

Verwandtschaftsbestimmung mit molekularen Daten

DITTMAR GRAF

Online-Ergänzung

DITTMAR GRAF

Verwandtschaftsbestimmung mit molekularen Daten



Vorbemerkung

Die Bestimmung biologischer Verwandtschaftsverhältnisse aufgrund der Ähnlichkeit von Makromolekülen, wie Proteinen oder DNA, gewinnt durch die kontinuierliche Verbesserung der Analysemöglichkeiten immer mehr an Bedeutung. Auf der Website <http://www.timetree.org/>¹ sind zahlreiche Ergebnisse dieser Forschungen zusammengetragen. Zentraler interaktiver Bereich der Website ist eine Abfragemöglichkeit, mit der man jeweils für zwei Taxa den Zeitpunkt ausgeben lassen kann, zu dem nach molekularen Daten der letzte gemeinsame Vorfahre gelebt haben dürfte (S. Abb. 1).

Zur Bearbeitung der Aufgaben sind Basiskenntnisse in der Konstruktion phylogenetischer Stammbäume notwendig.

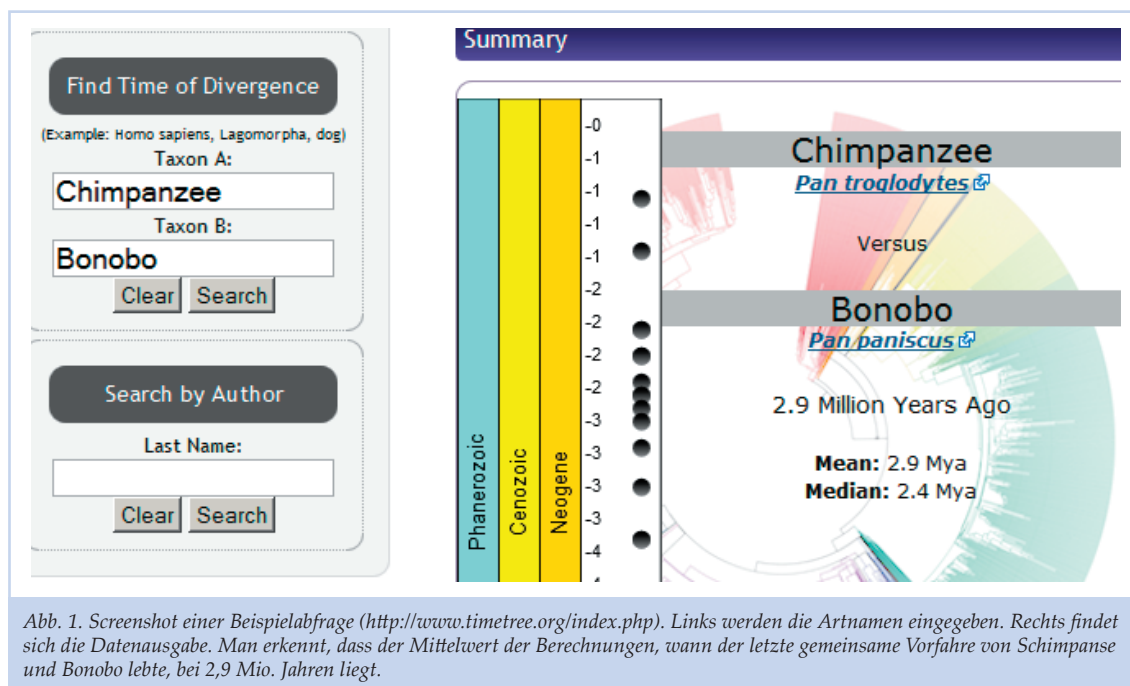


Abb. 1. Screenshot einer Beispielabfrage (<http://www.timetree.org/index.php>). Links werden die Artnamen eingegeben. Rechts findet sich die Datenausgabe. Man erkennt, dass der Mittelwert der Berechnungen, wann der letzte gemeinsame Vorfahre von Schimpanse und Bonobo lebte, bei 2,9 Mio. Jahren liegt.

Aufgaben

Entwickeln Sie einen phylogenetischen Stammbaum, der die Verwandtschaftsverhältnisse und Abstammungslinien folgender Taxa korrekt darstellt:

Lanzettfischchen, Mensch, Weißer Hai, Tyrannosaurus, Nilkrokodil, Blaumeise, Flussneunauge, Laubfrosch, Afrikanischer Elefant, Bachforelle, Honigbiene.

1. Ermitteln Sie für jede Tiergruppe zunächst jeweils die englische und die wissenschaftliche Bezeichnung. Nur diese beiden können von der Datenbank verarbeitet werden.
2. Ermitteln Sie in der Datenbank von Timetree alle notwendigen Daten, um einen eindeutigen Stammbaum erstellen zu können.
3. Entwickeln Sie einen phylogenetischen Stammbaum auf der Grundlage der ermittelten Daten. Sie können dazu folgendes Arbeitsblatt nutzen, das eine geologische Zeitskala enthält: www.mnu.de. Die dort verwendeten Farben entsprechen dem Standard der Commission for the Geological Map of the World². Achten Sie darauf, dass die Verzweigungszeitpunkte – an denen sich zwei Taxa trennen – zeitlich korrekt eingetragen werden.
4. Deuten Sie die Besonderheiten, die sich aus der Recherche zum *Tyrannosaurus* ergeben.

¹ Für das Betriebssystem IOS gibt es eine gut gemachte kostenlose App in zwei Versionen (iPhone und iPad) mit gleicher Funktionalität. Für das iPad: <https://itunes.apple.com/us/app/timetree-hd/id468820058?mt=8> (5.3.2014)

² http://ccgm.free.fr/icones/Charte%20strat08_verso.jpg (6.3.2014)

Genauer Verweis !!!

Lösungsvorschläge

1.

Deutsch	Englisch	Wissenschaftlicher Name
Lanzettfischchen	Branchiostoma	<i>Branchiostoma</i>
Mensch	Man	<i>Homo sapiens</i>
Weißer Hai	White Shark	<i>Carcharodon carcharias</i>
Tyrannosaurus	Tyrannosaurus	<i>Tyrannosaurus</i>
Nilkrokodil	Nile Crocodile	<i>Crocodylus niloticus</i>
Blaumeise	Blue Tit	<i>Cyanistes caeruleus</i>
Flussneunauge	River Lamprey	<i>Lampetra fluviatilis</i>
Laubfrosch	European Tree Frog	<i>Hyla arborea</i>
Afrikanischer Elefant	African Bush Elephant	<i>Loxodonta africana</i>
Bachforelle	Brown Trout	<i>Salmo trutta</i>
Honigbiene	Honey Bee	<i>Apis mellifera</i>

Tab. 1. Englische und wissenschaftliche Namen der zu untersuchenden Taxa

² http://ccgm.free.fr/icones/Charte%20strat08_verso.jpg (6.3.2014)

2.

	Mensch	Weißer Hai	Tyrannosaurus	Nilkrokodil	Blaumeise	Flussneunauge	Laubfrosch	Afrikanischer Elefant	Bachforelle	Honigbiene
Lanzettfischchen	713	713	713	713	713	713	713	713	713	783
Mensch		462	296	296	296	536	371	99	400	783
Weißer Hai			462	462	462	536	462	462	462	783
Tyrannosaurus				237	keine Daten	536	371	296	400	783
Nilkrokodil					237	536	371	296	400	783
Blaumeise						536	371	296	400	783
Flussneunauge							536	536	536	783
Laubfrosch								371	400	783
Afrikanischer Elefant									400	783
Bachforelle										783

Tab. 2. Zeitpunkt, zu dem der letzte gemeinsame Vorfahre lebte. Alle Angaben in Mio. Jahren

3.

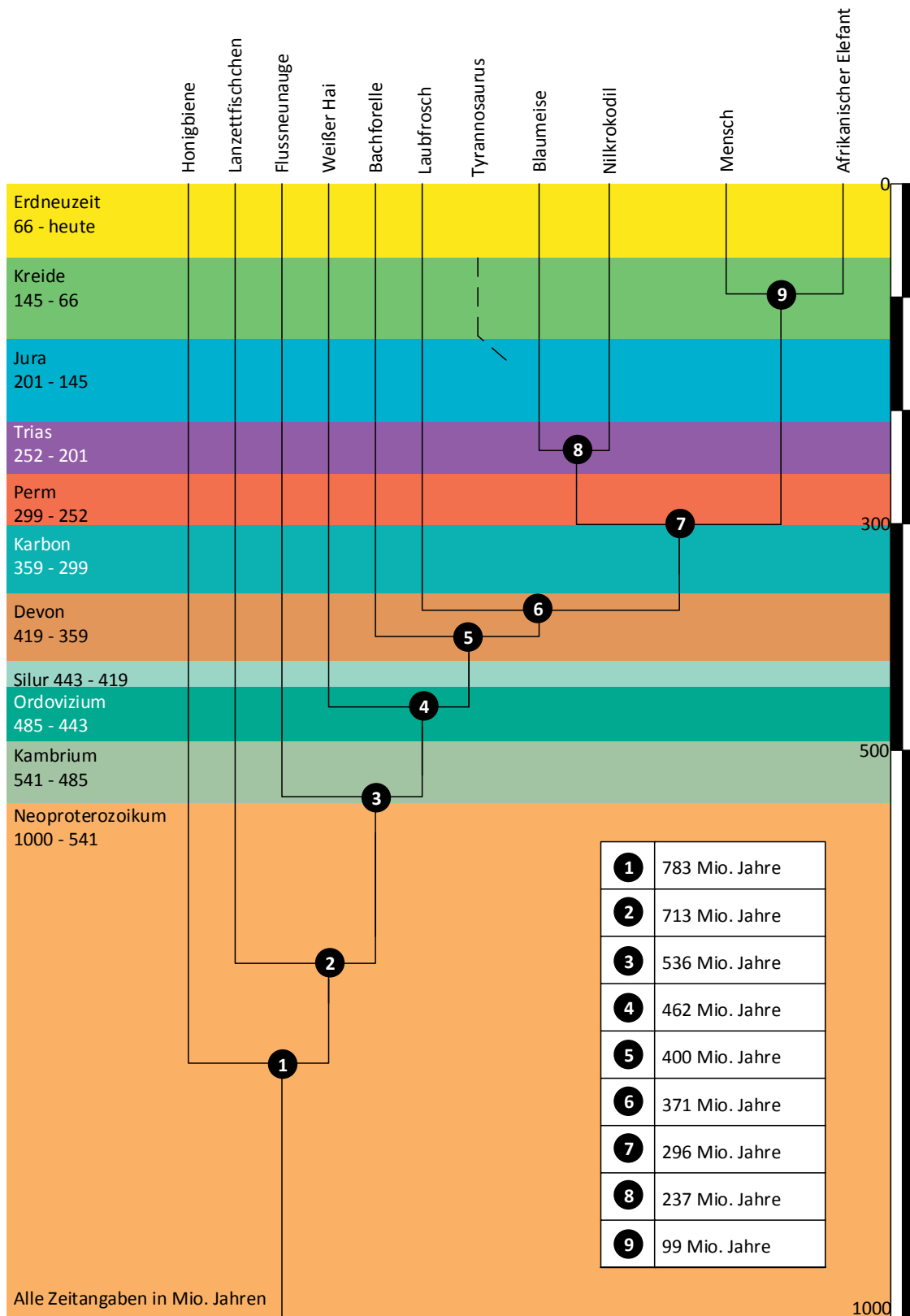


Abb. 1. Rekonstruierter phylogenetischer Stammbaum auf der Grundlage der Daten aus Tab. 2

4. Die Gattung *Tyrannosaurus* ist vor ca. 66 Mio. Jahren ausgestorben. Für Organismen, die vor so langer Zeit gelebt haben, liegen so gut wie keine Makromoleküle vor, die zur Verwandtschaftsanalyse herangezogen werden könnten. Zwar konnten in den letzten Jahren Spuren einiger Dinosaurierproteine isoliert werden, diese sind aber (bis heute) nicht ausreichend, um profunde Verwandtschaftsanalysen durchführen zu können. In der Datenbank von Timetree gibt es keine Daten zu Dinosauriern. Die in der Recherche gefundenen molekularen Daten wurden nicht an Dinosauriern ermittelt, sondern an rezenten Verwandten, also Vögeln, Krokodilen etc. Es kann bis heute nur spekuliert werden, wann sich die Vogelverwandtschaftslinie von der Vorfahrenlinie, die zu *Tyrannosaurus* führte, getrennt hat (deshalb die gestrichelte Darstellung in Abb. 1). Bei der Ermittlung der Verwandtschaftsbeziehungen zu und zwischen Dinosauriern ist man bis heute weitgehend auf Skelettrekonstruktionen aufgrund der Fossilienfunde angewiesen. Gleiches gilt für andere ausgestorbene Gruppen.

Weitere Rekonstruktionen, die neben zahlreichen anderen mit der Datenbank von Timetree möglich sind:

1. Verwandtschaft der Säugetiere (Kloakentiere, Beuteltiere, Plazentatiere)
2. Verwandtschaftskreis der Reptilien (Echsen, Schlangen, Schildkröten, Krokodile, Vögel)
3. Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den Hominiden
4. Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den Reichen
5. Aber: Der Bereich der Entstehung der Tetrapoden aus fischähnlichen Organismen kann mit Timetree zumindest bislang nicht angemessen rekonstruiert werden, weil die Datenlage aus den Gruppen Lungenfische, Quastenflosser und Knochenfische kein einheitliches Bild ergibt.

□