

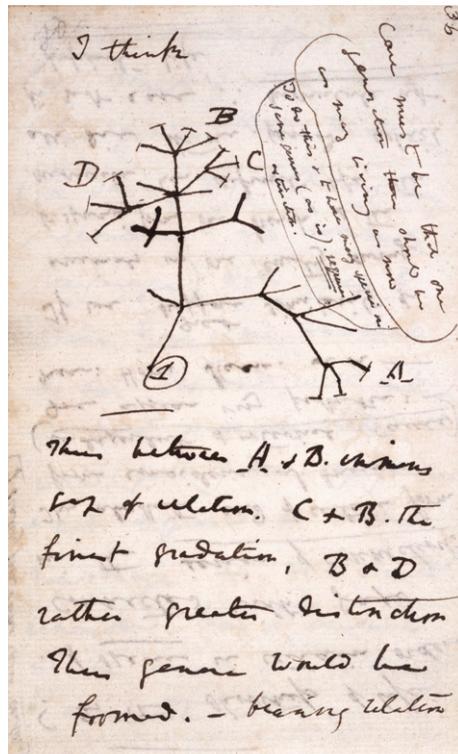
# Der neue Baum des Lebens

Günter Bechly

Die Geschichte der biologischen Systematik – der Wissenschaft von der Ordnung des Lebendigen – begann schon in der Antike (ca. 300 v. Chr.) mit dem griechischen Philosophen Aristoteles, der die Lebewesen nach charakteristischen Merkmalen in einem verschachtelten System ordnete, zu dem unter anderem auch die Gruppen der Bluttiere (= Wirbeltiere) und der Blutlosen (= Wirbellose Tiere) gehörten. Um 79 v. Chr. verfasste der römische Gelehrte Plinius der Ältere mit seiner 37-bändigen Naturgeschichte die erste systematische Enzyklopädie. Danach folgten über 1000 Jahre ohne irgendwelche nennenswerte Fortschritte in der Kenntnis der Lebewesen.

Erst im Jahre 1256 knüpfte der Theologe und Wissenschaftler Albertus Magnus an das Werk von Aristoteles an und lieferte die erste ausführliche Darstellung der mitteleuropäischen Fauna. In der zweiten Hälfte des 16. Jahrhunderts waren es der Züricher Universalgelehrte Conrad Gesner und der italienische Arzt und Naturforscher Ulisse Aldrovandi, die in vielbändigen Werken alle damals bekannten Tier- und Pflanzenarten erfassten und somit zu den Mitbegründern der modernen Botanik und Zoologie wurden. Das heutige System der wissenschaftlichen Benennung und Klassifikation der Lebewesen mit lateinischen oder griechischen Namen für Arten, Gattungen, Familien, Ordnungen, Klassen und Stämme wurde aber erst 1735 von dem schwedischen Biologen Carl von Linné eingeführt.

Durch die Evolutionstheorie Charles Darwins kam es ab 1859 zu einer ersten Revolutionierung der biologischen Systematik, einer Abkehr von Klassifikationen, die nach oberflächlichen Ähnlichkeiten willkürlich gruppierten und einer Hinwendung zu solchen, die stammesgeschichtliche Verwandtschaft zur naturwissenschaftlich fundierten Grundlage



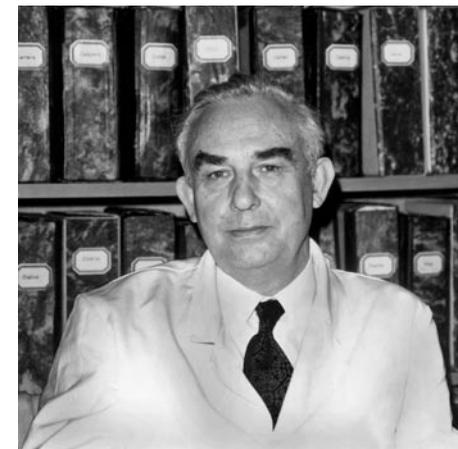
130 Erste Skizze eines Stammbaums in Charles Darwins Notizbuch von 1837.

für das hierarchische System machten. Höhere Kategorien (Familien, Ordnungen etc.) wurden nicht länger „erfunden“, sondern sie wurden als natürliche Verwandtschaftsgruppen entdeckt. Dadurch wurden die systematischen Gruppen zum entscheidenden Hilfsmittel für alle Bereiche der Biowissenschaften, denn nur durch verwandtschaftsbasierte Gruppenbildungen konnten Forschungsergebnisse, die an ausgewählten Arten gewonnen wurden, mit

gewissem Recht auch für größere Gruppen verallgemeinert werden. Das Problem war nur: Mit welcher Methodik und mit welchen Merkmalen lassen sich evolutionäre Verwandtschaften überhaupt entdecken und somit die Stammbäume rekonstruieren? Eine wirklich befriedigende Lösung wurde erst relativ spät gefunden und zwar von einem Wissenschaftler des Staatlichen Museums für Naturkunde in Stuttgart.

## Eine wissenschaftliche Revolution

Mitte des 20. Jahrhunderts legte der Insektenkundler Prof. Willi Hennig 131 durch seine Theorie und Methode der Phylogenetischen Systematik, oft auch Kladistik genannt, die Grundlagen für die moderne Stammesgeschichtsforschung und wurde damit zu einem der einflussreichsten deutschen Biologen



131 Willi Hennig (August 1976), der Begründer der modernen Phylogenetischen Systematik.

der Neuzeit. Er löste nach Darwin die zweite große Revolution der biologischen Systematik aus und machte selbige überhaupt erst zu einer ernst zu nehmenden Naturwissenschaft. Hennigs wesentliche Erkenntnis war, dass nur Übereinstimmungen in abgeleiteten homologen Merkmalen (Synapomorphien), also in einmaligen evolutiven Veränderungen eines Ursprungszustandes, eine nähere Verwandtschaft begründen können. Nächstverwandte Gruppen von Organismen, die alle Nachfahren einer nur ihnen gemeinsamen Stammart umfassen, werden als monophyletische Gruppen (Monophyla) bezeichnet. In der Phylogenetischen Systematik wird angestrebt, eine Klassifikation aller Lebewesen zu erstellen, die sich ausschließlich auf stammesgeschichtliche Verwandtschaft gründet und folglich nur Arten (also geschlossene Fortpflanzungsgemeinschaften) und monophyletische Gruppen von Arten (also geschlossene Abstammungsgemeinschaften) beinhaltet 132.

Nach anfänglichen Diskussionen setzte sich Hennigs Methode weltweit durch und führte zur baldigen Entlarvung zahlreicher liebgewonener systematischer Einheiten als un-

natürliche Gruppen, sogenannte paraphyletische und polyphyletische Gruppen. Polyphyletische Gruppen sind künstliche Einheiten von nicht verwandten Organismen, die nur auf Grund von unabhängig entstandenen, zufälligen Übereinstimmungen (Konvergenzen) zusammengefasst wurden, aber keine gemeinsame Stammart einschließen. Zwei bekanntere Beispiele sind die Warmblüter (Vögel und Säugetiere) und die Dickhäuter (Elefanten, Nashörner und Flusspferde). Paraphyletische Gruppen sind systematische Einheiten, die zwar nur Nachfahren einer Stammart enthalten, aber nicht alle Nachfahren dieser Stammart umfassen. Solche Gruppen wurden oft auf Grund von Übereinstimmungen in ursprünglichen Merkmalszuständen (Symplesiomorphien) errichtet, die zwar von einem gemeinsamen Ahnen ererbt wurden, aber in abgewandelter oder redu-

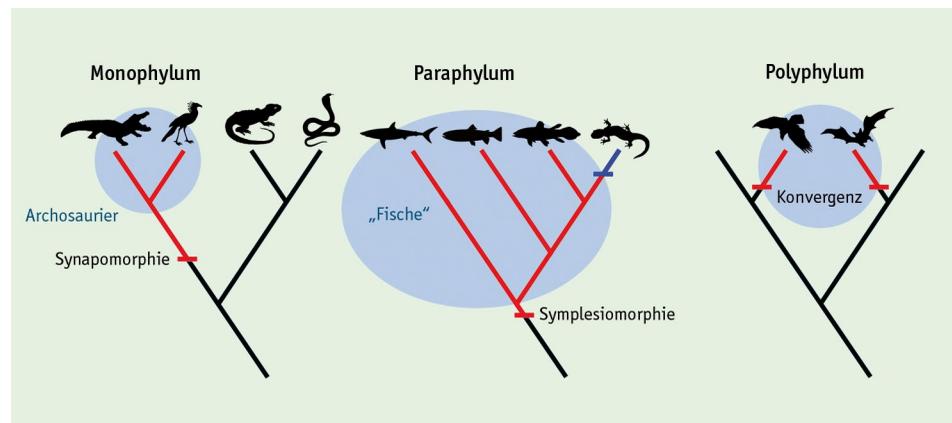
zierter Ausprägung auch zur Grundausrüstung von Gruppen gehören, die nicht in diese Einheit einbezogen wurden. Ein Beispiel ist die paraphyletische Gruppe der Fische, die alle niederen Wirbeltiere umfasst, die eine ursprüngliche Wasserlebensweise und somit auch Flossen und Kiemen beibehalten haben. Zu dieser Gruppe müssten aber eigentlich auch die Landwirbeltiere hinzugerechnet werden, da diese mit den Quastenflossern und Lungenfischen nächstverwandt sind und deren wassergebundene Lebensweise ursprünglich auch noch besaßen. Später haben sie diese zu Gunsten einer Landlebensweise aufgegeben, so dass Kiemen reduziert wurden und die Flossen die Gestalt von Beinen annahmen ▮ 67.

Andere bekannte paraphyletische Gruppen sind beispielsweise die Einzeller, die Wirbellosen, die flügellosen Insekten und die Reptilien. Diese Gruppen werden in der modernen Biosystematik daher nicht mehr verwendet, auch wenn sie umgangssprachlich natürlich weiterhin gebräuchlich sind. Gruppen wie die Tiere oder die Primaten sind nur dann natürliche Einheiten, wenn sie den Menschen mit einschließen. Die anfängliche Zweiteilung des Organismenreichs in Pflanzen und Tiere erwies sich als genauso ungeeignet wie die spätere Unterteilung in die fünf „Königreiche“ Bak-

terien, Einzeller, Pflanzen, Pilze und Tiere. Einzeller und Pilze erwiesen sich als künstliche (polyphyletische) Zusammenfassungen zahlreicher nicht verwandter Gruppen. Zudem mussten die in heißen Quellen ▮ 133 und

ähnlich lebensfeindlichen Umwelten lebenden Archaeobakterien aus dem Bakterienreich ausgegliedert werden, da sie nähere Beziehungen zu den zellkernbesitzenden Lebewesen (Eukaryota) aufweisen.

▮ 132 *Zentrale Elemente in Willi Hennigs „Phylogenetischer Systematik“ sind die Begriffe Monophylie, Paraphylie und Polyphylie für die Gültigkeit systematischer Gruppen sowie Synapomorphie, Symplesiomorphie und Konvergenz zur Bewertung von Merkmalsübereinstimmungen.*



▮ 133 *Lebensraum thermophiler Archaeobakterien in einer heißen Quelle im amerikanischen Yellowstone Nationalpark.*



## Moleküle gegen Knochen

Bis vor wenigen Jahrzehnten waren Biologen für ihre systematischen Untersuchungen ausschließlich auf Merkmale angewiesen, die sie mit bloßen Augen oder mit Hilfe von Mikroskopen untersuchen konnten, also z.B. Skelettmerkmale bei Wirbeltieren oder Borstenmuster bei Insekten. Heute steht durch vergleichende Erbgutuntersuchungen eine völlig neue Quelle von Merkmalen zur Verfü-

gung, die ganz entscheidend zur Klärung der stammesgeschichtlichen Verwandtschaftsbeziehungen beigetragen hat. Aber bis dahin war es ein weiter Weg.

Charles Darwin war zwar ein sehr weitsichtiger Naturforscher, aber er hatte keine Ahnung davon, wie die Variationen, die Grundlage seiner Evolutionstheorie sind, bei den Organismen entstehen und wie sie an die

## Molekulare Systematik

Um Arten abzugrenzen und Verwandtschaften, die auf gemeinsamer Abstammung beruhen, zu erkennen, wurden über Jahrhunderte Merkmale der äußeren Form (Morphologie) und des inneren Baus (Anatomie) analysiert. Auch die embryonale und larvale Entwicklung (Ontogenie) gab wertvolle Hinweise. Immer ausgereifere Untersuchungsmethoden und -techniken, sei es in der Präparation, sei es in der Mikroskopie, erschlossen immer neue Merkmale. Damit entstand eine immer breitere Datenbasis.

Trotzdem stieß man an Grenzen. Vor allem im Bereich der Großgruppen-Systematik ließen sich zahlreiche Fragen nicht befriedigend lösen. Das gilt zum Beispiel für die Beurteilung der Verwandtschaft der Stämme des Tierreiches. Sie unterscheiden sich in vielen Merkmalen so grundsätzlich voneinander, dass ihre untereinander bestehenden verwandtschaftlichen Beziehungen schwierig zu enträtseln sind. Fossilien helfen in diesem Fall ebenfalls kaum weiter, denn die meisten Stämme dürften schon lange vor dem Einsetzen einer verlässlichen fossilen Überlieferung entstanden sein. Fossilien werden erst mit der „Erfindung“ von Hartteilen wie Panzern, Schalen oder Knochen hinreichend häufig. Aber selbst aus „jüngerer“ Zeit sind die Dokumente aus der Vergangenheit so lückenhaft, dass es oft nur gelingt, die groben Linien zu skizzieren. Selten lässt sich die dahinter stehende Geschichte detailliert genug erzählen. So fällt die in der Jurazeit beginnende Evolution der Vögel eigentlich in einen verhältnismäßig gut dokumentierten Zeitraum; trotzdem genügen die Funde bei weitem nicht, um klare Vorstellungen von der Evolution und Verwandtschaft der heute scheinbar so klar definierten Vogelordnungen zu erhalten.

In diesem Dilemma gab die Molekularbiologie wesentliche neue Impulse. Der Bauplan der Lebewesen steckt in ihren Genen. Wer die Erbsubstanz Desoxyribonucleinsäure (DNA/DNS) analysiert, gewinnt über die Morphologie, Anatomie und Ontogenie hinaus ein riesiges Feld neuer Merkmale, die in die wissenschaftliche Diskussion einfließen. Zudem lassen sich mit entsprechenden Maschinen im Labor und am Computer eine ungeheure Menge von Daten gewinnen und verarbeiten. Biologie und Technik treffen sich im quasi-digitalen Aufbau der DNA, eines Riesenmoleküls, dessen (Doppel-)Strang aus einer Folge

von nur vier verschiedenen „Buchstaben“ (Basen) besteht □57, die das gesamte Programm des Organismus codieren. Die im Vergleich zu anderen Lebewesen nicht einmal besonders lange DNA des Menschen besteht aus 3,2 Milliarden solcher Buchstaben!

Vereinfacht gesagt, kennzeichnet jede Art eine bestimmte Buchstabenfolge. Nahe verwandte Arten haben ähnliche Folgen. Beim Schimpansen und Menschen geht man von einem Unterschied von nur 1,3 Prozent aus; ihre gemeinsame Stammart hat vor wenigen Millionen Jahren gelebt. Je länger die Trennung der Arten/Gruppen her ist, desto weniger Gemeinsamkeiten liegen vor. So können genetische Distanzen sowohl den Grad der Verwandtschaft als auch zeitliche Abläufe widerspiegeln S.140.

Sehr genaue Ergebnisse liefert die heute eingesetzte Methode der „buchstabengenauen“ Sequenzierung genau definierter DNA-Teilstücke. Diese werden vorher mithilfe spezieller Enzyme (Restriktionsendonucleasen) aus dem DNA-Molekül ausgeschnitten und millionenfach kopiert (PCR = Polymerase-Kettenreaktion), bis genügend Substanz zur Analyse vorliegt. Zum Teil wird sogar die Basenabfolge eines gesamten Organismus bestimmt, eine Technik, die zunehmend preiswerter wird und eine enorme Datenfülle erzeugt.

Die analysierten Proben sollten nicht komplett verbraucht werden, damit sie auch der zukünftigen Forschung zur Verfügung stehen. Naturkundliche Sammlungen wie das Staatliche Museum für Naturkunde Stuttgart bauen deshalb Archive auf, in denen DNA-Proben tiefgekühlt langfristig aufbewahrt werden.

Der Einsatz molekularer Techniken hat eine enorme Dynamik in die Erforschung der biologischen Vielfalt gebracht und sorgt fast täglich für neue Ergebnisse und lebhaftige Diskussionen. Wichtige Informationsquellen für neue Entwicklungen bieten das Tree of Life Web Project (<http://tolweb.org/tree>) und der „Phylogenetic Tree of Fossil and Recent Organisms“ (<http://www.evolution2009.de>).

*U. Schmid*

nächste Generation vererbt werden. Erst wenige Jahre nach Darwins Tod entdeckten der deutsche Anatom Wilhelm Roux (1883) und der Freiburger Zoologe August Weismann (1885), dass die Chromosomen im Zellkern der Keimzellen das Medium der Vererbung sind. Im Jahre 1915 erkannte der amerikanische Genetiker Thomas Morgan, dass die Erbmerkmale oder Gene nacheinander auf den Chromosomen angeordnet sind. Erst knapp fünfzig Jahre später beschrieben James Watson und Francis Crick die Doppelhelix-Struktur des Erbgutmoleküls DNS (engl. DNA), nachdem sie, ohne deren Zustimmung, Einsicht in Daten ihrer Kollegin und „Konkurrentin“ Rosalind Franklin bekommen hatten. 1980 erhielten Walter Gilbert und Frederick Sanger den Nobelpreis für die Bestimmung der Basenpaar-Sequenzen des genetischen Codes. Nur drei Jahre später erfand der Biochemiker Kary Mullis das Verfahren der Polymerase-Kettenreaktion (PCR), das durch die Vervielfältigung von Erbgutproben überhaupt erst eine systematische Untersuchung der Gene möglich machte. In kurzer Zeit können seitdem enorm viele Kopien der Originalprobe hergestellt werden, sodass genügend Untersuchungsmaterial zur Verfügung steht. Eine weitere Voraussetzung für die Auswertung der nun erschlossenen molekularen Merkmale war wegen der Menge der Daten und deren unanschaulicher Struktur auch die Verfügbarkeit leistungsfähiger Computersysteme und die Entwicklung geeigneter Programme. Erste molekulare Daten waren zwar schon lange vor den ersten Erbgutanalysen durch den Vergleich bestimmter Eiweißmoleküle bei verschiedenen Tiergruppen gewonnen worden, aber die Resultate blieben eher bescheiden und konnten die Leistungsfähigkeit vergleichender anatomischer Untersuchungen nicht erreichen. Eine Wende zeichnete sich erst Anfang der 1990er Jahre ab, als die amerikanischen Vogelkundler Sibley und Ahlquist mit-

tels sogenannter DNS-DNS-Hybridisierungen die Verwandtschaftsbeziehungen zahlreicher Vogelgruppen untersuchten. Diese erste molekulargenetische Methode in der Biosystematik hatte jedoch neben einigen anderen Schwächen den großen Nachteil, dass sie sich prinzipiell nicht für eine moderne stammesgeschichtliche Untersuchung mit der Henningschen Methode eignete. Dies änderte sich, als es gelang, die Abfolge des genetischen Codes zu entschlüsseln und dabei auch längere Erbgutabschnitte zu sequenzieren, das heißt, ihre exakte Basenfolge zu erfassen. Diese neue Quelle systematischer Merkmale war ungeheuer vielversprechend. Die genetischen Merkmale standen in enormer Anzahl zur Verfügung, selbst bei Organismen die bisher kaum verwertbare Unterschiede aufwiesen, wie z.B. Fadenwürmer und Einzeller. Die Merkmale bestehen nur aus der Abfolge von vier verschiedenen Basenpaaren im Doppelstrang des Erbgutes ▮ 57 und sind daher leichter zu interpretieren als komplexe anatomische Unterschiede, die oft durch oberflächliche Ähnlichkeiten in die Irre führen. Durch diesen einfachen und quasi digitalen Aufbau sind die sehr zahlreichen genetischen Merkmale zudem leicht mit Hilfe von Computerprogrammen auszuwerten. Dennoch lieferte die neue Molekularsystematik, trotz anfänglicher Euphorie, zunächst eher verwirrende und unzuverlässige Resultate, die viele traditionelle Biologen an dieser Methode zweifeln ließen. So wurde beispielsweise auf Grund solcher molekularer Untersuchungen postuliert, dass gut begründete Tiergruppen wie die Fledermäuse, die Wale oder die Robben in Wahrheit jeweils aus zwei nicht verwandten Teilgruppen bestünden, die nur zufällig (konvergent) eine ähnliche Gestalt entwickelt hätten. Die unterschiedlichen Fehlerquellen, die zu derart absurden Resultaten führten, wurden jedoch nach und nach erkannt und ausgefeilte Methoden entwickelt, wie die

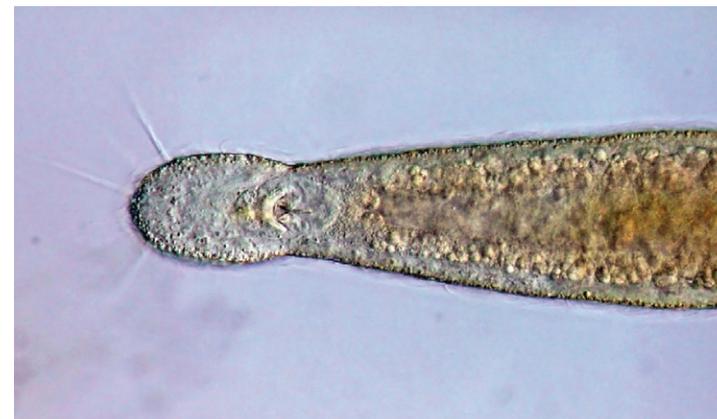
Ergebnisse der Erbgutuntersuchungen für zuverlässige Rekonstruktionen stammesgeschichtlicher Verwandtschaft genutzt werden können. Insbesondere die Verwendung von Wahrscheinlichkeitsabschätzungen („Maximum Likelihood“ und Bayes'sche Verfahren) sowie

die Verwendung extrem seltener Erbgutänderungen (z.B. „springende Gene“) führten in den letzten Jahren zu einer grundlegenden Revolutionierung unserer Kenntnisse des Stammbaumes der Lebewesen.

## Neue Stämme braucht das Land

Das Tierreich wird in der biologischen Systematik in 20–30 verschiedene Stämme unterteilt, die jeweils Großgruppen mit ähnlichem Grundbauplan umfassen. Solche Tierstämme sind beispielsweise die Weichtiere oder Mollusken (Schnecken, Muscheln, Tintenfische), die Gliederfüßer (Spinnentiere, Tausendfüßer, Krebse und Insekten) und die Wirbeltiere, zu denen auch wir Menschen zählen. Die meisten Tierstämme sind seit langem bekannt. Andererseits gab es selbst bei diesen Großgruppen in den letzten Jahrzehnten noch grundlegende Neuentdeckungen – ein deutliches Zeichen dafür, dass die biologische Vielfalt der Erde noch viele Geheimnisse birgt und noch lange nicht hinreichend erforscht ist. Einer der jüngst entdeckten Tierstämme sind die wurmförmigen Kiefermündchen (Gnathostomulida) ▮ 134, die 1972 als eigener

Stamm beschrieben wurden, wenngleich die ersten Exemplare schon 1928 gefunden worden waren. Es war daher eine große Überraschung, als im letzten Viertel des 20. Jahrhunderts gleich drei neue Tierstämme meereslebender Wirbelloser von dem dänischen Zoologen Reinhardt Møbjerg Kristensen entdeckt und beschrieben werden konnten. Als erstes beschrieb er 1983 die Korsetttierchen (Loricifera) ▮ 135, die allerdings schon seit den 1970er Jahren bekannt waren. Diese winzigen Meereslebewesen aus dem Sandlückensystem gehören zur näheren Verwandtschaft der Priapwürmer (Priapula) innerhalb der Gruppe der Häutungstiere (Ecdysozoa), zu denen auch noch die Fadenwürmer und Gliederfüßer zählen. Im Jahre 1995 entdeckte Kristensen die merkwürdigen Cycliophora ▮ 136, die noch immer keinen deutschen Namen besitzen.



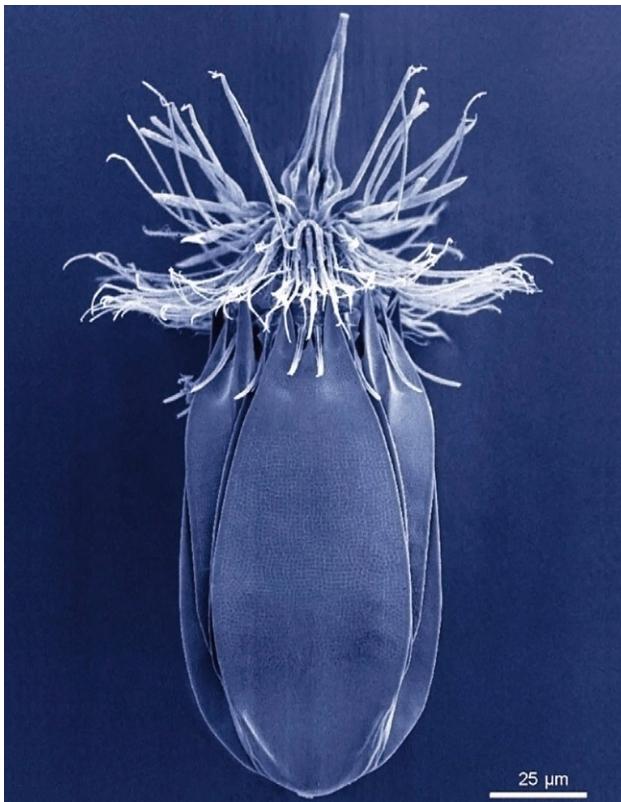
▮ 134 Die Kiefermündchen oder Gnathostomulida (*Onychognathia rhombocephala*) galten früher als enge Verwandte der Plattwürmer, stehen aber den Rädertierchen sehr viel näher.

Sie leben festgewachsen und symbiontisch auf den Mundwerkzeugen von Hummern im Atlantischen Ozean. Die Verwandtschaftsbeziehungen dieser neuen Tiergruppe waren zunächst sehr umstritten und sie wurden mit den Plattwürmern oder den Moostierchen (Bryozoa) sowie den Kelchwürmern (Kamptozoa) in Verbindung gebracht. Als jüngster neuer Tierstamm wurden die Micrognathozoa ▮ 137, gleichfalls noch ohne deutschen Namen, erst zur Jahrtausendwende beschrieben. Es handelt sich um winzige, wurmförmige Bewohner warmer Süßwasserquellen in der grönländischen Arktis und der Subantarktis, die schon 1994 entdeckt worden waren. Neuere molekulargenetische Untersuchungen deuten an, dass sowohl die Cyclophora als auch die Micrognathozoa zur näheren Verwandtschaft

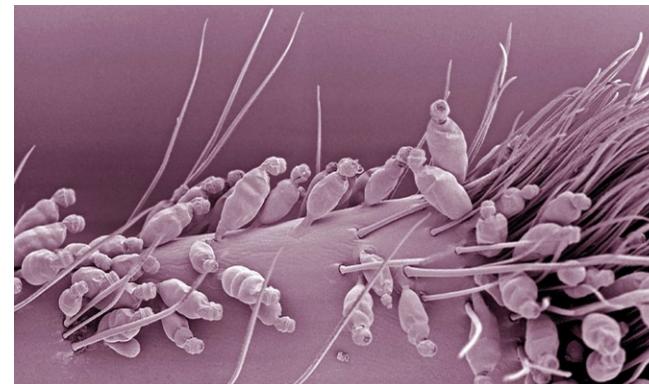
der Kiefermündchen, Rädertierchen und Kratzwürmer gehören und mit diesen gemeinsam eine monophyletische Gruppe bilden, die durch den Besitz eines auffälligen Kieferapparates gekennzeichnet ist. Aber nicht nur unter den Tieren gab es bedeutende neue Entdeckungen: Bei den zellkernlosen Einzellern wurden 1996 und 2002 zwei neue Großgruppen der Archaeobakterien beschrieben, und unter den einzelligen Algen sind die erst 2007 entdeckten Picobiliphyta eine wichtige neue Gruppe fotosynthetischen Kleinplanktons. Selbst bei den Viren, deren Status als Lebewesen durchaus fraglich ist, gab es eine Sensation, als sich ein Wesen, das 1992 als vermeintliches Bakterium aus einer Amöbe beschrieben worden war, im Jahr 2003 als bislang größtes bekanntes

Virus entpuppte und Mimivirus getauft wurde. Man vermutet, dass Mimivirus zu einer Gruppe von Protolebewesen gehört, die noch vor den zellulären Lebensformen entstanden sind. Außerdem wird wegen verschiedener Ähnlichkeiten zwischen Mimivirus und dem Zellkern der höheren Zellen spekuliert, dass der Zellkern ursprünglich vielleicht ein Mimivirus-ähnlicher Eindringling in frühen Ur-Zellen war, der vom Parasiten zum Symbionten und schließlich zum integralen Zellbestandteil wurde. Durch neue Forschungsergebnisse wurden jedoch nicht nur neue Stämme von Lebewesen entdeckt, sondern auch ein paar bekannte Stämme wieder „abgeschafft“. Beispielsweise wurden die beiden früheren Tierstämme der 1914 entdeckten Bartwürmer (Pogonophora)

und der Riesenröhrenwürmer (Vestimentifera), die 1977 an heißen Tiefseequellen („Schwarze Raucher“) gefunden wurden, zu einer simplen Familie der Meeresringelwürmer herabgestuft. Zuvor hatte man irrtümlich vermutet, dass sie als gesonderte Tiergruppe zu den Neumundtieren gehören, also zur weiteren Verwandtschaft der Wirbeltiere. Auch die ehemaligen Tierstämme der Igelwürmer (Echiura) und der Spritzwürmer (Sipuncula) ▮ 142, beides meereslebende Tiergruppen, wurden in jüngster Zeit durch molekulargenetische Untersuchungen als abgewandelte Ringelwürmer erkannt. Hinsichtlich der Igelwürmer hatte man dies schon länger vermutet, während für die Spritzwürmer öfters eine Verwandtschaft mit den Weichtieren diskutiert worden war.



▮ 135 Die Korsettierchen oder Loricifera (*Nanalaricus* unter dem Rasterelektronenmikroskop) wurden erst 1983 wissenschaftlich beschrieben.



▮ 136 Eine Kolonie der rädertierähnlichen Cyclophora (*Symbion pandora*) auf den Mundwerkzeugen eines Hummers (Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme).



▮ 137 Die Micrognathozoa (*Limnognathia maerski*) sind ein neuentdeckter Tierstamm aus der weiteren Verwandtschaft der Kiefermündchen und Rädertierchen.

## Problemtiere finden ein Zuhause

Eine ganze Reihe von Lebewesen konnte von Biologen trotz intensiver Bemühungen lange Zeit mit keiner der bekannten Großgruppen in Verbindung gebracht werden. Sie mussten daher als isolierte Organismen von problematischer Stellung angesehen werden. Durch das Auffinden vormals unbekannter anatomischer und molekulargenetischer Übereinstimmungen konnten inzwischen jedoch in vielen Fällen die tatsächlichen Verwandtschaftsbeziehungen aufgeklärt werden. Vier Paradebeispiele seien hierfür kurz erwähnt:

Die Myxozoa ▮ 138 sind einzellige Parasiten bei verschiedenen Süß- und Meerwassertieren. Zur Weiterverbreitung bilden sie zwei- bis vierzellige Sporenkapseln. Aus diesem Grunde wurden sie früher mit den einzelligen Sporentierchen (Sporozoa oder Apicomplexa) zusammengefasst. Neuere Untersuchungen haben jedoch ergeben, dass es sich bei den Myxozoa um vereinfachte Nesseltiere (Cnidaria) aus der Verwandtschaft der Quallen handelt und ihre Sporenkapseln wohl umgebildete Nesselorgane sind. Mit den einzelligen Sporentierchen sind sie zweifellos nicht verwandt.

Ein weiteres Problemtier hat den kuriosen Gattungsnamen *Buddenbrockia* ▮ 139, 140 und wurde schon 1910 beschrieben. Es handelt sich um einen wurmförmigen vielzelligen Organismus, der in Moostierchen, Amphibien und Reptilien parasitiert. Er besitzt weder einen Verdauungstrakt noch ein zentrales Nervensystem und galt lange Zeit als eines der rätselhaftesten Tiere überhaupt. *Buddenbrockia* besitzt einen Hautmuskelschlauch, der eigentlich ein typisches Kennzeichen der bilateral-symmetrischen höheren Tiere ist. Die Analyse des Erbgutes hat jedoch gezeigt, dass *Buddenbrockia* zu den zuvor besprochenen Myxozoa zu zählen ist und somit, wie diese, zu den radiär-symmetrischen

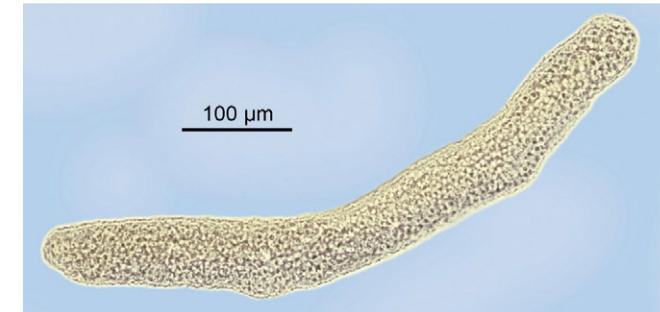
Nesseltieren (Nesselquallen und Seeanemonen) gehört.

*Xenoturbella* ist eine Gattung meereslebender Plattwürmer, die lediglich zwei Arten umfasst. Der Körperbau ist extrem einfach und es fehlen sowohl Gehirn als auch Nieren, After und Geschlechtsorgane. Seit seiner Entdeckung im Jahre 1949 war *Xenoturbella* ein großes Rätsel für die Systematiker, die diesen Organismus meist entweder zu den Plattwürmern im engeren Sinne, oder zu den plattwurmartigen Acoelomorpha stellten, die heute als die primitivsten bilateral-symmetrischen Vielzeller gelten. Kurzzeitig glaubte man, *Xenoturbella* als ein vereinfachtes Weichtier, also als einen Verwandten der Schnecken und Muscheln, identifiziert zu haben, aber dann stellte sich heraus, dass die untersuchte Erbsubstanz nicht von dem Problemtier selbst, sondern nur von seiner Nahrung stammte. Neueste Erbgutanalysen deuten übereinstimmend darauf hin, dass *Xenoturbella* ein primitiver Verwandter der Neumundtiere (Deuterostomia) ist, also jener Tiergruppe, zu der neben Stachelhäutern und Seescheiden auch die Wirbeltiere zählen. Offenbar ist dieser rätselhafte Wurm also näher mit uns Menschen verwandt als mit den ihm oberflächlich doch so ähnlich sehenden Plattwürmern.

Die Microsporidien sind einzellige Parasiten in verschiedensten Tiergruppen. Sie gehören zu den kleinsten bekannten Einzellern mit Zellkern und zu denjenigen mit dem kürzesten Erbgut. Da ihnen zudem die Mitochondrien, also die „Energiekraftwerke“ unter den Zellbestandteilen, fehlen, wurde lange Zeit vermutet, dass es sich bei ihnen um besonders ursprüngliche und altertümliche Lebewesen handeln könnte. Die moderne Forschung hat jedoch gezeigt, dass diese Wesen lediglich extrem reduzierte Verwandte der Pilze sind,



▮ 138 Die Myxozoa (*Myxospore* von *Henneguya salminicola*) sind sekundär einzellige oder wenigzellige Verwandte der Quallen.



▮ 139 *Buddenbrockia plumatellae* ist ein wurmförmiges Nesseltier, das als Parasit in Moostierchen lebt.



▮ 140 Die stammesgeschichtliche Stellung von *Buddenbrockia plumatellae* war lange Zeit ein ungelöstes Rätsel (Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme).

deren sekundär vereinfachter Körperbau mit ihrer parasitischen Lebensweise zusammenhängt.

Trotz der erwähnten Fortschritte gibt es aber immer noch sogenannte „Problematica“ unter den Stämmen der vielzelligen Tiere, und der Stammbaum der Lebewesen kann wohl noch einige Zeit nicht als vollständig aufgeklärt

gelten. Eines der größten verbliebenen Rätsel stellen die Vertreter zweier Tierstämme dar, die früher unter dem Namen Mesozoa zusammengefasst wurden, wohl aber nicht näher miteinander verwandt sind. Sie sind durchweg winzige, sehr einfach gebaute, wurmförmige Parasiten von meereslebenden Wirbellosen und bestehen nur aus 20–30 Zellen. Vermutlich handelt es sich um sekundär

vereinfachte Formen, die von komplizierter gebauten Vorfahren (z.B. Plattwürmern) abstammen könnten. Eine eindeutige Zuordnung in die weitere Verwandtschaft anderer Tierstämme ist aber bislang selbst mit molekularbiologischen Methoden noch nicht gelungen. Ähnliches gilt für den Tierstamm der Bauchhärlinge (Gastrotricha) ▮ 141, winzige Wasserbewohner, die vielleicht mit den Häutungstieren (Fadenwurmartige und Gliedertiere) oder den Plattwurmartigen näher verwandt sind. Eine weitere Problemgruppe sind die im Plankton warmer Meere verbreiteten Pfeilwürmer (Chaetognatha). Auf Grund ihrer Embryonalentwicklung wurden sie oft zu den Neumundtieren gezählt, aber Erbgutuntersuchungen sprechen eher dafür, dass sie mit den Fadenwürmern innerhalb der Urmundtiere näher verwandt sind.

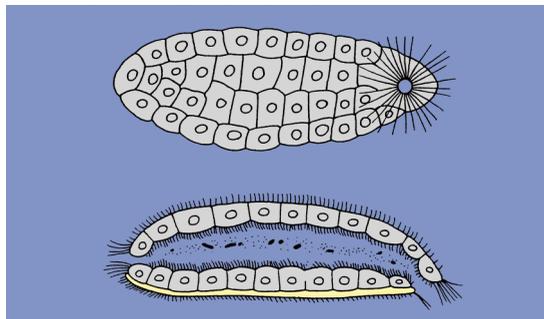
Abschließend noch ein Kuriosum: Das angeblich primitivste vielzellige Tier namens *Salinella salve* ▮ 143 wurde 1892 von Johannes Heinrich Frenzel aus dem Schlamm argentinischer Salzpflanzen detailliert mit vollständigem Entwicklungszyklus beschrieben. Später wurde sogar ein eigener Tierstamm für diesen Organismus errichtet. Leider konnte an einer Aufklärung der stammesgeschichtlichen Einordnung gar nicht mehr weiter geforscht werden, da dieses winzige Wesen nach seiner Erstbeschreibung niemals wieder gefunden wurde. Es wird daher vermutet, dass es vielleicht nur in der Fantasie des Entdeckers und niemals in freier Natur existiert hat.

▮ 143 Der mysteriöse Organismus *Salinella salve* existierte vielleicht nur in der Fantasie seines Erstbeschreibers.



▮ 141 Die systematische Einordnung der Bauchhärlinge oder Gastrotricha (*Dactylopodola*) ist noch immer nicht sicher geklärt.

▮ 142 Die Spritzwürmer (hier *Sipunculus aus Banyuls*) sind kein eigener Tierstamm, sondern nur umgebildete Meeresringelwürmer.



## Einzellig, aber nicht einförmig

Ein besonders wichtiges Problem in der modernen Stammesgeschichtsforschung war die Frage, welches die frühesten Aufspaltungsergebnisse in der Evolution der zellkernhaltigen Lebewesen (Eukaryota) waren, also aller Lebewesen mit Ausnahme der Bakterien und Archaeobakterien. Hierfür gab es im Wesentlichen zwei Alternativen: Entweder sie gliedern sich in eine Gruppe, der die Zellkraftwerke (Mitochondrien) noch fehlen (nur wenige Einzeller wie die Metamonaden) und eine große Gruppe, die diese besitzen, oder sie gliedern sich in eine Gruppe von Organismen, die von Einzellern mit einer einzigen Schwimmgeißel abstammen (Amöben, Pilze und Tiere)

und eine Gruppe, die von Einzellern mit zwei Schwimmgeißeln abstammen (übrige Einzeller, Braunalgen, Rotalgen und grüne Pflanzen). Die molekularen Untersuchungen, insbesondere durch den Protozoologen Thomas Cavalier-Smith, deuten alle darauf hin, dass die zweite Alternative zutrifft. Auch die übrigen Verwandtschaftsverhältnisse unter den Einzellern konnten großenteils geklärt werden, und es bestätigte sich, dass diese sogenannten Protozoen entgegen landläufiger Auffassung keine einheitliche Gruppe bilden, sondern sehr verschiedenartig sind und untereinander oftmals viel weniger verwandt sind als beispielsweise Pflanzen und Tiere.

## Die Pilze laufen den Pflanzen davon

Auch im Pflanzenreich konnten viele offene Fragen durch molekulargenetische Untersuchungen geklärt werden. Zum Beispiel erwies sich die tropische Pflanzengattung *Amborella* ▮ 144 aus Neukaledonien als die ertümlichste aller Blütenpflanzen. Sie ist in der Evolution also als erste ganz an der Basis des Stammbaumes der Blütenpflanzen abgezweigt, noch bevor alle anderen Gruppen der so vielgestaltigen Blütenpflanzen entstanden waren.

Es gab aber auch überraschende Widerlegungen bisheriger Auffassungen. So glaubte man lange Zeit, die Gnetum-Gewächse, zu denen das Meerträubel ▮ 145 und die südwestafrikanische Reliktpflanze *Welwitschia mirabilis* ▮ 146 gehören, seien die nächsten Verwandten der Blütenpflanzen unter den Nacktsamern. Die molekularen Daten zeigten



▮ 144 *Amborella trichopoda*, eine ertümliche Blütenpflanze aus Neukaledonien.

jedoch, dass die Nacktsamer entgegen den Erwartungen der Wissenschaftler doch eine monophyletische Gruppe sind und die Gnetum-Gewächse die nächsten Verwandten der Nadelgehölze darstellen.

Während die meisten Menschen sicher noch der Auffassung sind, dass es sich bei den Pilzen ▮ 147 lediglich um eine merkwürdige Teilgruppe des Pflanzenreiches handele, haben moderne Untersuchungen der Zellanatomie und auch molekulargenetische Daten enthüllt, dass die Pilze in Wahrheit näher mit den Tieren verwandt sind und mit diesen eine Verwandtschaftsgruppe bilden, die Opisthokonta genannt wird.

Die Flechten tauchen im modernen System der Lebewesen übrigens gar nicht mehr auf, da sie Mischwesen aus einem Pilzpartner und einem oder zwei symbiontischen Algenpartnern sind. Da diese Partner bei verschiedenen Flechtenarten zu unterschiedlichen Pilz- und Algengruppen gehören, werden sie heute bei ihren jeweiligen nächstverwandten Pilz- und Algengruppen eingeordnet.

▮ 146 Die Wüstenpflanze *Welwitschia mirabilis* aus Namibia kann ein Alter von mehr als 2000 Jahren erreichen. Ihr unterirdischer Stamm reicht metertief in den Sand.



▮ 145 Gnetum-Gewächse wie das Meerträubel (*Ephedra trifurca*) hielt man fälschlich für die nächsten Verwandten der Blütenpflanzen.

▮ 147 Der Sparrige Schüppling (*Pholiota squarrosa*) ist wie alle Pilze keine Pflanze, sondern näher mit den Tieren verwandt.



## Wirbellose Tiere – immer gut für Überraschungen

Am meisten Überraschungen gab es aber im System der vielzelligen Tiere. Man weiß zwar schon lange, dass die wasserlebenden Schwämme ▮ 148 urtümliche Tiere sind, hielt aber deren festsitzende und filtrierende Lebensweise für eine Sonderbildung der Schwämme, die ihre nähere Verwandtschaft begründet. Die Moleküle belehrten die Wissenschaftler eines Besseren: Die Schwämme sind keine monophyletische Einheit, sondern die Kalkschwämme sind mit den übrigen Tieren näher verwandt als die Kieselschwämme. Dies bedeutet aber auch, dass die Schwammgestalt zum Grundplan der Tiere gehört und alle Tiere, einschließlich des Menschen, von schwammartigen Vorfahren abstammen. Die nächste größere Überraschung betraf die Quallen. Wegen einiger auffälliger Übereinstimmungen im Zellbau galt inzwischen als Lehrbuchwissen, dass die Rippenquallen (Ctenophora) näher mit den höheren Tieren verwandt seien als die Nesseltiere (Cnidaria). Die Molekulargenetik zeigte zur Verwunderung aller Fachleute, dass es wohl eher genau umgekehrt ist.

Die übrigen Tiere – also alle mit Ausnahme der Schwammartigen und Quallenartigen –

bilden eine gut begründete Verwandtschaftsgruppe, die wegen ihrer ausgeprägten Rechts-Links-Symmetrie Bilateria benannt wurde. Eine der wichtigsten Fragen war natürlich, wie der Stammvater aller Bilateria und damit auch unser eigener Stammvater ausgesehen haben könnte, denn er hatte sicherlich wie die Quallen bereits die festgewachsene Schwamm-Lebensweise aufgegeben. Die Molekularsystematik zeigte, dass an der Basis des Bilateria-Stammbaumes die beiden primitiven Wurmfamilien Acoela und Nemertodermatida stehen, die früher zu den Plattwürmern gerechnet worden waren. Da auch an der Basis der beiden Untergruppen (Urmund- und Neumundtiere) der Bilateria jeweils noch plattwurmartige Formen stehen, muss man wohl davon ausgehen, dass der Urahn der Bilateria auch einem Plattwurm geähnelt haben dürfte. Auch der Mensch gehört zu den Bilateria und hat also nach einem Schwamm auch noch einen Plattwurm in seiner Ahnengalerie. Die Tatsache, dass wir gemeinsame Vorfahren mit den Menschenaffen haben, erscheint unter diesen Umständen als derartige Kleinigkeit, dass frühere Aufregungen darüber kaum noch nachvollziehbar sind.



▮ 148 Die Kieselschwämme (*Demospongiae*, hier *Halichondria* aus Papua-Neuguinea) sind sehr basale Vertreter der vielzelligen Tiere. Die Kalkschwämme sind nicht ihre nächsten Verwandten, sondern stehen den übrigen Tieren näher.

Ähnliche Aufregtheiten gibt es aber durchaus auch heute noch, und zwar unter Wissenschaftlern, wenn altehrwürdige Thesen plötzlich ins Wanken geraten. Zwei große ungelöste Rätsel unter den Wirbellosen führten im vergangenen Jahrzehnt daher zu sehr lebhaften Diskussionen unter den Spezialisten: Zum einen die Stellung der Gliederfüßer (Arthropoda), zum anderen die Stellung der Insekten innerhalb der Gliederfüßer. Hinsichtlich der Gliederfüßer hatte vor Anbruch der genetischen Untersuchungen kaum ein Zoologe Zweifel daran, dass diese mit den Ringelwürmern (Annelida) am nächsten verwandt sind. Man fasste sie als Gliedertiere zusammen, denn beide Gruppen besitzen einen in Segmente gegliederten Körper, der jeweils paarige innere Organe und oft auch paarige äußere Anhänge trägt. Stellt man beispielsweise einen Meeresringelwurm ▮ 149 einem Stummelfüßer oder Hundertfüßer gegenüber, sind die auffälligen Ähnlichkeiten offensichtlich. Es war durchaus bekannt, dass die Fadenwurmartigen (Nemathelminthen), genau wie die Gliederfüßer und im Gegensatz zu den Ringelwürmern, auch ein Wachstum mit

Häutungen aufweisen, das sogar durch sehr ähnliche Hormone gesteuert wird. Dies wurde aber als unabhängige Entwicklung gedeutet, da es sonst kaum Übereinstimmungen gab. Lediglich die winzigen Bärtierchen (Tardigrada) stellten ein gewisses Problem dar und wurden von manchen Systematikern eher den Fadenwurmverwandten zugerechnet, während die Mehrzahl ihrer Kollegen sie als primitive Gliederfüßer einstuftete. Die molekulargenetischen Untersuchungen führten jedoch zu einer grundsätzlichen Revolution in der Klassifikation der wirbellosen Tiere. Es stellte sich nämlich heraus, dass von den zwei bekannten Untergruppen, den Neumundtieren und den Urmundtieren, letztere wohl doch monophyletisch sind und wiederum in zwei Hauptgruppen unterteilt werden müssen: Zum einen die Lophotrochozoa, deren Frühentwicklung durch embryonale Spiralfurchung und eine planktonische Primärlarve gekennzeichnet ist. Zu ihnen gehören beispielsweise die Weichtiere, die Ringelwürmer und die Plattwürmer, aber auch die Hufeisenwürmer (Phoronida) und Armfüßer (Brachiopoda), die man früher eher den Neumundtieren zugeordnet hatte. Zum

▮ 149 Der Meeresringelwurm *Nereis succinea* sieht zwar aus wie ein Tausendfüßer, ist aber näher mit den Weichtieren verwandt.



anderen die Häutungstiere oder Ecdysozoa, welche die Fadenwurmartigen und die Gliederfüßer umfassen. Innerhalb der Gliederfüßer war ebenfalls Schulbuchwissen, dass die Insekten mit den Tausendfüßern ▮ 150 am nächsten verwandt seien, mit denen sie das Vorhandensein nur eines Antennenpaares und die Atmung über Hautröhrensysteme (Tracheen) teilen. Auch die artenreichste Tiergruppe erhielt jedoch durch die moderne Systematik einen neuen und unerwarteten Platz im Stammbaum: Die Insekten stammen nämlich nicht von landlebenden, tausendfüßerartigen Vorfahren ab, sondern sind abgewandelte Krebstiere. Dies belegen nicht nur ihre Gene, sondern auch moderne Untersuchungen zur Entwicklung des Nervensystems. Noch immer umstritten ist allerdings die Frage, ob die Tausendfüßer näher mit den Krebstieren (einschließlich Insekten) oder näher mit den Spinnentieren verwandt sind. Wie bereits mehrfach erwähnt wurde, sind die wirbellosen Tiere keine natürliche Verwandtschaftsgruppe, da der Wurm Xenotur-

▮ 150 Der Skolopender ist ein giftiger Riesenhundertfüßer. Entgegen früherer Ansichten sind die Tausend- und Hundertfüßer nicht die nächsten Verwandten der Insekten.



bella und die wirbellosen Vertreter der Neumundtiere, wie z.B. Kiemenlochtiere und Stachelhäuter sowie die Manteltiere und die schädellosen Lanzettfischchen, näher mit den Wirbeltieren als mit den übrigen Wirbellosen verwandt sind. Da innerhalb der Wirbeltierverwandtschaft die Manteltiere am Meeresboden festgewachsene Filtrierer sind und die Lanzettfischchen, wie der Name schon andeutet, fischähnliche, freischwimmende Lebewesen sind, galt als gesichert, dass letztere die nächsten Verwandten der Wirbeltiere seien. Aber aufs Neue hat die Molekularsystematik dazu geführt, dass sich die Biologen von einer liebgewonnenen Hypothese verabschieden mussten. Es zeigte sich nämlich, dass die Manteltiere ▮ 151, die immerhin über ein freischwimmendes Larvenstadium verfügen, näher mit uns verwandt sind als die Lanzettfischchen. In manchen Fällen können Tiere schon im Larvenstadium geschlechtsreif werden, wie z.B. der zu den Schwanzlurchen zählende Axolotl, und vielleicht stammen wir und alle anderen Wirbeltiere von einer geschlechtsreifen Manteltierlarve ab.

▮ 151 Seescheiden wie diese *Ciona intestinalis* aus dem Mittelmeer gehören zu den Manteltieren und damit zu den nächsten Verwandten der Wirbeltiere.



## Wirbeltiere – der Nebel lichtet sich

In jüngster Vergangenheit hat die moderne Stammesgeschichtsforschung durch Erbgutvergleiche auch innerhalb der Wirbeltiere zu beachtlichen Erfolgen geführt. Zahlreiche Rätsel konnten entschlüsselt und viele fehlerhafte Hypothesen der Vergangenheit entlarvt und korrigiert werden. Hier einige der wichtigsten Ergebnisse:

Bei den „**Fischen**“, die keine natürliche Verwandtschaftsgruppe bilden, hat sich gezeigt, dass die ursprünglichsten Formen, die kieferlosen Schleimfische und Neunaugen, wohl doch eine monophyletische Gruppe bilden (Rundmäuler) ▮ 152. Lange Zeit hatte man wegen einiger anatomischer Übereinstimmungen geglaubt, dass die Neunaugen näher mit den kiefertragenden Wirbeltieren als mit den Schleimfischen verwandt seien.

▮ 152 Das Flussneunauge (*Lampetra fluviatilis*) ist kein Fisch im engeren Sinne, sondern zählt zu den Rundmäulern. Diese sind die ursprünglichsten Vertreter der Wirbeltiere.



▮ 153 Der fossile Meerengel *Pseudorhina acanthoderma* aus dem Oberen Jura von Nusplingen ist ein rochenähnlicher Hai.



Ebenso überraschend war die molekulare „Rehabilitierung“ der Haie als monophyletische Gruppe, denn kaum ein Spezialist hatte zuvor noch daran gezweifelt, dass einige Haigruppen, wie z.B. die Meerengel ▮ 153, innerhalb der Knorpelfische näher mit den Rochen verwandt sind. Entsprechende rochenartige Übereinstimmungen müssen folglich unabhängig (konvergent) in der Evolution entstanden sein.

Innerhalb der **Amphibien** ist immer noch nicht endgültig geklärt, wie die drei Hauptgruppen (Froschlurche, Schwanzlurche und Schleichenlurche oder Blindwühlen ▮ 154) untereinander verwandt sind. Der Stammbaum der sehr formenreichen Froschlurche kann hingegen als weitgehend aufgeklärt gelten.

Innerhalb der Verwandtschaft der **Echsen** nahm man seit langem an, dass die Warane und die Schlangen sehr nahe Verwandte seien, da beide eine tief gespaltene Zunge besitzen. Molekulare Untersuchungen zeigten hingegen, dass die Waranartigen (Warane ▮ 156, Taubwarane und Krustenechsen) näher mit den Leguanartigen (Leguane, Agamen und Chamaeleons ▮ 155) verwandt sind und diese erst gemeinsam die Schwestergruppe zu den Schlangen ▮ 157 bilden. Alle diese Reptilien wurden unter dem Namen Toxicofera – also Giftträger – zusammengefasst, da sich herausstellte, dass nicht nur Giftschlangen und Krustenechsen in der Mundhöhle Gifte produzieren, sondern diese Fähigkeit in mehr oder minder starker Ausprägung bei allen erwähnten Echsen zu finden ist. Geklärt ist endlich auch die Stellung der bein-

losen Doppelschleichen ▮ 158, die früher als mögliche Verwandte der Schlangen diskutiert wurden. Sie sind jedoch die nächsten Verwandten der echten Eidechsen. Die Stellung der Schildkröten galt eigentlich schon als geklärt. Schildkröten besitzen nämlich keine Schädelfenster, im Gegensatz zu allen heutigen Echsen, Schlangen, Krokodilen, Vögeln und Säugetieren, aber auch im Gegensatz zu zahlreichen ausgestorbenen Wirbeltiergruppen wie Flugsauriern und Dinosauriern. Dies schien ein sehr ursprünglicher Merkmalszustand zu sein, den man sonst nur von den frühesten ausgestorbenen Landwirbeltieren kennt. Aus diesem Grunde betrachtete man die Schildkröten als letzte Überlebende dieser frühen schädelfensterlosen Landwirbeltiere. Erste Zweifel keimten bereits durch genauere anatomische Untersuchungen der Augenmus-



▮ 154 Die Ringelwühle *Anops kingii* aus Südamerika gehört zu den Schleichenlurchen (Gymnophiona).



▮ 155 Das Wüstenchamaeleon *Chamaeleo namaquensis* aus der Namib-Wüste.



▮ 156 Warane, wie der Bindenwaran (*Varanus salvator*) aus Borneo, haben einen schwach giftigen Biss, sind aber weniger nahe mit den Schlangen verwandt als bislang vermutet wurde.



▮ 157 Eine Gehörnte Puffotter (*Bitis caudalis*) aus der Namib-Wüste ist eine gefürchtete Giftschlange.



▮ 158 Eine Doppelschleiche *Blanus strauchi* aus Izmir in der Türkei. Sie ist entgegen früherer Vermutungen nicht mit den Schlangen verwandt, sondern mit den Eidechsen.



▮ 159 Krokodile (hier der südamerikanische Kaiman *Caiman crocodilus*) sind die nächsten lebenden Verwandten der Vögel.

kulatur auf, die auffallende Übereinstimmungen zu Krokodilen und Vögeln zeigte, die gemeinsam mit den Dinosauriern eine monophyletische Gruppe bilden. Molekulargenetische Hinweise bestätigten inzwischen die nähere Verwandtschaft der Schildkröten mit den Krokodilen und Vögeln.

Hinsichtlich der Klassifikation der Großgruppen waren die **Vögel** lange Zeit diejenige Wirbeltierklasse, deren interne Verwandtschaftsbeziehungen am schlechtesten bekannt waren. Zudem deutete sich immer mehr an, dass selbst viele der traditionellen Vogelordnungen keine natürlichen Verwandtschaftsgruppen darstellten. Molekulare Ergebnisse bestätigten zumindest die Aufteilung der

Vögel in Urkiefervögel (Straußenvögel, Kiwis und Steiſhühner) und Neukiefervögel (alle übrigen Vögel) sowie die Aufteilung der Neukiefervögel in Hühner- und Entenvögel zum einen und Neoaves (alle übrigen Neukiefervögel) zum anderen. Mittels molekularer Untersuchungen hat sich in jüngster Zeit auch der Stammbaum der modernen Vögel noch weiter aufklären lassen. Beispielsweise erwiesen sich die Flamingos nicht als Verwandte der Entenvögel, sondern der Haubentaucher. Der afrikanische Schuhschnabel ▮ 163 entpuppte sich als nächster Verwandter des Pelikans ▮ 161, und die Neuweltgeier sind wohl doch mit den Taggreifvögeln näher verwandt als mit den Störchen. Frühere Ergebnisse auf der



▮ 160 Das Helmpferlhuhn (*Numida meleagris*) aus Namibia gehört zu den Hühnervögeln.

Grundlage von DNS-Hybridisation hatten Gegenteiliges vermuten lassen. Es verbleiben daher nur mehr wenige größere Problemfälle, wie z.B. die Stellung des südamerikanischen Schopfhuhnes oder Hoatzins ┐ 162, das wegen der Flügelkrallen bei den Jungvögeln entfernt an den ausgestorbenen Urvogel *Archaeopteryx* erinnert.

Ein wichtiger Fortschritt für die systematische Stellung der Vögel insgesamt kam freilich nicht aus der Molekularbiologie, sondern aus der Paläontologie. Moderne kladistische Untersuchungsmethoden und neue Fossilfunde befiederter Dinosaurier aus der Kreidezeit Chinas bestätigten nämlich, dass die Vögel nichts anderes sind als eine abgewandelte Teilgruppe der zweibeinigen Raubdinosaurier. Dies bedeutet: Die Dinosaurier sind gar nicht ausgestorben, sondern sie sind noch immer eine der erfolgreichsten Wirbeltiergruppen!

Auch bei den **Säugetieren** gab es Revolutionen. So hatte man bislang angenommen, die Huftiere seien vielleicht eine Verwandtschaftsgruppe und die Unpaarhufer gemeinsam mit den Klippschliefern die nächsten Verwandten der Seekühe und Elefanten. Die molekulargenetischen Ergebnisse zeigten, dass dies sicher unzutreffend ist. Die verschiedenen

┐ 161 *Rosapelikane* (*Pelecanus onocrotalus*), Walvis-Bay, Namibia.

┐ 162 Die stammesgeschichtliche Einordnung des südamerikanischen Hoatzins (*Opisthocomus hoazin*) ist noch völlig ungeklärt.

┐ 163 Der afrikanische Schuhschnabel (*Balaeniceps rex*) ist sehr nahe mit den Pelikanen verwandt.



Huftierordnungen (Paarhufer, Unpaarhufer, Elefanten etc.) sind nicht näher miteinander verwandt. Stattdessen fand man eine monophyletische Gruppe vorwiegend afrikanischer Herkunft, die Afrotheria genannt wurde und die so verschiedenartige Tiere wie Rüsselspringer ┐ 164, Erdferkel ┐ 168, Goldmulle ┐ 167, Tenreks ┐ 165, 166, Klippschliefer, Seekühe und Elefanten umfasst. Diese Verwandtschaftsgruppe weist kaum spezifische anatomische Übereinstimmungen auf und wäre daher ohne die moderne Molekularsystematik niemals entdeckt worden.

Die neuweltlichen Nebengelenktiere (Gürteltiere, Ameisenbären und Faultiere) sind vermutlich die nächsten Verwandten der Afrotheria. Das steht früheren Annahmen gegenüber, sie seien näher mit den altweltlichen Schuppentieren verwandt, mit denen sie als „Zahnarme“ an der Basis der modernen Säugetiere zusammengefasst worden waren. Alle übrigen Säugetiere bilden ebenfalls eine natürliche Einheit. Innerhalb dieser Einheit zählen wir selbst zur einer artenreichen Teilgruppe, die Hasenartige, Nagetiere, Spitzhörnchen, Riesengleiter ┐ 169 und Primaten umfasst, entgegen früheren Auffassungen aber nicht

┐ 164 Der Kurzzohr-Rüsselspringer (*Macroscelides proboscideus*) ist ein Mitglied der Afrotheria, zu denen auch Schliefer, Seekühe und Elefanten gehören.

┐ 165 Verschiedene Arten von Tenreks, hier ein Kurzschwanz-Spitzmaustenrek (*Microgale taiva*) repräsentieren die Afrotheria auf Madagaskar.

┐ 166 Der Igeltenrek (*Setifer setosus*) gleicht unserem Igel, ohne mit diesem verwandt zu sein.



# Kreationismus und „Intelligentes Design“

Hansjörg Hemminger

Die Geschichte des neuzeitlichen Kreationismus beginnt in der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts in den USA. Konservative protestantische Kreise reagierten damals auf den Wissenschafts- und Fortschrittsglauben der Zeit mit einer Gegenbewegung. Ihr Ausdruck wurde die zwischen 1910 und 1915 in zwölf Heften erschienene und in Millionenaufgabe verbreitete Schriftenreihe: „The Fundamentals – a Testimony to the Truth“. Durch diese Reihe wurde der Begriff „Fundamentalismus“ geprägt.

## Evolutionstheorie contra Schöpfungsglaube

Die vom Bible Institute of Los Angeles herausgegebenen „Fundamentals“ umfassen insgesamt 90 Essays, darunter in Band I, Kapitel 14 eine Abhandlung des kanadischen Autors Dyon Hague über die biblischen Schöpfungserzählungen: „Das Buch Genesis hat keine Bedeutung für die christliche Lehre, wenn es keine Autorität hat. Das Buch Genesis hat keine Autorität, wenn es nicht wahr ist. Wenn es nicht historisch ist, ist es nicht zuverlässig; und wenn es nicht offenbart ist, hat es keine Autorität.“ Dazu Henry H. Beach in Band IV, Kapitel 5: „Durch natürliche Selektion überleben die Leidenschaftlichen und die Gewalttätigen, die Schwachen und Schutzlosen werden vernichtet ... Es ist falsch, dass der Mensch von einem Tier abstammt, und das Tier von einem Gemüse ... Natürliche Selektion ist in sich widersprüchlich und unmöglich ...“

Die Idee von der Unfehlbarkeit und Irrtumslosigkeit der Heiligen Schrift spielte für diese Autoren eine Schlüsselrolle. Sie sicherte – wie man meinte – nicht nur den christlichen Glauben, sondern die „Old-Time Religion“, also die geordnete, angeblich gottgefällige Lebensweise des weißen Kleinbürgertums. Das Bekenntnis zur Bibel wurde deshalb in den USA zu einem politischen Programm. Absolut richtige Antworten auf Fragen politischer, moralischer, rechtlicher oder wissenschaftlicher Art wurden der Heiligen Schrift entnommen. Der Kreationismus entwickelte sich aus dieser Frontstellung heraus. Heute dominiert eine bestimmte Form, nämlich der Kurzzeit-Kreationismus (young earth creationism). Er beruht

die Fledermäuse. Apropos Fledermäuse: Auf Grund ihrer Genmerkmale gehören diese zu einer weiteren überraschenden Neuentdeckung, nämlich einer monophyletischen Einheit, die den fantasievollen Namen Pegasoferae erhielt und auch die Unpaarhufer, Schuppentiere und Raubtiere einschließt. Als letzte Überraschung durch die Molekularsystematik sei erwähnt, dass sich die Wale als nächste Verwandte der Flusspferde innerhalb der Paarhufer erwiesen, wofür der kuriose gemeinsame Name Whippomorpha vorgeschlagen wurde. Dass Wale von Paarhufern abstammen, war

zuvor bereits durch Funde fossiler Wal-Ahnen (z.B. Pakicetus) aus dem Eozän von Pakistan und Indien erkannt worden, die ein paarhuferartiges Beinskelett besaßen. Hinsichtlich unserer eigenen Verwandtschaft hat sich die vieldiskutierte Frage ob wir mit Schimpanse und Gorilla gemeinsam, oder doch nur mit dem Schimpansen am nächsten verwandt sind, zu Gunsten der zweiten Alternative entschieden. Weitere neue Erkenntnisse zur Abstammung des Menschen werden in einem gesonderten Kapitel ausführlicher dargestellt S.136.



167 Die Goldmulle, hier der Kapgoldmull (*Chrysochloris asiatica*) aus dem südlichen Afrika, sind innerhalb der Afrotheria am nächsten mit den madagassischen Tenreks verwandt.

168 Gemeinsam mit den zuvor abgebildeten Rüsselspringern, Goldmullen und Tenreks zählt das merkwürdige afrikanische Erdferkel (*Orycteropus afer*) zur Gruppe der Afroinsectiphilia.

169 Der Riesengleiter oder Colugo (*Cynocephalus variegatus*) aus Südostasien ist ein Verwandter der Primaten.

