstritten ist. Dafür nennen sie drei Gründe: Erstens die enorme Verschiedenartigkeit der Baupläne, die die Feststellung von Gemeinsamkeiten und damit die Rekonstruktion mutmaßlicher Abstammungsbeziehungen erschwert. Zweitens den Mangel an Fossilfunden aus der Frühzeit der Deuterostomier. Und drittens viele widersprüchliche Merkmalskombinationen.



Abb. 2 Hemichordata (Kiemlochtiere): Links verschiedene Vertreter der Enteropneusta (Eichelwürmer), rechts *Cephalodiscus dodecalophus*, ein Vertreter der Pterobranchia (Flügelkiemer). (Links: Johann Wilhelm Spengel, gemeinfrei; rechts: Luis Fernández García, CC BY-SA 4.0). (Vgl. Abb. 6)

Kompakt

Eine Überblicksarbeit über den gegenwärtigen Stand des Wissens zum Ursprung der Deuterostomie (NANGLU et al. 2023) zeigt, dass die Befunde vielfach und in wichtigen Aspekten nicht den Erwartungen an eine evolutive Entstehung entsprechen. Die frühe Evolution der Deuterostomie ist nur unzureichend erforscht und bleibt umstritten. Gründe für diese Situation sind nach NANGLU et al. die enorme Verschiedenartigkeit der Baupläne, der Mangel an Fossilfunden und viele widersprüchliche Merkmalskombinationen. Als Konsequenz daraus wurden zahlreiche sich widersprechende Hypothesen über Verwandtschaftsverhältnisse aufgestellt, von denen keine als sicher belegt oder als klar widerlegt gelten könne. Unterschiedliche Merkmale begründen verschiedene Verwandtschaftshypothesen. Jede baumförmige bzw. eingeschachtelte Darstellung der Beziehungen der Deuterostomie-Gruppen ist mit mehr oder weniger ausgeprägten Merkmalswidersprüchen behaftet. Die Autoren bezeichnen diese Situation bezüglich der Herkunft der Deuterostomie als „intellektuellen Wilden Westen“.

In diesem Beitrag werden einige Befunde aus der Arbeit von NANGLU et al. zusammengestellt, die diese Schwierigkeiten veranschaulichen, zum einen aus der Vergleichenden Biologie (Merkmalswidersprüche), zum anderen aus der Fossilüberlieferung. Es handelt sich nicht um einzelne offene Fragen, sondern um *systematische* Schwierigkeiten. Die weithin unsystematische Verteilung der Merkmale entspricht einer freien Verwendbarkeit von genetischen bzw. morphologischen Modulen, wovon aber nur in einem Schöpfungsmodell ausgegangen werden kann.

Die Autoren resümieren: „In vielerlei Hinsicht befinden wir uns trotz jahrhundertelanger zoologischer Bemühungen und zwei Jahrzehnte nach der Veröffentlichung der neuen Phylogenie der Tiere immer noch in einem intellektuellen Wilden Westen, was die Herkunft der Deuterostomie angeht. Keine Hypothese, wie weit hergeholt sie auch erscheinen mag, kann völlig verworfen werden. Keine Theorie, und sei sie noch so verlockend logisch, kann von sich behaupten, sich gegen ihre Konkurrenten durchgesetzt zu haben. Die Deuterostomie entziehen sich nach wie vor einer einzigen, klaren Aussage zu ihrer frühen Evolution, was gleichermaßen faszinierend und frustrierend ist“ (NANGLU et al. 2023, 345). Nachfolgend sind einige Befunde aus der Arbeit von NANGLU et al. zusammengestellt, die diese Schwierigkeiten veranschaulichen, zusammengefasst unter den Stichworten „Merkmalswidersprüche“ und „Fossilüberlieferung“.

Abb. 3 Pfeilwurm *Spadella cephaloptera* (Zatgelmar, CC BY 3.0). Hufeisenwürmer (Phoroniden) und Pfeilwürmer (Chaetognathen) werden zum Protostomie-Überstamm der Lophotrochozoa gerechnet.



Merkmalswidersprüche nach NANGLU et al. (2023)

- Die Einzelheiten der Beziehungen zwischen den Deuterostomie-Gruppen sind schwer zu entschlüsseln. Das liegt daran, dass die Deuterostomie-

stomie-Gruppen (abgesehen von den Wirbeltieren) die meisten grundlegenden ökologischen Anpassungen und mutmaßlichen evolutionären Übergänge aufweisen: Übergang von der bilateralen (zweiseitigen) zur radialen Symmetrie, Miniaturisierung des Körperbaus, *mehrfache unabhängige* Erlangung der Koloniebildung, vollständige und teilweise Metamorphose und *mehrfache unabhängige* Wechsel zwischen sessilen* und beweglichen Lebensformen in den wichtigsten Kladen* (Abstammungsgemeinschaften) (NANGLU et al. 2023, 317).

- Zahlreiche Tierstämme, die früher zu den Deuterostomiern gestellt wurden, wie z. B. die Phoroniden (Hufeisenwürmer; Introbild) und die Chaetognathen (Pfeilwürmer; Abb. 3), werden heute nicht mehr dazu gerechnet. In anderen Fällen ist ihre Zugehörigkeit umstritten wie z. B. bei den Xenoturbelliden (S. 317; vgl. Abb. 4+5). Die mit den Deuterostomiern gemeinsamen Merkmale dieser Gruppen werden von verschiedenen Wissenschaftlern also teilweise unterschiedlich interpretiert.

- Verschiedene Datensätze ergaben bei den Xenacoelomorpha (vgl. Abb. 5) widersprüchliche Verwandtschaftsbeziehungen. **Xenacoelomorpha** ist die Bezeichnung für die gemeinsame Klade von Xenoturbellida („fremde Strudelwürmer“, s. Abb. 4) und Acoelomorpha (sehr kleine Würmer ohne Verdauungstrakt). Diese Übergruppe relativ unscheinbarer Würmer erhielt besondere Beachtung als mögliche Schwestergruppe der übrigen Bilateria (S. 317f.). Sie wurde auf der Basis umfangreicher molekularer Daten in verschiedene Zweige des Stammbaums der Bilateria eingeordnet. Die Beziehungen zu den anderen Bilateria sind trotz der Datenfülle immer noch umstritten (S. 342; vgl. Abb. 9). „Wenn es sich tatsächlich um Deuterostomie handelt, stellt sich die Frage, ob die xenacoelomorphen Linie sekundär vereinfacht ist oder ob der letzte gemeinsame Vorfahre der Deuterostomie viel einfacher ist, als wir denken“ (S. 342). Das aber würde Befunden widersprechen, die auf einen eher komplex gebauten gemeinsamen Vorfahren hinweisen (vgl. CANON et al. 2016).

- Möglicherweise sind die Deuterostomie nicht monophyletisch* (d. h. nicht nur aus einer einzigen Abstammungsgemeinschaft bestehend); und vielleicht sind die Chordatiere enger mit den Protostomiern (Urmundtieren) verwandt als mit den Xenambulacraria (S. 342) – die Xenambulacraria sind ein Paraphylum* aus Xenacoelomorpha („Darmlose“) und Ambulacraria, die ihrerseits aus Hemichordata (Kiemlochtiern) und Echinodermata (Stachelhäutern) bestehen (vgl. Abb. 8).

- Zwar konnte die Klade der **Ambulacraria** (Kiemlochtiere + Stachelhäuter; vgl. Abb.

6+9) durch eine Kombination aus morphologischen (gestaltlichen), entwicklungsgeschichtlichen und molekularen Daten als Schwestergruppe der Chordatiere untermauert werden. Aber die Monophylie* dieser Gruppe wurde kürzlich in Frage gestellt, weil viele der verbindenden Merkmale weiter im Tierreich verbreitet sind als zuvor angenommen und auch außerhalb der Deuterostomier vorkommen (S. 318).

- Auf der Ebene der Überstämme ist die Identifizierung stimmiger Synapomorphien* (gemeinsamer abgeleiteter Merkmale) teilweise schwierig. Die entwicklungsbiologischen Merkmale, die für die Deuterostomier typisch sind, kommen nämlich auch außerhalb der Deuterostomier vor (S. 335).

- Die Ableitung größerer morphologischer Veränderungen innerhalb der morphologisch vielgestaltigen Stammgruppe der **Stachelhäuter** (Echinodermata) ist umstritten (S. 318).

Die Yunnanozoen wurden in fast jede denkbare Position der Deuterostomier eingeordnet außer bei den Stachelhäutern.

- Sogenannte „**problematische Taxa**“ wie die ausgestorbenen **Vetulicolia** (Abb. 7) vergrößern die Unstimmigkeiten noch. Die Vetulicolia haben einen der rätselhaftesten Körperbaupläne unter allen fossilen Gruppen (vgl. S. 336). Zusammen mit dem durchweg kutikularisierten* Körper (mit Außenskelett) „scheinen die Vetulicolia viel mit den Gliederfüßern gemeinsam zu haben“, die zu den Protostomiern gehören. „Die Reihe der seitlichen Öffnungen im vorderen Bereich wurde jedoch als homolog* [d. h. gemeinsames Merkmal einer Abstammungsgemeinschaft] zu den Kiemenporen der Deuterostomier interpretiert, was zu einer verwirrenden, chimärenartigen³ Tiergruppe führt“ (S. 336). Ebenso problematisch ist es bei den eventuell zu den Vetulicolia gehörenden ebenfalls ausgestorbenen **Yunnanozoa**: „Die Yunnanozoa aus Chengjiang haben eine der verworrensten phylogenetischen Geschichten hinter sich. [...] Tatsächlich wurden die Yunnanozoen in fast jede denkbare Position der Deuterostomier eingeordnet – außer bei den Stachelhäutern“ (S. 337; vgl. CONG et al. 2014).

- Es ist schwierig, eine konkrete Liste von Synapomorphien* zusammenzustellen, die die Deuterostomier vereint (S. 337). Merkmale der Entwicklungsbiologie wie das Schicksal des Blastoporus (Urmund in der Embryonalentwicklung) und die radiale Teilung der Embryonalzellen, die gewöhnlich angeführt werden, finden sich auch außerhalb der Deuterostomier

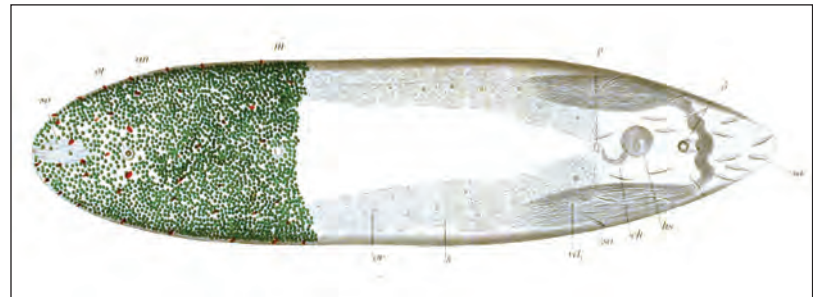


Abb. 4 Oben: Weibchen von *Xenoturbella japonica* aus der Gruppe der Xenoturbelliden („fremde Strudelwürmer“). Die weiße Pfeilspitze zeigt die Ringfurche an. (NAKANO et al. 2017; CC BY-SA 4.0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>)
Unten: *Symsagittifera schultzei* aus der Gruppe der Acoelomorpha („Darmlose“) gehört zur Familie der räuberischen Convolutidae, die häufig in Symbiose mit endosymbiotischen Algen (in grün) leben. (Ludwig Graff, gemeinfrei)

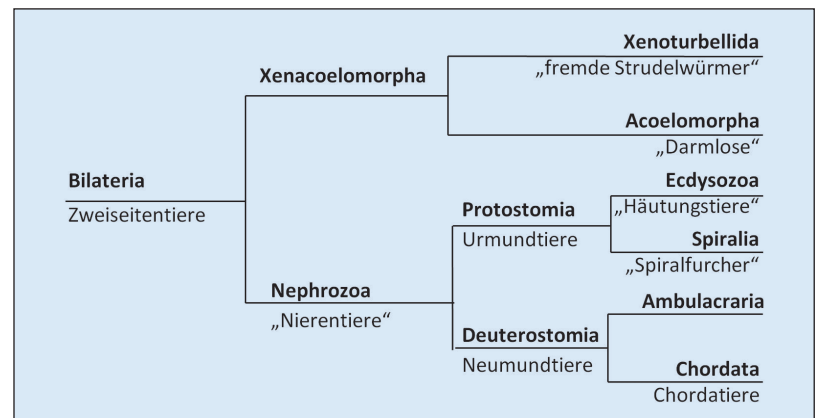


Abb. 5 Eine mögliche Systematik der Bilateria („Zweiseitentiere“), soweit möglich mit deutschen oder eingedeutschten Bezeichnungen. Xenoturbellida („fremde Strudelwürmer“); Acoelomorpha („Darmlose“); Ecdysozoa (z. B. Insekten), Spiralia (z. B. Weichtiere und Ringelwürmer); zu Deuterostomia siehe Abb. 6.

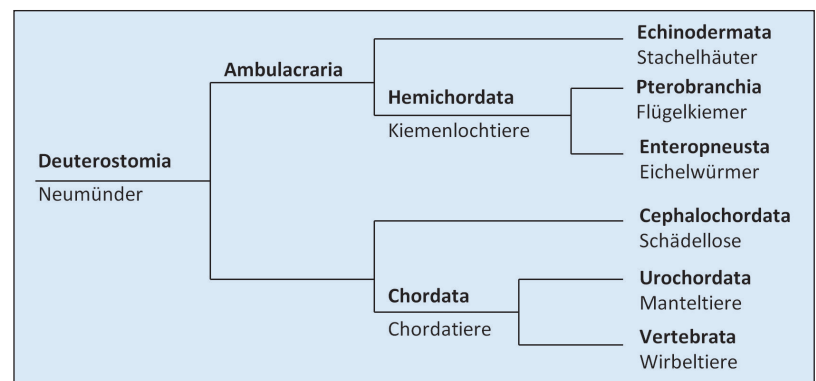


Abb. 6 Die derzeit bevorzugte Systematik der Deuterostomia.

(S. 337). Mögliche Deuterostomia-übergreifende Merkmale sind konservierte Hox-Cluster* (Gruppen wichtiger regulativer Gene) und drei Merkmale, die am ehesten im Fossilbericht nachweisbar sind: die Larvenentwicklung, die biomineralisierten Skelette und die Kiemen-

Abb. 7 Rekonstruktion verschiedener Mitglieder des Stammes Vetulicolia, die in der Fossilagerstätte des Maotianshan-Schiefers aus dem frühen Kambrium (auf ca. 525–520 Millionen Jahre radiometrisch datiert) gefunden wurden. Von oben: *Yuyuanozoon magnificissimi*, *Heteromorphus longicaudatus*, *Vetulicola cuneata*, *Xidazoon stephanus* und *Yunnanozoon lividum*. (© Stanton F. Fink, CC BY 2.5)



schlitze im Schlund (S. 338). Die drei Deuterostomier-Stämme Stachelhäuter, Hemichordaten und Chordatiere produzieren Biominerale allerdings auf unterschiedliche Weise und mit sehr unterschiedlicher Ausprägung in Bezug auf ihren Körperbau und ihre kladenspezifischen Bestandteile (S. 339). Dieser Befund spricht wiederum eher für konvergente* Bildungen, also eine unabhängige Entstehung.

Es ist schwierig, Merkmale zusammenzustellen, die allen Deuterostomiern gemeinsam sind.

- Auch die Beziehung zwischen Deuterostomieren und Protostomieren ist ungeklärt. Die früher als Deuterostomier ausgewiesenen drei Stämme der Lophophorata (Kranzföhler)⁴ sowie der Stamm Chaetognatha (Pfeilwürmer) wurden mittlerweile zu den Protostomieren gestellt. Einige Deuterostomier-Merkmale, nämlich das definierende Merkmal der Deuterostomie sowie radiale Teilung und Enterocoelie (Leibeshöhle entsteht aus Urdarmstülpungen) sind möglicherweise plesiomorph („ursprünglich“) zu den Bilateria, d. h. nicht spezifisch für die Deuterostomier (S. 343), und kennzeichnen damit eine größere Gruppe als nur die Deuterostomier.
- Die Beurteilung der Homologien zwischen den deuterostomischen Stachelhäutern, Hemichordaten und Chordatiere ist bemerkenswert schwierig. Bei den Merkmalen, die Xenacoelomorphe („Darmlose“) und Deuterostomier gemeinsam haben (vgl. Abb. 5), könnte es sich zudem aus evolutionärer Perspektive um Merkmale der Urbilateria (Stammform der Zweiseitentiere) handeln, die dann in der protostomischen Linie sekundär verloren gegangen wären. Wie oben bereits angemerkt, sind solche sekundären Verluste empirisch kaum überprüfbar.

Hypothesen. Außerdem haben die „problematischen Taxa“ wie die Vetulicolia mehr Fragen als Antworten gebracht (S. 343; s. o.).

- Es wird auch der Vorschlag diskutiert, die Chordatiere mit den Protostomieren in einer Klade zusammenzufassen. KAPLI et al. (2021) haben dafür den Begriff „**Centroneuralia**“ vorgeschlagen (vgl. Abb. 8), deren Angehörige durch das Vorhandensein eines zentralen Nervensystems gekennzeichnet sind. Viele Merkmale, die die Deuterostomie definieren – wie die Deuterostomie und die radiale Teilung der Embryonalzellen –, wären dann nicht spezifisch für diese Gruppe, sondern weiter verbreitet und in Wirklichkeit Synapomorphien der Bilateria (s. o.). Die Lophophorata (Kranzföhler) und Chaetognatha (Pfeilwürmer), die früher zu den Deuterostomieren gestellt und später ausgegliedert wurden, wären in diesem Modell Mitglieder der Centroneuralia. Ihre Deuterostomier-Merkmale müssten somit nicht als unabhängiger Erwerb interpretiert werden, sondern könnten als Ausprägungen eines gemeinsamen Vorfahren interpretiert werden (S. 345). Nach dieser Phylogenie müssten aber mit den Chordatiere gemeinsame Merkmale der Ambulacraria (Kiemenlochtere und Stachelhäuter; vgl. Abb. 6) konvergent (unabhängig) entstanden sein. Dies zeigt exemplarisch: Konvergenzen sind so typisch für Stammbaumrekonstruktionen, dass man sie auch durch das Aufstellen neuer Kladen nicht vermeiden kann. Natürlich wird versucht, die Anzahl an Konvergenzen in evolutionären Modellen weitgehend zu minimieren, komplett loswerden kann man sie aber nicht.

Fossilüberlieferung nach NAGLU et al. (2023)

- Fossilien liefern keine Daten, die es ermöglichen, die beschriebenen Inkonsistenzen aufzulösen. Denn die ältesten eindeutig zuordenbaren Fossilien der Tierstämme der Deuterostomier stammen erst aus dem Kambrium (541–485 MrJ (Millionen radiometrische Jahre)). Zu diesem Zeitpunkt weist jede Hauptlinie bereits eine erhebliche Verschiedenartigkeit auf und muss vom mutmaßlichen letzten gemeinsamen Vorfahren der Deuterostomier (LCA) beträchtlich unterschieden sein (S. 318).
- Eine Fülle von Merkmalen früher potenzieller fossiler Deuterostomier besaß keine eindeutige Entsprechung mit heutigen Formen. Außerdem weisen einige Formen Kombinationen moderner Merkmale auf, die als solcher Merkmalsmix seit über einer halben Milliarde radiometrischer Jahre bei keinem anderen Lebewesen mehr vorkamen (S. 318).

Die Fossilien der Tierstämme der Deuterostomier weisen von Beginn ihrer Überlieferung an eine erhebliche Verschiedenartigkeit auf.

- Die kambrische Fossilüberlieferung „liefert ebenso viele Fragen wie Antworten, wenn es um die Ökologie der frühen Hemichordaten [Kiemlochtiere] geht, da nahezu jedes denkbare Merkmal und jede Merkmalskombination synchron auftritt“ (S. 324). Es gibt also eine verwirrende Vielfalt und Vielgestaltigkeit von Beginn der Fossilüberlieferung an.
- Zahlreiche neuere Fossilfunde haben keine klaren, schlüssigen Aussagen zur Abstammung der Hemichordata ermöglicht, und die Reihenfolge des Erwerbs der typischen Merkmale innerhalb dieses Stammes ist schwer zu ermitteln. „Die erst kürzlich entdeckte Vielfalt von Weichteilen der kambrischen Hemichordaten scheint das zu rekapitulieren, was wir bereits von vielfältigeren und leichter fossilisierbaren Stämmen wissen: Alle Merkmalskombinationen scheinen möglich zu sein, zusätzlich zu völlig neuen Merkmalen, die sich einer direkten Homologie mit modernen Taxa widersetzen“ (S. 324). Hierbei drängt sich der Gedanke an ein *frei verwendbares Baukastensystem* förmlich auf (s. u.).
- Bei den Stachelhäutern bestehen Schwierigkeiten, homologe Merkmale bei verschiedenen

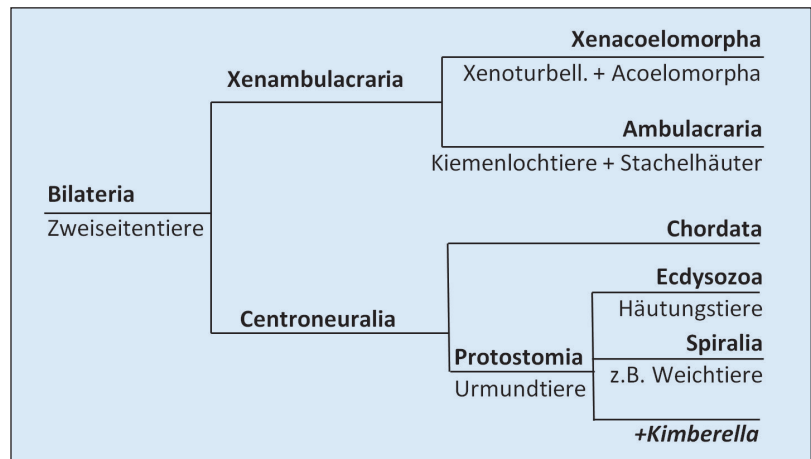


Abb. 8 Systematik der Bilateria nach Vorschlag von KAPLI et al. (2021), die die Deuterostomia (Urmundtiere) als seit 1908 durch GROBEN etablierte Klade komplett hinfällig macht (vgl. Abb. 9).

Gruppen sicher zu identifizieren, was eine große Herausforderung bei der Modellierung des gemeinsamen Vorfahren darstellt. Zwischen den Taxa der Stachelhäuter bestehen große morphologische und ökologische Unterschiede von Beginn der Fossilüberlieferung an; sie müssten sich aus evolutionärer Perspektive also innerhalb einer relativ kurzen Zeitspanne entwickelt haben. Zudem haben sich phylogenetische (stammesgeschichtliche) Interpretationen mit der Entdeckung neuer Fossilien, mit der Beschreibung bisher nicht erkannter morphologischer Merkmale, durch alternative Homologie-Beziehungen und durch die Anwendung quantita-

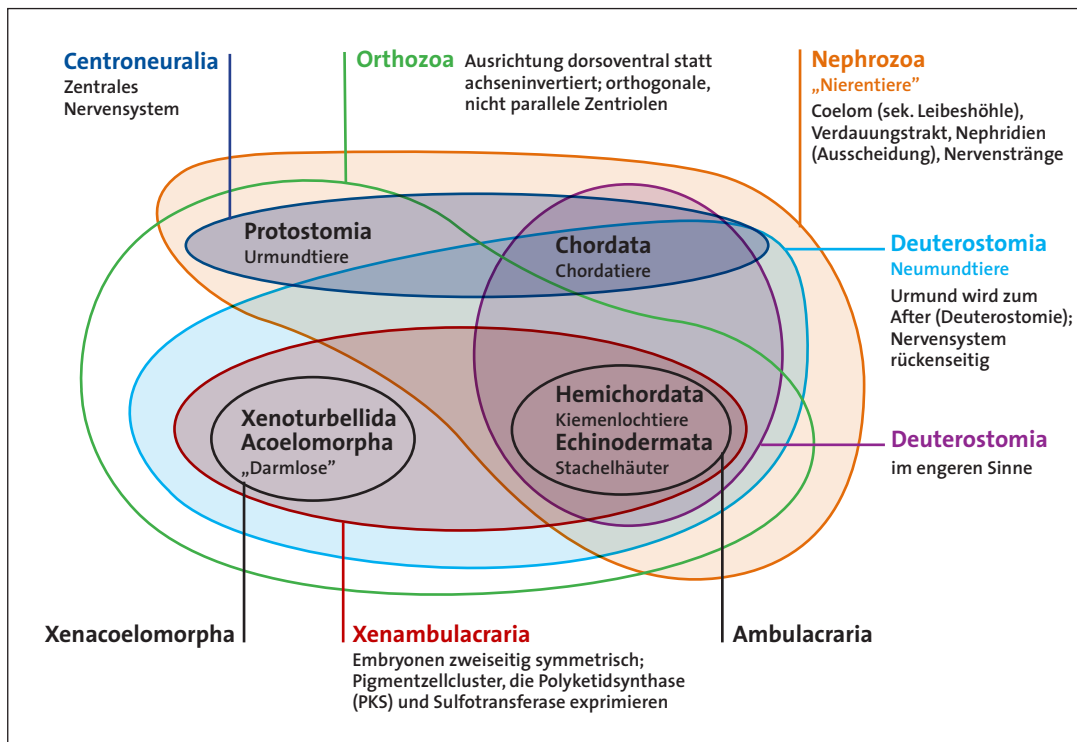


Abb. 9 Vorschläge verschiedener Gruppierungen unter den Bilateria (Zweiseitentiere). Einige verbindende Merkmale sind angegeben. Dazu kommen bei einigen Gruppen molekulare Gemeinsamkeiten. Die Beziehungen sind ausgeprägt vernetzt. Man kann zwar Gründe benennen, warum manche Gruppierungen nicht (mehr) bevorzugt werden, das ändert aber nichts daran, dass es jeweils gemeinsame verbindende Merkmale gibt. Die Verhältnisse sind noch komplizierter als dargestellt, z. B. kommt Deuterostomie auch bei manchen Protostomiiern vor (bei Chaetognatha, einigen Lophophorata, Nematomorpha, Arthropoda). Zudem ist die fossile Gruppe der Vetulicolia aufgrund ihres Merkmalsmosaiks nicht klar zuordenbar. (Darstellung auf der Basis von Angaben in CANNON et al. 2016, HEINOL et al. 2009, PHILIPPE et al. 2019, KAPLI et al. 2021, KAPLI & TELFORD 2020)

tiver phylogenetischer Methoden *wiederholt* geändert (S. 325). Phylogenetische Analysen führen zwar zu ähnlichen Stammbaumrekonstruktionen, decken jedoch immer wieder Unstimmigkeiten zwischen den phylogenetischen Positionen und dem ersten Auftreten der wichtigsten Gruppen im Fossilbericht auf (S. 328). Die Forscher interpretieren den Befund evolutionär so, dass die Entstehung von verschiedenartigen Körpermerkmalen der Stachelhäuter in der frühen Evolutionsgeschichte der Gruppe extrem schnell verlief (S. 328) und resümieren: „Angesichts der Schwierigkeiten bei der Feststellung von Homologien zwischen den Stachelhäutergruppen, der großen morphologischen Unterschiede zwischen den frühen Formen der Stachelhäuter und der unvollständigen kambrischen Überlieferung ist die Rekonstruktion des LCA [last common ancestor] der Stachelhäuter eine große Herausforderung“ (S. 333). Die Annahme einer schnellen Diversifizierung ist jedoch nur eine Ad-hoc-Hilfshypothese, für die es keine unabhängigen Belege gibt.

Zwischen den Taxa der Stachelhäuter bestehen große morphologische und ökologische Unterschiede von Beginn der Fossilüberlieferung an.

- Nach der aktuellsten Phylogenie der Stachelhäuter ist die radiale Symmetrie der Stachelhäuter abgeleitet und nicht ursprünglich. Allerdings tauchen bilaterale und asymmetrische Stachelhäuter fossil erst ca. 20 MrJ später als die radiärsymmetrischen Formen auf, nämlich erst in der Mitte der 4. Stufe des Kambriums (514–509 MrJ) – statt zu dessen Beginn wie beim Großteil der Stachelhäuter; nach TOPPER et al. (2019) bereits deutlich früher in der 1. Stufe (Fortunium, ca. 541–521 MrJ). Diese Situation könnte nach Auffassung von NANGLU et al. (2023) ein Indiz dafür sein, dass sich die Biomineralisierung unabhängig in mehreren Linien entwickelt hat. Allerdings spricht die komplizierte Natur des Stachelhäuter-Stereoms⁵ stark für einen *einzigsten* Ursprung (S. 340). Aufgrund dieser Situation spekulieren die Forscher, dass die Stachelhäuter eine extrem hohe morphologische Evolutionsrate aufweisen könnten (S. 340).

Aussehen des Ur-Deuterostomiers

NANGLU et al. (2023) versuchen trotz des kontroversen Diskussionsstandes und der Merkmalswidersprüche das Aussehen des mutmaßlichen gemeinsamen Vorfahren der Deuterostomier zu rekonstruieren. Die Autoren vermuten, dass dieser Vorfahr ein ähnliches Genregulationssystem für die Ausbildung der Körperachse

(„anterior-posterior“) wie die modernen Eichelwürmer und Schädelloren (Acrania bzw. Cephalochordata wie Lanzettfischchen) besaß, eine einfache planktonische Larvenform hatte, Kalziummineralien in begrenztem Umfang ausscheiden konnte und dass eine aus einfachen Poren bestehende Schlundregion ausgebildet war. Im erwachsenen Zustand soll dieses hypothetische Tier wahrscheinlich beweglich gewesen sein, im Gegensatz zu einem früher angenommenen sessilen* Ursprung.

Es ist klar, dass eine solche Rekonstruktion ziemlich spekulativ bleiben muss. Denn der Fossilbericht ist nicht aussagekräftig genug und aus evolutionärer Perspektive extrem lückenhaft. Und die Merkmalskombinationen sind so unterschiedlich, dass daraus kein klarer Favorit für einen Ur-Deuterostomier erschlossen werden kann. Diese Feststellung findet sich ähnlich auch bei CONG et al. (2014, 65): „Die Erkennung eines Stamm-Deuterostomiers im Fossilbericht ist eine Herausforderung, da erhebliche Unsicherheit über den wahrscheinlichen Körperbau des letzten gemeinsamen Vorfahren der Deuterostomier besteht [...] und weil es nur wenige identifizierbare Synapomorphien von Deuterostomieren gibt.“

Schlussfolgerungen

Die Schwierigkeiten, eine stimmige Systematik zu entwickeln, rühren daher, dass in einem evolutionstheoretischen Deutungsrahmen die Existenz *eines* einzigen bestimmten *Stammbaums* angenommen werden muss, der im Idealfall auch rekonstruierbar sein sollte. Die Verteilung der Merkmale führt jedoch je nach Gewichtung zu *unterschiedlichen* und sich widersprechenden phylogenetischen Rekonstruktionen. Immer wieder auftretende Umgruppierungen von Taxa und umstrittene Positionen von Taxa je nach zugrunde gelegten Datensätzen belegen, dass die Merkmalsverteilung eine *stammbaumförmige* Darstellung häufig massiv erschwert. Selbst hochrangige Merkmale wie die Deuterostomie (Bildung des Neumundes) sind nicht geeignet, um für klare Verhältnisse zu sorgen. Besonders frappierend ist die Kombination von Protostomier- und Deuterostomier-Merkmalen bei den fossilen Vetulicolia (gleichsam eine paradoxe Mischung aus Gliederfüßer und Chordatier). Hinzu kommen Feststellungen wie solche, dass die Yunnanozoen „in fast jede denkbare Position der Deuterostomier eingeordnet“ werden können oder dass bei den Hemichordaten „nahezu jedes denkbare Merkmal und jede Merkmalskombination synchron auftritt“ (NANGLU et al. 2023, 324+337). Diese Befunde sprechen für eine freie Kombinierbarkeit von Merkmalen

(Baukastensystem) und eine eher netzförmige Beziehung der Merkmale (vgl. Abb. 9). Diese Freiheit hat ein Schöpfer, nicht jedoch ein an bestimmte Mechanismen und jeweilige Vorkonstruktionen gebundener Evolutionsprozess.

Die beschriebenen Befunde können aus Schöpfungsperspektive so gedeutet werden, dass die Anzahl von eigenständig erschaffenen Gruppen (Grundtypen) mit heute unbekannten Merkmalsmosaikern vor deren Aussterben viel höher war als heute. Wahrscheinlich sind massive Umweltänderungen im Laufe der Erdgeschichte die wesentliche Ursache dafür, dass von der ursprünglichen Vielzahl von Grundtypen ganz unterschiedlicher hochrangiger Taxa (wie Stämme und Klassen) nur ein Teil mit entsprechend geeigneten Merkmalskombinationen überleben konnte. Dabei ist allerdings aufgrund bisheriger Grundtyp-Studien davon auszugehen, dass hochrangige Taxa wie Stämme und Klassen wohl nur als eine menschengemachte begriffliche Zusammenfassung von verschiedenen Grundtypen zu verstehen sind, da die Schöpfungseinheiten eher auf mittlerer systematischer Ebene (am ehesten auf Familienebene) zu suchen sind (CROMPTON 2018, 10–12; ähnlich BEHE 2019, 152–156).

Auch die Fossilüberlieferung erfüllt evolutionstheoretische Vorhersagen nicht. Das sehr schnelle Auftreten einer enormen Verschiedenartigkeit im Kambrium und das weitgehende Fehlen von Fossilien mutmaßlicher Vorfahren in älteren Schichten entspricht nicht evolutionstheoretischen Erwartungen (vgl. JUNKER 2014; 2022).

Dank. Benjamin Scholl verdanke ich zahlreiche wertvolle Hinweise, Ergänzungen und Verbesserungsvorschläge.

Anmerkungen

- ¹ Unter den ausgestorbenen Arten gibt es auch zweiseitig-symmetrische und asymmetrische Formen.
- ² Es gibt allerdings Ausnahmen, daher ist dieses Merkmal nicht alleine entscheidend für die Zuordnung zu den beiden Gruppen (siehe Text).
- ³ Eine Chimäre kombiniert in der griechischen Mythologie die Merkmale verschiedener Tiergruppen.
- ⁴ Zu dieser Gruppe stellte man sessile Tiere, die sich als Filtrierer im Wasser ernähren: Armfüßer (Brachiopoda), Moostierchen (Bryozoa) und Hufeisenwürmer (Phoronida).
- ⁵ Ein Kalziumkarbonat, aus dem die inneren Skelette aller Stachelhäuter aufgebaut sind.

Literatur

- BEHE M (2019) Darwin Devolves: The New Science About DNA That Challenges Evolution (English Edition). Kindle Ausgabe. HarperOne.
- CANNON JT, COSSERMELLI B, SMITH J III, RONQUIST F, JONDELIUS U & HEJNOL A (2016) Xenacoelomorpha is the sister group to Nephrozoa. *Nature* 530, 89–93.
- CONG PY, HOU XG, ALDRIDGE RJ, PURNELL MA & LI

Glossar

Deuterostomia: Tiergruppen, bei deren Mitgliedern in der Entwicklung der Urmund zum After wird und der Mund neu gebildet wird.

Homologie: In evolutionstheoretischer Deutung eine Bauplanähnlichkeit, die auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt wird, die das Bauplanelement bereits besaßen.

Hox-Cluster: In der Ontogenese wichtige Gruppe regulatorisch wirksamer Gene; enthalten einen identischen Genabschnitt, der für einen spezifischen Proteinabschnitt (Homeobox) codiert.

Klade: (gr.) Zweig, geschlossene → monophyletische Abstammungsgemeinschaft.

Konvergenz: Vorkommen ähnlicher Strukturen und Funktionen einzelner Organe bei nicht abstammungsmäßig verwandten Organismen.

Kutikula: bei Tieren ein Außenskelett; eine von der äußersten Zellschicht nach außen abgeschiedene stabile Hülle.

monophyletisch: alle Nachfahren einer

hypothetischen Stammart umfassend.

paraphyletisch: Die Mitglieder einer Gruppe stammen zwar alle von einer einzigen Stammart ab, aber diese Gruppe umfasst nicht alle Nachfahren dieser Stammart.

Protostomia: Tiergruppen, bei deren Mitgliedern in der Entwicklung der Urmund zum definitiven Mund wird.

radiale Teilung: Bei der radialen Teilung sind die Blastomere (Zellen, die durch Zellteilung durch Abschnürung entstanden sind) so angeordnet, dass die Blastomere jeder oberen Schicht direkt über denen der direkt darunter liegenden Schicht liegen.

sessil: (auf einem Untergrund) festsitzend.

Synapomorphie: gemeinsames abgeleitetes („höherentwickeltes“) Merkmal.

Taxon: (pl. Taxa): systematische Gruppe bzw. eine Einheit im System der Lebewesen wie Arten, Gattungen, Familien, Ordnungen, Klassen oder Stämme.

YZ (2014) New data on the palaeobiology of the enigmatic yunnanozoans from the Chengjiang Biota, Lower Cambrian, China. *Paleontology* 58, 45–70.

CROMPTON N (2018) Die genetische Familie der Haliotidae – Hybridisierung, Fortpflanzungsisolierung und sympatrische Artbildung. W+W Special Paper B-18-2, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/halio-tidae-hybridisierung-sympatrische-artbildung/>.

HEJNOL A, OBST M et al. (2009) Assessing the root of bilaterian animals with scalable phylogenomic methods. *Proc. R. Soc. B* 276, 4261–4270.

JUNKER R (2014) Zur neueren Diskussion über die kambrische Explosion. W+W Special Paper B-14-1, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-14-1_kambrische_explosion.pdf

JUNKER R (2022) Ein Update zur „Kambrischen Explosion“. *Stud. Integr. J.* 29, 103–106.

KAPLI P, NATSIDIS P et al. (2021) Lack of support for Deuterostomia prompts reinterpretation of the first Bilateria. *Sci. Adv.* 7, eabe2741.

KAPLI P & TELFORD MJ (2020) Topology-dependent asymmetry in systematic errors affects phylogenetic placement of Ctenophora and Xenacoelomorpha. *Sci. Adv.* 6, eabc5162.

NAKANO H, MIYAZAWA H et al. (2017) A new species of *Xenoturbella* from the western Pacific Ocean and the evolution of *Xenoturbella*. *BMC Evol. Biol.* 17, 245.

NANGLU K, COLE SR, WRIGHT DF & SOUTO C (2023) Worms and gills, plates and spines: the evolutionary origins and incredible disparity of deuterostomes revealed by fossils, genes, and development. *Biol. Rev.* 98, 316–351.

PHILIPPE H, POUSTKA AJ et al. (2019) Mitigating anticipated effects of systematic errors supports sister-group relationship between Xenacoelomorpha and Ambulacraria. *Curr. Biol.* 29, 1818–1826.

TOPPER TP, GUO J, CLAUSEN S, SKOVSTED CB & ZHANG Z (2019) A stem group echinoderm from the basal Cambrian of China and the origins of Ambulacraria. *Nat. Commun.* 10:1366.

Anschrift des Verfassers:

Reinhard Junker, SG Wort und Wissen,

Rosenbergweg 29, 72270 Baidersbrunn;

E-Mail: reinhard.junker@wort-und-wissen.de