

Die Rippenquallen und der Stammbaum des Tierreichs

Was uns die ältesten Vielzeller über die Naturgeschichte lehren

HANSJÖRG HEMMINGER / ANDREAS BEYER / MARTIN NEUKAMM

Zusammenfassung: Die Sequenzierung des Genoms einer Rippenqualle führte zu dem überraschenden Ergebnis, dass Rippenquallen nicht näher mit den Nesseltieren verwandt sind als mit den übrigen Vielzellern (Metazoen). Vielmehr zweigt ihre Entwicklungslinie bereits an der Basis des Stammbaums der Tiere ab. Daraus folgt, dass entweder komplexe Merkmale bei Rippenquallen und Nesseltieren unabhängig voneinander (*parallel, konvergent*) entstanden sind, oder dass sie bei den Schwämmen und Plattentierchen wieder verloren gingen. Der *Kreationismus* deutet die neuen Ergebnisse einseitig als Indiz *gegen* Evolution und *für* Schöpfung. Aber die Realität ist komplizierter: Parallel- und vor allem *Rückentwicklungen* sprechen eher *gegen die teleologische Deutung*, denn das disharmonische „vor und zurück“ passt besser zu einem nicht-intendierten, teils chaotisch verlaufenden Naturprozess. Zudem lässt sich die Parallelbildung von Muskulatur und Nervensystem im Tierreich immer besser verstehen. Vorläufersysteme existierten bereits bei den ursprünglichsten Metazoen, konvergente (Weiter-)Entwicklungen sind deshalb nicht unplausibel. Rückentwicklungen wiederum lassen sich durch Spezialanpassungen und durch Funktionsverluste erklären.

Inhalt

- Einführung
- Die fremdartigen Rippenquallen
- Umstrittener Stammbaum
- Die theoretische Analyse: Wie plausibel sind Konvergenzen?
- Ein wichtiger Fortschritt: Teleologie oder „echte“ Naturgeschichte?
- Die kreationistische Antwort
- Zusammenfassung



Einführung

Im Kreationismus gibt es ein neues, auf den ersten Blick überraschendes Thema: die phylogenetische Stellung der Rippenquallen (Ctenophora) (Abb. 1). Ein Beispiel findet sich im Internet unter *Creation Evolution Headlines* vom 14. Dezember 2013¹, ein anderes auf der deutschen Seite *Genesisnet* vom 17.1.2014.² Das Interesse an dieser weithin unbekanntem Tiergruppe entstand durch die vollständige Sequenzierung des Genoms einer Rippenqualle, die 2013 den Vergleich von Genomen aller fünf basalen Tierstämme ermöglichte. Der Ähnlichkeitsvergleich führte zu dem Ergebnis, dass die nächsten Verwandten der Rippenquallen weder die Nesseltiere (Cnidaria) sind, noch die höher entwickelten, symmetrisch gebauten Tiere (Bilateria), zu denen auch der Mensch gehört, sondern die weitaus primitiver gebauten Schwämme sowie alle übrigen Vielzeller (Metazoen) (Abb. 2, D). Dies würde bedeuten, dass entweder komplexe Merkmale bei Rippenquallen und Nesseltieren unabhängig voneinander (konvergent) entstanden sind, oder dass sie bei Schwämmen und Plattentierchen verloren gingen. Dadurch eröffnet sich eine differenziertere Sicht auf die Dynamik der Evolution in großem Maßstab, die sich als fruchtbar erweisen dürfte. Insbesondere wirft dies ein neues Licht auf die Frage: Passen die Befunde besser in ein *teleologisch-geordnetes* Weltbild oder zu einem nicht-intendierten, eher chaotischen Entwicklungsprozess?

Die fremdartigen Rippenquallen

Die etwa 200 marinen Arten der Rippenquallen ähneln oberflächlich den Medusen der Nesseltiere (Cnidaria), also den echten Quallen. Es ist aber schon lange bekannt, dass sie sich in Bezug auf Anatomie / Morphologie und Entwicklung deutlich unterscheiden (Abb. 1). Zum Beispiel gibt es bei den Rippenquallen nicht die beiden Formtypen Meduse und Polyp wie bei den Nesseltieren. Es gibt nur „Medusen“. Es gibt auch keine sessilen (d.h. festsitzende) Arten und keine Kolonienbildung wie bei vielen Nesseltieren, alle Rippenquallen sind frei bewegliche Einzeltiere. Sie verfügen nicht über Nesselzellen, nach denen die Cnidaria benannt sind, sondern über spezialisierte „Klebezellen“ auf ihren Tentakeln. Ihren Namen haben die Rippenquallen von einem Sondermerkmal, nämlich von acht Reihen zu kleinen, kammartigen *Plättchen* („Rippen“) verbundenen Cilien, die von vorne nach hinten über ihren Körper laufen, und mit denen sie sich fortbewegen. Aufgrund des sich daran brechenden Lichts schillern diese Plättchen in den Regenbogenfarben.

¹ <http://crev.info/2013/12/you-are-not-a-comb-jelly/>, Stand 20.1.2014

² <http://www.genesisnet.info/index.php?News=206>, Stand 20.1.2014

Rippenquallen sind zwar im Prinzip radialsymmetrisch gebaut wie Quallen. Diese Symmetrie wird jedoch bei den meisten Arten durch zwei Tentakel am Hinterende aufgehoben, und im oberen Bereich durch den Bau des Verdauungsraumes, der in Kanäle aufgetrennt ist. Dadurch entstehen zwei Symmetrieebenen, die um 90 Grad gegeneinander versetzt sind und ein meist ellipsoider Körperquerschnitt. Man spricht von einer *Disymmetrie* oder einem *biradialen Bau*. Sie besitzen auch eine Längs-Körperachse, die zwischen dem Mund am Hinterende und einem Gleichgewichtsorgan (Statocyste) am Vorderende verläuft, das in dem diffusen Nervennetz ein Zentrum bildet.

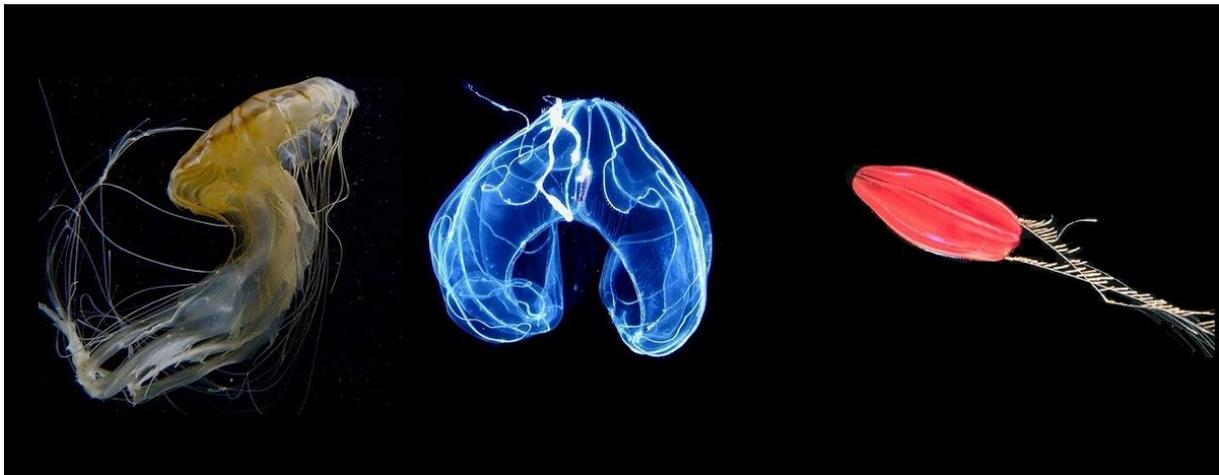


Abb. 1: Links: Eine Kompassqualle (*Chrysaora melanaster*). Quallen (wissenschaftlich: *Medusen*) sind keine taxonomische Gruppe, sondern ein Lebensstadium von Nesseltieren (Cnidaria). Mitte und rechts: Rippenquallen (*Bathocyroe fosteri* und *Rote Tortuga*). Früher wurden die Rippenquallen ebenfalls zu den Nesseltieren gestellt oder mit den Nesseltieren als Hohltiere (Coelenterata) zusammengefasst. Heute werden sie als eigenes Taxon betrachtet. Die systematische Stellung der Rippenquallen ist unsicher, wahrscheinlich sind sie mit den Nesseltieren nicht näher verwandt (weiteres dazu im Text).

Beide Gruppen, sowohl die Nesseltiere als auch die Rippenquallen, weisen echte Gewebeschichten sowie Nerven- und Muskelzellen auf. Die Außen- und Innenschicht entsteht bei beiden embryonal aus zwei Keimblättern, dem *Ektoderm* (Außenhaut und Nervenzellen) und dem *Entoderm* (Darm bzw. Darmhöhle). Ektoderm und Entoderm der Rippenquallen bestehen aus zwei Zellschichten, bei den Nesseltieren nur aus einer. Dazwischen liegt bei beiden eine dicke, gallertige Schicht, die *Mesogloea*. Nach herrschender Meinung entwickelt sich diese Mittelschicht mit Muskelzellen und anderen beweglichen Zellen bei den Rippenquallen aus einem dritten Keimblatt, das dem Mesoderm der Bilateria ähnelt, bei den Nesseltieren jedoch nicht. Die Bilateria („höheren Tiere“) dagegen weisen durchweg drei Keimblätter auf, nämlich zwischen Ento- und Ektoderm das genannte

Mesoderm. Allerdings ist nicht geklärt, ob die Mesogloea nicht auch bei den Cnidariern ein rudimentäres Mesoderm darstellt (SEIPEL & SCHMID 2006), und inwieweit die Mesogloea der Rippenquallen als ein Mesoderm wie bei den Bilateria verstanden werden kann. Ergo ist die Frage „diploplastische oder triploblastische Entwicklung“ in beiden Fällen offen. Dazu wird unten noch mehr zu sagen sein.

Umstrittener Stammbaum

Die Stellung der Rippenquallen war schon für die Konstruktion eines Stammbaums nach morphologischen Merkmalen ein Problem. Üblicherweise wurden die Schwämme (Porifera) an die Basis des Tierstammbaums gestellt, da sie weder Gewebeschichten, noch Nerven- oder Muskelzellen aufweisen wie alle anderen Tiere (Abb. 2, A-C). Die Gegenüberstellung der Schwämme zum übrigen Tierreich erfolgte demnach nicht wegen verwertbarer, anatomisch-morphologischer Kriterien, sondern wegen ihres *Fehlens*. Von den Schwämmen bzw. deren Vorfahren wurden alle übrigen Tiere abgeleitet, wobei man traditionell die Rippenquallen mit den Nesseltieren zur Gruppe der Coelenterata (Hohltiere) zusammenfasste, der die Schwestergruppe aller Bilateria bildete.³

Als nächste Verwandte der Rippenquallen wurden also zunächst die Nesseltiere betrachtet. Der Bau der Spermien und Muskelzellen jedoch stand dieser Einordnung entgegen. Dies führte dazu, dass alternativ zur „klassischen“ Sicht die Rippenquallen und Bilateria als nächstverwandte Schwestergruppen in Frage kamen. Beide Gruppen bildeten das übergeordnete Taxon der „Acrosomata“, welches wiederum die Schwestergruppe der Nesseltiere bildet. Letztere haben keine Spermien mit großen Acrosom (Kopfplatte des Spermiums), wie es Rippenquallen und alle Bilateria aufweisen. Der Tierstamm der Coelenterata (oder Radialia) musste dabei aufgegeben werden. Allerdings blieb diese kladistische Einordnung umstritten, denn die vorhandenen Gemeinsamkeiten der „Hohltiere“, z.B. die Mesogloea, mussten dann als Konvergenzen (unabhängig entstandene Ähnlichkeiten) gedeutet werden. **Schon vor der Genomsequenzierung der Ctenophora war also ihre systematische Stellung ungeklärt** - besser gesagt: Es war klar, dass die Abstammungsverhältnisse kompliziert sind. Die Schwämme standen jedoch bis dahin unbestritten an der Basis des Tierreichs, auch in Bezug auf die isolierte Gattung *Trichoplax*, die einen eigenen Stamm der Plattentiere (Placozoa) bildet und die, anders als die Schwämme, immerhin gewebeähnlich verbundene Bauch- und Rückenzellen aufweist.

³ Als *Schwestergruppe* bezeichnet man Arten oder Organismengruppen, die unmittelbar durch Aufspaltung aus einer gemeinsamen Stammart hervorgegangen sind.

Die bisherigen Verwandtschafts-Hypothesen wurden jedoch bereits in einer 2008 erschienenen Übersichtsstudie in Frage gestellt, in der zum ersten Mal vermutet wurde, dass die komplexeren Rippenquallen statt der einfacher gebauten Schwämme an der Wurzel des Stammbaums der Mehrzeller abzweigen (DUNN et al. 2008). **Das hätte bedeutet, dass einige der vermuteten Homologien (abstammungsbedingte Ähnlichkeiten), die bis dahin zur Grundlage von Verwandtschafts-Hypothesen gemacht worden waren, als Konvergenzen zu betrachten wären (Abb. 2):** das Acrosom bei Rippenquallen und Bilateria, die Mesogloea bei Nesseltieren und Rippenquallen, die Muskulatur bei Rippenquallen und Bilateria, Nervenzellen bei allen Tieren außer den Schwämmen usw. Die Taxonomen waren dazu mehrheitlich nicht bereit, man erklärte das Ergebnis mit unzureichenden Algorithmen der Stammbaumkonstruktion, denn schließlich war noch kein vollständiges Genom der Rippenquallen bekannt.

Um diese Schwierigkeiten zu überwinden, wurden mehrere genetische Studien an der Meerstachelbeere (*Pleurobrachia bachei*) und der Meerwalnuss (*Mnemiopsis leidyi*) durchgeführt, dabei überraschte das Fehlen von allgemein verbreiteten und im Tierreich grundlegenden Genen. Unter anderem fehlen bilaterientypische HOX-Gene, microRNA und Gene für ihre Produktion, sowie Pax-Homeobox-Proteine – oder sie sind so stark verändert, dass sie durch Sequenzvergleich nicht gefunden werden.⁴ Dabei lieferten die verschiedenen Analysen (eine Übersicht findet sich bei RYAN et al.) immer noch *keinen* klaren Stammbaum der fünf basalen Tierstämme (Abb. 2).

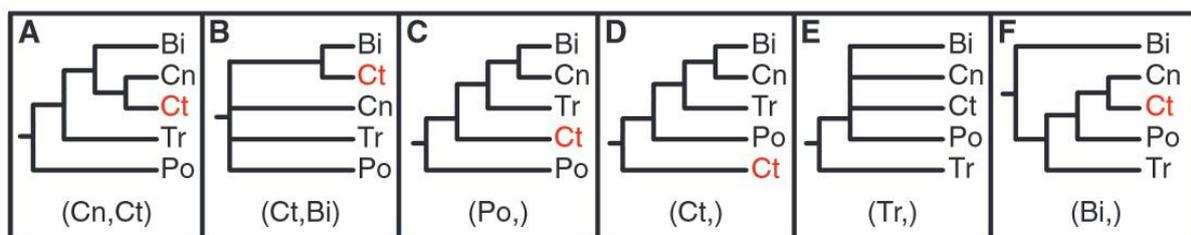


Abb. 2: Nach Merkmalsanalysen ergeben sich sechs mögliche Abstammungsverhältnisse (Kladogramme) für die fünf Tiergruppen Bilateria (Bi), Nesseltiere (Cn), Rippenquallen (Ct), Plattentiere (Tr) und Schwämme (Po). Ursprünglich wurden Nesseltiere und Rippenquallen zur Gruppe der Coelenterata zusammengefasst und als Schwestergruppe den Bilateria gegenüber gestellt (Kladogramm A). Einige Merkmalsanalysen legten dagegen nahe, dass die Rippenquallen die Schwestergruppe der Bilateria sind (Kladogramm B). Neuesten Untersuchungen zufolge ist jedoch Kladogramm D am wahrscheinlichsten. Aus RYAN et al. (2013).

⁴ Einen Überblick über die Forschungsgeschichte gibt MAXMEN (2013).

Im Dezember 2013 wurde schließlich die vollständige Sequenz des Genoms der 10 cm großen Meerwalnuss publiziert (RYAN et al. 2013; ROKAS 2013). Damit liegt von Schwämmen, Plattentieren, Rippenquallen, Nesseltieren und Bilateria mindestens je eine vollständige genetische Sequenz vor. **Ihr Vergleich lässt nach der Mehrheitsmeinung der Phylogenetiker nur noch den Schluss zu, dass die Rippenquallen an der Wurzel des Stammbaums der Mehrzeller abzweigen (Abb. 3).** Alle übrigen Tiere (Schwämme, Plattentiere, Nesseltiere und Bilateria) hätten somit einen direkten gemeinsamen Vorfahren mit den Rippenquallen, sie wären also Schwesterguppen. Dieses Verwandtschaftsverhältnis ist angesichts der primitiver wirkenden Biologie der Schwämme kontraintuitiv, wird aber durch RYAN et al. aufgrund einer Maximum-Likelihood-Analyse bevorzugt.

Vor einigen Wochen erschien eine weitere Analyse von Andrea KOHN und Kollegen (MOROZ 2014). Auch nach deren Ansicht, abgeleitet aus den Verwandtschaftsverhältnissen einer Vielzahl uralter Gene, stehen die Rippenquallen ganz an der Basis des Stammbaums der vielzelligen Tiere. Aus ihrer Sicht ist es plausibler, dass sich die Rippenquallen eigenständig entwickelt haben, als dass Hox-Gene und micro-RNAs im Laufe der Zeit wieder verloren gingen.

Die theoretische Analyse: Wie plausibel sind Konvergenzen und Rückbildungen?

Sollte diese Interpretation stimmen, würde dies unser Wissen über die Entstehung des Nervensystems und die Biologie der letzten gemeinsamen Vorfahren aller vielzelligen Tiere erheblich weiter bringen. **Dann nämlich wären die Muskelgewebe und das komplexe Nervensystem der Rippenquallen unabhängig von Muskelfasern und Nervensystem anderer Tiere entstanden** – ein Punkt, über den Evolutionsbiologen aber noch debattieren. Bei der Analyse ist zu bedenken, dass die „Abstandsberechnungen“ zwischen dem Genom der Rippenquallen und dem anderer basaler Tierstämme, auf denen die genetische Kladistik beruht, methodisch aufwendig und schwierig ist: Die Verzweigungsdifferenzen (*branch length*) im Wurzelbereich der Animalia mit einigen 10 Millionen Jahren sind nämlich kurz im Vergleich zur seither vergangenen Zeit (mehr als 500 Millionen Jahre). Es wäre alles andere als überraschend, wenn sich dadurch in der Gegenwart keine stabile kladistische Struktur (= Reihenfolge der Verzweigungen im Stammbaum) mehr feststellen ließe. Das läge in der Natur der Sache und ist auf dem Boden der Evolutionstheorie sehr wohl verständlich. RYAN et al. geben z.B. an, dass die BAYES'sche Analyse (eine andere Rechenmethode) Ctenophora und Porifera gemeinsam den anderen Stämmen gegenüberstellt, wo-

bei sie diesem Ergebnis aus methodischen Gründen eher misstrauen. Ihr Ergebnis ist also - wiederum nicht verwunderlich - nicht endgültig.

Falls sich das unerwartete Ergebnis erhärten sollte, wäre zu erklären, warum die Rippenquallen viel komplexer gebaut sind als Schwämme und Plattentiere, in etwa so komplex wie die Nesseltiere. Zwei Erklärungen kommen in Frage: Entweder war der gemeinsame Vorfahr komplexer als angenommen, hatte z.B. ein einfaches Nervensystem, das bei Schwämmen und den Plattentieren wieder reduziert wurde. Oder der gemeinsame Vorfahr war einfach gebaut wie z.B. die Schwämme - dann aber müssten die komplexen Merkmale wie Nerven- und Muskelgewebe, oder eine Art Mesoderm, evolutionär mindestens zweimal unabhängig voneinander entstanden sein.

Beide Erklärungen scheinen auf den ersten Blick traditionellen Erklärungsmustern der Evolutionsbiologie zu widersprechen, die weder den Verlust wichtiger Organsysteme auf hoher taxonomischer Ebene kennen, noch die konvergente Entstehung solcher Systeme. **Wenn man die Situation jedoch im Licht von Befunden aus der Zytologie, Molekularbiologie und Entwicklungsgenetik betrachtet, erweisen sich beide Erklärungsformen nicht nur als möglich, sondern auch als plausibel (Abb. 3).** Zum Beispiel sind Actomyosin-Systeme (die Grundlage der Muskelaktivität) sehr viel älter als das Tierreich, sie gehören bereits zur Grundausstattung eukaryoter Einzeller. Insofern ist eine Parallelentwicklung von „Muskulatur“ auf dieser Basis plausibel, wie STEINMETZ et al. (2012) aufgrund stammesgeschichtlicher Vergleiche von Strukturproteinen wie dem Muskel-Myosin diskutieren. In diesem Fall hätten die Schwämme Teile des Systems sekundär wieder verloren und andere Teile, wie das Muskel-Myosin, in den Dienst der Regulation des Wasserstroms gestellt. Offenbar erwies sich die Wasserstromregulation bei Schwämmen als wichtiger als die Bildung von Muskulatur.

Weiterhin hat man bei Schwämmen schon lange Gene nachgewiesen, die der Zell-Zell-Kommunikation über Transmitter und Membran- (Aktions-) Potenziale dienen. Sie weisen auch Gene auf, die mit der Entwicklung von Nervensystemen zu tun haben, obwohl es keine ausdifferenzierten Nervenzellen gibt - ein interessanter und zugleich erhellender Befund. Offenbar ist also der Grundbestand neuronaler Gene überall vorhanden, bei Schwämmen liegt aber kein explizites Nervensystem vor und bei Rippenquallen ein deutlich anders aufgebautes. **Dies fügt sich widerspruchsfrei in ein Szenario, in dem bereits ein gemeinsamer Vorfahre ein primitives Nervensystem besaß, das sich bei Bilateria und Nesseltieren auf der einen und bei den Rippenquallen auf der anderen Seite unterschiedlich entwickelte. Bei den Schwämmen (Porifera) wur-**

den später dann die synaptischen Strukturen teilweise reduziert. Das ist aufgrund der Lebensweisen auch nicht verwunderlich.

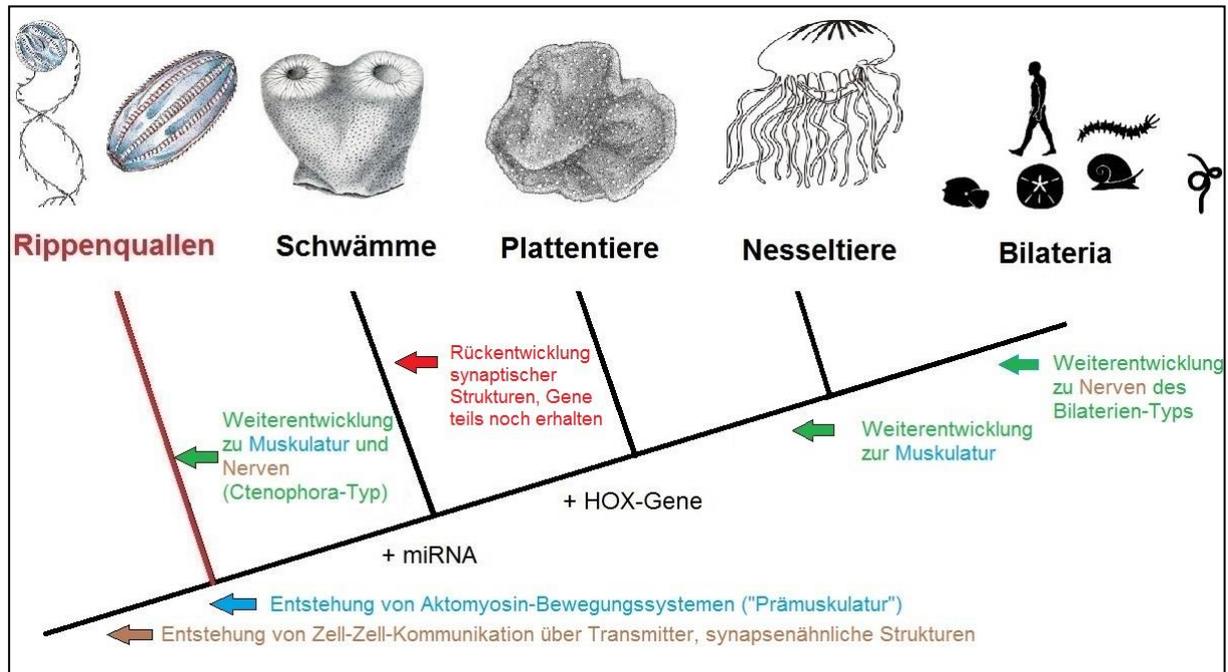


Abb. 3: Modifizierter Stammbaum der Tiere nach MOROZ et al. (2014). Danach repräsentieren die Rippenquallen nicht, wie bislang angenommen, die Schwestergruppe der Nesseltiere (oder Bilateria), sondern zweigen an der Basis des Stammbaums ab. Da sowohl Rippenquallen als auch Nesseltiere und Bilateria über Muskeln und Nerven verfügen, nicht aber Schwämme und Plattentiere, müssen diese *konvergent* entstanden sein (grüne Pfeile). Allerdings sind entsprechende Vorläuferstrukturen schon bei den Vorfahren der Vielzeller entstanden (blauer und brauner Pfeil), wodurch die Konvergenzen plausibel werden. Die synaptischen Strukturen („Prä-Nervensystem“) wurden bei den Schwämmen teils wieder zurückgebildet (roter Pfeil). Ebenso verfügen Schwämme und Plattentiere gleichermaßen über Actomyosin-Systeme (in blau dargestellt).

Ob sich dieses Szenario weiter erhärten lässt, müssten genetische Detailvergleiche zeigen. Wie erwähnt präsentieren STEINMETZ et al. (2012) weitere Befunde, die in dieses Bild passen. Was die Mesogloea der Hohltiere angeht, die dem Mesoderm der Bilateria teilweise als funktional ähnlich betrachtet wird (für die Rippenquallen) und teilweise nicht, lassen sich im Moment keine sicheren Schlüsse auf den Stammbaum ziehen. Sogar das Plattentierchen hat ein – allerdings ungewöhnlich aufgebautes – Zellnetz zwischen der oberen und unteren Körperschicht, das durch Aktin-Myosin-Aktivität seiner Fortbewegung dient. Eine embryologische und genetische Klärung steht noch aus. In diesem Zusammenhang ist schwer zu verstehen, dass sich RYAN et al. über das Fehlen praktisch aller Ge-

ne bei der Rippenqualle wundern, die zur Ausbildung des Mesoderms bei Bilateria gebraucht werden. Der Befund passt zu der Vorstellung, dass die Mesogloea eine nur oberflächlich ähnliche Parallelentwicklung zu deren Mesoderm darstellt.

Ein wichtiger Fortschritt: Teleologie oder „echte“ Naturgeschichte?

Grundsätzlich relevant sind die skizzierten Ergebnisse (zusammen mit anderen Änderungen von Stammbäumen durch genetische Studien) für unser Verständnis der großen Linien der Phylogenese. Es zeigt sich, dass die früheren Leitideen der Theoriebildung in der Evolutionsbiologie zum Teil eher ästhetischen als empirischen Ordnungs- und Symmetrieerwartungen folgten, die sich nicht bestätigten. Man erwartete z.B. bis Mitte der 1990er Jahre eine Symmetrie zwischen der Anzahl aktiver Gene und der morphologischen Komplexität eines Organismus: Je komplexer ein Organismus, desto mehr genetische Information erwartete man. Das erwies sich für Eukaryoten als grundsätzlich falsch, und inzwischen lässt sich auch molekulargenetisch erklären, warum dies so ist.

Ebenso gab es eine Ordnungs- oder Struktur Erwartung, nach der die morphologische Komplexität (bis auf Ausnahmen wie Parasiten) über lange Zeiträume stetig mit dem Fortgang der Evolution zunimmt. Richtig daran ist, dass die Komplexität der Organismen an der Spitze der ökologischen Pyramide (vor allem, wenn man das tierische Nervensystem und z.B. soziale Organisationen betrachtet) tatsächlich stetig zunahm. Aber dass eine solche Stetigkeit auch die basale Radiation der Animalia vor mehr als 500 Millionen Jahre bestimmte, scheint sich nicht zu bestätigen, und ist – bei erneutem Nachdenken – auch nicht zu erwarten. In der Paläontologie wiesen nämlich bereits die Ediacara-Schichten in eine ähnliche Richtung: Die dort dokumentierte, durchweg über 540 Millionen Jahre alte Fauna (falls es sich überhaupt durchweg um Tiere handelt) passt nur zu einem kleinen Teil in ein solches phylogenetisches Ordnungsschema. Ihr Bezug zu den fünf hier behandelten basalen Tierstämmen ist weitgehend unklar.

ROKAS (2013) sagt im selben Sinn:

Mit dem Befund von RYAN et al. sollten wir die von teleologischem Denken geprägte Vorstellung ablegen, dass die frühe Evolution der Tiere wie ein linearer Vormarsch evolutionärer Formen von 'einfach' nach 'komplex' verlief.⁵

⁵ Antonis ROKAS (2013), a.a.O.: "With the findings of RYAN et al., we can finally dispense with the teleology-imbued notion that early animal evolution resembled a linear march of evolutionary forms from the 'simple' to the 'complex'."

Erkenntnistheoretisch könnte man sogar vertreten, dass wir es mit einem nicht nur wichtigen, sondern paradigmatischen Fortschritt in der Evolutionsbiologie zu tun haben. **Das komplexe Bild zahlreicher Konvergenzentwicklungen und Rückbildungen widerspricht einerseits der Vorstellung vom linearen Vorranschreiten der Evolution, andererseits aber auch Vorstellungen über ein wie auch immer geartetes Ziel oder *telos*.** Damit ist teleologischen Spekulationen der Boden entzogen, zumindest schwindet aufgrund der komplexen Verhältnisse ihre Plausibilität. Man könnte auch sagen: An die Stelle statischer oder linear-struktureller Konsistenz der Phylogenese tritt eine chaotischer Verlauf oder eine Kontingenz, wie man es von einem einmaligen, hochkomplexen und un gelenkten Geschichtsprozess erwartet. Die Stammesgeschichte nimmt dadurch stärker Züge einer „echten“, chaotischen Entwicklung an. **Aus der Sicht eines intelligenten Ingenieurs oder Planers sind chaotische Entwicklungen entweder schlecht durchdacht oder schlichtweg plan- und ziellos.**

Die Dynamik der evolutionären Veränderungsprozesse bleibt – so diese Idee – nicht konstant, sondern ändert sich in Abhängigkeit von Randbedingungen, die sie zum Teil selbst produzieren. Zum Beispiel erzeugt die zunehmende Komplexität von Organismen auch zunehmende Entwicklungszwänge („constraints“), die ihre weitere Evolution kanalisieren. Die adaptive Radiation einer Großgruppe engt die ökologischen Freiräume für andere Organismen ein. Daher war vermutlich die evolutionäre Potenz für Neuentwicklungen (und Reduktionen) ebenso wie die Zahl ökologischer Nischen möglicherweise während der Herausbildung der basalen Tierbaupläne anders als zu einem Zeitpunkt, nachdem diese entstanden waren und eine Radiation durchlaufen hatten.

Eine notwendige Voraussetzung, um noch als Evolutionsprozess kenntlich zu bleiben, ist freilich, dass hinter dem chaotischen „Rauschen“ der vielfach anzunehmenden Konvergenzen und Reversionen noch das „Signal“ der Phylogenese erkennbar bleibt. Das bedeutet, *dass im Ganzen betrachtet eine auf homologe Merkmale gründende hierarchische Ordnung von Organismengruppen vorhanden sein muss, die von Konvergenzen zwar gestört, aber nicht aufgehoben wird.* Dies ist zweifelsohne der Fall, denn die Merkmale in den Gruppen der Schwämme, Nesseltiere, Rippenquallen, Bilateria, Plattentiere usw. sind zwar nicht eindeutig im Sinn einer widerspruchsfreien Stammbaumzuordnung verteilt. **Trotzdem sind die Merkmale nicht „frei“ bzw. beliebig kombiniert, sondern den Erwartungen der Evolutionstheorie entsprechend.** Dies zeigt sich daran, dass die Zahl der plausiblen Stammbaumalternativen klein ist im Vergleich zur der Zahl der theoretisch denkbaren Verwandtschaftsverhältnisse bzw. Kladogramme (s. Abb. 4).

Im Gegensatz zur Evolutionstheorie, die *konkrete* Erwartungen an die Daten stellt, um noch plausibel zu sein, lässt sich freilich alles mit dem Wirken einer Intelligenz „erklären“, für deren Wirken (mangels empirisch-theoretischer Untermauerung) in der Biologie keine objektivierbaren Bedingungen feststellbar sind. Wie wir begründet haben, lässt der chaotische Naturprozess zwar keinerlei Teleologie erkennen, was Kreationisten aber nicht davon abhält, sowohl eine strenge Merkmals-hierarchie als auch eine *völlig beliebige* Kombination von Merkmalen ins Ermessen göttlichen Willens zu stellen. Eine „Theorie“, die jedoch sowohl den Fall A als auch den gegenteiligen Fall Nicht-A gleichermaßen problemlos erklären kann, erklärt gar nichts.

Anzahl der im Stammbaum dargestellten Tiergruppen (Taxa)	Anzahl möglicher Stammbäume
2	1
3	3
4	15
5	105
6	945
7	10.395
8	135.135
9	2.027.025
10	34.459.425
11	654.729.075
12	13.749.310.575
13	316.234.143.225
14	7.905.853.580.625

Abb. 4: Anzahl der theoretisch denkbaren Stammbaum-Alternativen, falls alle Merkmale frei kombiniert wären. Bereits bei 5 im Stammbaum dargestellten Tiergruppen wären über 100 Stammbäume denkbar. Tatsächlich aber werden im vorliegenden Fall maximal eine Handvoll Alternativen diskutiert (Abb. 2), die sich wiederum nur in Details unterscheiden – ein klares Indiz dafür, dass die Merkmale, entsprechend den Vorstellungen der Evolutionstheorie, hierarchisch geordnet sind und nur gelegentlich von Konvergenzen „überlagert“ werden. Quelle: THEOBALD (2004).

Die kreationistische Antwort

Kreationistische Evolutionsgegner haben stets betont, die Stammesgeschichte sei „kontingent“, habe also *geschichtlichen* Charakter und hätte daher auch ganz anders verlaufen können. Damit aber, so die kreationistische Logik, entzögen sich solche historischen Prozesse wie die Evolution der naturwissenschaftlichen „Methode“. Allerdings zeigt die Diskussion um die frühe Stammesgeschichte der

Tiere, dass die Evolutionsbiologie die historischen Gegebenheiten sehr wohl naturwissenschaftlich rekonstruieren und darstellen kann. Dass dies ein mühsames Unterfangen ist (wie immer in der Wissenschaft!), steht auf einem anderen Blatt und wird auch niemand bestreiten.

Nun aber setzt JUNKER gegenteilige Erwartungen in die Evolutionstheorie, nämlich einen fast *a-historisch* anmutenden, harmonisch-linearen Wandel der Arten. Er schreibt:

Es gibt mittlerweile zahlreiche Beispiele, bei denen sicher geglaubte Homologien (als abstammungsbedingt interpretierte Ähnlichkeiten) wegen neuer Daten zu Konvergenzen (mehrfach unabhängig entstanden) uminterpretiert wurden mussten.

Und später:

Die unabhängige Entstehung ähnlicher komplexer funktionaler Strukturen war evolutionstheoretisch aus guten Gründen bisher für sehr unwahrscheinlich gehalten worden, eben weil richtungslose Prozesse sich ähnelnde, ausgefeilte Resultate nicht erwarten lassen.

Nach JUNKERS Ansicht ist das Homologiekonzept am Ende - ein Irrtum, dessen Widerlegung sich lohnt, weil sich dahinter ein grundsätzliches Missverständnis verbirgt: Ähnliche *Sequenzen bei Makromolekülen*, die wie im Fall der fünf basalen Tierstämme zur Erstellung von Stammbäumen dienen, sind ebenso als Homologien zu werten wie (qualitativ und strukturell) ähnliche morphologische und physiologische Merkmale. Sie kommen zu diesen hinzu und treten eventuell in Konkurrenz zu ihnen. Molekularen Daten wird dann mit Recht oft Priorität gegenüber morphologischen Merkmalen eingeräumt, *weil die Ähnlichkeit von Sequenzen bei Makromolekülen durch Konvergenzen kaum gestört wird*, anders als bei morphologischen und physiologischen Merkmalen. Der Grund dafür ist: Die Funktion von Makromolekülen hängt (bis auf sehr wenige Ausnahmen) wenig von der Sequenz ab, so dass *funktionelle* Konvergenzen – die häufig vorkommen – nicht zu ähnlichen Sequenzen führen. **Das Homologiekonzept wird also durch genetische Studien (bzw. durch molekulare Stammbäume) keineswegs aufgeweicht, sondern gestärkt!** Dadurch weitet sich die Erklärungskraft der Evolutionsbiologie aus, unter anderem auf bisher vielleicht zu schematisch betrachtete stammesgeschichtliche Abläufe.

Aber sehen wir einmal von den fachlichen Aussagen des Kreationismus ab und fragen nach seinen Interessen. Angenommen, die Kritik, die sich auf die hier referierten Ergebnisse stützt, sei tragfähig: Was folgt daraus? Die Frage wird von

WORT UND WISSEN nicht beantwortet, denn wie auch sonst äußert JUNKER Kritik an der Evolutionsbiologie, ohne alternative Erklärungen und Theorien anzubieten. Die erwähnte Internet-Plattform *Creation Evolution Headlines* verfolgt eine ähnliche Linie, andere englischsprachige Kreationisten werden allerdings deutlicher: „Die Bibel berichtet, dass Gott alle Dinge vor rund 6000 Jahren erschuf... Das ist es, was wir biologisch beobachten.“⁶ Man kann nur vermuten, dass solche Schlüsse von WORT UND WISSEN zwar nicht öffentlich geäußert, aber von ihrer Zielgruppe ähnlich gezogen werden (sollen): Naturgeschichtlich korrekt ist entweder der Kurzzeit-Kreationismus, oder mindestens „intelligentes Design“.

JUNKER schreibt:

Eine freie Kombinierbarkeit von Merkmalen ('mal so, mal so') stört bei der Erstellung von Stammbäumen, ist aber dagegen in ein Schöpfungskonzept gut zu integrieren. Ein Stammbaum kann zwar immer konstruiert werden; das erfordert aber in zunehmendem Maße entweder die Annahme von Konvergenzen ('ist mehrfach entstanden') oder von Rückentwicklungen ('ist wieder entfallen').

Und weiter:

Man kann die Befunde auch aus einer Schöpfungsperspektive deuten: Wenn Merkmale grundsätzlich frei kombinierbar sind, müssen sie nicht in einen widerspruchsfreien Stammbaum eingepasst, oder besser gesagt eingezwängt werden.

Wie bereits erwähnt, kann von einer freien Kombinierbarkeit von Merkmalen keine Rede sein: Die phylogenetischen Stammbäume sind mit schöner Regelmäßigkeit entweder eindeutig, oder aber es existieren wenige (und dabei einander ähnliche!) konkurrierende Stammbaum-Varianten. Auch RYAN et al. diskutieren nur wenige denkbare Stammbäume, von denen aufgrund ihrer Befunde nur zwei in Frage kommen. **Im Übrigen, was haben die Autoren eigentlich anderes benutzt als eben das Homologieargument, um ihr Modell zu stützen?** Es ist zwar richtig, dass immer wieder Homologien wegen neuer Daten zu Konvergenzen uminterpretiert werden müssen – aber dass sich im Gegenzug

⁶ "Nothing about the genome of the comb jelly or the sponge or any of the other candidates for most ancient ancestor indicates these animals are the ancestors of anything or anybody. ...it would make more sense to abandon the evolutionary paradigm and consider evaluating the evidence in light of the only historical eyewitness record of our origins available - the history in the book of Genesis, God our Creator's eyewitness account of our origins. The Bible records that God created all kinds of living things about 6,000 years ago... That is what we observe in biology."

damit auch Konvergenzen als Homologien entpuppen, fällt bei JUNKERS einseitiger Darstellung der Befund vollkommen unter den Tisch.

Wie steht es mit der *Innenperspektive* von WORT UND WISSEN, was ist mit den Begriffen „Schöpfungskonzept“ und „Schöpfungsperspektive“ in diesem Zusammenhang gemeint? Bezeichnen sie die klassische Position des *scientific creationism*, nämlich eine unabhängige Erschaffung von speziellen Arten oder Grundtypen? In diesem Fall wären in der Tat alle Schwierigkeiten der Stammbaumkonstruktion verschwunden, weil kein Stammbaum zu erstellen wäre. Oder ist damit gemeint, dass es eine gemeinsame Abstammung der Arten zwar gibt, dass aber schöpferische Eingriffe oder Steuerprozesse in der Evolution (ein „intelligentes Design“) die Sache plausibler machen würde? Auf Anfrage hin erklärte der Vorsitzende von WORT UND WISSEN, Dr. Henrik ULLRICH, dass diese Fragen zwar berechtigt, aber bisher nicht beantwortet seien. Was es bedeute, den frühen Stammbaum des Tierreichs – so wie die Befunde sich derzeit darstellen – aus einer Schöpfungsperspektive zu betrachten, müsse erst noch ausgeführt werden. Diese Antwort ist insofern zu begrüßen, als sie ehrlich ist. **Allerdings sollte man nicht davon sprechen, die Befunde seien in „eine Schöpfungsperspektive gut zu integrieren“, bevor diese Perspektive ausformuliert ist!**

Zusammenfassung

Die vollständige Sequenzierung des Genoms einer Rippenqualle führte zu dem überraschenden Ergebnis, dass die Rippenquallen nicht näher mit den Nesseltieren verwandt sind als mit den „höheren Tieren“ (Bilateria), obwohl ihr Bau dies eigentlich nahe legt. Stattdessen müssen die Rippenquallen an die Basis des Tierstammbaums gestellt werden. Sie wären dann die Schwestergruppe aller übrigen Tiere, auch der einfacher gebauten Schwämme. Der Kreationismus deutet die neuen Ergebnisse erwartungsgemäß einseitig als Beleg für die generelle Fragwürdigkeit einer gemeinsamen Stammesgeschichte der Arten, ohne allerdings die Plausibilität seiner eigenen Weltdeutung zu hinterfragen. Dass eine Deutung der neuen Befunde aus einer „Schöpfungsperspektive“ besser gelingen könnte als aus der Perspektive der Evolutionstheorie, wird von WORT UND WISSEN zwar immer wieder gesagt, aber nicht begründet.

Bei Lichte betrachtet ist das Gegenteil der Fall: Das zahlreiche Auftreten von Parallelentwicklungen und Rückentwicklungen, das Evolutionsgegner immer wieder als scheinbar stichhaltigen Einwand gegen die gemeinsame Stammesgeschichte präsentieren, richtet sich in Wahrheit gegen das teleologische Weltbild der Evolutionsgegner. Denn diese Eigenschaft der belebten Welt passt *nicht* zu einer har-

monischen, planmäßig eingerichteten Wirklichkeit, in der *zielgerichtet* bestimmte Systemzustände „anvisiert“ werden, sondern weit besser zu einem nicht-intendierten Naturprozess mit seinem nicht vorhersehbaren, nicht-linearen „vor und zurück“. Damit passt sie allerdings auch nicht zu den Vorstellungen eines „naiven Adaptationismus“, wonach sich Evolution linear von einer Übergangsform zur nächsten, durch harmonischen Wandel aller Merkmale eines Typus, vollzieht. Die Evolution verläuft vielmehr sprunghaft, disharmonisch und streckenweise konvergent, so wie man es unter entwicklungsgenetischen Aspekten heute auch erwartet.

Literatur

- DUNN, C.W. et al. (2008) Broad phylogenetic sampling improves resolution of the animal tree of life. *Nature* 452, 745–749.
- MAXMEN, A. (2013) Evolutionary Enigmas. Comb jelly genetics suggest a radical redrawing of the tree of life. *Science News* 183, 20–25.
- MOROZ, L. et al. (2014) The ctenophore genome and the evolutionary origins of neural systems. *Nature* 510, 109–114.
- ROKAS, A. (2013) My oldest sister is a sea walnut? *Science* 342, 1327–1329.
- RYAN, J.F. et al. (2013) The genome of the ctenophore *Mnemiopsis leidyi* and its implications for cell type evolution. *Science* 342, 1242592-1 bis 1242592-8.
- SEIPEL, K.; SCHMID, V. (2006) Mesodermal anatomies in cnidarian polyps and medusae. *International Journal of Developmental Biology* 50, 589–599.
- STEINMETZ, P.R.H. et al. (2012) Independent evolution of striated muscles in cnidarians and bilaterians. *Nature* 487, 231–234.
- THEOBALD, D. (2004) 29+ Evidences for Macroevolution Part 1.
www.talkorigins.org/faqs/comdesc/section1.html.

Letzter Stand: 15.07.2014

