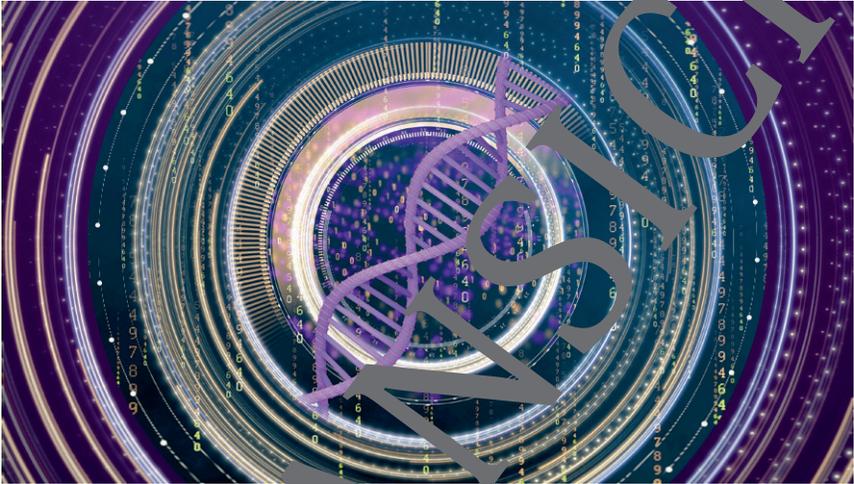


I.2.37

Evolution – Transspezifische Evolution

Ableitung von Stammbäumen – Arbeiten mit Datenbanken

Dr. Horst Lohrer



© RAABE 2024

© burcu demir/istock/Getty Images Plus

Die Lernenden erfahren in dieser Unterrichtseinheit Schritt für Schritt, wie sich Stammbäume anhand verschiedener Modelle erstellen lassen – von einfachen anatomischen Merkmalen bis hin zu komplexen molekularen Daten. Besonders motivierend ist der Einsatz frei zugänglicher Datenbanken, wodurch die Lernenden mit echten wissenschaftlichen Tools arbeiten und Daten eigenständig auswerten können. Praktische Übungen und Anleitungen unterstützen die Lernenden dabei, die Übungen selbstständig durchzuführen, sodass die Welt der Evolutionsbiologie auf anschauliche Weise greifbar wird.

KOMPETENZPROFIL

Klassenstufe:	11/12/13
Dauer:	10–12 Unterrichtsstunden
Kompetenzen:	1. Deutungskompetenz; 2. Erkenntnisgewinnungskompetenz; 3. Fachkompetenz; 4. Interpretationskompetenz; 5. Methodenkompetenz
Methoden:	Analyse, Auswertung, Computer- und Softwareeinsatz, Datenauswertung
Inhalt:	Stammbaum, Evolution, Bioinformatik, Datenbanken, Evolutionsbiologie, Population, Phylogramm, Kladogramm, Phylogramm

Didaktisch-methodische Hinweise

Der vorliegende Beitrag bietet eine Einführung in die Ableitung von Stammbäumen. Drei Modelle für das Erstellen von Stammbäumen werden in dieser Einheit vorgestellt, die von einfachen anatomischen Modellen zu eher anspruchsvollen molekularen Phylogenien führen. Dabei wird, wenn immer möglich, besondere Bedeutung auf die Erhebung von Daten und deren Verarbeitung auf frei zugängliche Datenbanken gelegt.

Evolution basiert auf kleinen, zufälligen Veränderungen des Genotyps zwischen Eltern und Nachkommen. Diese Veränderungen werden der natürlichen Selektion unterworfen und breiten sich in einer Population einer Art aus oder verschwinden aus dem Genbestand. Divergieren Populationen über lange Zeit auseinander, dann können neue Arten entstehen. Folglich hat jede Art mit einer anderen Art einen gemeinsamen Vorfahren. Unterscheiden sich die beiden Arten nur geringfügig, dann existierte der letzte gemeinsame Vorfahre nahe in der Vergangenheit. Unterscheiden sich die Arten in vielen Merkmalen, dann existierte ihr letzter gemeinsamer Vorfahre weit in der Vergangenheit. Es sind also Populationen und nicht Individuen, die evolvieren.

Die Stammesgeschichte einer Art beschreibt die Verzweigungen der Kette der verschiedenen Arten in die Vergangenheit. Die bildliche Darstellung ist ein Stammbaum, der sich vom Stamm von einer Vorgänger-Art gebildet wird, die in Unter-Arten gespalten wurde und durch natürliche Wiederholung des Prozesses die Aufzweigung der Äste ergibt. Verschiedene Modelle für die Ableitung von Stammbäumen haben versucht, diesen Prozess nachzubauen. Dabei ist jedes Modell durch eigene Definitionen und Bedingungen charakterisiert. Formales gesehen ist die Position im Stammbaum durch eine Matrix von Informationen (Merkmalen) über diese Art definiert. Der Stammbaum repräsentiert die Veränderungen und den Fluss dieser Informationen. Ziel dieser Einführung ist es, die charakteristischen Bausteine einzelner Modelle herauszuarbeiten, damit eine Abgrenzung zwischen ihnen erleichtert wird.

Auf einen Blick

Projekt: Arbeit mit Datenbanken

- M 1 Evolution
 M 2 Taxonomie
 M 3 Phenogramm und Numerische Taxonomie
 M 4 Kladogramm
 M 5 Sequenzdaten und Berechnungen der Identität anhand von Hämoglobin-beta
 M 6 Phylogenie
 M 7 Ableitung einer molekularen Phylogenie mit der Datenbank und BLAST

- Benötigt: Internetzugang
 Computer/Laptop

Erklärung zu den Symbolen

	Dieses Symbol markiert differenziertes Material. Wenn nicht anders ausgewiesen, befinden sich die Materialien auf mittlerem Niveau.				
	leichtes Niveau		mittleres Niveau		schwieriges Niveau
	Zusatzaufgabe		Alternative		

Taxonomie

Mit der Aufklärung im 18. Jahrhundert wurden viele gewohnheitsmäßige Wahrheiten hinterfragt und mussten sich dem Urteil der Vernunft stellen. Museen wurden gegründet, um die Schätze der Welt einem Publikum zu präsentieren. Die erste Enzyklopädie wurde 1751 von Denis Diderot und Jean-Baptiste le Rond D'Alambert in Paris herausgegeben, die in 72.000 Artikeln das Wissen der Welt zusammenfasste.

Was gesammelt und ausgestellt wird, muss auch geordnet sein. Eine Ordnung der Vielfalt der Lebewesen dieses Planeten zu finden, schien eine der wichtigsten Aufgaben zu sein. Dieser Aufgabe fühlte sich Carl von Linné (1707–1778) verpflichtet. Linné war schwedischer Naturforscher und Mediziner. 1735 veröffentlichte er das Epochenwerk „*Systema Naturae*“, in welchem er sein hierarchisches System für die Ordnung der Arten der Erde vorstellte. Linné war tiefgläubiger Protestant und wollte mit seiner Arbeit dazu beitragen, die Großartigkeit der göttlichen Schöpfung sichtbar zu machen. Für ihn war die Schöpfung ein reales, einmaliges Ereignis und folglich die Unveränderlichkeit der Arten ein zentrales Dogma. Entscheidend für die internationale Wirkung der „*Systema Naturae*“ war die binomiale (auf zwei lateinischen Namen basierende) Nomenklatur für jede identifizierte Art. Die erste Bezeichnung beschrieb die engere Gruppe (Gattung), zu welcher das Objekt mit anderen sehr ähnlichen Objekten zugerechnet werden konnte. Die zweite Bezeichnung (das Epitheton) identifizierte die Art innerhalb der Gattung auf der Basis von wenigen unterschiedlichen Merkmalen. Lokale Namen von Arten wurden nun durch die international gültigen ersetzt werden und machten damit alle naturkundlichen Sammlungen für alle Forscher weltweit zugänglich. Gab es für eine Art keinen Namen, dann war dies wahrscheinlich eine Neuentdeckung. Widerspruch bekam Linné durch die Einordnung des Menschen als *Homo sapiens* in die Reihe der Primaten, zusammen mit Schimpansen, Gorillas, Orang-Utans.

Linnés hierarchisches System ist in Kategorien geordnet. Je höher die Kategorie, desto größer die Zahl der zugeordneten Arten. Linné sah als höchste Kategorie das Reich: Eine Art gehörte entweder zum Reich der Pflanzen oder zum Reich der Tiere. Ein Reich ließ sich durch Gemeinsamkeiten unter den Arten in verschiedene Stämme unterteilen. Die Stämme wiederum bestanden aus Klassen, die Klassen aus Ordnungen, Ordnungen aus Familien, Familien aus Gattungen und diese aus Arten. Nur die Gattung und die Art sind real existierende Kategorien. Alle Hauptkategorien sind abstrakte Konstruktionen.

Aufgaben

1. Wespen und Bienen besitzen Stacheln, mit deren Hilfe sie Gifte in ihre Angreifer injizieren können. Jedoch besitzen nur die weiblichen Tiere Stacheln. Sind Stacheln von Wespen und Bienen homolog? **Recherchieren** und **notieren** Sie, aus welchen Strukturen sich die Stacheln jeweils entwickelt haben.
2. Gelegentlich gibt es Berichte über die Geburt von einem Kalb mit zwei Köpfen. **Beurteilen** Sie, ob dieses Tier das erste einer neuen Rinder-Art darstellt.
3. Molekulare Homologie: Von Spezies A und Spezies B wurden aus dem codierten Bereich eines Proteins folgende DNA-Sequenzen gefunden:
Sequenz A = TCT TTG CCT CGT und Sequenz B = AGC CTA GGA TGG (Angabe jeweils entsprechend dem Leseraster).

Ordnen Sie die Sequenzen bündig übereinander an (Alignment) und **markieren** Sie identische Positionen.

Beantworten Sie die folgenden Fragen schriftlich:

- a) Sind die Sequenzen homolog?
- b) Mit der Mutation einer Base würde sich eine höhere Identität der Sequenzen einstellen; wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass eine bestimmte Base einer Sequenz gegen eine bestimmte andere Base ausgetauscht wird?
- c) Liefert die Translation der Sequenzen Erkenntnisse, dass es sich um Homologie handeln könnte?

weitergegeben werden, im Gegensatz zum späteren und mehrmaligen Erscheinen der gleichen Veränderung.

3. **Maximum likelihood** ist eine Methode, basierend auf statistischen Berechnungen, deren Kriterien der Benutzer bestimmt. Zunächst wird ein Evolutionsmodell ausgewählt, welches die Grundlage für die Bewertung von Aminosäure- oder DNA-Austauschen bildet. Danach wird für jede eingegebene Sequenz die Wahrscheinlichkeit der Homologie berechnet und diese mit einer gleich langen computergenerierten Sequenz verglichen. Der Stammbaum, der die höchsten Wahrscheinlichkeiten für die Übereinstimmungen an den Einzelpositionen zeigt, wird als der „richtige“ ausgegeben. Maximum likelihood ist eine aufwendige Rechenprozedur. Bei der Darstellung des Stammbaumes wird an den Verzweigungen (Knotenpunkten) der einzelnen Äste die Wahrscheinlichkeit für diese Abspaltung angegeben.

Verschiedene Rechnerprogramme stehen für die Ableitung von Phylogenien auf der Basis von DNA-Daten zur Verfügung. Das wohl am häufigsten eingesetzte Programm ist Clustal W, welches auch in der Datenbank des National Center for Biotechnology Information (NCBI) eingesetzt wird. Die gebräuchlichen Versionen basieren auf Clustal X, welches als multiples Sequenz-Alignment-Werkzeug entwickelt wurde und eine einfache Funktion zur Ableitung einer molekularen Phylogenie auf der Basis der Berechnung der genetischen Distanzen enthält.

Mehr Materialien für Ihren Unterricht mit RAAbits Online

Unterricht abwechslungsreicher, aktueller sowie nach Lehrplan gestalten – und dabei Zeit sparen.
Fertig ausgearbeitet für über 20 verschiedene Fächer, von der Grundschule bis zum Abitur: Mit RAAbits Online stehen redaktionell geprüfte, hochwertige Materialien zur Verfügung, die sofort einsetz- und editierbar sind.

- ✓ Zugriff auf bis zu **400 Unterrichtseinheiten** pro Fach
- ✓ Didaktisch-methodisch und **fachlich geprüfte Unterrichtseinheiten**
- ✓ Materialien als **PDF oder Word** herunterladen und individuell anpassen
- ✓ Interaktive und multimediale Lerneinheiten
- ✓ Fortlaufend **neues Material** zu aktuellen Themen



Testen Sie RAAbits Online
14 Tage lang kostenlos!

www.raabits.de

