

Proteom-basierter Stammbaum mit interessanten Resultaten

Song-Hou KIM, ein in Berkeley, CA (USA) forschender Biophysiker, hatte 2009 eine Methode zum Vergleich von Sequenzdaten ganzer Genome (Nukleotidabfolgen des kompletten Erbguts) veröffentlicht, bei der auf die Ausrichtung der Sequenzen vor dem Vergleich (Alignment) verzichtet wird (SIM et al. 2009). Im Alignment werden Sequenzen entsprechend zugrundgelegter Modelle so angeordnet, dass sie maximale Ähnlichkeit aufweisen bzw. die Passung der Abfolgen bei verschiedenen Genomen maximal ist. In der von SIM et al. etablierten Methode wird dagegen die Häufigkeit bestimmter Muster in den Sequenzen zum Vergleich genutzt. Dies erlaubt auch Sequenzen ungleicher Länge miteinander zu vergleichen; diese müssen auch keine auffällige Ähnlichkeit aufweisen.

Die Arbeitsgruppe von KIM hat inzwischen die Leistungsfähigkeit dieser Methode an zellkernlosen Einzellern, also Prokaryonten (JUN et al. 2010) und an Pilzen (CHOI et al. 2017) demonstriert. Jetzt haben CHOI & KIM (2020) anhand des Proteoms von 4023 Organismen einen Stammbaum des Lebens errechnet. Als Proteom wird die Gesamtheit aller im Genom codierten Proteine bezeichnet. Die Proteinsequenzen stammen aus entsprechenden Datenbanken (vor allem vom National Center for Biotechnology Information, NCBI).

Die Einführung der Autoren in ihrer Veröffentlichung ist erfreulich nüchtern, wenn sie schreiben: „Der Stammbaum des Lebens von Organismen ist ein konzeptioneller und bildhafter Baum, in dem eine einfache Erzählung des evolutionären Verlaufs und der Verwandtschaft unter den heutigen Lebewesen dargestellt wird. Ein solcher Baum kann nicht experimentell bestätigt werden, sondern wird aus Eigenschaften der Organismen rekonstruiert.“ Damit

wird zum Ausdruck gebracht, dass ein Ähnlichkeitsbaum nicht mit einem Abstammungsbaum gleichzusetzen ist, sondern dass Letzterer eine Interpretation ist.

Der von CHOI et al. (2020) präsentierte Stammbaum des Lebens auf der Basis des Proteoms unterscheidet sich in seiner Grundstruktur von den typischen Bäumen, die auf der Basis einzelner Gene errechnet werden. Die Unterschiede betreffen sowohl die Gruppierungen als auch deren Verknüpfung. Die Knoten (Verzweigungspunkte) haben aufgrund der Besonderheit der neu entwickelten Methode eine andere Bedeutung als in den etablierten Stammbaumdarstellungen. Der Knoten repräsentiert nicht einen hypothetisch gemeinsamen Vorfahren aller im weiteren Astverlauf dargestellten Organismen, wie das in üblichen Stammbäumen interpretiert wird. Die Knoten in dem von CHOI & KIM (2020) präsentierten Stammbaum sind nach den Worten der Autoren eine Gruppe von Gründungsvorfahren mit stark

unterschiedlichem Proteom; als bildhaften Vergleich führen sie einen mit Mosaiksteinen gefüllten Beutel an.

In dem von CHOI & KIM (2020) errechneten Stammbaum des Lebens wird der Abstand der Knoten, also der Verzweigungen der Baumäste durch die aufsummierten genomischen Informationsdifferenzen bestimmt. Der so errechnete Baum weist sehr tief im Baum, also nahe dem Wurzelbereich, fünf Hauptgruppen auf, die in der systematischen Biologie den Reichen entsprechen. Das heißt, der Stammbaum besitzt keinen nennenswerten Stamm. Zuerst spalten sich die Prokaryota (die Autoren bezeichnen sie auch als Akarya) und Eukarya auf, die dann jeweils in Archaea und Bakteria bzw. Pilze, Pflanzen und Tiere aufspalten. Dies verleiht dem Baum eine Form, in der ein sehr kurzer Stamm sehr schnell buschförmig breit wird. Die Autoren bezeichnen das als „deep burst“, also eine Explosion, die in einem sehr frühen Stadium lokalisiert ist.

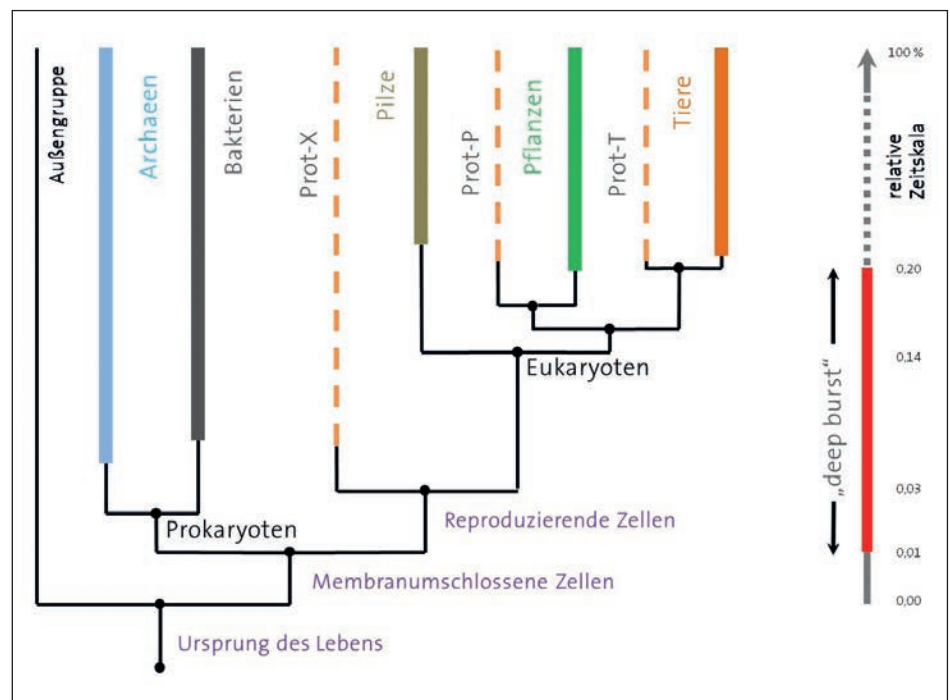


Abb. 1 Vereinfachter Stammbaum der Lebewesen auf der Basis des Proteoms. Die fünf Großgruppen Archaeen, Bakterien (Prokaryoten), Pilze, Pflanzen und Tiere (Eukaryoten) sind bereits sehr früh in einem als „deep burst“ bezeichneten kurzen Zeitraum aufgezeigt. Man beachte die relative Skala: Nach 0,2% der Geschichte der Lebewesen sind alle Großgruppen getrennt. Der Stamm hat weniger als ein Tausendstel der Länge des Baumes. Die Außengruppe ist eine für den Rechenprozess notwendige zufällig gemischte Proteinsequenz. Bei Prot-X, -P und -T handelt es sich um Gruppen von Protisten, die nicht einzuordnen waren und den Eukaryoten (Prot-X), Pflanzen (Prot-P) bzw. den Tieren (Prot-T) gegenüberstehen. (Nach CHOI & KIM 2020, Abb. 2)

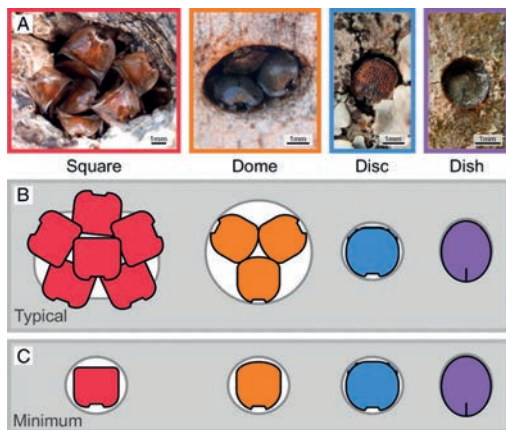


Abb. 1 A Typische Nesteingänge und die Köpfe der vier Typen von Schildkrötenameisen.

B Schema der Verhaltensweisen der vier Typen: 1. Quadratische Köpfe zu mehreren im großen Eingang; 2. Köpfe kuppelförmig zu mehreren mit Mandibeln zum Rand hin in kleineren Eingängen; 3. Köpfe einzeln mit scheibenförmigem Kopf, der innen an den Rand der Öffnung gedrückt wird, 4. Köpfe einzeln mit schalenförmigem Kopf, dessen Rand von außen dem Nesteingang aufliegt und so angezogen wird, dass er die Öffnung wie ein Deckel verschließt. **C** Die minimal mögliche Größe der Öffnung und das dazu passende Verhalten der vier Kopftypen. (Aus POWELL et al. 2020, fair use)

Das Modell von CHOI & KIM (2020) führt also zu dem Schluss, dass die spezifischen Eigenheiten der Proteome von Archaeen, Bakterien, Pilzen, Pflanzen und Tieren sehr früh und in einem vergleichsweise kurzen Zeitraum auftauchen.

[CHOI J & KIM S-H (2017) A genome Tree of Life for the Fungi kingdom. Proc. Natl. Acad. Sci. 114, 9391–9396 • CHOI J & KIM S-H (2020) Whole-proteome tree of life suggest a deep burst of organism diversity. Proc. Natl. Acad. Sci., doi: 10.1073/pnas.1915766117 • JUN S-R, SIMS GE, WU GA & KIM S-H (2010) Whole-proteome phylogeny of prokaryotes by feature frequency profiles: An alignment-free method with optimal feature resolution. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 107, 133–138 • SIM GE, JUN S-R, WU GA & KIM S-H (2009) Alignment-free genome comparison with feature frequency profiles (FFP) and optimal resolutions. Proc. Natl. Acad. Sci. 106, 2677–2682] H. Binder

■ Schildkrötenameisen: Abruf vorhandener Optionen statt Evolution?

Die Welt der Ameisen ist ein erstaunlicher Kosmos für sich. Sie beeindruckt nicht nur mit einer schier unerschöpflichen Formenvielfalt, sondern auch mit überaus zahlreichen höchst ungewöhnlichen Verhaltensweisen. Einige davon haben wir in den letzten Jahren in diesem Journal vorgestellt, zum Beispiel die

Gärtnerei und einen Rettungsdienst (BRAUN 2017; 2018).

Bei den Schildkrötenameisen (Gattung *Cephalotes*) verrät schon der Name, dass ihr Aussehen nicht ganz „gewöhnlich“ ist. Ihre Benennung resultiert aus ihrer flachgedrückten Form. Sie sind in der Lage, durch die Luft zu gleiten und können dabei die Richtung bestimmen, wenn sie von einem Ast herunter fallen. Ungewöhnlich ist auch der große Kopf der Soldaten-Kaste; er ist bei verschiedenen Arten – je nach Art des Nesteingangs und der besiedelten Gänge – unterschiedlich geformt (Abb. 1). Mit den Köpfen decken die Ameisen den Eingang ab und verteidigen ihn als „lebende Türen“ gegen Eindringlinge. Die Ameisen graben die Gänge dabei nicht selbst, sondern besiedeln die von holzbohrenden Käfern ausgegrabenen Gänge.

Manche Köpfe ähneln Schacht-abdeckungen und können damit die Eingänge perfekt abschließen. Andere haben quadratische Köpfe, die sie zu Blockaden aus mehreren Mitgliedern zusammensetzen, gleich überlappenden Schilden. Bei anderen Formen erinnert der Kopf gar an die Batman-Maske (so „ameise23“ auf Youtube, <https://www.youtube.com/watch?v=wUadVEu36UY>).

Eine Forschergruppe hat kürzlich 89 Arten von Schildkrötenameisen der artenreichen Gattung *Cephalotes* auf ihre Kopfformen hin untersucht. Die Autoren unterscheiden vier Typen von Köpfen der Soldaten, die mit der Größe der Soldaten zusammenhängen: quadratisch, kuppel-, scheiben- oder schalenförmig (Abb. 1). Die Größe der Köpfe ist ebenfalls unterschiedlich. Auch eine Gruppe von Schildkrötenameisenarten, die keine Soldaten haben, wurde in die Untersuchung einbezogen. Unterschiede zeigen sich außer in Form und Größe des Kopfes auch im Verhalten beim Nestverschluss.

Aus evolutionstheoretischer Sicht wurde erwartet, dass die Veränderungen der Kopfform innerhalb der Gattung *Cephalotes* von einfach nach komplex erfolgte. Die ersten Schildkrötenameisen sollten demnach keine Soldaten gehabt haben, und die Evolution der Köpfe sollte allmählich in Richtung einer Spezialisierung

verlaufen sein – angefangen bei den unspezifisch geformten quadratischen Köpfen bis hin zu hohen maßgeschneiderten Tellerköpfen. Werden die Ameisen nach genetischen Ähnlichkeiten gruppiert, aus denen Abstammungsabfolgen erschlossen werden, ergibt sich jedoch ein unerwartetes Ergebnis. Die Analyse legt nahe, dass der älteste mutmaßliche gemeinsame Vorfahr wahrscheinlich einen quadratischen Kopf hatte. Davon stammt eine Reihe von Arten mit unterschiedlichen Spezialisierungsstufen ab, aber auch solche ohne Soldaten (die zuvor mutmaßliche Ausgangsform). Die Übergänge zu unterschiedlichen Ausprägungen müssen außerdem zwei- bis mehrfach erfolgt sein (Konvergenz); insgesamt ermittelten die Forscher 11 Übergänge, von denen drei zum Verlust der Soldatenkaste führten. Die Scheibenform des Kopfes, die früher als der am stärksten spezialisierte und abgeleitete Zustand angesehen wurde, scheint bis zu fünf Mal verloren gegangen bzw. in eine andere Form übergegangen zu sein (POWELL et al. 2020, 6610; vgl. Abb. 2). Somit kehrten also spezialisierte Arten später die Richtung um und entwickelten sich wieder zu allgemeineren Kopfformen – ein Zickzackkurs. Ein Verlauf von einfach zu komplex findet sich also bei den Schildkrötenameisen nicht.

Die durchschnittliche Kopfbreite unterscheidet sich bei den Kuppel-, Scheiben- und Schalen-Kopfarten nicht signifikant. Nur der mutmaßlich ursprüngliche quadratische Kopf geht mit einem größeren Kopf einher, während die anderen Formen nicht mit einer bestimmten Kopfgröße gekoppelt sind (POWELL et al. 2020, 6611).

Wie kann man diese Befunde interpretieren? Üblicherweise wird angenommen, dass spezialisierte Arten in ihrer engen Nische verbleiben – Spezialisierung als Einbahnstraße. Die Schildkrötenameisen erweisen sich diesbezüglich jedoch als dynamisch und in verschiedene Richtungen als anpassungsfähig. Das Hin und Her lässt sich am besten so verstehen, dass innerhalb der Gattung *Cephalotes* verschiedene Optionen abrufbar sind, die entsprechend der jeweiligen Lebensweise genutzt werden können.