

Schöne Biologie

Der Quallenwurm



■ Manchmal sind Tiere nicht das, was sie zu sein scheinen. Zumindest, wenn man den Sequenzen ihrer Gene glaubt.

Diese allerdings legen einen bisweilen auch mal rein. Das womöglich prominenteste Beispiel ereignete sich vor gut zehn Jahren: 1996 verkündete ein schwedisch-italienisches Team nach dem Vergleich kompletter Mitochondrien-DNAs in *Nature*, dass das Meerschweinchen natürlich kein Schwein, aber auch kein Nagetier sei. Folglich, so die Autoren, müsse alles, was bisher in die monophyletische Ordnung der Nagetiere (Rodentia) gepackt war, unter mindestens zwei verschiedene Ordnungen fallen.

Das jedoch wollten andere so nicht stehen lassen. Sie verglichen immer mehr Sequenzen miteinander – und stellten am Ende das alte Bild von dem einen gemeinsamen Vorfahren aller Nagetiere, inklusive des Meerschweinchens, wieder her.

Viel öfter jedoch bringen solche molekularen Vergleiche durchaus Klarheit in phylogenetische Fragen, die bislang einer Antwort harren mussten. Beispielsweise wissen wir seither, dass einstmalige Vorfahren der heutigen Paarhufer ins Meer stiegen und sich darin zu Walen und Delphinen weiterentwickelten. Allerdings scheinen dies nicht irgendwelche Früh-Flusspferde gewesen zu sein, wie gerade in *Nature* beschrieben (Bd. 450, S. 1190). Vielmehr zeigen 48 Mio. Jahre alte Fossilien eines Wasser-watenden Tieres namens *Indohyus* auffällige morphologische Ähnlichkeiten mit heutigen Walen. Das Tier selbst war gerade mal Waschbär-groß und ähnelte eher einem Hirsch ohne Geweih mit langem Schwanz. Dennoch entsprechen die Strukturen der Ohrknochen wie auch des Gebisses denjenigen der ganz frühen Wale auf äußerst verdächtige Weise.

Ein vollends kurioses Beispiel veröffentlichte *Science* indes ein paar Monate vorher (Bd. 317, S. 117). Hauptdarsteller: Ein mikroskopisch kleiner Frischwasser-Parasit mit dem schönen lateinischen Namen *Buddenbrockia plumatellae*. Dieser sieht aus

wie ein Wurm, bewegt sich wie ein Wurm – war aber dennoch ein Rätsel.

Der Leiter der Studie, Peter Holland aus Oxford, beschreibt das Tier so: „Es hat kein Maul, keinen Darm und kein erkennbares Nervensystem. Es hat keine rechte oder linke Seite, noch ein Vorder- oder Hinterrande. Wir können nicht einmal sagen, wo vorne ist.“

Dennoch dachte man, *Buddenbrockia* gehöre, wie alle Wurm-Stämme, zu den „höheren Tieren“, den Bilateria. Immerhin durchziehen ziehen ja vier Muskelstränge seinen Körper. Und ansonsten habe er wegen seiner parasitischen Lebensweise eben einige Strukturen komplett reduziert. Als man dann noch insgesamt vier Homologe von Bilateria-spezifischen Hox-Genen fand, schien diese Angelegenheit klar.

Holland und Co. fanden dennoch einige Dinge seltsam. Unter anderem störte sie, dass *Buddenbrockia* modifizierte Nesselzellen in der Haut besitzt, wie sie sonst nur bei Nesseltieren (Cnidaria) wie Quallen und Polypen vorkommen. Cnidaria jedoch sind ebenso wie Schwämme und Rippenquallen radiärsymmetrisch gebaut, und gehören daher eben nicht zu den Bilateria, sondern zu den Radiata. Also schauten die Oxforder dem Tier noch genauer in die DNA...

Das erste Ergebnis war ein klassisches „Autsch!“. Die Hox-Gene waren nicht von *Buddenbrockia*, tatsächlich kamen alle vier „falsch Positiven“ aus den Wirtstieren. Die 129 echten *Buddenbrockia*-Proteine, die Holland und Co. schließlich untersuchten, belegten dann im Vergleich ganz klar: Der Wurm ist Vetter der Quallen, gehört also zu den Nesseltieren.

Und das ist durchaus von übergeordneter Bedeutung. Denn bislang dachte man, dass erst der bilateralsymmetrische Bauplan eine aktive und gerichtete Bewegung überhaupt ermöglichte. Doch ein kleiner, radiärsymmetrischer und muskulöser „Quallenwurm“, der auf der Suche nach einem Wirt durchs Wasser schlängelt, passt plötzlich gar nicht in dieses Bild.

RALF NEUMANN