

Mosaik an der Basis der Tiere: Ist das Nervensystem zweimal entstanden?

Neue Untersuchungen an Rippenquallen brachten überraschende Befunde zutage. Zum einen besitzen sie ein spezialisiertes Nervennetz, in dem die Zellen zu einem Syncytium, einer Art „Riesenzelle“, verwachsen sind, statt – wie bei Tieren üblich – über Synapsen verbunden zu sein. Zum anderen zeigen sie in der Anordnung von Genen deutlichere Verbindungen zu Einzellern als zu Schwämmen, Nesseltieren und anderen Tieren. Eine Konsequenz daraus ist, dass evolutionstheoretisch eine zweimalige unabhängige Entstehung des Nervensystems angenommen werden muss – oder dessen Verlust bei den Schwämmen. Beide Szenarien sind jedoch unwahrscheinlich und sprechen gegen eine evolutionstheoretische Deutung der Befunde.

Reinhard Junker

Wenn die unterschiedlichen Baupläne der Lebewesen auf evolutivem Wege entstanden wären, sollte man erwarten, dass mit zunehmender Kenntnis über die Details der Baupläne die evolutionären Zusammenhänge immer klarer werden. Dies wird oft so behauptet. Aber trifft es auch zu? In vielen Fällen verkomplizieren neue Daten das Bild. Ein Beispiel dafür sind die Rippenquallen (Ctenophora, vgl. Abb. 1). Es ist naheliegend, sie mit den Nesseltieren (Cnida-

ria; dazu gehören Schirm- und Würfelquallen, Seeanemonen und andere Tiere; Abb. 2) zu einer Gruppe zusammenzufassen, da sie auffällige Gemeinsamkeiten haben: Ihre Körper sind vergleichsweise einfach gebaut, geleeartig und transparent. Außerdem besitzen sie ein charakteristisches Nervennetz: Die Nervenzellen sind im Körper verteilt und netzartig miteinander verbunden. Daher wurden die beiden Gruppen traditionell zu den Hohltieren (Coelenterata) zusammengefasst. Noch einfacher gebaut sind die Schwämme, die kein Nervensystem und keine Muskeln besitzen; sie werden daher traditionell an die Basis der Tiere gestellt. Demnach wäre – evolutionstheoretisch gesehen – das Nervensystem an der Basis der Hohltiere entstanden, und zwar ein einziges Mal.

Trotz dieser augenscheinlich klaren Verhältnisse ist die systematische Stellung der Rippenquallen schon lange umstritten. Der Grund dafür sind genetische Vergleichsstudien. Sie haben nicht nur Indizien für die Monophylie der Hohltiere erbracht (was bedeutet, dass diese von einem gemeinsamen Vorfahren abstammen), sondern auch dagegen (z. B. HERVÉ et al. 2009, FEUDA et al. 2017, WHELAN et al. 2017, LI et al. 2021). Demnach wären die Rippenquallen zuerst entstanden, während sich die Schwämme erst später abgespalten haben und die Nesseltiere unabhängig von den Rippenquallen entstanden wären (vgl. Abb. 3). Das allerdings würde bedeuten, dass Schwämme frühe Komponenten eines Nervensystems wieder verloren haben oder dass das Nervensystem zweimal unabhängig entstanden ist (s. u.). Angesichts der Komplexität des Nervensystems sind beide Szenarien ausgesprochen unwahrscheinlich. Dennoch deuten zwei neuere Untersuchungen darauf hin, dass doch eines der beiden Szenarien zutreffen müsste, wenn diese Tiergruppen evolutiv entstanden wären.

Abb. 1 Rippenqualle *Bathocyroe fosteri*. Am oberen, mundabgewandten Ende sind Kammlättchen in der Seitenansicht erkennbar. (CCO)

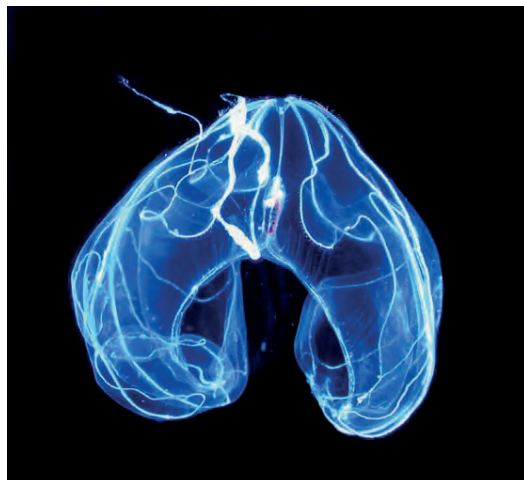


Abb. 2 Die Ohrenqualle (*Aurelia aurita*) wäre nach neueren genetischen Studien zur evolutionären Abstammung nicht näher mit den Rippenquallen verwandt – trotz offenkundiger Ähnlichkeiten im Körperbau. (CCO)



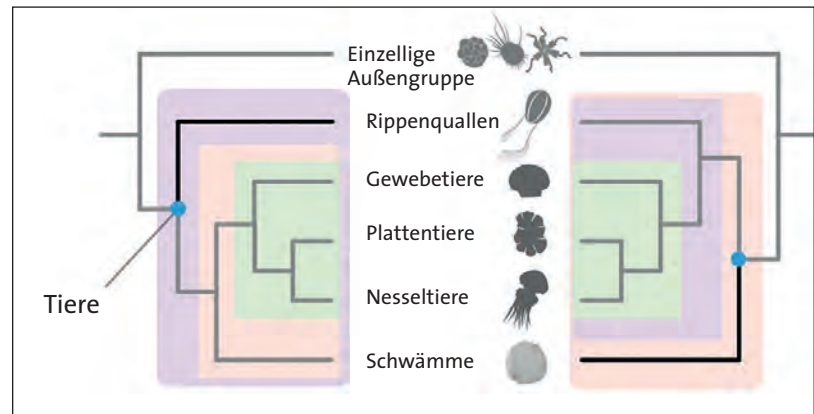
Sowohl der Verlust des Nervensystems als auch dessen zweimalige unabhängige evolutive Entstehung sind ausgesprochen unwahrscheinlich.

Anordnung von Genen

Eine Forschergruppe der Universität Wien (SCHULTZ et al. 2023) hat nicht wie in bisherigen Studien die Gene der betreffenden Tiergruppen miteinander verglichen, sondern untersucht, *in welcher Reihenfolge* die Gene auf den Chromosomen angeordnet und wie sie miteinander gekoppelt sind (man spricht von *Syntänie*). Diese Anordnungen gelten als sehr stabil; sie sind auch bei entfernt verwandten Tiergruppen trotz mutmaßlich langer evolutionärer Divergenzzeit sehr ähnlich. Untersucht wurden zwei Arten von Schwämmen, eine Art der Rippenquallen und drei Arten einzelliger Lebewesen, die nicht zum Tierreich gerechnet werden. Dabei zeigte sich, dass die Rippenquallen in ihrem Muster der Genverteilung am stärksten mit den einzelligen Vergleichsgruppen übereinstimmen. Andererseits wurden einige Umlagerungen entdeckt, die die Schwämme mit allen anderen Tieren außer den Rippenquallen gemeinsam haben. Es gibt sieben Fusionen von Chromosomenstücken und Gengruppen bei den Schwämmen, Nesseltieren und Bilateria (Zweiseitentiere), die bei den Rippenquallen fehlen. Dieser Befund spricht deutlich dafür, dass sich die Rippenquallen abgezweigt haben, bevor die Umstrukturierungen erfolgten. Damit stehen die Rippenquallen an der Basis der Tiere, und die Schwämme spalteten sich erst als zweite Gruppe ab (Abb. 3, links).

Nervennetz bei Rippenquallen

Ein zweiter jüngst entdeckter Befund betrifft den Aufbau des Nervensystems der Rippenquallen. Eine genaue Untersuchung mittels hochauflösender dreidimensionaler Elektronenmikroskopie zeigte, dass es einzigartig gebaut ist und ein einzigartig verschmolzenes Nervennetz bildet (BURKHARDT et al. 2023). Ein größerer Teil ihres Nervensystems besteht nicht wie bei anderen Tieren aus einzelnen Zellen (Neuronen), die über Synapsen miteinander kommunizieren. Stattdessen sind die Neuronen des Nervennetzes durch kontinuierliche Neuriten-Plasmamembranen ohne Anzeichen von Synapsen miteinander verbunden und bilden keine separaten Einheiten. Die Neuronen besitzen also eine durchgehende Plasmamembran und bilden somit ein sogenanntes *Syncytium*, eine Art Riesenzelle. Mit diesem syncytialen Nervennetz sind mehrere Typen von Sinnes-



und Nervenzellen über Synapsen verbunden, die nicht zum Netz selbst gehören. Der Unterschied des Nervennetzes der Rippenquallen zu demjenigen der Nesseltiere ist so grundlegend, dass die Forscher dies als Indiz dafür sehen, dass beide Nervensysteme unabhängig voneinander entstanden sind.

Kommentar

DUNN (2023) kommentiert: Nach langjähriger Lehrmeinung ist das Nervensystem nur einmal in der Evolutiongeschichte entstanden und ging nie wieder verloren. In den letzten Jahren sei dieses klare Bild jedoch „auf überraschende Weise“ in Frage gestellt worden. Mit anderen Worten: Es wurden Befunde gemacht, die bisherigen evolutionstheoretischen Hypothesen widersprechen. Die Merkmale unter den Schwämmen, Rippenquallen und Nesseltieren ergeben kein klares Bild und sind nicht widerspruchsfrei verteilt, wie man es bei einer evolutionen Entstehung erwarten würde. DUNN (2023) meint dazu, dass sich ein „faszinierendes und komplexeres Verständnis der Evolution des Nervensystems“ abzeichne. Doch diese Formulierung kaschiert nur, dass die Daten nicht gut zu Evolution passen: Früher war das Bild „klar“, heute ist es stattdessen „komplex“.

Die Merkmale unter den Schwämmen, Rippenquallen und Nesseltieren ergeben kein klares Bild und sind nicht widerspruchsfrei verteilt.

Einmal mehr passen Morphologie und Moleküle nicht zusammen. Damit ist gemeint: Gibt man dem Körperbau Priorität, müsste man Nesseltiere und Rippenquallen zusammenfassen, was klassischerweise mit dem Taxon „Hohl-tiere“ (Coelenterata) so gemacht wurde. Gibt man dagegen den molekularen Ähnlichkeiten Vorrang (was evolutionstheoretisch naheliegender ist und meist so praktiziert wird), muss man die Hohltiere auseinanderreißen (Abb. 3, links). SCHULTZ et al. (2023) schlagen als neu-

Abb. 3 Zwei alternative Stammbaumhypothesen für die vielzelligen Tiere (Metazoa), wobei entweder Rippenquallen (links) oder Schwämme (rechts) als Schwestergruppe zu allen anderen Tieren gelten. (Aus SCHULTZ et al. 2023, CC BY 4.0, <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>, in deutscher Übersetzung)

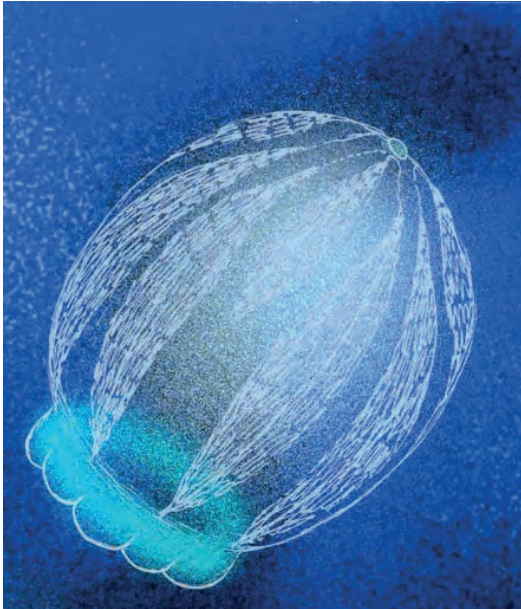


Abb. 4 Rekonstruktion der fossil überlieferten Rippenqualle *Xanioascus canadensis* aus dem kanadischen Burgess-Schiefer des Mittelkambriums. (Apokryltaros, CC BY-SA 3.0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/>)

es Taxon „Myriazoa“ vor (was „sehr viele Lebewesen“ bedeutet), um Schwämme, Nesseltiere, Placozoa und Zweiseitentiere (Bilateria) zusammenzufassen, denen die Rippenquallen gegenüberstehen. Sie stellen dazu allerdings fest: „Während das Taxon Myriazoa durch gemeinsame abgeleitete Chromosomenfusionen unterstützt wird, gibt es derzeit keine offensichtlichen morphologischen Merkmale, die sie vereinen“ (S. 115). Ein größerer Gegensatz von Morphologie und Molekülen lässt sich kaum denken.

Allerdings hat auch die Deutung, dass sich Rippenquallen als erste Gruppe im Tierstammbaum abgespalten haben, mit schweren Problemen zu kämpfen. Entweder müssten die Schwämme das Nervensystem verloren haben. Aber welchen Selektionsvorteil sollte das gehabt haben; warum sollte ein solches Komplexmerkmal aufgegeben worden sein? Und wie soll das im Einzelnen funktioniert haben? Oder es muss eine zweimal unabhängige Entstehung des Nervensystems angenommen werden. Diese Alternative erscheint aber ebenso wenig glaubwürdig. Es ist nicht einmal bekannt, wie das Nervensystem überhaupt ein einziges Mal entstanden ist. Eine zweimalige unabhängige Entstehung ist noch viel unwahrscheinlicher, wenn man sich klarmacht, welche Details in ähnlicher Weise entstehen mussten, und wenn man versucht, Mechanismen dafür zu beschreiben.

Wenn bereits ein funktionales Nervensystem vorhanden gewesen wäre, warum sollte ein zweites dazu evolvieren?

SCHULTZ et al. (2023, 116) weisen allerdings darauf hin, dass die ausgefeilten und unterschiedlichen Nervensysteme der heute lebenden Rippenquallen, Zweiseitentiere und Nesseltiere nicht die Stammvorfahren dieser Gruppen repräsentieren müssen und dass die Nervensysteme der lebenden Formen jeweils einzigartige Eigenschaften aufweisen. Die Vorfahrenformen könnten einfachere Nervensysteme besessen haben. Das ist natürlich möglich, aber eine nicht sehr plausible *ad-hoc*-Annahme – angesichts einer grundsätzlich ähnlichen Anatomie fossiler Formen, die bis ins Kamb-

rium zurückgehen (CONWAY MORRIS & COLLINS 1996; vgl. Abb. 4). Das ungewöhnliche Nervennetz bei den Rippenquallen lässt auch eine Frage aufkommen: Wie erwähnt besitzen Rippenquallen – wie andere Tiere – auch einige Nervenzellen mit Synapsen; darüber hinaus haben sie als Spezifikum das nun nachgewiesene Syncytium aus netzartig verbundenen Riesenzellen. Wenn somit bereits ein funktionales Nervensystem vorhanden gewesen wäre, warum sollte ein zweites dazu evolvieren?

Ein letzter Aspekt: Wenn man die Nesseltiere und Rippenquallen auf verschiedene Äste des hypothetischen Stammbaums setzt, wären ihre Ähnlichkeiten, die zur Aufstellung des Taxons „Hohltiere“ geführt haben, *konvergent* (unabhängig) entstanden. Komplexe Merkmale, die einst als *homolog* im Sinne von abstammungsverwandt interpretiert wurden, wären somit doch nicht homolog; man spricht nun von „oberflächlichen Ähnlichkeiten“. Hier zeigt sich wie in vielen Fällen: Objektive Kriterien für „Homologie“ im Sinne einer Abstammungsverwandtschaft gibt es zumindest bei morphologischen Merkmalen nicht, und somit auch keine „Evolutionbeweise“ aufgrund von Ähnlichkeiten.

Insgesamt können die Befunde aus der Sichtweise der Schöpfungslehre so interpretiert werden, dass die Schwämme, Rippenquallen und Nesseltiere klar abgrenzbare Gruppen darstellen, deren Merkmale bei ihrer Erschaffung frei kombiniert wurden.

Quellen

- BUEHLER J (2023) Comb jellies have a bizarre nervous system unlike any other animal. *Science News*, vom 20.04.2023, <https://www.sciencenews.org/article/jellyfish-nervous-system-animal>.
- BURKHARDT P et al. (2023) Syncytial nerve net in a ctenophore adds insights on the evolution of nervous systems. *Science* 380, 293–297.
- CONWAY MORRIS S & COLLINS DH (1996) Middle Cambrian ctenophores from the Stephen Formation, British Columbia, Canada. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B* 351, 279–308.
- DUNN C (2023) Neurons that connect without synapses. *Science* 380, 241–242, doi:10.1126/science.adh0542.
- FEUDA R, DOHRMANN M, PETT W et al. (2017) Improved modeling of compositional heterogeneity supports sponges as sister to all other animals. *Curr. Biol.* 27, 3864–3870, doi:10.1016/j.cub.2017.11.008.
- HERVÉ P, DERELLE R, LOPEZ P et al. (2009) Phylogenomics revives traditional views on deep animal relationships. *Curr. Biol.* 19, P706–P712, doi:10.1016/j.cub.2009.02.052.
- LI Y, SHEN XX, EVANS B, DUNN CW & ROKAS A (2021) Rooting the animal tree of life. *Mol. Biol. Evol.* 38, 4322–4333.
- SCHULTZ DT, HADDOCK SHD, BREDESON JV et al. (2023) Ancient gene linkages support ctenophores as sister to other animals. *Nature* 618, 110–117, doi:10.1038/s41586-023-05936-6.
- WHELAN NV, KOCOT KM et al. (2017) Ctenophore relationships and their placement as the sister group to all other animals. *Nat. Ecol. Evol.* 1, 1737–1746.