



Der Affe fällt nicht weit vom Stamm...

30.09.2009, von Sarah Weiss

Der Affe fällt nicht weit vom Stamm - Stammbäume in der Forschung (Download)



So oder so ähnlich - der Stammbaum der Primaten

Mit wem bin ich verwandt? Wer sind meine Vorfahren? Wer Ahnenforschung in herkömmlichen Sinn betreibt, will herausfinden, wer die Ururgroßeltern waren, wo die eigenen Wurzeln sind. Doch Biologen wie Dr. Günter Bechly vom Naturkundemuseum Stuttgart betreiben Ahnenforschung der anderen Art. Hier geht es nicht um Verwandtschaftsverhältnisse der letzten hundert Jahre – es geht um Millionen von Jahren. Es geht nicht um 20 Verwandte, sondern um Tausende. Und um Fragen wie: Sind Regenwürmer eher mit dem Tausendfüßler oder mit Schnecken verwandt? Doch die Beantwortung dieser Fragen ist eine echte Herausforderung. Dr. Günter Bechly:

Wie kommt man quasi vom Tier, das ich anschau, zum Stammbaum?

Weil: Es steht ja nicht drauf geschrieben: Ich bin jetzt näher verwandt mit dem und dem. Das funktioniert erst mal durch einen Vergleich der Merkmale. Das können Organe sein wie zum Beispiel das Auge. Das können Verhaltensmerkmale sein wie zum Beispiel der Gesang bei Vögeln. Das können Knochenstrukturen sein, irgendwelche Fortsätze, wie Gelenke ausgebildet sind und so weiter.

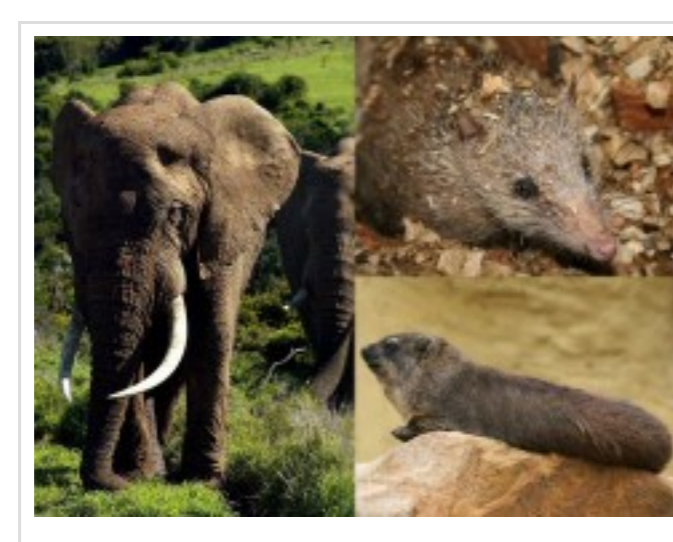
Je mehr Gemeinsamkeiten, desto näher sind die Lebewesen miteinander verwandt. Klingt einfach, doch Dr. Bechly und seine Kollegen hatten sich ihr Ziel besonders hoch gesteckt: Ein Stammbaum mit 20.000 Gruppen – also Tierklassen und Pflanzenfamilien – ist nun im Internet für jedermann abrufbar. Dafür haben sie zehn Jahre lang geforscht. Auch so einige Überraschungen sind dabei herausgekommen. Denn die Biologen haben auch molekulare Daten – die Information des Erbguts – mit einfließen lassen.

Es gibt in vielen Fällen eine hohe Übereinstimmung zwischen anatomischen Daten und molekularen Daten. Es gibt aber in einigen überraschenden Fällen ganz eklatante Widersprüche. Da hat sich gezeigt, dass die Anatomie zum Teil in die Irre führt. Dass also Sachen ähnlich aussehen, aber: Wenn man sich die molekularen Daten anguckt, stellt man fest: Das ist unabhängig in der Evolution entstanden. Und war praktisch irreführend als Gradmesser im Sinne von Verwandtschaft.



20.000 Gruppen - man muss sich nur durch den Stammbaum klicken...

Ein Beispiel dafür: In den Biologiebüchern von heute steht noch häufig: Regenwürmer sind nah mit dem Tausendfüßler verwandt. Inzwischen weiß man: Falsch! Beide haben zwar Körper, die aus vielen hintereinandergesetzten Glieder bestehen. Trotzdem ist der Regenwurm doch näher mit den Schnecken verwandt. Da muss also Geschichte - Evolutionsgeschichte - neu geschrieben werden. Doch das ist nicht der einzige Fall:



Der Elefant: Nah verwandt mit dem Großen Tanek und dem Klippschliefer (Foto 2+3: © Christian Neumann)

Der Säugetierstammbaum, der eigentlich so bis in die 80er Jahre aufgrund von Fossilien und von Morphologie als geklärt galt, ist durch molekulare Untersuchungen völlig über den Haufen geschmissen worden. Zum Beispiel die Gruppe der Afrotheria. Da stecken Tiere drin wie Elefant, Schliefer und Seekuh.

Das wusste man auch schon aufgrund der Morphologie, aber: Zum anderen gehören da auch die igelartigen Madagassischen Taneks, das Erdferkel und der afrikanische Goldmull zu. Also Tiere, die wie ein Maulwurf, wie eine Spitzmaus oder wie ein Igel aussehen. Da würde man eigentlich jetzt nicht denken: Die sind mit Elefant und Seekuh verwandt.

Man könnte ja nun etwas provozierend fragen: Wozu muss der Mensch so etwas überhaupt wissen? Kann es uns nicht egal sein, ob das Erdferkel mit Elefanten verwandt ist? Doch ein Stammbaum mit so vielen Vertretern ist durchaus sinnvoll. Nicht nur für den Hobbygärtner oder den Aquarianer, der wissen will, zu welcher verwandtschaftlichen Gruppe seine Guppies gehören.

Der konkrete Hintergrund ist: Egal in welcher Disziplin Forschung gemacht wird – ob in der Medizin oder in der angewandten Landwirtschaftsforschung zum Beispiel – es wird nur an wenigen Organismen geforscht. Zum Beispiel wird der Mais stellvertretend für viele Pflanzen untersucht. Jetzt ist die Frage: Wie kann man diese Ergebnisse, die an einzelnen Labororganismen gemacht worden sind, auf eine größere Anzahl übertragen? Und das ist nur deshalb möglich, weil eben Organismen miteinander verwandt sind. Und je näher sie miteinander verwandt sind, desto eher sind diese Ergebnisse übertragbar.

Insektenkundler werden mit Freude feststellen, dass der Stuttgarter Stammbaum besonders viele sechsbeinige Vertreter aufführt. Das ist auf Dr. Bechlys Spezialbereich zurückzuführen: Bernstein einschließen. In dem tausende Jahre alten Harz finden sich häufig Insekten – völlig intakt lassen sich so auch ausgestorbene Arten untersuchen und einordnen.



Eine Libellenlarve im Bernstein: Gut erhalten, perfekt für die Forschung!

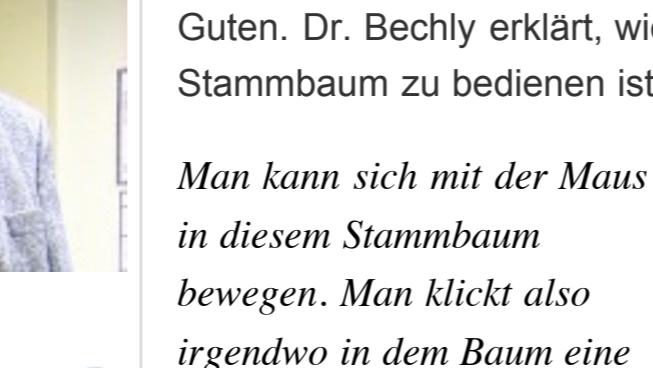


Im Bernstein verbergen sich Schätze für die Forschung: Zum Beispiel Insekten

Wer den Stammbaum im Internet anklickt, sieht zunächst nicht die 20.000 Gruppen – denn das wäre für jeden Internetnutzer wohl zu viel des Guten. Dr. Bechly erklärt, wie der Stammbaum zu bedienen ist:

Man kann sich mit der Maus in diesem Stammbaum bewegen. Man klickt also irgendwo in dem Baum eine Stelle an, wo man sich weiter hin bewegen will und zieht einfach, indem man die Maustaste gedrückt hält. Von Beginn an sieht man natürlich erst mal nur die untersten Sprossen des Stammbaums, quasi den Ursprung des Lebens: Dort, wo die erste Zelle entstanden ist, Bakterien und Einzeller. Und dann muss man sich, wenn man zum Beispiel zum Menschen kommen will, durchhangeln.

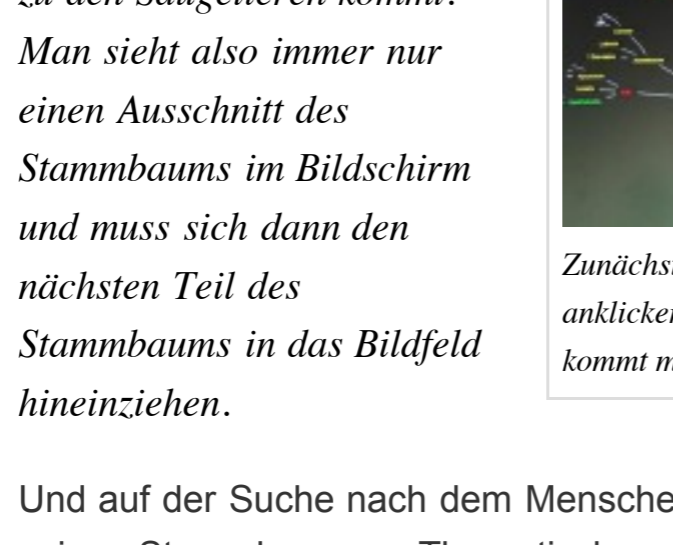
Also: Erst mal zu den zellkernhaltigen Lebewesen, und dann durch die ganzen wirbellosen Gruppen, bis man zu den Säugetieren kommt. Man sieht also immer nur einen Ausschnitt des Stammbaums im Bildschirm und muss sich dann den nächsten Teil des Stammbaums in das Bildfeld hineinziehen.



Zunächst mit der Maus eine Gruppe anklicken, dann ziehen: Und schon kommt man zur nächsten Gruppe.

Und auf der Suche nach dem Menschen hangelt sich Dr. Bechly durch die Äste seines Stammbaums... Theoretisch muss er in Richtung Gorillas und Orang-Utans... Doch wo sind die nur....?

Ähhhhh, jetzt muss ich mal kurz schauen, wo wir hier zu den Primaten kommen. Das ist ganz schön knifflig. Da verirrt man sich zum Teil selber hier im Stammbaum.



Dr. Bechly ist froh über die Suchfunktion.

Zum Glück gibt es ja noch die Suchfunktion, mit der sich Dr. Bechly direkt zu dem Lebewesen der Wahl bewegen kann. Diese Version ist leider im Internet wegen technischer Schwierigkeiten noch nicht verfügbar, doch das ist in Arbeit und nur noch eine Frage der Zeit...

Dass der Schimpanse der nächste Verwandte des Menschen ist, da sind sich die Forscher heute sicher. Doch was ist mit allen anderen Verwandtschaftsverhältnissen im Stammbaum von Dr. Bechly?

Das Wissen von heute ist der Irrtum von morgen. Das stimmt natürlich in vielen Einzelfällen. Insofern kann man nie davon ausgehen, dass dieser Stammbaum in allen 20.000 Verzweigungen auch morgen noch stimmen wird.

Der Stammbaum bleibt also auch in dieser Hinsicht dynamisch – aber dank der Mitarbeiter im Naturkundemuseum Stuttgart immer auf dem neuesten Stand – und das ist bei ständig neuen Forschungsergebnisse viel wert.

Hier die Adresse zum Stammbaum: <http://www.bernstein.naturkundemuseum.de/PhyloTree/StarTreesSDK/Inxight/StarSamples/STWebApplet/PhyloTree.html>

abgelegt unter Evolution — Schlagworte: Morphologie, Naturkunde, Stammbaum

Kommentar schreiben Trackback-URI

Social Bookmark setzen: Digg, Facebook, LinkedIn, MySpace, StumbleUpon, Twitter

← [Wo sich Riesen entwickeln konnten](#) [Geocaching mit SWR2](#) →

Kommentare

Momentan gibt es 3 Kommentare. [Kommentar schreiben](#) →

19. November 2009, 11:46, von J. Zimmer:

Habs versucht mit dem Link auf diesen Stammbaum zu kommen, aber das ist ein toter Link. Ist das Museum überlastet und hat den Server abgeschaltet? Oder gibt es einen Alternativ-Link ?

MfG JZ

19. November 2009, 16:55, von Ralf Kölbl:

Es gibt noch folgenden Alternativ-Link: <http://www.evolution2009.de/evolution/stammbaum.html>

Zum Aufrufen des Stammbaumes braucht man einen aktuellen Web-Browser mit einer aktuellen Java -Version. Wenn es mit Firefox nicht funktioniert evtl. mal mit dem Internet Explorer versuchen.

MFG

RK Redaktion SWR2 Wissen

8. Dezember 2009, 12:27, von HohesC:

Den homo sapiens findet von Biota über Cytota immer nach links abbiegend mit folgenden Ausnahmen

Beim Erreichen von Opisthokonta wählt man den Mittelweg.

Dann immer links.

Beim Erreichen von Animalia wählt man den Mittelweg.

Dann immer links.

Beim Erreichen von Deuterostomia wählt man den Mittelweg.

Dann immer links bis Tetrapoda und weiter nach links.

Nach einem langen Linksweg kommt man bei Boreotheria an und dort wählt man den rechten Weg.

Dann immer links.

Beim Erreichen von Euarchontia wählt man von links nach rechts den dritten Weg.

Dann immer weiter links.

Beim Erreichen von Homo ergaster georgicu rechts bis homo ergaster ergaster nach einer Weile links Abbiegen ist man, voilà, beim homo sapiens.

Kommentar schreiben

Bitte Name, Email und Kommentar eingeben. Die Email-Adresse wird später nicht angezeigt.

Name

Email

Webseite

Kommentar

[Anmelden](#)