



Abb. 1 Grüner Leguan, fotografiert im „Haus des Meeres“/Österreich. (Wikimedia Commons)

Morphologie und Moleküle in scharfem Widerspruch

Unter der Annahme von Evolution war erwartet worden, dass Ähnlichkeitsbäume (Cladogramme), die auf „traditionellen“ anatomischen und morphologischen (gestaltlichen) Merkmalen beruhen, mit Ähnlichkeitsbäumen harmonieren, die auf molekularen Daten basieren (also auf Sequenzvergleichen von Proteinen und Nukleinsäuren). In vielen Fällen haben jedoch molekulare Analysen sicher geglaubte traditionell begründete Verwandtschaftsverhältnisse in Frage gestellt. Eine besonders schwerwiegende Diskrepanz wurde unlängst bei den Eidechsenartigen beschrieben.

Reinhard Junker

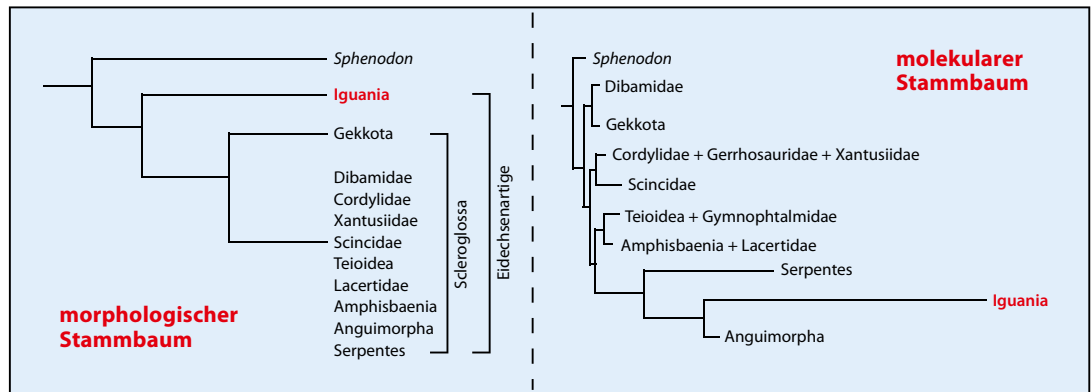
Als die ersten Cladogramme (baumförmige Darstellung von Ähnlichkeitsbeziehungen) auf der Basis von Proteinvergleichen verschiedener Arten veröffentlicht wurden, schienen sie die Ähnlichkeitsmuster der „klassischen“ Taxonomie zu bestätigen, denen morphologische (gestaltliche) und anatomische Merkmale zugrundeliegen. Moleküle (Proteine, DNA) und Morphologie passten zusammen, so wie es aus evolutionstheoretischer Perspektive auch erwartet worden war. Man sah darin eine Bestätigung, die Cladogramme als evolutionäre Abstammungsabfolgen zu interpretieren.

Bald aber tauchten auch Diskrepanzen auf, die Zusatzhypothesen und kompliziertere Erklä-

rungen erforderten, um die Daten evolutionstheoretisch schlüssig interpretieren zu können. Es stellte sich heraus, dass molekulare Daten den klassischen Verwandtschaftsbeziehungen insbesondere der größeren systematischen Gruppen oft widersprachen (s. z.B. RICHTER & SUDHAUS 2004; VALENTINE 2004, 115, 148; u. v. a.). LOSOS et al. (2012) berichten nun von einem Fall einer schwerwiegenden Diskrepanz zwischen morphologischen und molekularen Phylogenien, für deren Auflösung nach ihrer Einschätzung kein Schlüssel in Sicht ist. Es geht dabei um die Ähnlichkeitsbeziehungen der Eidechsenartigen (Lacertilia) mit über 30 Familien und ca. 9000 Arten. Sie werden in die Leguanartigen (Igu-

Abb. 2 Die beiden sehr verschiedenen Cladogramme basierend auf morphologischen bzw. molekularen Daten. Das auf morphologischen Daten beruhende Cladogramm ist durch zahlreiche Merkmale begründet. Losos et al. (2012) bezeichnen die Diskrepanz als „evolutionäres Rätsel“.

(Nach Losos et al. 2012)



ania), Geckoartigen (Gekkota), Skinkartigen (Scincomorpha) und die Schleichenartigen (Anguimorpha) unterteilt. Nach traditioneller Sicht gabeln sich die Eidechsenartigen an der Basis in die Leguanartigen und die Scleroglossa, diese wiederum in die Geckoartigen und alle anderen Gruppen (Abb. 2). Die Leguanartigen besitzen demnach viele ancestrale („ursprüngliche“) Merkmale. Doch widersprechen molekulare Daten, die in den letzten zehn Jahren gewonnen wurden, dieser Sicht massiv. Demnach befinden sich die Leguanartigen nämlich weit oben im Cladogramm bei den Schleichartigen und Schlangen. Dem auf morphologischen Merkmalen basierten Cladogramm liegt eine enorm große Datenbasis von 192 Arten und 610 variablen Merkmalen zugrunde, von denen 40% erst durch neue Untersuchungstechniken ermittelt wurden. Es war erwartet worden, dass die Verbesserung des morphologischen Datensatzes zu einer Annäherung an das molekular begründete Cladogramm führen würde, „doch die Daten hätten nicht widersprüchlicher sein können“ (Losos et al. 2012, 1429). *Kein einziges relevantes Merkmal unterstützt die Position der Leguanartigen hoch im Cladogramm der Eidechsenartigen.*

Lösungsmöglichkeiten?

Losos et al. (2012) stellen fest, dass bei widersprüchlichen Phylogenien einer der beiden Datensätze irreführend sein müsse. Zum einen könnten viele gemeinsame morphologische Merkmale konvergent oder durch Rückentwicklung entstanden sein. Dann würden die Ähnlichkeiten fälschlicherweise gemeinsame Abstammung vortäuschen. Das müsse man häufig annehmen. Doch in diesem Fall sei dies unwahrscheinlich, weil die anzunehmenden Rückentwicklungen viele funktionell verschiedene Teile der Anatomie betreffen, die zudem embryonal auf verschiedene Weisen entstehen. Außerdem haben die Leguanartigen verschiedene Lebensweisen, von großen Pflanzenfressern über ameisenfressende Krötenchsen bis zu gleitend sich fortbewegenden Formen. Diese Vielfalt spiegelt

kaum eine Anpassung an einen allgemeinen Lebensstil wider, so Losos et al.

Aber die Alternative, dass die molekularen Daten irreführend sind, scheitert an der Tatsache, dass nicht weniger als 44 proteincodierende Gene dem molekularen Cladogramm zugrundeliegen,

Das Rätsel ist bisher nur deshalb unlösbar, weil Evolution als Interpretationsrahmen nicht zur Disposition gestellt wird.

die alle in dieselbe Richtung weisen. Es sind zwar Fälle molekularer Konvergenzen bekannt, aber hier müsste ein unerklärbar hohes Ausmaß an Konvergenzen angenommen werden. Wir sind mit einem Rätsel konfrontiert, konstatieren Losos et al.¹ Wenn Konvergenzen derart tiefgreifend sind, welches Vertrauen könne man dann in Phylogenien fossiler Taxa haben, für die keine molekularen Daten verfügbar sind? Und akzeptiert man die morphologisch basierte Phylogenie, fehlt eine Erklärung für die molekularen Befunde.

Sollte dieser durch ausgesprochen zahlreiche Daten gestützte Befund ein Hinweis darauf sein, dass das evolutionäre Paradigma sich nicht bewährt? Jedenfalls entsteht das bisher unlösbare Rätsel nur deshalb, weil Evolution als Interpretationsrahmen nicht zur Disposition gestellt wird.

Anmerkung

Eine mögliche (wenn auch unbefriedigende) Erklärung, die die Autoren selbst anführen, liegt in der Struktur des Baumes der molekularen Analyse (Abb. 2), bei dem es sich um ein Phylogramm handelt, das im Gegensatz zum auf der Morphologie basierenden Cladogramm nicht nur die Topologie, sondern auch die Astlängen zeigt. Die Linie zu den Leguanen ist sehr stark in die Länge gezogen im Vergleich zu allen anderen Ästen des Baumes. Bei solchen Mustern, die man auf unterschiedliche Evolutionsraten der Gene in verschiedenen Organismenlinien zurückführt, werden die Methoden der phylogenetischen Analyse leicht überstrapaziert oder deren Vorannahmen verletzt. Dies könnte bedeuten, dass die unerwartete Gruppierung der Leguane ein Artefakt

der Analyse darstellt und dass daher diese molekularen Daten gar nicht in der Lage sind, die Beziehungen zu klären (immer unter der Annahme einer gemeinsamen Abstammung der Reptilien). Plausible Gründe für solche stark beschleunigten Raten sind zumindest in diesem Fall offenbar nicht bekannt. Der molekulare Baum sagt daher im Wesentlichen aus, dass Leguane von allen anderen Reptilien genetisch sehr stark abweichend sind. (J. FEHRER, pers. Mitt.)

Literatur

- LOSOS JB, HILLIS DM & GREENE HW (2012) Who speaks with a forked tongue? *Science* 338, 1428–1429.
- RICHTER S & SUDHAUS W (Hg, 2004) Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa. Sitzungsbericht der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin. N.F. 43, 1–221.
- VALENTINE JW (2004) On the origin of phyla. University of Chicago Press.)

Der Wurmfortsatz: Vom Nichtsnutz zum Mysterium

Der Wurmfortsatz, ein Anhängsel am Blinddarm, hat keinen guten Ruf. Häufig ist er Anlass für Schmerzen im rechten Unterbauch, die ein chirurgisches Eingreifen erforderlich machen. In der Evolutionsbiologie gilt der Wurmfortsatz als Paradebeispiel für ein rudimentäres Organ, welches seine ursprüngliche Form und Funktion im Verlauf der Evolution verloren hat und sich deshalb in einer zurückgebildeten Version vorfindet. Die Forschungen der letzten Jahre haben dieses traditionelle Bild vom Wurmfortsatz widerlegt. Er ist Träger wichtiger biologischer Funktionen (z. B. Infektabwehr) und zeigt eine unerwartete Verteilung unter den Säugetieren. Letztere zwingt dazu, den Wurmfortsatz aus evolutionärer Perspektive nicht mehr als eine zurückgebildete, sondern als eine mehr als 30 mal neu entstandene Struktur zu bewerten.

Henrik Ullrich

„Wahrscheinlich haben wir immer noch nicht das Mysterium der Appendix komplett geknackt.“ So die Reaktion des Evolutionsmediziners Randolph NESSE in „Science Now“ vom 12. 2. 2013 auf die Ergebnisse einer Studie zur Verteilung des Wurmfortsatzes (Appendix) unter Säugetieren und dessen Evolution. Dieses Anhängsel an unserem Blinddarm (*Caecum*) hat bekanntlich keinen guten Ruf. Denn er wird fast ausschließlich mit Schmerzen im rechten Unterbauch und mit chirurgischem Eingreifen in Verbindung gebracht. Als zweckloser Überrest unserer Stammesgeschichte steht er in fast allen Evolutions-Lehrbüchern.

Nun soll er ein „Mysterium“ sein? Wie kam es zu diesem erstaunlichen Wandel bezüglich der Beurteilung des Wurmfortsatzes, dem kleinen Anhängsel unseres Dickdarms (Abb. 1)?

Unvollkommen, zwecklos und rudimentär

Charles DARWIN befasste sich in seinem Hauptwerk „Die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl“ in einem Abschnitt über „Rudimentäre, atrophiierte und abortive Organe“. Darin erläutert er: „Organe oder

Theile, in diesem eigenthümlichen Zustande den Stempel der Nutzlosigkeit tragend, sind in der Natur äusserst gewöhnlich. ... Ich glaube, dass Nichtgebrauch dabei hauptsächlich in Betracht komme, der während einer langen Generationen-Reihe die allmähliche Abschwächung der Organe veranlassen kann, bis sie endlich nur noch als Stümmel erscheinen. ... Nach der Annahme einer Fortpflanzung mit Abänderung können wir schliessen, dass das Vorkommen von Organen in einem verkümmerten, unvollkommenen und nutzlosen Zustande und

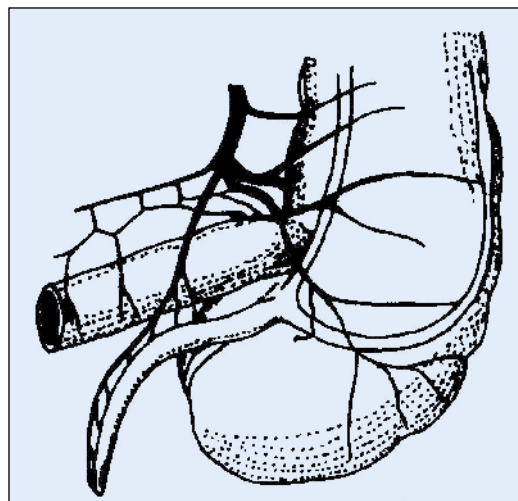


Abb. 1 Schemazeichnung des menschlichen Wurmfortsatzes. Schon die gute Durchblutung deutet auf Funktionalität hin. (Nach MURRIS 1991)