

Ist der Stammbaum des Lebens ausgestorben?

Zusammenfassung: Auf der Basis einer Evolutionsgeschichte des Lebens wurde erwartet, dass eine (stamm)baumartige Darstellung der Vielfalt der Lebewesen möglich ist („Tree of Life“). Mit zunehmender Datenfülle nehmen jedoch Merkmalswidersprüche in Baumdarstellungen zu. Die Ähnlichkeitsbeziehungen gleichen oft eher einem Netzwerk.

In Charles DARWINS berühmten Buch *Über den Ursprung der Arten* ist eine einzige Abbildung abgedruckt (Abb. 1). Es handelt sich um ein baumförmiges Verzweigungsmuster, welches für Abstammung, Artaufspaltung und zunehmendes Verschiedenwerden steht. Wenn diese drei Vorgänge bei der Entstehung der Lebewesen maßgeblich waren, ist zu erwarten, dass sich deren Vielfalt in einem Baumdiagramm darstellen lässt.¹ Bei einem Abstammungsbaum handelt es sich um ein sogenanntes eingeschachteltes hierarchisches System. Beispielsweise sind Hauskatzen Mitglied in der Gruppe der Katzenartigen, und diese wiederum Mitglied in der nächsten hierarchischen Stufe, der Raubtiere usw. Die Erwartung eines solchen eingeschachtelten hierarchischen Systems (Abb. 1 oben) wurde oft aus der Evolutionstheorie abgeleitet. Es wurde vielfach behauptet, dass die Realität dieser Erwartung auch entspreche, was folglich als ein Beleg für eine allgemeine Evolution der Lebewesen gewertet wurde.

DOOLITTLE & BAPTESTE (2007) setzen sich kritisch mit dieser Sicht auseinander. Sie bestreiten, dass man die Lebewesen aufgrund unabhängiger Daten tatsächlich in ein eingeschachteltes hierarchisches System einordnen könne, es also eine „natürliche Ordnung“ der Lebewesen in einem „Tree of Life“ gäbe. Insbesondere (aber nicht nur) bei Einbeziehung von Bakterien werde diese Problematik

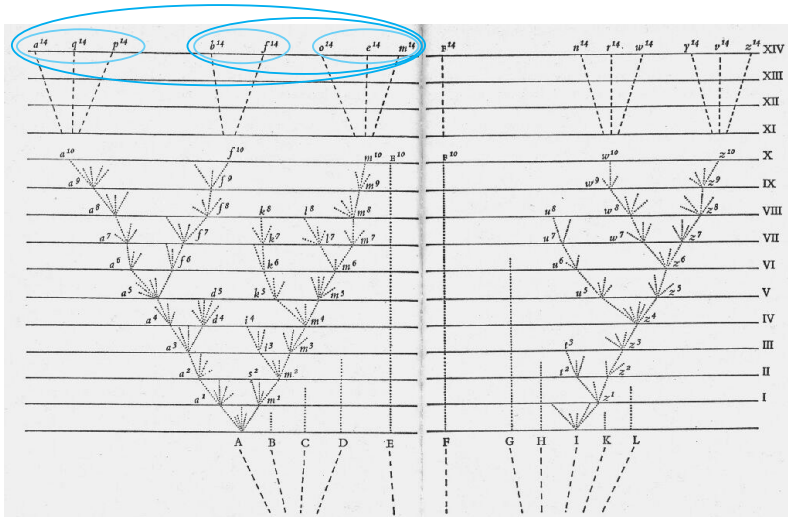
besonders deutlich. Im molekularen Bereich (d.h. auf der Ebene der Gene) kann im Prinzip die gesamte Organismenwelt einer vergleichenden Analyse unterzogen werden, da es Gene gibt, die bei allen Lebewesen vorkommen. Dazu schreiben die Autoren: „Die einzigen Datensätze, aus denen wir eine universale Hierarchie einschließlich der Prokaryoten (Bakterien) konstruieren könnten, nämlich die Gensequenzen, widersprechen sich oft und erweisen sich nur selten als übereinstimmend.“² Damit widersprechen sie der häufig vorgebrachten Behauptung, verschiedene Datensätze ergäben einigermaßen stimmige Ähnlichkeits- oder gar Abstammungsbeziehungen.

Die beiden Autoren wundert dies aber nicht. Denn nach ihrer Auffassung beruhe die Hypothese vom „Tree of Life“ auf der unbewiesenen Annahme eines zu erwartenden Ähnlichkeitsmusters. Diese unbewiesene Hypothese ist natürlich auch die Grundlage, auf der entsprechende Computerprogramme bzw. Algorithmen zur Erstellung von Stammbäumen programmiert werden. Daraus folgt, dass bei der Auswertung die Datensätze zwar immer in eine Baumstruktur überführt werden, doch das spiegle nur ihre Programmierung wider.³

Zusammenhang zwischen dem Ähnlichkeitsmuster und Evolutionsmechanismen. Die Erwartung, dass sich die Merkmalsbeziehungen der Arten baumförmig darstellen ließen, sei Folge der Annahme, Gene würden nur vertikal in der Generationenfolge, also von Eltern auf die Nachkommen, weitergegeben und dabei durch Mutationen verändert werden („descent with modification“). Sollte es jedoch auch häufigen horizontalen (= lateralen) Gentransfer geben (das heißt von einem Lebewesen zum anderen, ohne dass diese miteinander verwandt sind), würde daraus ein Netzwerk von Ähnlichkeitsbeziehungen folgen. Das heißt: Verschiedene Evolutionsmechanismen lassen auch verschiedene Evolutionsmuster bzw. unterschiedliche Arten von Ähnlichkeitsbeziehungen (Baum, Busch, Netzwerk usw.) erwarten. Daher plädieren DOOLITTLE & BAPTESTE (2007) dafür, aus den mittlerweile anerkannten verschiedenen Evolutionsmechanismen auch verschiedene mögliche Ähnlichkeitsbeziehungen abzuleiten. Die Erwartung eines einzigen Stammbaums des Lebens – überhaupt der eines Baumes – sei aufgrund der heute bekannten Daten nicht mehr realistisch. DOOLITTLE (1999; 2000) hatte sich schon früher in diesem Sinne geäußert.

Ein großes Problemfeld für die Erstellung von Stammbäumen liegt in dem häufigen Auftreten von Konvergenzen. Das heißt, zwei nicht miteinander verwandte Lebewesen kamen im Laufe der hypo-

Abb. 1: Abstammung, Verzweigung, Verschiedenwerden: Darwins Baumdiagramm aus dem „Ursprung der Arten“.



thetischen Evolutionsgeschichte zu genau derselben Lösung – aber auf verschiedenen evolutiven Wegen. Beispielsweise besitzen Ameisenbär, Schuppentier und Erdferkel lange, klebrige Zungen, dazu langgestreckte, schmale Kiefer und Kaumägen („Leimruten“-Bauplan). Trotz dieser tiefgreifenden Ähnlichkeiten sind sie nicht näher miteinander abstammungsverwandt. Denn in anderen Merkmalen unterscheiden sich diese Säuger so sehr, dass sie zu verschiedenen Ordnungen gestellt werden (vgl. Abb. 2)

Die nun oben von DOOLITTLE & BAPTESTE (2007) gemachte Schlussfolgerung, dass es verschiedene Ähnlichkeitsbeziehungen und nicht nur einen Baum gäbe, liegt angesichts des häufigen Auftretens von Konvergenzen bei höheren Organismen nahe. Simon CONWAY MORRIS (2003) plädiert demzufolge auch für Mechanismen, die ein häufiges Auftreten von Konvergenzen begünstigen (vgl. Abb. 3 und dortige Legende). Das bisherige (Verzweigungs-)System der Ähnlichkeitsbeziehungen, welches zu Stammbäumen führen soll, baut aber auf der Annahme auf, dass Konvergenzen eigentlich unwahrscheinlich sind. Die Konvergenz des Leimruten-Bauplans wird daran erkannt, dass er den einzigen Merkmalskomplex darstellt, welcher die betreffenden Tiere eint. Viel häufiger sind in diesem Beispiel wie auch sonst in vielen Fällen Homologien, also Ähnlichkeiten, die aufgrund ihrer Verteilung im System der Lebewesen auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt werden können.

Treten Konvergenzen jedoch ähnlich häufig auf wie Homologien – was immer öfter beobachtet wird – böten die Merkmale keine objektiven Anhaltspunkte für eine baumförmige Darstellung mehr, denn es wäre gemeinsamen Merkmalen nicht „anzusehen“, ob sie auf gemeinsame Abstammung zurückzuführen (homolog) oder ob sie unabhängig entstanden (konvergent) sind. Dass es kein objektives Kriterium zur Unterscheidung von Homologie und Konvergenz gibt, wurde von Biologen schon häufig festgestellt (Belege in JUNKER 2002). Entsprechend stellte SHUBIN bereits 1998 die Frage, wie man angesichts von zahlreichen Konvergenzen selbst von Schlüsselmerkmalen die Stammesgeschichte überhaupt rekonstruieren könnte. Der Merkmalsvergleich erweist sich dabei jedenfalls als unsicherer Führer. Diese Situation hat sich dabei in den letzten Jahren durch die Analyse von genetischen Datensätzen eher noch verschärft (RICHTER & SUDHAUS 2004).

Festzustellen ist, dass sowohl ein häufiger horizontaler Gentransfer als auch ein häufiges Auftreten von Konvergenzen eine baumförmige Darstellung der Beziehung der Arten (oder der höheren Taxa) durchkreuzen⁴. Kann man vor diesem Hintergrund überhaupt noch eine konkrete Erwartung an das Ähnlichkeitsmuster formulieren, die unabhängig prüfbar wäre? Wir kommen auf diese Frage am Schluss dieses Artikels zurück.

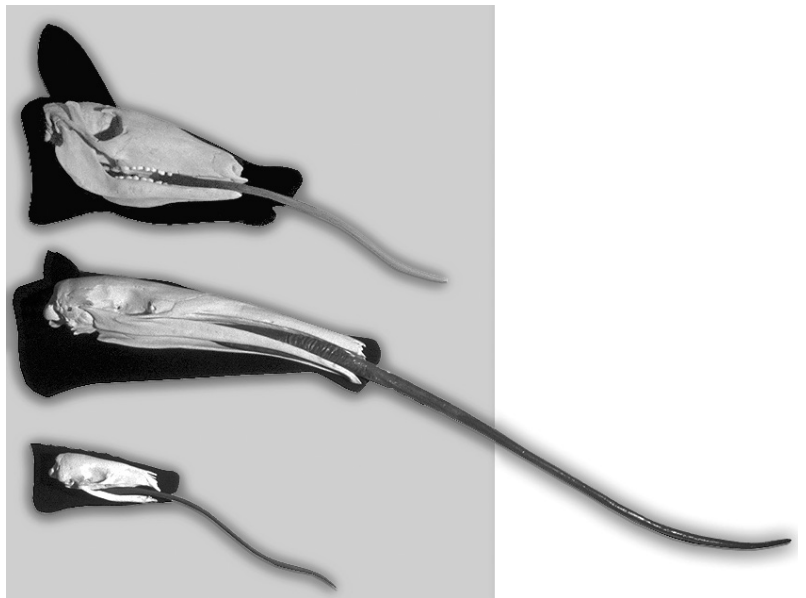


Abb. 2: Fünfmal unabhängig müsste nach evolutionstheoretischer Deutung eine sog. „Leimrute“ entstanden sein, nämlich beim Ameisenbär, Schuppentier, Erdferkel, Specht und Chamäleon (die ersten drei Arten sind abgebildet). Es handelt sich um eine verlängerte klebrige Zunge, mit der kleine Insekten (vornehmlich Ameisen oder Termiten) aufgenommen werden. Zum „Leimruten-Bauplan“ gehören außerdem in den meisten Fällen u. a. ein entsprechend schmaler Bau des Unterkiefers, Reduktion oder Fehlen von Zähnen, eine verengte Mundöffnung, gut ausgebildete Speicheldrüsen, Vorrichtungen für das Einstülpen der Zunge und ein Kaumagen. Das eingeschachtelte System der Arten ist dadurch schwer gestört. (Aus JUNKER & SCHERER 2006; Westfälisches Museum für Naturkunde Münster)

Homologien doch kein Indiz für Abstammung?

DOOLITTLE & BAPTESTE (2007) stellen vor diesem Hintergrund auch den „Homologiebeweis“ der Evolution in Frage. Homologien als unabhängige Belege für eine natürliche Hierarchie seien problematisch, weil „echte“ Homologien nicht von „falschen“ (wie z. B. von Konvergenzen, allgemeiner Homoplasien genannt) unterschieden werden könnten, ohne dass man bereits im Vorhinein eine Annahme über die Hierarchie treffen müsse:

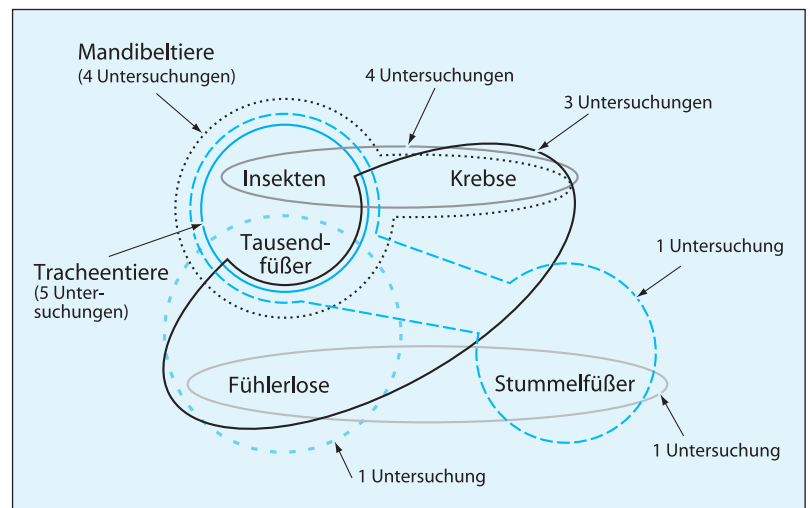


Abb. 3: Ähnlichkeitsbeziehungen unter Lebewesen als Netzwerk: Verwandtschaftsverhältnisse der Arthropoden (Gliederfüßer). Je nach zugrundegelegten Merkmalen ergeben sich unterschiedliche, sich widersprechende Gruppierungen. Ein einigermaßen stimmiges eingeschachteltes System kann nicht entwickelt werden. Die entsprechenden Untersuchungen stammen alle aus den 1990er Jahren. (Nach WÄGELE 2001, 102).

Glossar

Homologie: Gleichwertigkeit von Strukturen oder Organen im Bau und in der Lage im Gesamtorganismus, unabhängig von deren Funktion. Häufig im stammesgeschichtlichen Sinne als Gleichartigkeit von Merkmalen aufgrund gemeinsamer Abstammung interpretiert.

Homoplasie: Unabhängig erworbene ähnliche Merkmale, wobei die Ähnlichkeit durch Konvergenz (s.u.),

Parallelismus oder Reversion (Rückentwicklung) erworben worden sein kann.

Konvergenz: Mehrfach unabhängig (von verschiedenen Ausgangsstrukturen) entstandenes baugleiches Merkmal (eine Form der Homoplasie).

Prokaryot: Einzellige Lebewesen ohne Zellkern, umfasst die eigentlichen Bakterien und die Archaea.

„Homologien werden häufiger aus Bäumen erschlossen, als Bäume aus Homologien. Auf diese Weise, verschmilzt das Erklärende mit dem zu Erklärenden und keines von beiden wird getestet.“⁵

Mehr Klarheit durch molekulare und genetische Daten? Oben wurde bereits angesprochen: Auch molekulare Ähnlichkeiten haben sich nicht als Lösung herausgestellt, bei Merkmalswidersprüchen zu mehr Klarheit über die realen Abstammungsverhältnisse zu gelangen, da verschiedene molekulare Daten sich widersprechende Verwandtschaftsverhältnisse nahelegen. Darüber hinaus äußern DOOLITTLE & BAPTESTE (2007, 2045) aber

Auch die molekularen Daten liefern keinen unabhängigen Beweis für Abstammungszusammenhänge.

auch eine methodische Kritik: Aufgrund des Zusammenhangs von Genotyp (Ebene des Erbguts) und Phänotyp (äußeres Erscheinungsbild) hängen molekulare und gestaltliche Ähnlichkeiten miteinander zusammen. Wenn sie zusammenpassen, ist das folglich nicht weiter überraschend; einen unabhängigen Beweis würden die molekularen Daten daher nicht liefern.⁶ Auch hier soll ein Beispiel das illustrieren. Die Gensequenzen zwischen Menschen und Schimpansen sind sich einander sehr ähnlich, was oft als „Beweis“ für eine Abstammung beider Arten von einem Vorfahren verwendet wird. Doch warum sollten sich die Gensequenzen beider Arten nicht gleichen? Sie ähneln sich äußerlich (phänotypisch), dies spiegelt sich offenbar in den Genen (genotypisch) wider. Es ist nur ein Beweis dafür, dass ähnliche Strukturen auch ähnliche Baupläne erfordern. Ob diese Ähnlichkeit auf Evolution zurückzuführen ist oder nicht, bleibt aber nach wie vor offen.

Die Frage nach den Mechanismen. Die Merkmalsverteilungen zwischen den Arten (und höheren Taxa) erzwingen – evolutionstheoretisch gesehen

– das Postulat von häufigem horizontalem Gentransfer und bei Vielzellern das häufige Auftreten von Konvergenzen. Damit stellt sich die Frage nach den Mechanismen für diese Prozesse und nach entsprechenden Selektionsdrücken, die dazu geführt haben. Auf diese eigene Problematik soll hier nicht weiter eingegangen werden, sie wird in Bezug auf das Merkmalsmosaik bei den Mikroorganismen im Lehrbuch von JUNKER & SCHERER (2006, 311-313) erläutert.

Wissenschaftstheoretische Aspekte. Unabhängiger Test für Evolution? DOOLITTLE & BAPTESTE (2007, 2046) schließen aus den Befunden, dass die Erwartung eines „Tree of Life“ evolutionstheoretisch nicht gerechtfertigt sei. Bei vielen Tiergruppen sei die Baumdarstellung zwar gut begründet und keineswegs widerlegt (S. 2048), bei anderen Gruppen von Lebewesen aber sei ein Netzwerk eine angemessenere Art der Darstellung der Ähnlichkeitsbeziehungen. Damit aber stellt sich die Frage, ob überhaupt konkrete Erwartungen an das Merkmalsmuster der Arten aus der Evolutionstheorie abgeleitet werden können. Wenn aus der Mechanismenvielfalt eine Mustervielfalt folge, wofür DOOLITTLE & BAPTESTE plädieren, dann kann es keine prüfbare, logische Ableitung zu erwartender Abstammungsmuster geben.

Im Hinblick auf die Deutung des Ähnlichkeitsmusters im Rahmen von Schöpfungsvorstellungen äußerte MAHNER (2002) folgende Kritik: „Gewiss würde auch eine Schöpfungstheorie die abgestufte Ähnlichkeit der Arten, wie sie sich in der biologischen Systematik darstellt, erklären: Gott hat eben ähnliche Arten geschaffen. Und, so fragen die Kreationisten, ist diese Ähnlichkeit nicht gerade Beweis für die Handschrift desselben Baumeisters? Leider nein, denn eine auf Schöpfung basierende Theorie könnte auch den genau gegenteiligen Fall erklären, nämlich den, dass es keinerlei Ähnlichkeit zwischen den Arten gäbe: Gott hätte dann eben unähnliche Arten geschaffen.“ Ob keinerlei Ähnlichkeit eine Option im Rahmen einer Schöpfungsauffassung sei, kann bestritten werden (s. dazu JUNKER 2003), doch ist dies hier nicht das Thema. Hier kommt es vielmehr auf die Feststellung an, dass offenbar auch im Rahmen von Evolutionsauffassungen keine eindeutige *Vorhersage* eines bestimmten zu erwartenden Merkmalsmusters (z.B. dem eines Baumes) gemacht werden kann. Es sind nur Interpretationen *im Nachhinein* möglich. DOOLITTLE & BAPTESTE (2007, 2044) scheinen daher sogar bereit zu sein, diese Testmöglichkeit für Evolution fallenzulassen, da ihrer Meinung nach viele andere Daten für Evolution sprechen würden, die das Gebäude der Evolution auch ohne die teilweise zirkuläre Argumentation mit Baumdiagrammen genügend stützen würden.⁷

Reinhard Junker

Originalzitate

- ¹ „Darwin claimed that a unique inclusively hierarchical pattern of relationships between all organisms based on their similarities and differences [the Tree of Life (TOL)] was a fact of nature, for which evolution, and in particular a branching process of descent with modification, was the explanation“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2043).
- ² „The only data sets from which we might construct a universal hierarchy including prokaryotes, the sequences of genes, often disagree and can seldom be proven to agree“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2043).
- ³ „Hierarchical structure can always be imposed on or extracted from such data sets by algorithms designed to do so, but at its base the universal TOL rests on an unproven assumption [...]“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2043).
„Arguably, our systematic practices today (especially in microbiology) might look quite different had Darwin (or someone else) not formulated a branching theory of evolution“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2045).
- ⁴ „[...] molecular data sets substantially disagree at many levels of analysis, particularly because of LGT“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2046).
- ⁵ „[H]omologies are more often deduced from trees than trees are from homologies. Thus, *explanans* melds with *explanandum*, and neither is tested“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2045).
- ⁶ „If genotype causes phenotype, then it should not be surprising that trees derived from the former resemble trees based on the later. ... it might be going too far to claim that an independent ‘proof of the reality of macroevolution’ could be obtained by the usual

sorts of sequence-based phylogenetic analyses“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2045).

- ⁷ „But we now have ample other evidence supporting the reality of evolution. We could thus dispense with the tree (and such semicircular reasoning), should this particular historical premise about branching fall short, without weakening the solid edifice of evolutionary biology“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2044).

Literatur

- CONWAY MORRIS S (2003) Life's solution. Inevitable Humans in a Lonely Universe. Cambridge.
- DOOLITTLE WF (1999) Phylogenetic classification and the universal tree. *Science* 284, 2124-2128.
- DOOLITTLE WF (2000) Stammbaum des Lebens. *Spektr. Wiss.* 4/2000, 52-57.
- DOOLITTLE WF & BAPTESTE E (2007) Pattern pluralism and the Tree of Life hypothesis. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 2043-2049.
- JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Holzgerlingen.
- JUNKER R (2003) Baum, Baukasten, Netzwerk. Ist die evolutionäre Systematik zirkelschlüssig? *Stud. Int. J.* 10, 3-11.
- JUNKER R & SCHERER S (2006) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen, 6. Aufl.
- MAHNER M (2002) Kreationismus. In: SAUERMOST R & FREUDIG D (Red.) Lexikon der Biologie, Bd. 8. Heidelberg, S. 202-203.
- 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.
- SHUBIN NH (1998) Evolutionary cut and paste. *Nature* 394, 12-13.
- WÄGELE JW (2001) Grundlagen der Phylogenetischen Systematik. München (2. Aufl.).

Programmierte Mikroevolution bei Inselfinken?

Zusammenfassung: Einige Finkenvögel wurden von Südamerika auf zwei benachbarte Atlantikinseln verdriftet. Auf beiden Inseln gibt es ähnliche Lebensbedingungen und dementsprechend entwickelten sich auf beiden Inseln ähnliche Unterarten der ursprünglichen Finken. Es handelt sich um ein klassisches Beispiel eines Vorganges, der als Mikroevolution im Kurzzeitrahmen gedeutet werden kann.

Finken standen Pate bei DARWINS Evolutionstheorie und sind auch heute immer wieder für evolutionäre Überraschungen gut, wie RYAN et al. (2007) über Vögel des britischen Tristan da Cunha-Archipels berichten.

Dieses Archipel liegt im Südatlantik – es wird von St. Helena aus verwaltet, wo Napoleon bis zu seinem Tode interniert war, und besteht u.a. aus den unbewohnten Inseln „Inaccessible Island“ und

„Nightingale Island“ (Abb. 1A). Dort sind, neben vier weiteren Vogelarten, die Wilkins-Ammer (*Nesospiza wilkinsi*) und die Acunha-Ammer (*N. acunhae*) endemisch, d. h. diese Arten kommen nur dort vor. Diese beiden Arten gehören, wie auch die Darwinfinken zur Ordnung Passeriformes, Sperlingsvögel. Gleichermäßen wie die Darwinfinken von Galápagos stammen sie von südamerikanischen Ahnen ab, die von den vorherrschenden Westwinden über 3000 km weit über den Ozean verdriftet wurden. Die Acunha-Ammer ist ein sehr häufig vorkommender Nahrungsgeneralist mit kleinem Schnabel, während die Wilkins-Ammer in geringer Anzahl vorkommt und mit ihrem großem Schnabel auf die harten verholzten Früchte der Baumart *Phylica arborea* spezialisiert ist.

Beide Ammer-Arten kommen auf beiden Inseln mit jeweils getrennten Unterarten vor: Auf der Nightingale Island die Wilkins-Ammer mit der



Die Wilkins-Ammer auf einer Briefmarke