

Schöne Biologie

Bäumchen, wechsel Dich!



■ Seit man molekulare Stammbäume zeichnen kann, hat sich viel Neues ergeben hinsichtlich Verwandtschaft und Abstammung von Art, Gattung und Co. Ein Beispiel: Bis vor kurzem war man sich einig, dass die Flusspferde zu den Paarhufern (Artiodactyla) gehören. Zusammen mit Echten Schweinen und den Nabelschweinen bildeten sie die vermeintliche Unterordnung der Schweineartigen oder Nichtwiederkäuer (Suina oder Nonruminantia).

Heute sieht die Sache völlig anders aus. Denn inzwischen ist man sich ziemlich sicher, dass die Paarhufer zwar einst einer gemeinsamen Stammform entsprungen, jedoch gingen aus dieser wohl noch andere Taxa hervor. Der Kladistiker nennt das *paraphyletisch*. Und was heißt das für die Flusspferde? Die haben plötzlich völlig neue Verwandte. Denn nach den neuen molekularen Daten sind einige Paarhufer wohl näher mit den Walen verwandt als mit den übrigen Vertretern der eigenen Gruppe – allen voran eben die Flusspferde. Gleich eine ganze Reihe von Sequenzähnlichkeiten lassen daran kaum noch zweifeln: Casein-Gene, SINEs, Fibrinogen- und Cytochrom-Gene, rRNAs, Gene für Adrenorezeptoren und Apolipoproteine und andere mehr.

Schön, wenn die Vergleiche so vieler verschiedener Sequenzen immer wieder denselben Baum ergeben. Denn das ist eher selten der Fall. Auch hier ein Beispiel: 1997 schlugen Anna Marie Aguinaldo *et al.* vor, dass die Vorläufer der Gliederfüßer (Arthropoda) – die Panarthropoda, zu denen auch Bärtierchen und Stummelfüßer gehören – *nicht* mit den Ringelwürmern zu den sogenannten Articulata zusammengefasst gehören. Aus ihren umfangreichen 18S-rRNA-Sequenzvergleichen schlossen die Autoren vielmehr, dass im Gegensatz zu diesem Articulata-Konzept die Panarthropoda zusammen mit den Cycloneuralia (zu denen auch die Nematoden gehören) einen ganz anderen Überstamm bilden – nämlich die Häutungstiere oder Ecdysozoa.

Klar, dass jede Menge Forscher diesen Zwist mit neuen Sequenzanalysen beizu-

legen versuchten. Jedoch, mit teilweise skurrilen Ergebnissen. 2005 erschienen etwa in ein und derselben Ausgabe von *Mol. Biol. Evol.* zwei Artikel zum Thema – der eine *stützte* mit neuen molekularen Daten das Ecdysozoa-Konzept (Bd. 22, S. 1246), die Sequenzvergleiche des anderen *widerlegten* es (Bd. 22, S. 1175). Einer der beiden Artikel muss also zum falschen Schluss gekommen sein. Bis heute lässt sich nicht sagen welcher.

Wie kann es passieren, dass die Vergleiche verschiedener Sequenzen zuweilen verschiedene Bäume ergeben? Grob gesagt dadurch, dass sich manche Proteine bzw. Gene ganz schlecht zur Konstruktion phylogenetischer Bäume eignen. Auch hier ein Beispiel. Nach den Sequenzen der Gene für Cytochrom B könnte man meinen, dass Katzen und Wale zu den Primaten gehören. Fakt ist jedoch, dass sich in einigen Säugergruppen die Cytochrom B-Gene aus Gründen spezifischer Anpassungen deutlich schneller entwickelten als in anderen (*J. Mol. Evol.* 47, S. 249). Und solche evolutionären Tempounterschiede verzerren Abstammungsbäume natürlich sehr schnell.

Genauso wie adaptive Prozesse, die zu konvergenter Evolution führen. Dazu gibt es gerade ein brandneues, wunderschönes Beispiel von Delphinen und Fledermäusen (*Current Biol.* 20, S. 53 und S. 55). Beide entwickelten bekanntlich unabhängig voneinander, also *konvergent*, dasselbe Orientierungsverhalten per Echo-Ortung. Dazu mussten deren Ahnen im Laufe der Evolution ein Protein namens Prestin, welches sie in den Haarsinneszellen des Innenohrs exprimieren, durch bestimmte Mutationen zur Wahrnehmung extra hoher Töne optimieren. Und dies taten sie auf derart gleiche Weise, dass rein nach Prestin-Sequenzen – „Bäumchen, wechsel Dich!“ – Delphine und Fledermäuse die nächsten Verwandten überhaupt sein müssten.

Doch zum Glück sind da ja noch jede Menge andere Proteine, die sich ohne solchen Anpassungsdruck entwickeln konnten...

RALF NEUMANN