

Vom Einzeller zum Vielzeller ("von LUCA bis Eva" - die komplette Evolution des Menschen; Teil 4)

Intro

Wie wurde aus einer Zelle ein Tier?

Die Entstehung der Metazoa, also der vielzelligen Tiere, gehört zu den faszinierendsten Übergängen in der Evolution des Lebens.

Was braucht es, damit Zellen nicht nur zusammenleben, sondern auch zusammenarbeiten – und zusammenbleiben?

Wie sind Kommunikation, Arbeitsteilung und erste Körperachsen entstanden – und was hat das alles mit Einzellern zu tun, die einen Kragen haben?

In diesem Video gehen wir zurück in die Tiefen der Erdgeschichte zur Entstehung der ersten Tiere.

Los geht's – auf Spurensuche am Ursprung der Tiere. Schaut auch in die Beschreibung für weiterführende Literatur und Studien.

Vom Prokaryoten zum Eukaryoten: ein knapper Überblick

Wir versuchen in dieser Reihe die Evolutionsgeschichte des Menschen zu verstehen. Anders als die typischen Vorlesungen zur Evolutionsgeschichte des Menschen beginnen wir aber nicht mit den Primaten, sondern mit der Entstehung des Lebens. Denn wir Menschen sind nicht nur Primaten, sondern auch Wirbeltiere, Tiere und Eukaryoten, sowie alle dazwischenliegenden Kategorien. In unserer Episode zu den Grundlagen der Evolutionsbiologie hatten wir die Grundprinzipien der Kladistik und Taxonomie angerissen. Dort lernten wir kennen, dass in der von Karl von Linne begründeten Systematik die lebendige Welt in 7 Kategorien eingeteilt werden kann: Art, Gattung, Familie, Ordnung, Klasse, Phylum und Reich. Mit dem Aufkommen der Evolutionsbiologie und den Grundlagen der Kladistik hat man aber schnell erkannt, dass dieses System zu grob ist und die Feinheiten des Evolutionsprozesses nur unzureichend abbildet. Tatsächlich sind mittlerweile 49 taxonomische Gruppen oder Kladen anerkannt, die zwischen allen Lebendigen und der Art des modernen Menschen, *Homo sapiens*, vermitteln, wobei es sich hier auch nicht um eine vollständige Liste handelt, denn dazwischenliegende Kladen haben keine offizielle Bezeichnung und weitere phylogenetische Untersuchungen können das Bild ändern.

Ein Grundkonzept der Evolutionsbiologie ist, dass jede Abstammungsgemeinschaft immer ein Teil der nächst höheren Abstammungsgemeinschaft ist. Das heißt damit

automatisch, dass wir und jedes andere Lebewesen niemals aus dieser Verwandtschaft herauswachsen. So wie wir immer die Kinder unserer Eltern sein werden, werden wir auch niemals aufhören Primaten, Säugetiere, ja Tiere usw. zu sein. Wie auch immer unsere zukünftige Evolutionsgeschichte sein mag, selbst wenn durch irgendwelche Umstände wir unsere Arme in Flügel verwandeln und sonstige Kuriositäten bekommen, würden wir auch niemals aufhören aus einer Gruppe von Menschen hervorgegangen zu sein.

Versuchen wir mal zu rekapitulieren, welche der 49 Kladen wir schon erreicht haben. Wir alle gehören zu den Lebewesen, da wir alle Eigenschaften des Lebens vereinen: wir betreiben einen Stoffwechsel, vermehren uns, reagieren auf Reize, halten unser inneres Milieu mittels Homöostase konstant, haben ein Genom aus DNS und unsere kleinste Einheit des Lebens ist die Zelle. Diese Eigenschaften teilen wir mit allen anderen Lebewesen.

Die Lebewesen lassen sich in drei Domänen teilen: Bacteria, Archaea und Eukaryoten. Doch mittlerweile haben Untersuchungen gezeigt, dass einige Archaeen näher mit Eukaryoten verwandt sind als mit anderen Archaeen. Molekularbiologische Vergleiche, insbesondere die Existenz von Cytoskelettelementen wie Aktin, die Fähigkeit zur Phagocytose usw. teilen wir mit bestimmten Archaeengruppen. Die Konsequenz daraus ist, dass die Eukaryoten eine Untergruppe der Archaeen sind. Zwischen den Archaeen und Eukaryoten vermitteln weitere Kladen. Wir gehören zusammen mit der TACK-Supergruppe zum Superphylum der Proteoarchaeota. Innerhalb der Proteoarchaeota sind wir in die Supergruppe der Promethearchaeati, auch als Asgard-Archeota bezeichnet, eingebettet. Diese lassen sich in weitere Untergruppen einteilen, von denen wir zu den Heimdallarchaeota zählen. Hier finden sich neben den Eukaryoten ihre engsten Verwandten innerhalb der Archaeen. Den Vorfahren der Eukaryoten gelang es mittels Endosymbiose eine Untergruppe der Bakterien einzuverleiben. Diese Bakterien lebten als Endosymbionten in der Wirtszelle und dienten einer effizienten Energieversorgung. Sie wurden die Mitochondrien. Aus den durch die Einstülpung eingeschlossenen Membranabschnitten der Archaea entwickelten sich weitere Zellorganellen wie beispielsweise der Zellkern und das endoplasmatische Retikulum. Außerdem haben sie die Fähigkeit der sexuellen Vermehrung. Die ersten Eukaryoten entstanden vor 1,6 – 2 Mrd. Jahren. Alle Tiere gehören zu den Eukaryoten, doch zwischen den ersten Tieren und den Eukaryoten vermitteln – quasi als Zwischenstufen – 10 weitere Kladen, von denen wir die meisten nur kurz anreißen werden.

Opisthokonta

Die Eukaryoten haben viele Evolutionslinien hervorgebracht. Eine basale Abzweigung, zu denen die meisten Eukaryoten gehören, sind die Orthokaryotes. Innerhalb der Orthokaryotes gehören wir zu den Neokaryotes, die praktisch die allermeisten Eukaryotengruppen umfassen. Tatsächlich sind die basalen Verzweigungen der Eukaryoten Gegenstand intensiver Forschung und jene basalen Eukaryoten, die

außerhalb der Neokaryotes stehen werden unter dem paraphyletischen Sammelbegriff „Excavata“ geführt. Eine paraphyletische Gruppe hat zwar eine jüngste gemeinsame Stammform enthält aber nicht alle Untergruppen, die auf diese Stammform zurückgehen, wie es beim Monophylum der Fall ist – in diesem Fall würden die Neokaryotes nämlich ausgeschlossen. Zu den Excavata zählen eine Vielzahl freilebender und symbiotischer Protisten und umfasst einige wichtige Parasiten des Menschen wie Giardia und Trichomonas. Sie werden von anderen Abstammungslinien anhand elektronenmikroskopischer Details ihrer Zellstruktur unterschieden. Bekannte Excavata sind die Euglenozoa oder Augentierchen. Sie haben – Pflanzenzellen ähnlich – Chloroplasten und können Photosynthese betreiben. Die Neokaryotes lassen sich hingegen zwei Hauptäste teilen, die Diphoda und Opimoda.

Die Diphoda wurden früher als Biconata bezeichnet, deren entscheidende Synapomorphie zwei Geißeln sind. Geißeln haben eine ähnliche Funktion wie die Flagellen der Bakterien, fadenförmige Gebilde auf der Oberfläche einzelner Zellen, die der Fortbewegung dienen. Die Geißeln der Eukaryoten unterscheiden sich aber von jenen der Bakterien, sind also durch Konvergenz entstanden. Zu den Diphoda zählen u. a. die verschiedenen Algengruppen, wie Rotalgen, Grünalgen und Kieselalgen, und die Pflanzen. Ein weiteres gemeinsames Merkmal der Diphoda ist die Fusion zweier Gene zu einer einzigen Einheit: Die Gene für Thymidylatsynthase (TS) und Dihydrofolatreduktase (DHFR) kodieren ein einziges Protein mit zwei Funktionen.

Die Opimoda führen dann schließlich über die Podiata zu den Amorphea.

Die Amorphea wurden früher Uniconata genannt, da die meisten Vertreter ihrer Gruppe nur eine Geißel haben. Jedoch haben einige basale Vertreter dieser Gruppe auch zwei Geißeln, die sich aber in der Anordnung und Details von jenen der Diphoda unterscheiden. Außerdem gibt es einige wichtige genetische Unterschiede zwischen Diphoda und Amorphea. Von den Diphoda unterscheiden sie sich zudem, dass sie eine Dreifach-Genfusion haben, die nur für diese Gruppe typisch ist und Enzyme für die Synthese der Pyrimidinnukleotide kodieren. Diese Genfusion betrifft die Gene für die Enzyme Carbamoylphosphat-Synthase, Dihydroorotase, Aspartat-Carbamoyltransferase.

An der Basis der Amorphea stehen die Amoebozoa, die entweder keine Geißeln haben, aber einige zwei besitzen. Über 300 Arten sind bekannt, von denen die bekanntesten zu den Amöben gehören. Die andere Klade wird Obazoa genannt und vereinigt die Opisthokonta, Breviatea, and Apusomonadida. Die Breviatea, bestehend aus nur einer Art, Breviata anathema, ist die Schwestergruppe der beiden anderen Obazoa und hat zwei Geißeln. Apusomonadida haben ebenfalls zwei Geißeln und sind die Schwestergruppe der Opisthokonta, die nur eine Geißel – und zwar an der „Hinterseite“ der Zelle - haben und die mit Abstand artenreichste Eukaryotengruppe darstellen, denn genau in diese Gruppe fallen alle Tiere und damit wir Menschen. Wenn man jetzt denkt, welche unserer Körperzellen eine an der „Hinterseite“ der Zelle befindliche Geißel haben: die Männer werden das wissen: Spermien haben genau diese Ausrichtung ihrer Geißel. Die Opisthokonta haben zwei Hauptkladen: die

Holomycota und die Holozoa. Die Holomycota umfassen u. a. die Pilze, die Holozoa die Tiere. Das ist insofern interessant, denn im traditionellen Biologieunterricht wurden Pilze gerne in die Botanik gepackt. Tatsächlich wurden sie noch während meines Biologiestudiums in die Botanik-Vorlesungen integriert. Aber phylogenetisch sind sie eher mit Tieren verwandt, was die Vegetarier unter euch freuen könnte, denn Pilze wären somit ein wunderbarer Fleischersatz.

Wir und alle Tiere sind zweifelsfrei Opisthokonta und Holozoa, doch hierzu zählen auch weitere einzellige Organismen. Die Holozoa teilen sich in zwei Hauptäste: zum einen eine Reihe von Einzellern, die als Teretosporea zusammengefasst werden und die Filozoa. Die Filozoa beinhalten die Filasterea und die Choanozoa. Letztere teilen sich in die Choanoflagellata und die Metazoa. Metazoa sind das, was wir allgemein als Tiere bezeichnen. Was macht aber eigentlich ein Tier zum Tier?

Ursprünge der Vielzelligkeit

Der auffälligste Unterschied zwischen den Metazoa und den anderen Vertretern der Holozoa ist, dass Tiere vielzellige Organismen sind. Vielzelligkeit hat sich in der Evolution mehrmals unabhängig voneinander entwickelt, so z. B. auch bei Pflanzen und Pilzen. Vielzellige Organismen brauchen, um funktionieren zu können, Eigenschaften, welche von Einzellern nicht benötigt werden. Hierzu zählen z. B. Zell-Zell-Kommunikationen, da über größere Zellverbände Informationen und Stoffe übermittelt werden müssen. Vielzellige Organismen zeichnen sich dadurch aus, dass sie verschiedenartige Zelltypen haben. Diese müssen koordiniert und unter mehr oder weniger strikter Regulation aus undifferenzierten Vorläuferzellen gebildet werden. Und: die Zellen eines Organismus müssen, damit er eine definierte Gestalt ausbilden kann, auf bestimmte Weise aneinanderhaften, man spricht von Zelladhäsion. Damit Mehrzeller entstehen konnten, mussten also diese Vorbedingungen erfüllt sein.

Nun muss man sich fragen, was dem gemeinsamen Vorfahren der Metazoen, einem einzelligen Lebewesen, Eigenschaften wie interzelluläre Kommunikation oder Zelladhäsion genützt haben sollen. Kann man sich tatsächlich vorstellen, dass diese Eigenschaften in einem einzelligen Lebewesen evolvierten? Die Alternative, nämlich die gleichzeitige, mehr oder weniger sprunghafte Entstehung all dieser Eigenschaften und Fähigkeiten zusammen mit der Mehrzelligkeit, ist derart unwahrscheinlich, dass man an diese Möglichkeit keinen Gedanken zu verschwenden braucht. Was also ist des Rätsels Lösung? Hierfür sind vor allem die Vertreter der Holozoa interessant, da sie verschiedene Vorbedingungen erfüllen, die die Vielzelligkeit der Metazoa ermöglicht haben.

Der jüngste einzellige Vorfahre der Metazoen verfügte bereits über ein komplexes Genkomplement, so dass eine verstärkte Genomregulierung eine entscheidende Rolle bei der Entstehung tierischer Zelltypen und damit bei der Evolution der Tiere gespielt haben muss. Die frühen Holozoa, vor allem die Schwestergruppe der Metazoa, die Choanoflagellata, aber auch die Filasterea und Teretosporea haben komplexe

Lebenszyklen, die auch mehrzellige Stadien umfassen und zeitlich unterschiedliche Zellmorphologien mit verschiedenen Funktionen aufweisen. Die Choanoflagellaten sind eine Gruppe freilebender einzelliger und kolonialer Geißeltierchen, die als die nächsten lebenden Verwandten der Tiere gelten. Choanoflagellaten haben einen trichterförmigen Kragen aus miteinander verbundenen Mikrovilli an der Basis ihrer Geißel. Sie ähneln in ihrer Morphologie den Kragengeißelzellen der Schwämme, dem wahrscheinlich ursprünglichsten Stamm der Metazoa. Eine im August 2017 veröffentlichte Arbeit zeigte, dass Umweltveränderungen, einschließlich der Anwesenheit bestimmter Bakterien, das Schwärmen und die anschließende sexuelle Fortpflanzung von Choanoflagellaten auslösen.

So kommt die Choanoflagellaten-Art *Salpingoeca rosetta* in fünf unterschiedlichen Stadien vor, nämlich als festsitzende Einzelzellen, langsam freischwimmende Einzelzellen, schnell schwimmende Einzelzellen, sowie als kugelförmige und kettenförmige Zellkolonien. Dabei sind fünf verschieden differenzierte Zelltypen unterscheidbar. Dies sind nicht weniger als in vielen Schwämmen. Der wesentliche Unterschied ist hier, dass sie nicht gleichzeitig in einem organisierten Mehrzeller auftreten, sondern zeitlich nacheinander. Mehrzellige Lebewesen haben verschiedene Zelltypen gleichzeitig, die sich zu komplexen Geweben zusammenschließen.

Die Gewebe der Metazoa lassen sich in folgende vier Typen gliedern:

- a) Epithelgewebe, also Zellschichten, die alle inneren und äußeren Oberflächen bedecken.
- b) Binde- und Stützgewebe: die für strukturellen Zusammenhalt sorgen und Zwischenräume füllen
- c) Muskelgewebe und
- d) Nervengewebe.

Der Übergang zur Mehrzelligkeit beginnt mit der Entwicklung der Kooperation, bei der sich Zellen zusammenschließen und einen Vorteil gegenüber Einzelzellen erlangen. Ein kooperatives Verhalten wird im Allgemeinen als kostspielige Investition in Ressourcen beschrieben, die einem anderen Individuum (dem Empfänger) als dem Handelnden zugutekommt, unabhängig davon, ob der Empfänger dieselbe Verhaltensstrategie anwendet. Die Herausforderung beim Verständnis der Evolution der Kooperation besteht darin, zu erklären, wie Kooperation einen Vorteil generiert.

Ein möglicher Vorteil ursprünglicher Vielzelligkeit könnte in der Größe gelegen haben, da sie neue ökologische Nischen besetzen konnten, die Futtereffizienz erhöht werden konnte oder man von anderen Zellen nicht gefressen/phagozytiert wird. Zu den weiteren Vorteilen der zellulären Zusammenarbeit gehören die Vorteile, die sowohl mit der festen Oberflächenanhaftung als auch mit der verbesserten Ausbreitung verbunden sind. Einzelne Zellen, die sich an einer für das Wachstum idealen Position befinden, können durch Strömungen oder Wind weggespült werden, während eine

erhöhte Fähigkeit zur Oberflächenhaftung von Zellclustern selektiv vorteilhaft sein könnte.

Es ist aber auch denkbar, dass mehrzellige Organismen nicht durch den Zusammenschluss verschiedener Zellen entstanden sind, sondern über Zellen, die mehrere Zellkerne hatten und sich mehrere interne Membrantrennwände bildeten. Viele Ciliaten oder Schleimpilze können mehrere Kerne haben, was diese Hypothese stützt. Das bloße Vorhandensein mehrerer Kerne reicht jedoch nicht aus, um die Theorie zu stützen. Die mehreren Kerne von Ciliaten sind unterschiedlich und haben klar differenzierte Funktionen. Der Makronukleus dient den Bedürfnissen des Organismus, während der Mikronukleus für die sexuelle Fortpflanzung mit Austausch von genetischem Material verwendet wird. Die Synzytien der Schleimpilze bilden sich aus einzelnen amöboiden Zellen, nicht umgekehrt.

Ein wichtiger Schritt in der Evolution der Vielzelligkeit ist die Aufgabenteilung und Zelldifferenzierung.

Während des Übergangs von einzelligen zu mehrzelligen Organismen hat sich wahrscheinlich die Expression von Genen verändert, die mit Fortpflanzung und Überleben in Verbindung stehen. Im einzelligen Zustand werden Gene, die mit Fortpflanzung und Überleben in Verbindung stehen, so exprimiert, dass die Fitness einzelner Zellen verbessert wird. Nach dem Übergang zur Mehrzelligkeit muss sich das Muster der Expression dieser Gene jedoch erheblich verändert haben, sodass sich einzelne Zellen in ihrer Funktion in Bezug auf Fortpflanzung und Überleben stärker spezialisieren. Mit dem Aufkommen des mehrzelligen Organismus wurden die Genexpressionsmuster zwischen Zellen, die sich auf die Fortpflanzung spezialisiert hatten (Keimbahnzellen), und Zellen, die sich auf das Überleben spezialisiert hatten (somatische Zellen), aufgeteilt. Mit fortschreitendem Übergang neigten spezialisierte Zellen dazu, ihre eigene Individualität zu verlieren und waren außerhalb des Gruppenzusammenhangs nicht mehr in der Lage, sowohl zu überleben als auch sich fortzupflanzen.

Dabei zeigte sich als genereller Trend, dass mehrfach spezialisierte Zellen in einfachen Vielzellern sich zu immer höher spezialisierten in komplexen Vielzellern entwickelten. Beispielsweise besitzen Nesseltiere Zellen, die dem äußeren Deckgewebe (Epithel) angehören, die sowohl Sinnesreize aus der Umwelt aufnehmen, als auch fähig sind, sich wie Muskelzellen zusammenzuziehen (kontrahieren). Diese Funktionen sind in höheren Vielzellern (in dazu homologen Zellen) auf verschiedene Zelltypen aufgeteilt.

Die Differenzierung ist also nicht vorangeschritten, indem die ersten Vielzeller nach und nach neue Funktionen erworben und sich dazu neue Zelltypen (und Gewebe bzw. Organe) zugelegt hätten. Vielmehr besaßen die ursprünglichen Zellen bereits die meisten der späteren Funktionen, vereint in einer einzigen Zelle. Diese „Alleskönner“ haben sich dann arbeitsteilig differenziert. Die wenigen Zelltypen der einfach

strukturierten Vielzeller – und noch mehr der Einzeller – sind also nicht einfacher als diejenigen der komplexeren Vielzeller, sondern im Gegenteil komplexer.

Mittels Genregulation sind Zellen in der Lage auf entsprechende Umweltreize zu reagieren und ihre Genexpression zu steuern. Die verschiedenen epigenetischen Regulationsnetzwerke, die wir z. T. schon in der Episode der Entstehung der Eukaryoten kennengelernt haben, finden sich auch bei Einzellern und konnten sich bei den Vielzellern zunehmend spezialisieren.

Tatsächlich sind diese Vorstellungen zur Evolution der Vielzelligkeit keineswegs hypothetisch.

Eine Reihe von Grünalgenarten wurden experimentell so verändert, dass sie größere Klumpen bilden. Wenn *Chlamydomonas reinhardtii* zusammen mit dem Räuber *Paramecium tetraurelia* gezüchtet wird, beginnt sie, kleine Kolonien zu bilden, die aufgrund ihrer Größe schwerer zu fressen sind. Die Prädation wird als ein Selektionsdruck angenommen, der die Evolution der Mehrzelligkeit vorangetrieben haben könnte. Zwei von fünf experimentellen Populationen von *Chlamydomonas reinhardtii* entwickelten innerhalb von 750 Generationen multizelluläre Strukturen. Es gibt erhebliche Unterschiede in den entwickelten mehrzelligen Lebenszyklen, wobei sowohl die Anzahl der Zellen als auch die Größe der Vermehrungskörper zwischen den Isolaten variieren. Diese vielzellige Struktur wächst durch Mitosen, bei dem sich eine Zelle in zwei, dann in vier, dann in acht usw. teilt. Und diese Zellen bleiben bei der Teilung als zusammenhängende vielzellige Struktur erhalten.

Ähnliche Übergänge traten Berichten zufolge innerhalb von 100 Generationen bei der Grünalge *Chlorella vulgaris* und innerhalb von 300 Generationen bei der Hefe *Saccharomyces cerevisiae* auf.

Extrazelluläre Matrix und Zelladhäsion

Bei den Metazoa hat sich diese Zellmorphologie so spezialisiert, dass die Zellen einen einheitlichen Gewebeverband finden. Hierfür ist ein bestimmtes Merkmal tierischer Zellen wichtig: die extrazelluläre Matrix. Die extrazelluläre Matrix (EZM) ist der Gewebeanteil, der zwischen den Zellen im sogenannten Interzellularraum bei tierischen Zellen liegt. Sie besteht aus netzartig angeordneten Kollagenfasern, Elastin, Fibrillin, Wasser, Glykolipiden und Glykoproteinen. Kollagen und Elastin sind faserartige Moleküle, die in eine Grundsubstanz eingebettet sind. Die Grundsubstanz besteht aus verschiedenen sog. Proteoglykankomplexen, Glucosaminoglykanen (wie Hyaluron) und/oder Glykoproteinen. Das Verhältnis der Grundsubstanz zum Faseranteil schwankt je nach Lokalisation ebenso wie der Anteil der extrazellulären Matrix am Gewebe insgesamt, bedingt durch dessen jeweilige Funktion. Der Besatz mit Glykoproteinen und Glykolipiden kann sehr dicht sein und einen regelrechten Zuckermantel um die Zellen bilden. Er wird als Glykokalyx bezeichnet. Die an der Oberfläche exponierten Strukturen sind für Zell-Zell-Erkennung, Zellkontakte und

Signalwahrnehmung verantwortlich. Der Zellerkennung dienen beispielsweise Glykolipide, wie die Blutgruppenantigene des AB0-Systems oder die MHC-Komplexe, welche für die Gewebeverträglichkeit bei Organtransplantationen von entscheidender Bedeutung sind.

Weitere wichtige Bestandteile sind Verbindungsmoleküle, die verschiedene Komponenten der extrazellulären Matrix untereinander und diese mit der Zelloberfläche verbinden. Zwei der Wichtigsten sind Fibronektin und Laminin. Fibronektin enthält Bindungsstellen für Kollagen und Heparin. Durch alternatives Spleißen der mRNA entstehen verschiedene Fibronektin-Formen, die bei einer Reihe von biologischen Prozessen eine Rolle spielen. Dazu gehört die Blutgerinnung, Wundheilung oder die Wanderung der Neuralleistenzellen während der Embryonalentwicklung. Die wichtigsten Rezeptoren an der Zelloberfläche für Komponenten der EZM sind die Integrine, die an verschiedene Liganden binden.

Wir haben also eine relativ komplexe Anordnung von verschiedenen Proteinen. Jedoch haben schon diverse Untersuchungen gezeigt, dass die Bestandteile der extrazellulären Matrix sich schon bei den Vorfahren der Filozoa finden und wurden bei den Metazoa für die Bildung eines Zellgewebes kooptiert. Duplikation und Domänen-Shuffling spielten eine wichtige Rolle bei der Evolution von Proteinen der extrazellulären Matrix.

Eine Studie untersuchte z. B. die Gene für Integrin und solche Proteine, die mit Integrin wechselwirken bei vielen Ein- und Mehrzellern und stellten fest, dass die Präsenz des Integrin-Systems sich bis weit in das Reich der Einzeller und zwar bis zum gemeinsamen Vorfahren der Opisthokonta und sogar Amorphea zurückverfolgen lässt.

Interessanterweise ist die Fähigkeit zur Adhäsion an verschiedene Oberflächen auch bei Bakterien eine sehr weit verbreitete Eigenschaft. Während zur einfachen Erst-Adhäsion simple elektrostatische Wechselwirkungen und Van-der-Waals-Bindungskräfte ausreichen, gibt es für eine feste Adhäsion ein immens breites Spektrum an Adhäsions-Molekülen.

Eine der immer wiederkehrenden und für funktionelle Adhäsion wichtige Protein-Domäne ist das so genannte "parallele β -Faltblatt". Derart gebaute Struktur-Motive vermitteln die Adhäsion an andere Proteine und sind oft gekennzeichnet durch häufige Wiederholung der Aminosäuren Leucin, Isoleucin und Valin. Dieses Motiv ist interessanterweise keinesfalls spezifisch für Adhäsine, sondern findet sich auch in vielen anderen Enzymen wie auch integralen Proteinen der äußeren Zellmembran.

Kollagen

Viele Gene, die für die verschiedenen Proteine der extrazellulären Matrix codieren sind im Tierreich nicht nur konserviert, sondern lassen sich auch außerhalb des Tierreiches finden. Betrachten wir uns außer den Integrinen hierfür ein weiteres Molekül der extrazellulären Matrix genauer: Kollagen.

Kollagene sind die häufigsten Proteine tierischer Körper. 30 Prozent der Gesamtmasse der Proteine des Menschen machen Kollagene aus und findet sich besonders in den Knochen, Zähnen, Knorpel, Sehnen und Bändern. Insgesamt sind 28 verschiedene Kollagentypen bekannt. Diese können eine fibrilläre oder nicht-fibrilläre Struktur haben. Fibrillär bedeutet, dass sie eine faserartige Struktur haben. Bei Wirbeltieren sind die Typen I, II, III, V und XI vorherrschend. Besonders Kollagen vom Typ I kommt bei Säugetieren sehr häufig vor. Die einzelnen Kollagentypen werden von verschiedenen Genen codiert, wobei einzelne Kollagentypen auch durch mehrere Gene codiert werden können. Schwämme (Porifera) besitzen eine spezielle Form von Kollagen namens Spongin, das kurze Kollagenketten enthält. Die Gene, die für diese Kollagenketten kodieren, weisen Ähnlichkeiten mit nicht-fibrillären Kollagenen anderer Metazoen auf, z. B. Kollagen Typ IV.

Lange Zeit wurde vermutet, dass sich Kollagene nur bei den Metazoen befinden, doch mittlerweile ist belegt, dass einige Kollagen-Proteindomänen auch bei Chonoaflagellaten und Filasterea codiert werden. Weiterhin finden sich Kollagene auch bei Pilzen, dem Malaria-Parasiten *Plasmodium falciparum*, und dem Amoebozoen *Dictyostelium discoideum*. Darüber hinaus wurden Kollagendomänen in mehreren Bakterienarten und Viren nachgewiesen, obwohl aufgrund ihrer evolutionären Distanz typischerweise angenommen wurde, dass sie sich unabhängig von metazoischen Kollagenen oder durch horizontalen Gentransfer von Metazoen entwickelt haben. Dennoch weisen immer mehr Berichte darauf hin, dass Kollagene möglicherweise älter und/oder weiterverbreitet sind als bisher angenommen.

Um die phylogenetische Verteilung und Abstammung von Kollagendomänen im Baum der Eukaryoten besser zu verstehen hatte eine Arbeitsgruppe die Genome von Metazoen, Choanoflagellaten und anderer Holozoa, sowie weiteren Eukaryotengruppen untersucht. Es zeigt sich, dass Kollagendomänen bei den nahen Verwandten der Metazoen, einschließlich der Choanoflagellaten, weit verbreitet sind. Viele von ihnen kodieren für erweiterte Kollagendomänen, die mit den Kollagenen der Metazoen vergleichbar sind. Darüber hinaus sind Kollagendomänen bei vielen anderen Eukaryoten, so auch bei Pilzen, weit verbreitet. Bestimmte Kollagene, insbesondere die fibrillären und Kollagen Typ IV sind auf die Metazoa beschränkt. In den nicht-Metazoen üben die einzelnen Kollagendomänen unterschiedliche Funktionen aus, z. B. als Abwehrreaktionen gegen Bakterien, Substratanhaftung, Paarungsregulation, oder als Signalmoleküle. Das ist insofern interessant, als dass bei Metazoen einige Kollagene eine ähnliche Funktion besitzen. Viele dieser Kollagen-Domänen der Nicht-Metazoen interagieren auch mit weiteren Proteindomänen anderer Proteinfamilien und erfüllen weitere Funktionen. Bei Chonoaflagellaten kommen zudem Kollagene vor, die für Zell-Zell-Verbindungen und der Ausbildung einer extrazellulären Matrix wichtig sind. Da von diesen Einzellern bekannt ist, dass sie unter bestimmten Umweltbedingungen Kolonien aus mehreren Zellen bilden, ist es nur folgerichtig, dass auch sie hierfür spezifische Kollagene besitzen. Bei den Metazoen spielt aber die Vielzelligkeit eine immer wichtigere Rolle, weswegen sich fibrilläre Kollagene als strukturgebendes Gerüst in der extrazellulären Matrix entwickelten.

Durch Genduplikation und anschließende Selektion, sowie durch alternatives Spleißen und Exon-Shuffling, etwas, was wir schon in der letzten Episode behandelt haben, konnten sich die Kollagene der Metazoa weiter differenzieren und neue Aufgaben übernehmen.

Zell-Zell-Verbindungen

Eine weitere Eigenschaft vielzelliger Organismen sind ihre verschiedenen Zell-Zell-Verbindungen. Bei tierischen Zellen kommen die Gap Junctions, Adherens Junctions, Tight Junctions und Septate Junctions vor.

Gap Junctions sind Proteinkanäle zwischen den Plasmamembranen und ermöglichen eine direkte Verbindung des Cytoplasmas der beteiligten Zellen. Sie dienen zur Kommunikation zwischen Zellen, indem chemische Substanzen oder elektrische Signale weitergeleitet werden. Sie kommen vor allem in Nerven- und Muskelzellen vor. Das beteiligte Kanalprotein heißt Connexin. Sechs Connexine bilden nun jeweils eine ringförmige Struktur – das Connexon. Es gibt verschiedene Connexingene, beim Menschen z. B. 20, die eine Variation der Durchlässigkeit und Leitfähigkeit der Kanäle ermöglichen.

Interessanterweise finden sich bei Wirbellosen wie der Fruchtfliege *Drosophila* und den Fadenwürmern, beides Modellorganismen der Genetik, keine Connexine. Stattdessen nutzen sie eine andere Proteinfamilie, die Innexine. Beide sind funktional ähnlich aufgebaut, besitzen aber keine homologen Basensequenzen, sind also nicht nahe miteinander verwandt. Inzwischen wurde bei den Wirbeltieren eine Proteinfamilie neu entdeckt, die Pannexine, die in ihrer Sequenz größere Ähnlichkeit mit den Innexinen aufweisen, also vermutlich homolog zu ihnen sind. Allerdings sind Pannexine äußerstenfalls sehr selten an der Bildung von Gap Junctions beteiligt, sie erfüllen andere Aufgaben in der Zelle. Andere haben auf der Grundlage genetischer Sequenzierung und der allgemeinen Funktionsweise in Geweben Beweise dafür vorgelegt, dass Pannexine trotz struktureller Unterschiede weiterhin als Teil der Proteinfamilie der Gap-Junction-Proteine betrachtet werden sollten. Diese Forscher stellen außerdem fest, dass es noch weitere Gruppen von orthologen Connexin-Proteinen zu entdecken gibt.

Unter dem Begriff Adherens Junctions wird eine Gruppe von Adhäsionsverbindungen zusammengefasst. Eine besondere Form der Adherens Junctions sind die Desmosomen. Desmosomen sind kugelige Strukturen, die sich insbesondere in den Zellen des Herzmuskels und den Epithelzellen finden. Die wichtigste Funktion der Desmosomen ist die Herstellung einer Verbindung zwischen zwei Zellen, um dadurch den mechanischen Zusammenhalt zu erhöhen. Ein Desmosom setzt sich aus einem Netzwerk von Ankerproteinen zusammen, die Verbindungsstücke für andere Proteine sind. Wichtige Ankerproteine sind die Cadherine, von denen bei Wirbeltieren über 300 verschiedene bekannt sind; beim Menschen kommen 80 verschiedene Cadherine vor.

Zur weiteren Stabilisierung sind die Desmosomen zudem auch mit dem Cytoskelett der Zelle verbunden.

Tight Junctions kommen in tierischen Zellen vor allem im Darm, Magen und in der Blut-Hirn-Schranke vor. Sie sorgen für eine Verbindung zwischen Epithelzellen. Durch diese Abdichtung wird der Transport von Molekülen über die Epithelzellen kontrolliert. Es wird sichergestellt, dass keine Diffusion von gelösten Stoffen zwischen den Epithelzellen möglich ist. Tight Junctions finden sich aber nur bei Wirbeltieren. Bei Wirbellosen kommen die Septate Junctions vor, die dieselbe Funktion ausüben. Die wichtigsten bisher bekannten Membranproteine der Tight Junctions sind die Familie der Claudine sowie das Occludin. Von der Familie der Claudine sind in Wirbeltieren bislang 24 verschiedene bekannt. Diese integralen Membranproteine sind netzförmig angeordnet und bringen die Membranen zweier Zellen in einer Art Kopf-an-Kopf-Kontakt direkt aneinander. Sie bilden wässrige Poren, die selektiv bestimmte Ionen und Moleküle hindurchlassen, während andere zurückgehalten werden. Die Spezifität der Diffusionsbarriere wird dabei durch die unterschiedliche Zusammensetzung der Claudine den jeweiligen Anforderungen, die das Epithel erfüllen muss, angepasst. Claudine kommen aber auch bei Wirbellosen vor, so beim Fadenwurm und der Taufolie, die keine Tight Junctions haben. Jedoch haben sie wesentlich weniger verschiedene Claudine. Durch Genduplikation und weiterer Differenzierung konnten sich die Claudine bei den Wirbeltieren weiter spezialisieren.

Septate Junctions unterscheiden sich strukturell von den Tight Junctions dadurch, dass sie als leiterförmig angeordnete "Septae" in der lateralen Membran zu finden sind und nicht als kompakte Struktur wie bei den Tight Junctions. Tight und Septate Junctions schließen sich an die Adherens Junctions an.

Während der frühen Evolution der Metazoen traten nacheinander verschiedene Arten von Zell-Zell-Kontakten auf. Der Vorfahre der Metazoen hatte Adherens Junctions und Septate Junctions. Beim Vorfahren der Eumetazoen waren Gap Junctions vorhanden, jedoch werden für Wirbeltiere und Wirbellose verschiedene Proteine verwendet. Beim Vorfahren der Wirbeltiere wurden Septate Junctions durch Tight Junctions ersetzt.

Zellkommunikation und Genaktivierung – hochgradig konserviert

Die hochgradige Konservierung und gleichzeitige Innovation zeigt sich aber nicht nur in den Entwicklungswegen, sondern auch in der Zellkommunikation und Genaktivierung. Gene wirken nicht isoliert von ihrer Umwelt. Ein Stück DNA ist einfach nur ein Molekül. Damit Gene ihre Bedeutung im Kontext der Genexpression haben, müssen diese aktiviert oder abgeschaltet werden. Dazu braucht es die Umwelt bzw. Umweltreize als Aktivator und Repressor, wie z. B. die Temperatur, Tag-Nacht-Zyklen, Vorhandensein von Nahrung etc. Jedoch sind auch Umweltreize erstmal nur physikalische Einheiten, die für sich genommen ein Gen nicht aktivieren. Gene sind blind für solche Umweltreize, was man schon alleine daran erkennt, dass derselbe

Umweltreiz bei verschiedenen Lebewesen eine unterschiedliche Genexpression hervorruft. Zwischen Umweltreizen und Genen sind eine Reihe von biochemischen Prozessen dazwischengeschaltet, die quasi als Übersetzer fungieren. Ein solcher Dolmetscher ist bei Tieren das Nervensystem und Hormonsystem, bei anderen Lebewesen gibt es analoge Systeme, um Umweltreize wahrzunehmen. Werden die Umweltreize von den Sinnesorganen und dem Nervensystem wahrgenommen bzw. verarbeitet, so laufen natürlich auch auf zellulärer Ebene Signalübertragungswege statt, mittels derer Zellen auf äußere Reize reagieren, diese umwandeln, als Signal in das Zellinnere weiterleiten und über eine Signalkette zur Genexpression und zum zellulären Effekt führen. An diesen Prozessen ist oft eine Vielzahl von Enzymen und sekundären Botenstoffen (Second Messenger) beteiligt – in einer Ebene oder auf mehreren nacheinander geschalteten Ebenen (Signalkaskade). Solche Signaltransduktionswege finden sich auch bei einzelligen Organismen, um auf Veränderungen ihrer Umwelt beispielsweise durch Regulation des Stoffwechsels und der Genexpression reagieren zu können und das Überleben zu sichern.

Damit die Information durch ein Signal auf eine Zielzelle übertragen werden kann, muss diese das Signal empfangen und darauf reagieren können. Das ist die Aufgabe des Rezeptors, der auf spezifische Reize, vermittelt durch ein Signalmolekül, reagieren kann. Diese Signalmoleküle werden auch Ligand genannt und Rezeptoren haben spezifische Bindungsstellen diese. Die Bindung eines Liganden führt zu einer Veränderung der dreidimensionalen Struktur des Rezeptorproteins, und diese Konformationsänderung löst eine zelluläre Reaktion aus. Der Ligand trägt zu dieser Reaktion nicht weiter bei.

Es gibt verschiedene Arten von Liganden, die an einen Rezeptor binden können, z. B. einzelne Nukleoside wie Adenosin, Neurotransmitter, Peptide, Hormone oder auch z. B. Moleküle, die wir über die Nahrung aufnehmen, wie Koffein.

Auch die Rezeptoren können eine unterschiedliche Vielfalt haben. Diese können sich etwa in der Zellmembran befinden, es gibt aber auch intrazelluläre Rezeptoren, wenn der Ligand in der Lage ist die Zellmembran zu passieren. Zu den Rezeptoren, die in Membranen vorkommen zählen z. B. ligandengesteuerte Rezeptoren, z. B. die verschiedenen Ionenkanäle oder der Acetylcholinrezeptor, der bei Wirbeltieren in der Plasmamembran der Skelettmuskelzellen vorkommt. Acetylcholin ist ein Neurotransmitter und bindet dieses an den Rezeptor wird dieser für Natriumionen durchlässig. Das sorgt für eine erhöhte Natriumkonzentration außerhalb der Zelle, was zu einem Aktionspotential und schließlich zur Muskelkontraktion führt.

Andere Rezeptoren sind Enzymgekoppelt, wie die Proteinkinase-Rezeptoren. Proteinkinasen katalysieren die Phosphorylierung von Proteinen, was die Proteinstruktur und -funktion ändert und zu einer Kaskade an Reaktionen führt, die zelluläre Prozesse in Gang setzen. Der Insulinrezeptor ist ein Beispiel für einen Proteinkinase-Rezeptor.

Ein dritter Rezeptortyp sind die G-Protein-gekoppelte Rezeptoren. Diese Rezeptoren sind an der Verarbeitung eines breiten Spektrums an Signalen beteiligt, insbesondere der Verarbeitung von Sinnesreizen. Entscheidend bei diesen Rezeptoren ist, dass die Signale über GTP-bindenden Proteine (G-Proteine) in das Zellinnere weitergeleitet werden.

Bei der Signaübertragung innerhalb der Zelle spielen second messenger eine Rolle, deren Konzentration als Antwort auf ein Primärsignal, des Liganden, verändert wird. Dabei steht der sekundäre Botenstoff oft nur am Anfang einer oder mehrerer längerer, intrazellulärer Signalketten, die auch der Signalverstärkung dienen und schließlich zu einer Zellantwort auf das Primärsignal führen. Bekannte Beispiele sind cyclisches AMP (cAMP), Inositoltrisphosphat (IP3), Diacylglycerol (DAG) und Calciumionen (Ca^{2+}).

Diese Signalübertragungswege wirken auf den ersten Blick hochgradig komplex, doch deren potentielle evolutionäre Entstehung haben wir uns schon im Beitrag zur Entstehung der Eukaryoten angesehen. Dort erklärten wir an einem hypothetischen Beispiel, wie aus einem zwei-Komponenten-System aus einem Rezeptor und einem Signal ein fünf-Komponenten-System, welches nicht reduzierbar komplex ist, entstehen konnte.

Beginnen wir mit einem einfachen 2-Komponenten-System:

Ein genetischer Schalter (blau), hier ein Rezeptor nimmt ein Signal, z. B. einen Transkriptionsfaktor, oder vielleicht auch einen Umweltreiz, wenn es sich hierbei um eine Verarbeitung von Umweltreizen mittels Sinnesorganen handelt, wahr. Dieser Rezeptor aktiviert ein Gen, z. B. das für ein Enzym (rot), das eine gewisse Aktion ausführt (z. B. eine Stoffwechselreaktion ausführt)

Es kommt zu einer Genduplikation, bei der sich der Rezeptor verdoppelt (solche sogenannten Genduplikationen kommen sehr häufig vor). Mehrere Kopien eines Rezeptors zu haben kann vorteilhaft sein, weil so z. B. die Aktivierung des Enzyms viel schneller oder stärker gehen kann.

Die beiden Gene für den Rezeptor entwickeln sich unterschiedlich und eine der Kopien hat eine Mutation (grün). Beide unterschiedlichen Rezeptor empfangen das Signal und aktivieren zwar immer noch das Enzym, aber der blaue Schalter aktiviert auch zusätzlich den grünen. Das ist übrigens auch nichts Ungewöhnliches. In der Zelle gibt es, wie wir gesehen haben, Transkriptionsfaktoren und Rezeptoren, die sich gegenseitig aktivieren.

Weil beide Rezeptoren dasselbe Enzym aktivieren ist der Prozess redundant, d. h. mehrfach vorhanden. Eine weitere Mutation könnte aber den blauen Rezeptor dahingehend spezialisieren nur den grünen zu aktivieren, jedoch nicht das Enzym. Doch diese Mutation ginge die alte Funktion (Aktivierung des Enzyms) nicht verloren, dafür wurde eine neue gewonnen, indem ein Rezeptor erstmal einen anderen aktivieren muss. Solche Reaktionswege sind in der Informationsverarbeitung der Zelle

keine Seltenheit und ermöglichen es, spezieller auf dieses bestimmte Signal zu reagieren. Es entsteht ein drei-Komponenten-Signalweg: Nur der blaue Rezeptor empfängt das Signal, aktiviert den grünen und dieser aktiviert wiederum das Enzym.

Eine weitere Genduplikation entsteht. Das grüne Rezeptorgen verdoppelt sich. Beide werden vom blauen Rezeptor (der Signalempfänger ist) aktiviert und die beiden grünen Rezeptoren aktivieren das Enzym.

Nun mutiert das zweite Gen für den grünen Rezeptor (gelb). Der blaue Schalter empfängt das Signal, aktiviert den grünen und den gelben Rezeptor, der grüne Rezeptor aktiviert zusätzlich den gelben. Grüner und gelber Rezeptor aktivieren beide das Enzym. Wir haben wieder ein redundantes System, weil der gelbe Rezeptor von blau und grün aktiviert wird und das Enzym ebenfalls von zwei Rezeptoren aktiviert wird.

Weitere Mutationen sorgen dafür, dass der blaue Rezeptor nur den grünen aktiviert, der wiederum den gelben aktiviert. Dieser gelbe Rezeptor aktiviert dann nur als einziger das Enzym.

Eine dritte Genduplikation findet statt. Das Gen für den blauen Rezeptor verdoppelt sich. Wir haben also zwei Rezeptoren, die Signale empfangen und den grünen Rezeptor aktivieren.

Einer der blauen Rezeptoren mutiert (violett) und empfängt ein zweites, anderes Signal, als der blaue. Damit aktiviert er den grünen Rezeptor.

Wir haben mit einem einfachen zwei Komponenten-System angefangen. Durch Genduplikationen und Mutationen endeten wir bei einem 5-Komponenten-System.

Und dieses 5-Komponenten-System ist nicht reduzierbar komplex. Entferne ich eines der Rezeptoren, kann die Reaktion nicht stattfinden, das System kollabiert. Aber dieses System entstand durch Evolution, bei der bei jedem Schritt ein neues Protein (Rezeptor) hinzugefügt wurde.

Nur weil ein System komplex ist und durch Entfernen seiner Teile es kollabiert, heißt es nicht, dass es nicht durch Evolution entstanden ist.

Genau das haben wir hier konkret vorliegen. Der entscheidende Punkt ist, dass diese Rezeptortypen und Signalübertragungswege prinzipiell in allen Tieren, ja teilweise sogar bei allen Eukaryoten vorkommen. Der Unterschied liegt in der Anzahl verschiedener Typen derselben Rezeptorgruppe. G-Protein-gekoppelte Rezeptoren sind außerordentlich vielfältig, beim Menschen sind über 800 identifiziert. Sie entstanden über Genduplikationen und anschließender Differenzierung. G-Proteine aktivieren verschiedene Proteinkinasen, so z. B. Enzyme der Klasse Phospholipase C, die bei allen Eukaryoten vorkommt, Wirbeltiere haben jedoch mehr Versionen dieser Enzymklasse als andere Eukaryoten. Phospholipase C ist an der Synthese bzw. Aktivierung der second messenger IP3 und DAG beteiligt. Andere G-Proteine aktivieren Adenylatcyclasen, die einen anderen second messenger aktivieren, nämlich

das zyklische AMP. Zyklisches AMP aktiviert Enzyme der Klasse Proteinkinase A. Sowohl Adenylatcyclasen als auch Proteinkinase A finden sich in allen Metazoen, aber auch in vielen einzelligen Eukaryoten und teilweise auch in Bakterien. Aber auch hier ist dasselbe Muster erkennbar: Mehrzeller haben mehr Versionen dieser Proteinklassen als Einzeller und je mehr Zelltypen vorhanden sind, desto mehr Versionen liegen vor.

Sekundäre Botenstoffe sind zudem häufig an der Vernetzung von Signalwegen, dem Crosstalk, beteiligt. Das bedeutet, dass diese sekundären Botenstoffe für verschiedene Reaktionswege, wenn sie einmal etabliert sind, beteiligt sein können. Zyklisches AMP ist z. B. an einer Vielzahl von unterschiedlichster intrazellulärer Signalwege beteiligt und kann daher für verschiedene Bereiche eingesetzt werden.

WNT- und Notch-Signalweg

Einige dieser Signaltransduktionswege sind vor allem in der Embryonalentwicklung entscheidend, so der notch-Signalweg und der Wnt-Signalweg, weil sie eine Reihe wichtiger Gene aktivieren. Der Wnt-Signalweg, benannt nach seinem Liganden „wnt“ ist an der Bildung der Körperachse, der Zelldifferenzierung, der Zellproliferation und der Zellmigration beteiligt. Diese Prozesse sind für die korrekte Bildung wichtiger Gewebe wie Knochen, Herz und Muskeln erforderlich. Seine Rolle bei der embryonalen Entwicklung wurde entdeckt, als genetische Mutationen in Wnt-Signalwegproteinen zu abnormalen Fruchtfliegen- Embryonen führten. Der notch-Signalweg ist nach seinem Rezeptor notch benannt, von dem bei Säugetieren vier verschiedene Typen existieren und u. a. an der Entwicklung der Nervenzellen beteiligt.

Die Details der beiden Signalwege brauchen uns nicht zu interessieren. Sie kommen aber in allen Tieren vor, sind konserviert. Wichtig ist auch hier: je weiter wir mit der Evolution der Tiere voranschreiten, desto komplexer werden diese Signalwege durch das Hinzufügen weiterer Zwischenschritte in der Signalkaskade. So ist der Wnt-Signalweg bei Schwämmen und Cnidaria einfacher als bei Bilateria und zwischen den Gruppen existiert eine verschiedene Anzahl an Wnt-Proteinen, die teilweise durch Duplikationen entstanden sind (wobei bei manchen Gruppen aber einige Wnt-Proteine deaktiviert sind). Darüber hinaus wurden einige Proteine des Wnt-Signalwegs auch bei Nicht-Metazoa beschrieben, was darauf hindeutet, dass die Rekrutierung und funktionelle Anpassung dieser Faktoren bei den Metazoa stattgefunden hat.

Ein ähnliches Muster findet sich auch beim Notch-Signalweg. Dieses ist für die Metazoa typisch, doch einige Proteine dieses Signalwegs bzw. ihrer Domänen schon bei anderen Eukaryoten vorhanden war und durch Exon-Shuffling und/oder horizontalen Gentransfer – Prozesse, über die wir ebenfalls in der Episode über die Eukaryoten schon etwas gehört haben – zu dem Notch-Signalweg der Metazoa führten.

Laut genetischen Studien entstanden die Opisthokonta vor etwa 1,8 Milliarden Jahren und spalteten sich vor 1,1 Milliarden Jahren in ihre zwei Hauptäste, die Holomycota und Holozoa. Die Metazoa entstanden vor etwa 760-800 Mio. Jahren. Erste fossile Nachweise vielzelliger Organismen, genauer von Algen, gehen auf 1,6 Milliarden Jahre alte Funde aus Indien zurück. Erste Fossilien von Tieren gehen auf das Ediacarium zurück, einer Periode des Proterozoikums vor 635 bis 538,4 Mio. Jahren. Bei den meisten dieser Fossilien handelt es sich um Abdrücke von Weichkörperorganismen ohne Skelett, d. h. es gibt keine harten Teile, die den Großteil des späteren Fossilnachweises ausmachen. Insgesamt sind 30 – 40 Gattungen beschrieben, die 50 – 70 Arten zugeordnet werden. Jedoch können die meisten keinen heutigen Gruppen zugeordnet werden, sondern waren vielmehr frühe Experimente der Vielzelligkeit der Tiere waren. Andere Gattungen der Ediacara-Fauna scheinen jedoch eine direkte Verwandtschaft zu modernen Organismen zu belegen, doch hierfür müssen wir den Stammbaum des Lebens weitergehen.

Wie geht die Evolutionsgeschichte der Tiere weiter? Eine wichtige Frage der Baupläne der Tiere ist ihre Körperorganisation und Symmetrie – und tatsächlich wo unsere Körperöffnungen entstehen. Das betrachten wir in der nächsten Episode.

Also: Abo nicht vergessen, Video liken, und bleib dabei – wenn wir der Evolution dabei zusehen, wie sie Körper plant... manchmal mit sehr kreativen Blaupausen.

Bis bald im nächsten Kapitel!