

ZUSAMMENFASSUNG KAPITEL 26:

Der phylogenetische Stammbaum der Lebewesen

Ziele Kapitel 26:

- Phylogenien stellen **stammesgeschichtliche Verwandtschaftsbeziehungen** dar
- **Morphologische und molekulare Homologien**
- Was sind **gemeinsame Merkmale**?
- **Genom = Beleg für die evolutive Vergangenheit**
- Verwendung von **molekularen Uhren**
- **Neue Befunde verändern unsere Kenntnisse** über den Stammbaum der Organismen

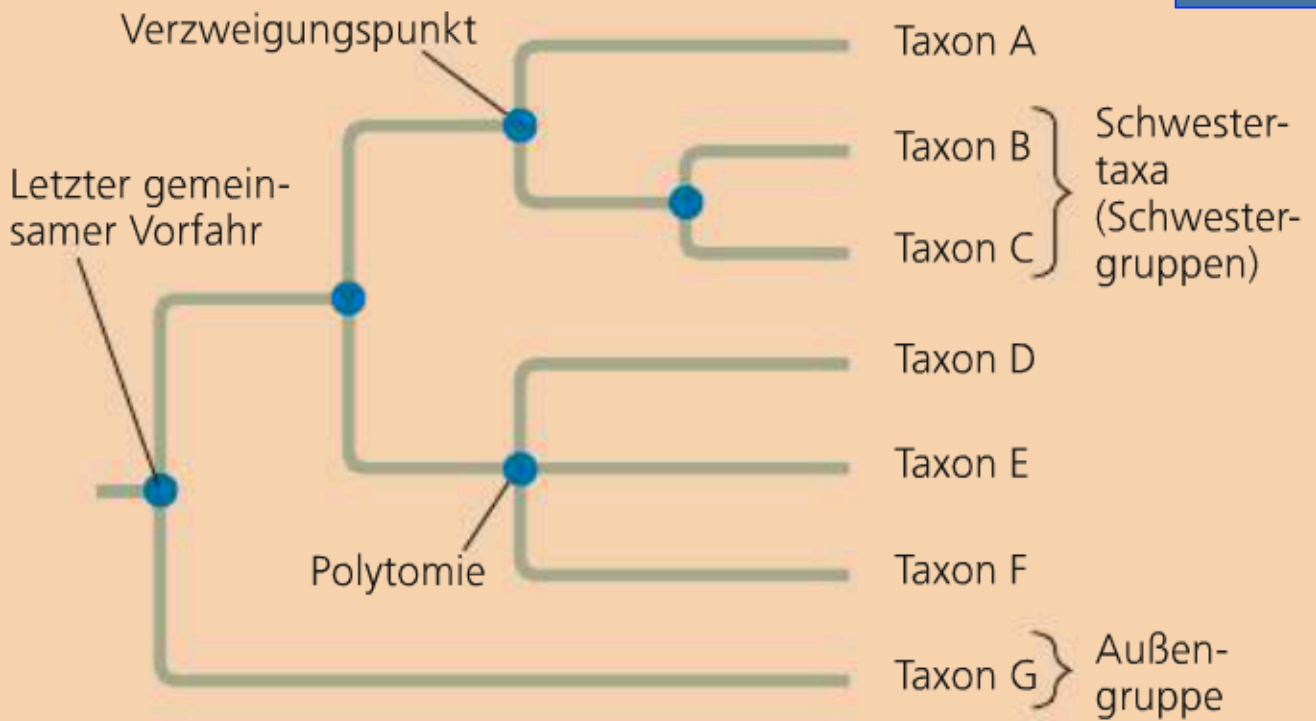
► Z U S A M M E N F A S S U N G ◀

Konzept 26.1

Phylogenetische Stammbäume zeigen stammesgeschichtliche Verwandtschaftsbeziehungen

- **Binominale (binäre) Nomenklatur:** In Linnés System erhält jede Organismenart einen zweiteiligen Namen aus Gattungs- und Artbezeichnung.
- **Hierarchische Klassifikation:** Linné führte ein formales System für die Einteilung der Arten in immer umfassendere Kategorien ein: Ähnliche Gattungen gehören zur gleichen Familie, Familien zu Ordnungen, Ordnungen zu Klassen, Klassen zu Stämmen, Stämme zu Reichen und (in jüngerer Zeit) Reiche zu Domänen.
- **Der Zusammenhang zwischen Klassifikation und Stammesgeschichte:** In der biologischen Systematik stellt man Verwandtschaftsbeziehungen als einen dichotom verzweigten phylogenetischen Stammbaum dar. Heute schlagen Systematiker vor, eine Klassifikation ausschließlich auf die evolutionsbedingten Verwandtschaftsbeziehungen zu stützen.

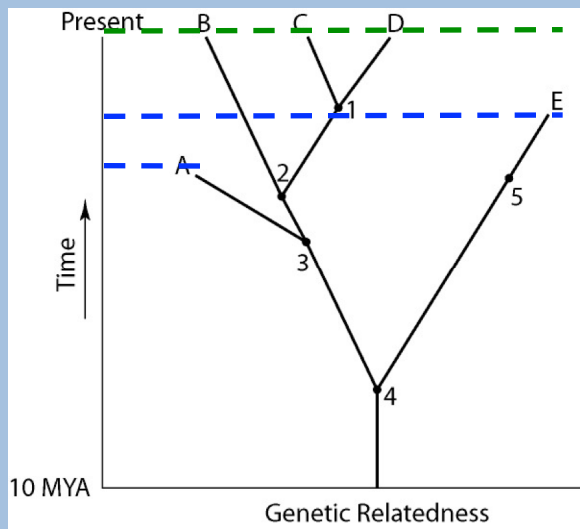
- Domäne (domain)
- Reich (kingdom)
- Stamm (phylum)
- Klasse (class)
- Ordnung (order)
- Familie (family)
- Gattung (genus)
- Art (species)



- **Was sagen phylogenetische Stammbäume aus?** Wenn die Länge der Äste nicht proportional zu der Zeit oder zum genetischen Wandel ist, gibt ein phylogenetischer Stammbaum nur das Muster der Abstammung an.
- **Der Nutzen der Phylogenie:** Die Evolutionsgeschichte sagt viel über eine Art aus. Deshalb sind phylogenetische Analysen für viele Anwendungsgebiete nützlich.

Phylogenie (oder **Phylogenese**): Stammesgeschichtliche Entwicklung einer Art oder Gruppe von Arten. Ursprung und evolutive Entwicklung einschliesslich Diversifizierung eines Taxons.

phylogenetischer Stammbaum: Sich verzweigende stammesgeschichtliche Verwandtschaftsbeziehungen zwischen unterschiedlichen Organismengruppen (Arten, Familien, Ordnungen und höhere Kategorien).



heute lebend = rezent (*extant*)

ausgestorben (*extinct*)

Konzept 26.2

Die Ableitung der Stammesgeschichte aus morphologischen und molekularbiologischen Befunden

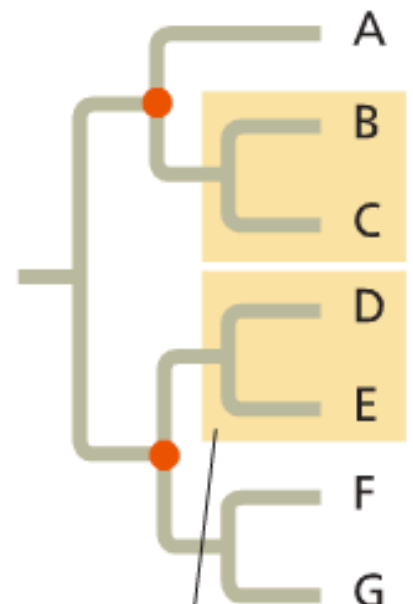
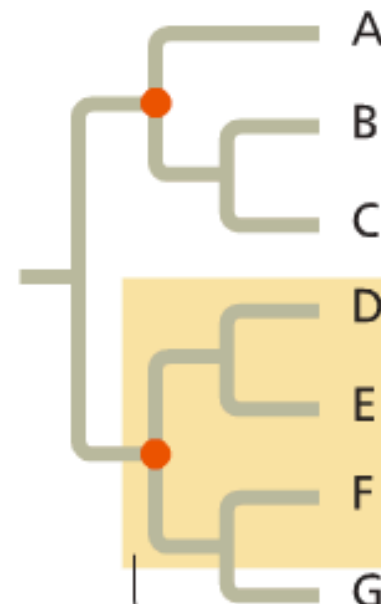
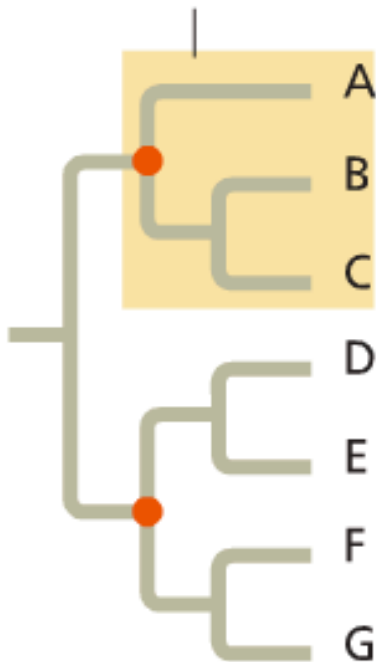
- **Morphologische und molekulare Homologien:** Organismen mit sehr ähnlichen morphologischen Merkmalen oder ähnlichen Nucleotidsequenzen sind in der Regel enger miteinander verwandt als solche mit großen Unterschieden in Körperbau und genetischen Sequenzen.
- **Homologie und Konvergenz:** Man muss zwischen Homologie (Ähnlichkeit aufgrund gemeinsamer Abstammung) und Konvergenz (Ähnlichkeit aufgrund unabhängiger Evolution) unterscheiden.
- **Bewertung molekularer Homologien:** Mit Computerprogrammen bringt man zu vergleichende Nucleotidsequenzen so zur Übereinstimmung, dass man Homologien von zufälligen Ähnlichkeiten in Taxa unterscheiden kann, die sich schon vor langer Zeit getrennt haben.

Konzept 26.3

Konstruktion phylogenetischer Stammbäume anhand gemeinsamer Merkmale

- **Kladistik:** Eine Klade ist eine monophyletische Gruppe (Taxon, Monophylum), die eine Stammart und alle ihre Nachkommen, und nur diese, umfasst. Kladen sind an ihren abgeleiteten Merkmalen (evolutione Neuheiten, Autapomorphien), Schwestergruppen an ihren gemeinsamen abgeleiteten Merkmalen (Synapomorphien) zu erkennen.

monophyletische Gruppe



Kladistik: hat als Ziel ein System der Organismen, das ausschliesslich Monophyla (**Kladen**) enthält und damit direkt die Stammesgeschichte abbildet.

- **Phylogenetische Stammbäume mit proportionaler Länge der Äste:** Man kann die Äste so darstellen, dass ihre Länge dem Umfang des stammesgeschichtlichen Wandels oder der Zeit proportional ist.
- **Maximale Parsimonie und maximale Wahrscheinlichkeit:** Unter den phylogenetischen Stammbäumen ist derjenige am einfachsten und wahrscheinlichsten, der die wenigsten stammesgeschichtlichen Veränderungen voraussetzt. Am plausibelsten ist der Baum, der auf dem wahrscheinlichsten Muster der Veränderungen aufbaut.
- **Phylogenetische Stammbäume als Hypothesen:** Gut belegte phylogenetische Hypothesen werden von einer Vielzahl anderer Daten unterstützt.

Konzept 26.4

Das Genom als Beleg für die evolutive Vergangenheit eines Lebewesens

- **Genduplikationen und Genfamilien:** Homologe Gene, die man aufgrund der gemeinsamen Abstammung durch Artaufspaltung bei verschiedenen Arten findet, nennt man ortholog. Paraloge Gene entstehen durch Duplikation innerhalb eines Genoms und können sich innerhalb einer Klade auseinanderentwickeln, wobei sie häufig neue Funktionen übernehmen.
- **Evolution von Genomen:** Entfernt verwandte Arten besitzen häufig orthologe Gene. Die geringen Unterschiede in der Anzahl der Gene von Organismen sehr unterschiedlicher Komplexität lassen darauf schließen, dass Gene vielseitig sind und häufig mehrere Funktionen erfüllen.

Konzept 26.5

Mit molekularen Uhren kann man den zeitlichen Ablauf der Evolution verfolgen

- **Molekulare Uhren:** Die Basensequenzen mancher DNA-Abschnitte verändern sich mit einheitlicher Geschwindigkeit, so dass man mit ihrer Hilfe frühere Evolutionsepisoden datieren kann. Andere Gene verändern sich auf weniger vorhersagbare Weise.
- **Der Ursprung von HIV wurde mithilfe der molekularen Uhr aufgeklärt:** Eine Analyse mithilfe einer molekularen Uhr lässt darauf schließen, dass der am weitesten verbreitete Stamm von HIV etwa um 1910 herum von Primaten auf Menschen übertragen wurde.

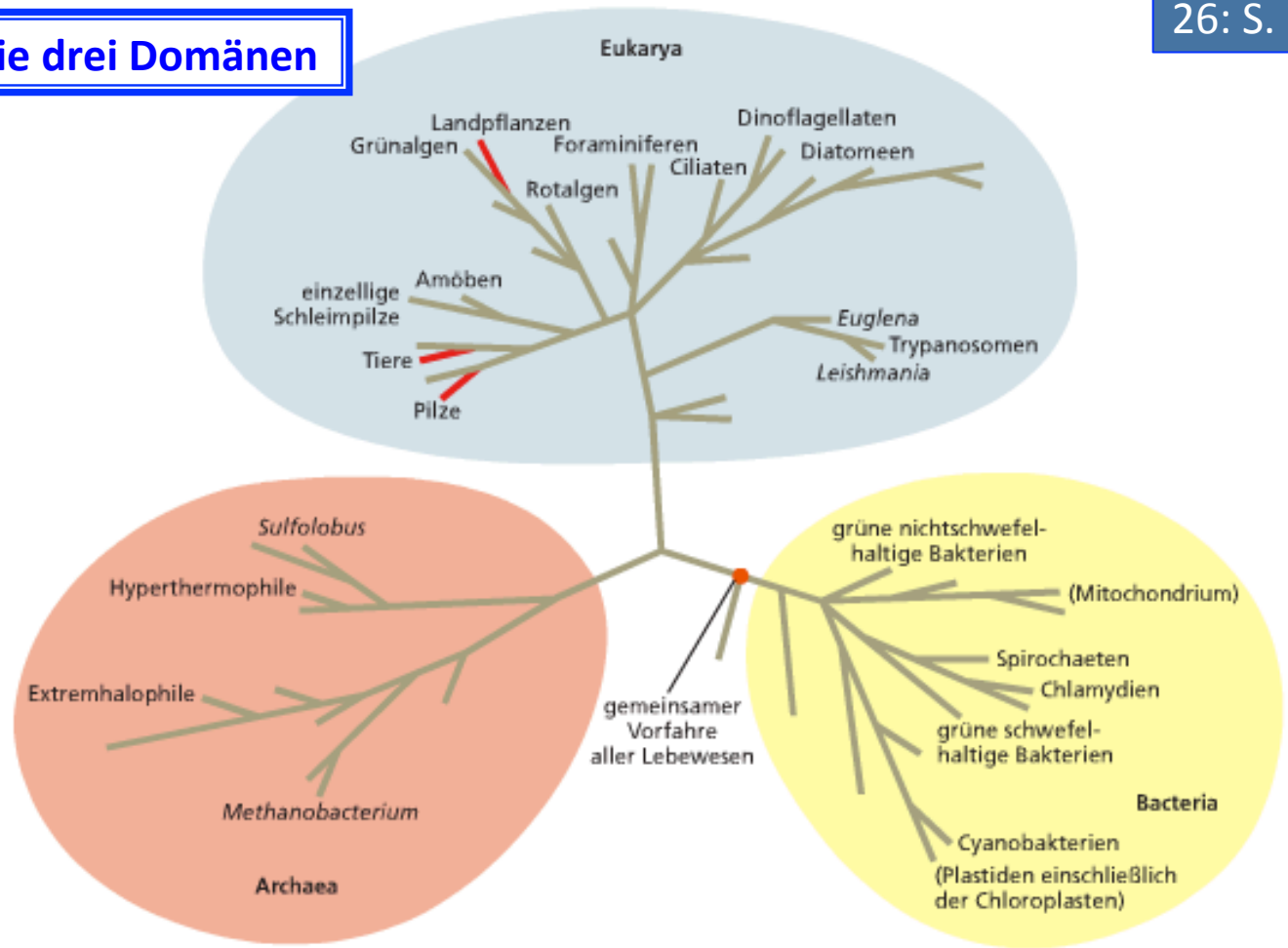
Molekulare Uhr: Theoretische, auf zahlreichen Adhoc-Annahmen beruhende Methode zur Abschätzung des Zeitraumes, der notwendig war, um einen gegebenen, beobachtbaren Unterschied zwischen zwei Taxa hervorzubringen. Dem Konzept liegt die Erkenntnis zugrunde, dass sich manche Bereiche von Genen mit einer konstanten Rate verändern.

Konzept 26.6

Neue Befunde und die Weiterentwicklung unserer Kenntnisse über den Stammbaum der Organismen

- **Von zwei Organismenreichen zu drei Domänen:** Frühere Klassifikationssysteme wurden durch die heutige Sichtweise verdrängt, wonach der Stammbaum der Organismen drei große Gruppen (Domänen) umfasst: Bacteria, Archaea und Eukarya.

Die drei Domänen



Domäne: Eine taxonomische Kategorie über der Ebene der Organismenreiche. Die drei heute bestehenden Domänen sind die Eukaryonten (Eukarya), die Bakterien (Bacteria) und die Archeen (Archaea).

- **Ein einfacher Stammbaum für alle Organismen:** Auf rRNA-Gene gestützte phylogenetische Stammbäume legen die Vermutung nahe, dass die Eukarya mit den Archaea am engsten verwandt sind, die Analysen anderer Gene lassen jedoch auf eine engere Verwandtschaft der Eukarya mit den Bacteria schließen.
- **Der Baum des Lebens: ein Netz?** Genetischen Analysen zufolge hat ein intensiver horizontaler Gentransfer während der gesamten Evolutionsgeschichte stattgefunden.