

FH

BIOINFORMATIK PHYLOGENESE

NIKOLAS REICHARDT

**FACHRICHTUNG : WIRTSCHAFTSINFORMATIK
VERWALTUNGSSEMESTER : 3
FACHSEMESTER : 5**

- **Ausarbeitung zum Vortrag vom 06.12**

WWEDEL

Inhaltsverzeichnis

Seite

1. Einführung	2
2. Basiswissen	3
2.1 Phylogene se	3
2.2 Phylonegetische Bäume	3
3. Maße des Universums	4
4. Entstehung von Leben	4
5. Evolution zu dem Menschen	6
6. Phylogenetische Bäume	7
6.1 Objektive Beschreibung	7
6.2 Darstellungsformen	8
6.3 Gruppierungen	13
6.4 Beweisführung	14
6.5 Zeitkalkulation	15
7. Evolution heutzutage	16
8. Zukunft der Phylogenetischen Bäume	17
9. Abschluss	18
Quellenverzeichnis	19

1. Einführung

Die Forschung hat bewiesen, dass Amphibien, Reptilien, Vögel als auch Säugetieren die gleichen Lebenszyklen vor ihrer Geburt durchlaufen. Sie alle kommen aus einer Eizelle, die befruchtet wird und anschließend in die „phylogotypic stage“¹ heranwächst. So hat der Mensch im Laufe seiner Entwicklung zum Fötus mehrere animalische Eigenschaften. Beispielsweise bildet er wie die meisten Tiere eine Zeitlang einen Schwanz, wie Vögel, Reptilien oder Amphibien eine Kloake, einen beim Affen vorgekommenen Zwischenkieferknochen, einen bei Fischen zu findenden Kiemenbogen (der sich zum Unterkiefer entwickelt) bis hin zu einem Zustand, in dem der Mensch schwer von Hunden, Eidechsen, Schildkröten oder Hühnern zu unterscheiden ist.

Die Evolution steckt also dem Menschen noch tief in seinen Genen.

Das Thema Phylogenie behandelt den Prozess der Evolution, welches des Öfteren mit seinen Forschungsergebnissen ein Weltbild zusammenfallen lässt. Es haben jüngste Kenntnisse gezeigt, dass der Mensch vom Affen abstammt und dieser sogar dem Schimpanse in ca. 99% seiner DNA ähnelt. Außerdem konnte bspw. durch die Phylogenie das HIV Virus identifiziert werden und Präventionen getroffen werden, um eine Ausbreitung zu mindern.

Die Phylogenie ist ein Forschungsgebiet, welches allgemeines Interesse weckt, da man als Mensch und Teilnehmer der Evolution selbst betroffen ist, aber auch auf hohem Forschungsniveau täglich seine Verwendung findet.

1.2 Präzision der Aufgabenstellung

In dieser Ausarbeitung wird ein Bezug zur Evolution und ihrer Repräsentation hergestellt. Dieser Bezug soll zusammen mit der Fortsetzung von Timo Jakobs das Thema Phylogenetische Bäume behandeln und einen Einblick in den Themenbereich der Phylogenie gewähren.

In diesem Abschnitt der Ausarbeitung werden grundlegende Kenntnisse der Evolution dargestellt und miteinander verbunden. Es soll ein einfaches Verständnis der Praxis der Phylogenie (mit ihren Phylogenetischen Bäumen) und der informativen Phylogenetik vermittelt werden. Das Themengebiet der Phylogenie erstreckt sich über die Anfänge des Lebens mit ihrer Entwicklung in der bekannten Lebenszeit bis hin zu dem heutigen Stand der Evolution.

Es wird anfangs Bezug zu den Basisinformationen der Phylogenie und somit der Evolution genommen. Anschließend wird ein Kontext der Evolution präsentiert, welcher ein Bild von dem Prozess der Evolution vermittelt und sich mit dem Ablauf derselben beschäftigt. Mit diesem Wissen geht es fließend in die Darsteller der Evolution anhand von Baumdiagrammen über, in dem kritische Punkte zu verschiedenen Baumtypen ergründet werden. Abschließend wird der aktuelle Stand der Evolution beleuchtet und die Zukunft der Phylogenie diskutiert.

¹ ein Zeitpunkt wo ein Embryo seine typischen Merkmale entwickelt.

² Online Recherchen (2)

2. Basiswissen

2.1 Phylogenese:

Die Phylogenese bezeichnet den Prozess in dem gemeinsame Stammarten durch Artenaufspaltung neue Artengruppen bilden. Eine Art oder Spezies gilt als eine monophyletische Abstammungsgesellschaft aus einer bis vielen Populationen. Eine Population wiederum kann eine Ansammlung verschiedener Individuen einer Art sein. Fortlaufend kann die Theorie der Phylogenese als äquivalent zur Evolution angesehen werden.

Die Lehre der evolutionären Vergangenheit der Gesamtheit aller Lebewesen als auch ihre Beziehungen untereinander wird Phylogenetik genannt.

Phylogenetik beschäftigt sich ausschließlich mit der Erhebung von Daten, die auf weitere Schlüsse und Forschungen im Bezug auf die evolutionäre Entwicklung von Stammarten schließen lassen. So wertet die Phylogenetik morphologische und anatomische Merkmale von Fossilien aus, um die Fossilien zu analysieren, vergleicht Merkmale von Lebewesen, um sie zu gruppieren sowie analysiert molekulargenetisch die DNA durch DNA-Sequenzanalysen.

Die Phylogenetik ist die operative Kraft der Phylogenese, um Daten zu erheben und evolutionäre Vergangenheiten zu rekonstruieren.

Es kann klar behauptet werden, dass die Evolution eine Voraussetzung für die Phylogenetik ist.

Das Gegenstück zu der Phylogenese ist die Ontogenese, welche die Entwicklung einzelner Individuen einer Art analysiert.

Das Forschungsgebiet der Phylogenese wird meist auch als Phylogenie oder Stammesgeschichte bezeichnet.

2.2 Phylogenetischer Baum:

Der Phylogenetische Baum ist ein Werkzeug der Phylogenese und wird als Darstellungsobjekt und Zuweisungsobjekt benutzt. Der Baum dient als Repräsentation von Verwandtschaftsverhältnissen von Arten und kann verschiedene Darstellungsformen (je nach gefordertem Maße) annehmen. Für verschiedene Bereiche in der Biologie gibt es verschiedene Baumarten, je nachdem was ein Wissenschaftler aufzeigen möchte. Es kann beispielsweise von einer einfachen Darstellung der Beziehung zwischen verschiedenen Arten bis hin zu einer aussagekräftigen Maßeinheit alles dargestellt werden, was eine Art in einen Kontext stellen und somit vergleichen kann.

3. Maße des Universums

Die Evolution auf der Erde ist ein bemerkenswerter Prozess der Anpassung und Vielfalt. Ein Prozess, der obgleich er manchmal ungerecht erscheint, keinen auslöst und keinen verschont. Bevor jedoch der Mensch als die Krone der Schöpfung angesehen werden kann, sollte ein Blick auf den Kontext und somit unseren Lebensraum geworfen werden. Die Erde ist als Planet mit einem Durchmesser von 12.700km ein sehr großes Objekt. Doch in welchem Verhältnis wird die Erde betrachtet?

Wird die Größe eines normalen Durchschnittsmenschen betrachtet, so bildet die Erde eine erstaunliche Größe ab. Als Krone der Schöpfung ist dies eigentlich als solider Vergleich anzusehen. Die Erde ist jedoch als Planet alles andere als riesig und verglichen mit der Galaxie, in welcher sie sich befindet, noch weniger als groß.

Wird die Erde mit der Milchstraßen Galaxie verglichen, so füllt die Erde nicht einmal 0.000000000001% der Milchstraße aus². Wird wiederum ein Vergleich der Milchstraße zu der lokalen Galaxiengruppe geführt, so fällt erneut eine enorme Winzigkeit der Milchstraße auf.

Mit dieser Kenntnis kann sich erneut dem Thema der Phylogeneese gewidmet werden und dem Wissen, dass auch wenn etwas nicht wirklich wahrgenommen werden kann, sei es zu klein oder zu groß für das menschliche Auge, gewiss gesagt werden kann, dass alles einen Ursprung hat und eine Art Evolution mit sich führt.

4. Entstehung von Leben

Jedes Lebewesen hat seinen Ursprung und somit gibt es auch einen Ursprung des Lebens. Einen Anfang der Evolution und notwendige Vorgeschichte der Entwicklung von Lebewesen, wie wir sie heute kennen.

Doch wie entstand das Leben auf der Erde?

Für die Entstehung des Lebens auf der Erde gibt es mehrere Theorien, welche noch nicht bewiesen werden konnten. Die Schwierigkeit für die Verifizierungen der Theorien ist die vergangene Zeit und anknüpfend die Problematik mit der Rekonstruktion von den ersten Lebensformen. Da das erste Leben auf Erden nur mit Einzellern repräsentiert wurde, erlangen wir heutzutage fast keine Fossilien und Daten mehr über die eigentliche Entwicklung.

Was der Mensch jedoch weiß, ist, dass das Leben sehr wahrscheinlich mit den Grundbausteinen der Aminosäuren vor 4 Milliarden Jahren entstand.

Ein weiteres Fundament für das Leben heutzutage sind Meteoriteneinschläge. Die Erde wurde vor rund 3,8 Milliarden Jahren von einem großen Meteoritenfeld gestreift, welches Meteoriteneinschläge für 20 Millionen Jahre zur Folge hatte. Bedingt durch den Meteoriteneinschlag konnte das Wasser verdunsten und somit Erdschichten freigelegt werden. Diese Erdschichten ermöglichten es den ersten Lebewesen des Wassers auf das Land auszuweichen und somit neue Gliedmaßen zu bilden. Eine weitere Annahme der Meteoriteneinschläge ist, dass durch den Meteoriten Chemische Substanzen auf die Erde

² Online Recherchen (2)

gelangt sind und mit weiteren Verbindungen die ersten Lebewesen gezeugt werden konnten.

Dies war zunächst auch nur als Theorie anzusehen, bis Wissenschaftler Gesteine von Meteoriten auf alten Isua-Gneisen auf Grönland fanden, die ungefähr 3,8 Milliarden Jahre alt waren und somit die Theorie unterstützten. Ob die Chemischen Substanzen jedoch für die Entstehung des Lebens sorgten kann nicht vollständig bewiesen werden.

Obgleich die Entstehung von Einzellern ungewiss bleibt, so gibt es Rückschlüsse auf ihre Entwicklung. Das Leben selbst begann sehr wahrscheinlich mit einem Prokaryoten. Prokaryoten sind einzelligen Lebewesen, welche keinen Zellkern besitzen und somit ihr Erbgut frei beweglich in der Zelle schwimmt. Sie fassen als Superdomäne die Domänen der Archaea und der Bakterien zusammen, welche mit den Eukaryoten die drei Domänen des Lebens repräsentieren. Die Eukaryoten können Einzeller oder mehrzellige Lebewesen sein. Jede Zelle eines Eukaryoten weist jedoch einen Zellkern sowie innere Mitochondrien auf.

Mehrere Theorien von Wissenschaftlern auf dem Gebiet der Entstehung von Leben stimmen darin überein, dass die ersten Lebewesen aus Wasserstoff und Kohlendioxid Verbindung hergestellt worden sind und somit ihre Energie gewannen³. Kohlendioxid ist im Wasser allgegenwärtig, Wasserstoff muss jedoch erst produziert werden. Schwefel- oder Methanbakterien sind beispielsweise in der Lage, Wasserstoffe aus chemischen Verbindungen zu erzeugen.

Doch auch die Spaltung von Wasserstoffmolekülen durch Fotosynthese spielt eine nicht unbedeutende Rolle in der Entwicklung des Lebens.

Die Forscher gehen davon aus, dass zwei Prokaryoten in einer Symbiose verschmolzen und somit den ersten Eukaryoten bildeten. Ein Prokaryot erstellte Wasserstoff durch beispielsweise Fotosynthese, welches ein anderer Prokaryot brauche. Durch die eingegangene Symbiose hat die neue Zelle aus den zwei Prokaryotenzellen genügend Zellwand übrig, um eine schützende Hülle für die gemischte DNA zu produzieren; es entsteht der erste Zellkern. Des Weiteren ist noch etwas Zellwand übrig, um eine Mitochondrien-Zelle zu bilden und somit die Energieversorgung zu sichern.

Der erste Eukaryot entsteht und somit der erste Schritt für ein mehrzelliges Lebewesen und der Weg zum Menschen.

3 Online Recherchen (1)

5. Evolution zum Menschen

Für das Gebiet der Evolution zum Menschen müssen wir den Begründer der allgemeinen Evolutionstheorie kennen lernen und verstehen was Evolution laut Definition bedeutet. Charles R. Darwin begründete im 19. Jahrhundert die Grundlagen der Evolutionstheorie. Diese Theorie gilt bis heute als gültig und wurde lediglich mit molekulargenetischen Erkenntnissen der Neuzeit modifiziert. Den Kenntnisstand für seine Theorie erlangte Darwin aus einer fünf jährigen Expeditionsreise zu Schiff (1831-1836), wo er von England über Südamerika und Australien bis nach Afrika und von dort zurück nach England reiste. Auf seiner Reise sammelte er verschieden Arten von Lebewesen und hortete sie gut organisiert.

Nach seiner Rückkehr nach England gelang es Darwin im März 1837 mit Hilfe der Arbeit von John Gould zu den Vögeln der Galapagos-Inseln eine Verbindung beider Forschungsergebnisse zu ziehen⁴. Auf den Inseln waren verschiedene Finkenarten, welche sich in Merkmalen bspw. Schnabelform oder Lebensweise unterschieden. Darwin bemerkte, dass - obwohl sich die Finkenarten unterschieden - sich alle Arten der Umgebung, in der sie lebten, angepasst hatten. Mit der Erkenntnis, dass eine Spezialisierung von Arten in verschiedenen Lebensräumen und somit eine Abweichung von dem Ursprung der Stammarten möglich war, veröffentlichte er mehrere Briefe mit Segmenten seiner Theorie bis schließlich ca. 20 Jahre später ein Buch mit dem Titel „Über die Entstehung der Arten“ veröffentlicht wurde. Dieses Buch gilt als Grundbaustein für die Evolutionstheorie. So bekundete Darwin damals schon, dass das Leben auf einem universellen Stammbaum mit einem einzigen Ursprung dargestellt werden könnte. Darwin bestimmte im Rahmen seiner Evolutionstheorie einige Grundbedingungen, die für eine Evolution einer Population notwendig waren. Eine Grundbedingung Darwins war, dass nur die bestangepassten Lebewesen in der Evolution ihren Fortbestand sichern können („Survival of the fittest“). Darwin selbst nannte dies auch die natürliche Selektion, da er die Natur und das Überleben in dieser als Wettkampf sah. Die natürliche Selektion sah außerdem vor, dass eine Art anpassungsfähig in Bezug auf ihre Umwelt sein muss. Diese Anpassungsfähigkeit muss in ihrem Erbgut an ihre Nachfahren weitergegeben werden können. Abschließend muss diese Anpassungsfähigkeit einen Bezug zu der Fortpflanzung haben und somit den Artbestand und dadurch die Population der Art sicherstellen oder halten.

⁴ Engels. Eve-Marie, „Charles Darwin, Abschnitt Person, Leben und Werk.“, C.H. Beck; 2007

6. Phylogenetische Bäume

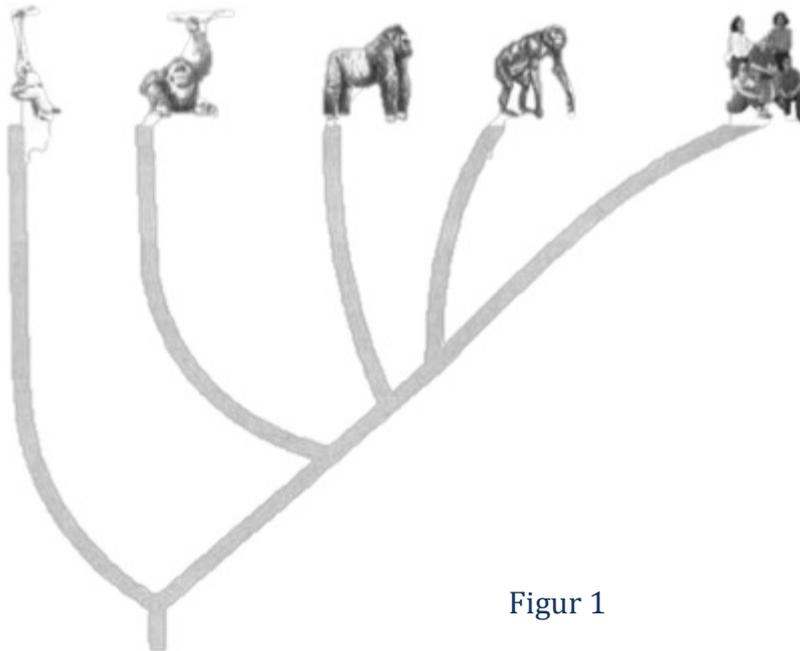
Der Hauptteil dieser Ausarbeitung bezieht sich auf die Erklärung der phylogenetischen Bäume. Es soll ein Gesamtverständnis der Funktionsweise sowie der verschiedenen Darstellungsformen der Bäume vermittelt werden, sodass keine offenen Fragen über das Verständnis von phylogenetischen Bäumen bleibt.

6.1. Objektive Beschreibung

Bevor die phylogenetischen Bäume beschrieben werden, sollte verdeutlicht werden, dass ein phylogenetischer Baum mehrere Eigenschaften haben kann, welche in einer Kombination zueinander auftreten können.

Es ist also vorauszusetzen, dass das Beispiel, mit welchem wir in das Themengebiet schreiten, plakativ anzusehen ist und wir uns auf ein Minimum der Eigenschaften beschränken. Alle potenziellen Eigenschaften eines Baumes werden im nächsten Kapitel der „Erklärung der Bäume“ näher beleuchtet.

Richten wir die Aufmerksamkeit auf das Beispiel.



Figur 1

Die Figur 1 zeigt den phylogenetischen Baum der Gruppe der Hominidae. Die Knoten des Baumes repräsentieren allgemein die Taxa. Eine Taxa (Singular Taxon) ist eine Gruppe von Lebewesen und beschreibt eine Systematik in der Biologie. Biologische Systematiken sind beispielsweise Familien, Arten oder Gruppen mit eindeutigen Merkmalen (Populationen).

Informationen über die Taxa werden aus den lebenden Arten gewonnen und können entweder morphologisch oder sequentiell sein.

Die Arten der inneren Knoten sind ausgestorben und repräsentieren die Vorfahren der lebenden Arten, welche sich an den äußeren Knoten befinden.

An der Spitze des Baumes lassen sich fünf Arten erkennen, welche entweder noch lebendig sind oder einfach die aktuellste Art der Forschung darstellen. Bei letzteren gibt es vielleicht schon einen Nachkommen, der jedoch noch nicht identifiziert wurde.

In diesem Beispiel sind alle Arten aktuell und lebendig (v.l.n.r. Gibbons, Orang-Utan, Gorilla, Schimpanse).

An dem Baum sind mehrere Äste zu erkennen, die als Verbindung zwischen den Taxa dienen und dadurch die evolutionäre Beziehung kennzeichnen. Diese Verbindungen spalten sich an den inneren Knoten und ergeben zwei individuelle Taxa. Es ist zu erkennen, dass der Mensch einen gemeinsamen Vorfahren mit dem Schimpansen aufweist, da beide Arten sich einen inneren Knoten teilen. Da zu erkennen ist, dass beide Arten weiter von der Wurzel entfernt sind als beispielsweise der Vorfahre (innere Knoten) des Gorillas, befindet sich der Mensch in einer Monophyletischen Gruppe mit dem Schimpansen.

Eine Monophyletische Gruppe besteht immer aus mindestens 2 äußere Knoten, die einen gemeinsamen Vorfahren haben und alle Nachfahren dessen einschließen. Außerdem sind die Taxa sich selber näher bzw. verwandter, als zu irgendeinem anderen äußeren Knoten. Monophyletische Gruppen werden in der Bioinformatik auch Schwester Gruppen, Monophylum, Klade oder geschlossene Abstammungsgemeinschaft genannt. Auch hier zeigt sich erneut, dass die Forscher der Bioinformatik sich uneinig mit den Bezeichnungen sind.

In diesem Beispiel ist die monophyletische Gruppe auch damit zu begründen, dass der Vorfahre des Gorillas sich in zwei Nachkommen gespalten hat. Zum Einen in den Gorilla selbst, zum Anderen jedoch in den Vorfahren des Menschen und Schimpansen. Die evolutionäre Distanz zwischen Mensch und Schimpanse ist demnach am geringsten.

In diesem Beispiel ist der Baum gerichtet, das bedeutet, dass er eine Wurzel und somit einen Ursprung angibt. Die Wurzel indiziert also, dass es einen Vorfahren gab, der sich in die Gruppe der Hominidae aufgespalten oder weiterentwickelt hat.

6.2. Erklärung der Bäume⁵

Es gibt viele Darstellungsformen von phylogenetischen Bäumen, doch um den Rahmen nicht zu sprengen wird sich in diesem Abschnitt nur auf die Elemente und somit Eigenschaften der Baumtopologie und nicht auf die verschiedenen Darstellungen der Topologie selbst beschränkt. Werden die Eigenschaften berücksichtigt, so kann je nach Eigenschaft ein Baum in verschiedenen Formen (sternförmig, geneigt, kreisförmig, etc.) dargestellt werden.

Grundsätzlich gibt es drei verschiedene Arten von phylogenetischen Bäumen. Das Cladogram, das Phylogram und das Chronogram. Diese 3 Arten sind als Basis eines Baumes zu betrachten und können mit weiteren Eigenschaften angepasst werden. Die Anpassungen werden in der Praxis meist zweckorientiert ausgewählt.

⁵ Die Grafiken wurden aus „understanding bioinformatics“, Kapitel 7 übernommen

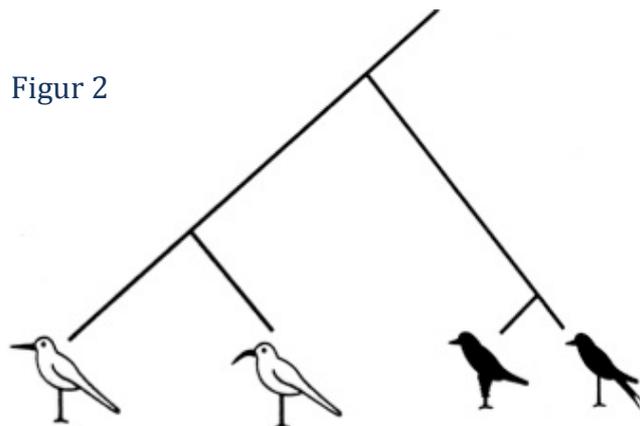
Die Bioinformatik ist sich in der Bezeichnung der Bäume erneut uneinig, so wird das Phylogramm auch oft als aufsummierter Baum (additiv Tree) und das Chronogram als ultrametrischer Baum (ultrametric Tree) bezeichnet.

In den nächsten Beispielen schauen wir uns zuerst die 3 Basen der Baumtypen an und gehen danach in die Individuellen Eigenschaften.

Die Figur 2 zeigt ein Cladogram.

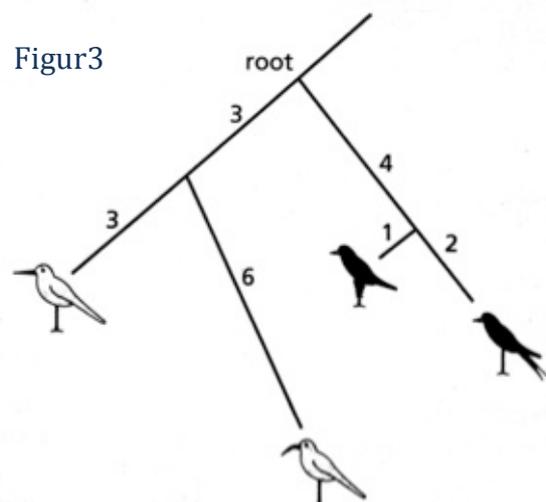
Ein Cladogram ist ein Typ eines Baumes, in welchem die Astlängen keine Aussage treffen. Diese Darstellungsform hat keine weiteren Spezifikationen und kann deshalb keine Aussagen über bspw. Zeiten oder Mutationen treffen. Sie ist jedoch besonders geeignet, um eine Darstellung der Beziehungen zwischen verschiedenen Arten darzustellen.

Bei genauerer Betrachtung fällt auf, dass beispielsweise die Astlängen der weißen Vögel länger als die Astlängen der schwarzen Vögel sind. Dies könnte implizieren, dass die weißen Vögel vor den schwarzen Vögeln oder wohlmöglich vor den schwarzen Vögeln und dazu auch noch schneller entstanden sind. Dies ist nicht grundsätzlich nicht auszuschließen, lässt sich jedoch nicht aus einem Cladogram ablesen. Ein Cladogram präsentiert nur eine Darstellungsform, welche keinerlei Bezug zu den Astlängen nimmt. Diese Form der Darstellung wurde also aus rein ästhetischen Gründen gewählt.



Figur 3 zeigt ein Phylogramm.

Ein Phylogramm weist ergänzend zu den Eigenschaften des Cladogram Zahlen an seinen Ästen auf. Diese Zahlen stehen für die evolutionäre Distanz zwischen den verschiedenen Taxa. Eine Distanz in der Evolution und somit von anderen Taxa kann bspw. eine Mutation der DNA Sequenzen sein. Hinzu kommt, dass sich ein proportionaler Bezug zu den Astlängen feststellen lässt. Die Astlängen repräsentieren hier also anders als im Cladogram eine Aussagekraft und somit eine weitere Baumeigenschaft. Die evolutionäre Distanz zwischen zwei Taxa lässt sich immer mit der Summe der Mutationen zwischen den beiden Knoten errechnen. Es lassen sich jedoch keine Aussagen über die evolutionäre

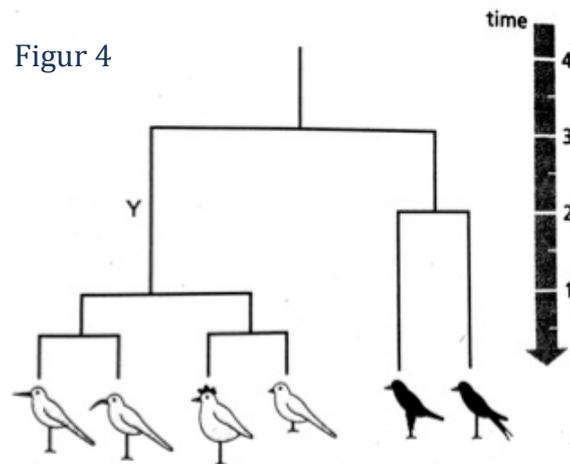


Entwicklung der Taxa sagen. Obwohl die weißen Vögel nur 3 Mutationen brauchen, um einen eigenen Vorfahren zu entwickeln und die schwarzen Vögel 4 Mutationen, so können die Mutationen der schwarzen Vögel schneller passiert sein. Die Mutationsrate ist ungewiss.

Obwohl wir keine Zeit an den Astlängen ablesen können, so können wir ernsthafte Informationen aus der evolutionären Distanz gewinnen.

Figur 4 zeigt ein Chronogram.

Es wird angenommen, dass ein Chronogram eine konstante Mutationsrate in den Astlängen aufweist. Das bedeutet, dass ein Chronogram die Messbarkeit der Zeit der evolutionären Distanz als Eigenschaft in sich trägt. Diese Eigenschaft ist nur möglich, da erneut die Eigenschaft des Cladogram mit der Darstellung von Beziehungen zwischen Taxa, aber auch die Eigenschaft des Phylogram mit seiner Darstellung von



Mutationsraten aufgenommen wird. Es ist daher oft schwierig ein Chronogram abzubilden, da Mutationsraten oft wechseln und abhängig von der Umgebung und dem evolutionären Druck sind. Ist dies jedoch möglich, so kann mit einem Chronogram die Zeit der Mutationsraten anhand einer Zeitachse abgelesen werden. Dieses Prinzip wird oft Molekulare Uhr genannt. Die Molekulare Uhr wird im Kapitel 7 „Zeitkalkulation“ weiter verdeutlicht.

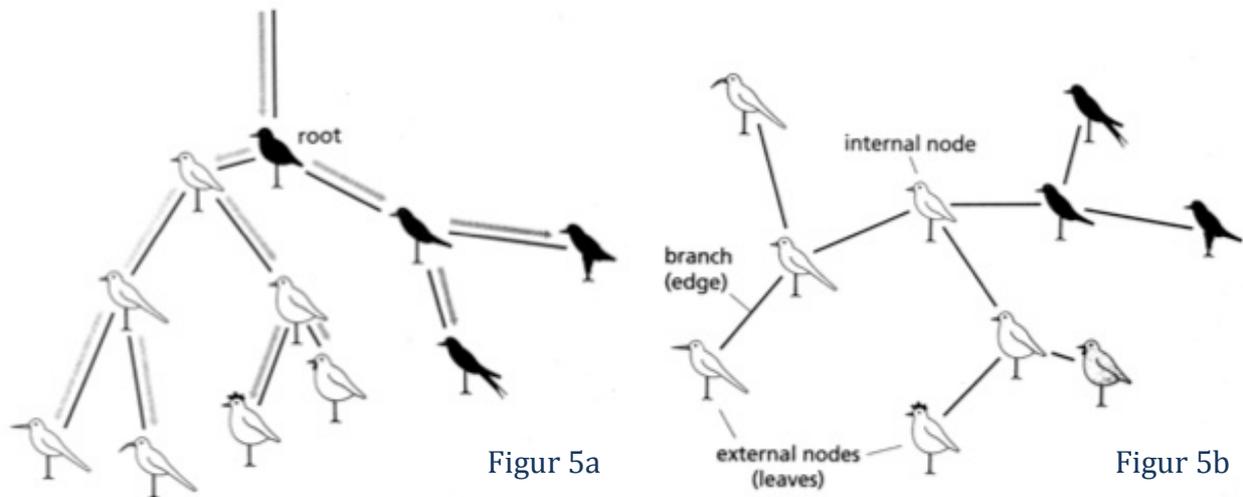
Die horizontalen Linien des Chronogram haben, wie bei den Astlängen des Cladogram, einen rein ästhetischen Grund und haben keine Aussagekraft. Ein Chronogram muss jedoch, da es die unten stehenden Taxa in eine zeitliche Relation und somit in eine Relation der Abstammung versetzt, eine Wurzel aufweisen.

Ferner kann somit geschlossen werden, dass ein Chronogram nur die Zeit darstellen kann, welche von einem identifizierten Vorfahren bis hin zu der aktuellen Zeit (Gegenwart) vergangen ist. Hierzu mehr im Kapitel der „Zeitkalkulation“.

Die drei Basistypen der Bäume wurden somit beleuchtet. Es gibt also verschiedene Möglichkeiten einen gleichen Baum darzustellen, welche von jedem Forscher individuell nach Forschungsgebiet ausgewählt werden.

Es kann sich nun den individuellen Eigenschaften der Baumtypen genähert werden.

Figur 5 zeigt einen gerichteten und einen ungerichteten Baum.



Figur 5a und 5b repräsentieren beide 6 lebende Arten an den äußeren Knotenpunkten mit den gleichen Arten in einer anderen Darstellungsform. Der Baum Figur 5a ist, wie in Figur 1 abgebildet, ein gerichteter Baum und somit ein Baum mit einer Wurzel, wohingegen Figur 5b ein ungerichteter Baum ist. Ein ungerichteter Baum ist eine Baumtopologie ohne Wurzel, in der jeder interne Knoten drei Äste oder Zweige von sich ausgehend hat. Die drei Äste stehen für zwei Nachfahren und einen Vorfahren. Wer jedoch der Vorfahre ist, geht aus dem ungerichteten Baum nicht hervor. Er ist lediglich im Gebrauch für eine Visualisierung der Arten und stellt Beziehungen dar. Ein ungerichteter Baum kann also keine Aussagen über Abstammungen treffen. Der Baum 5a hat eine Baumtopologie mit einer Wurzel, welche den letzten gemeinsamen Vorfahren darstellt. Ein Baum mit Wurzel wird allgemein als gerichteter Baum bezeichnet. Der Ast, welcher von der Wurzel weiter nach oben zeigt, indiziert, dass der letzte gemeinsame Vorfahre auch weitere Vorfahren hat. Eine Wurzel dient daher meist dazu den dargestellten Baum in einen Kontext zu stellen und somit die Baumtopologie abzugrenzen oder mit bekannteren Taxa zu verknüpfen. Die Baumeigenschaft Wurzel ergänzt somit die Definition der Basis Baumtypen. In diesem Beispiel ist Figur 5b ein Cladogram und bildet somit eine Beziehung zwischen den Arten ab. Die Eigenschaft des ungerichtet oder gerichtet Seins entscheidet jedoch über eine weitere Ergänzung der Darstellung von Abstammungen.

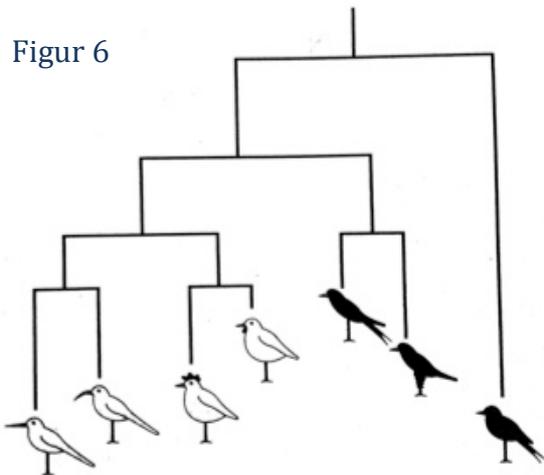
Figur 6 zeigt einen Baum mit einer Outgroup⁶.

Eine Outgroup wird oft verwendet, um eine Wurzel anzugeben. Sollte eine Wurzel gewünscht sein, ist die effektivste Methode eine Wurzel zu bilden, einen Außenstehenden in den Baum einzubinden, wodurch die Ingroup (Blickpunkt des Interesses) stärker hervorgehoben wird und einem Vorfahren zugeordnet werden kann.

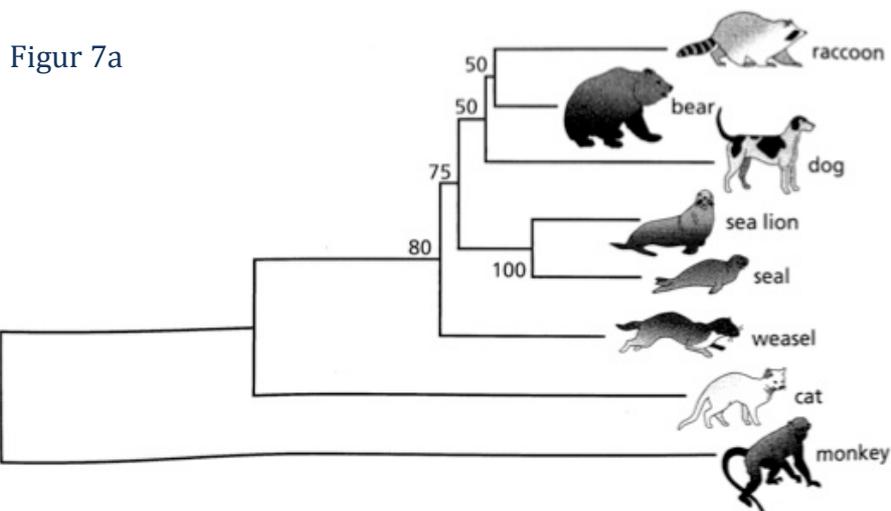
⁶ eingedeutschtes Fachwort für eine Außengruppe

Beispielsweise kann ein ungerichteter Baum mit einer Outgroup in einen gerichteten Baum umgewandelt werden, wodurch eine Aussage über die Abstammung der Arten gemacht oder sogar ein Chronogram erstellt werden kann. Dies ist so zu erklären, dass ein außenstehendes Taxon der Ingroup zugeordnet wird, da es durch morphologische oder sequentielle Analysen gleiche Merkmale aufweist. Da beispielsweise ein Vorfahre der Outgroup bekannt ist, kann dieser Vorfahre auch der Ingroup zugeordnet werden.

Die Eigenschaft der Einführung einer Outgroup ist also ein Werkzeug um einen Baum den Bedürfnissen anzupassen und die Ingroup hervorzuheben.



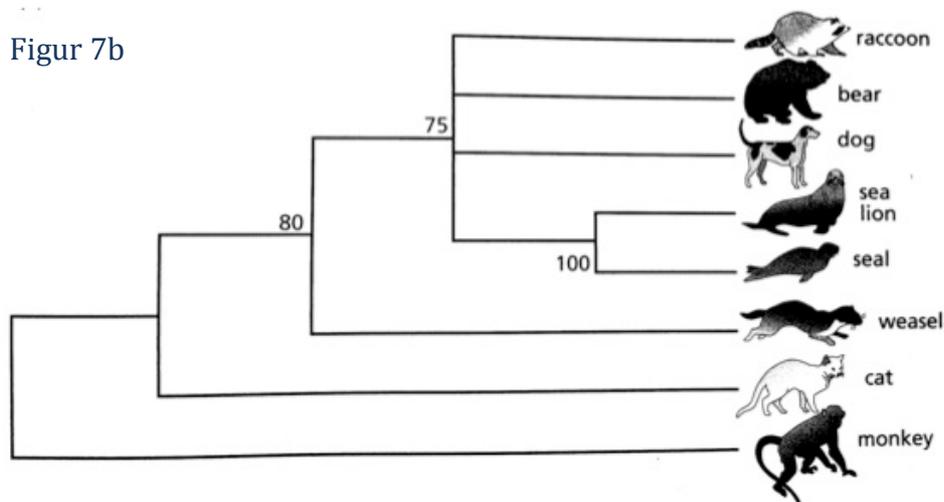
Figur 7 zeigt einen zusammengefassten fiktiven Baum (engl. condensed Tree).



Ein zusammengefasster „condensed Tree“ Baum spiegelt eine Verdichtung der festgestellten Topologie eines Baumes wieder. Wenn Informationen über mehrere Taxa verwendet werden, um mit einer Methode einen Baum zu erstellen, so können unterschiedliche Bäume mit verschiedenen Methoden erstellt werden. Gleichzeitig können gleiche Methoden mit unterschiedlichen Informationen, welche die gleiche Aussage beinhalten, verwendet werden, um wieder verschiedene Bäume zu erstellen. Werden die verschiedenen Bäume analysiert und in Wahrscheinlichkeiten ausgedrückt, welche Topologie am realistischsten ist, so erscheint ein Baum wie Figur 7a. Dieser Baum ist ein Beispiel eines ungerichteten Phylogram, welcher durch die Outgroup des Affen scheinbar gerichtet erscheint. Die vertikalen Linien sind erneut rein ästhetisch zu betrachten. In Figur 7a erkennen wir verschiedene Zahlenwerte der inneren Knoten. Diese Werte sind die angesprochenen Wahrscheinlichkeiten, die bei einem Vergleich der erstellten Baumtopologie durch die Bootstrap Methode identifiziert werden konnten. Ein

zusammengefasster Baum definiert, dass alle Wahrscheinlichkeiten, die unter 60% liegen zu ignorieren sind.

Die Astlängen werden also praktisch auf 0 gesetzt bzw. die Beziehung wird ignoriert, um einen genaueren Baum darzustellen.



Dieser Baum stellt den zusammengefassten Baum von Figur 7a dar. Es ist klar zu erkennen, dass der obere Teil gekürzt ist. Praktisch bedeutet dies, dass ein individueller Vorfahre von Bär und Waschbär nicht wahrscheinlich genug sei. Vielmehr ist es wahrscheinlicher, dass der Bär, der Hund und der Waschbär aus einem gemeinsamen Vorfahren entstanden sind und es keine weiteren Abspaltungen gab.

Sollten sich durch Analysen mehrere sehr ähnliche Bäume erstellen lassen, so ist es oft hilfreich diese gleichen Eigenschaften in einem eigenen Baum darzustellen. Ein solcher Baum würde Konsens Baum (engl. consensus Tree) heißen.

Der zusammengefasste Baum ist eine Vereinfachung und genauere Darstellung eines Baumes, wobei ein Konsens Baum ein Ergebnis der Vergleiche verschiedener auf gleichen Taxa beziehender Bäume ist.

6.3. Gruppierungen

Die Einteilungseinheiten (Taxa) lassen sich in verschiedenen biologische Klassifikationen einteilen. Jede Klassifikation ist anders definiert und hilft den Wissenschaftlern verschiedene Gruppierungen von Taxa zu definieren, um anschließend mit ihnen zu arbeiten.

Es wurden drei bekannte Klassifikationen eingeführt.

Das schon bekannte *Monophylum* umfasst alle gemeinsamen Stammformen der Taxa und alle bekannten Nachkommen derer. Es produziert also eine geschlossene Gruppe, die einen Anfang in einem gemeinsamen Vorfahren findet. Am Anfang des Kapitels haben wir

den Schimpansen und den Menschen in eine monophyletische Gruppe zusammengefasst. Dies ist ein Monophylum, da es keine weiteren Nachkommen gibt und dadurch eine geschlossene Gruppe gebildet wird.

Eine weitere Klassifikation ist das *Paraphylum*. Ein Paraphylum enthält genau wie das Monophylum einen gemeinsamen Vorfahren als Ausgangspunkt der Gruppe, schließt jedoch nicht mit dem letzten bekannten Nachkommen und somit geschlossen ab, sondern kann lediglich eine Teilmenge des Monophylum darstellen. Erinnern wir uns erneut an das Hominidae Beispiel Figur 1, so wären der Gorilla und der Schimpanse ein Paraphylum, da der Mensch als bekannter Nachkommen des Vorfahren von dem Schimpansen aus der Gruppe ausgeschlossen bliebe.

Die letzte gebräuchliche Klassifikation ist das *Polyphylum*. Anders als bei den anderen Klassifikationen besitzt das Polyphylum keinen Ausgangspunkt. Das Polyphylum vereint verschiedene Taxa zu einem Taxon, welche ein morphologisches oder sequentiellen Merkmal teilen und sich somit gruppieren lassen. Beispielsweise können Vögel und Säugetiere als Warmblüter in ein polyphyletisches Taxon zusammengefasst werden. Ein anderes Beispiel zeigt die heterogene Art der Würmer. Die Würmer lassen sich in Gruppe der wirbellosen Tiere einteilen, unterscheiden sich danach jedoch stark in ihrer Entwicklung. Das Polyphylum hilft, sie dennoch in eine Gruppe einzuordnen.

6.4. Beweisführung

Ein phylogenetischer Baum repräsentiert die evolutionäre Entwicklung von Taxa. Wie ist jedoch der Baum entstanden? Jeder aufgestellte Baum muss anhand von Beweisen in seiner Theorie verifiziert werden, bevor er als gültig angesehen werden kann.

Für die Verifizierung der phylogenetischen Bäume braucht ein Wissenschaftler zwei Dinge. Es muss ein Fossil gefunden werden, welches als Vorfahre einer noch lebenden Art oder einem schon analysierten Fossils identifiziert werden kann. Anschließend können aus dem Fossil die Zeit und die Abstammungsgeschichte und aus der lebenden Art oder dem analysierten Fossil die aktuelle Zeit gewonnen werden.

Für eine Identifizierung von einem Fossil kann wiederum auf drei verschiedene Methoden zurückgegriffen werden. Ein Fossil kann beispielsweise morphologisch mit bekannten Daten verglichen werden. Die *Morphologie* beschreibt eine Klassifizierung von Merkmalen an einem Organismus, die entweder funktionell oder visuell gegliedert werden kann. Es werden also Funktionen wie bspw. Fliegen, Schwimmen, Laufen oder auch Flügel, Beine, Augen etc. verglichen, um das Fossil als Vorfahre eines schon bekannten Taxon zu identifizieren.

Eine andere Methode ist die *geographische Isolation*. Der Grundsatz hierbei ist, dass eine Gruppe von Lebewesen zwingend verwandt sein muss, wenn sie sich von anderen Arten und Lebensräumen isoliert haben. Wird als praktisches Beispiel eine Inselgruppe genommen, so müssen mehr oder minder die darauf lebenden Arten miteinander verwandt sein, da sie durch das Wasser von anderen Lebensräumen isoliert sind.

Die dritte und wohlmöglich effizienteste Methode ist das Vergleichen von *DNA Sequenzen*. Das Fossil wird demnach analysiert und mit einer bekannten DNA Sequenz verglichen. Durch den Vergleich kann eine Verwandtschaft identifiziert oder abgelehnt werden.

Leider gibt es hierbei eine Einschränkung, da DNA Sequenzen zerfallen. Dies ist jedoch erst bei über 80 Millionen Jahren der Fall.

6.5. Zeitkalkulation

Es wurde nun erkannt, wie die Evolution in einem Diagramm ausgedrückt werden kann und sogar wie eine Beweisführung der Daten durchgeführt wird. Es wurde oft ein zeitlicher Bezug der evolutionären Distanz von Arten zugewiesen und wissen jedoch noch nicht, wie diese Zeit berechnet werden kann.

Für die Berechnung der Zeit gibt es in der Phylognese drei verschiedene Methoden. Es ist bspw. möglich aus den gesammelten Daten zu der evolutionären Entwicklung ein *statistisches Modell* anzufertigen, welches schätzungsweise auf die benötigte Zeit Rückschlüsse ermöglicht. Für ein solches Modell müssen jedoch vorerst Schätzungen gemacht werden oder schon etwaige Daten zu den zeitlichen Abläufen vorliegen. Eine weitere Möglichkeit ist *das Prinzip der Parsimonie* oder auch „Ockhams Rasiermesser“ genannt. Das Prinzip stützt sich auf dem Prinzip der Sparsamkeit und sagt, dass die einfachste und deutlichste Theorie allen anderen vorzuziehen ist. Im Bezug zur Phylognese heißt das, dass die Arten, die am wenigsten evolutionäre Distanz durch bspw. Mutationen aufweisen auch verwandt sein müssen. Je weniger Distanz also festzustellen ist, desto näher müssten sich die Arten sein.

Die letzte und dritte Methode ist die schon angedeutete *Molekulare Uhr*⁷.

Die Molekulare Uhr nimmt an, dass das Leben immer monophyletisch ist, also jede Art immer einen Vorfahren hat oder anders gesprochen: das Leben einen eindeutigen Ursprung hat. Das Vorgehen der Molekularen Uhr kann analog zu der geologischen Datierung gesehen werden. In der Geologie kann die Erdzeit von Gesteinsproben anhand des radioaktiven Zerfalls bestimmt werden. Die Molekulare Uhr nimmt an, dass Proteine mit konstanter Geschwindigkeit evolvieren. Es ist also möglich, anhand der Divergenz von zwei Proteinen den Zeitpunkten der evolutionären Trennung zu berechnen. Diese Theorie wurde 1962 aufgestellt, als die Forscher Emile Zuckerkandl und Linus Pauling die Aminosäuren des Hämoglobins untersuchten und dabei feststellten, dass eine längere Evolutionsdauer zwischen zwei Arten auch eine größere evolutionäre Distanz mit sich zog. Daraus schlossen sie, dass die Mutationsrate von verschiedenen Proteinen konstant sein muss. Es ist jedoch möglich, dass durch den evolutionären Druck die Mutationsrate von Organismen beschleunigen wird und dadurch die Molekulare Uhr neu kalibriert werden muss. Es ist jedoch noch nicht bekannt, wieso Proteine bei manchen Lebewesen schnellere Mutationsraten aufweisen können.

Für eine Kalibrierung der Molekularen Uhr ist ein Fossilfund nötig, der durch geologische Analysen auf die Lebenszeit des Fossils und mit DNA Analysen auf die Anzahl der Mutationen schießen lässt. Es gibt nun verschiedene Formen der Mutation. Die einen beeinflussen die Selektion der Arten, die anderen sind neutrale Mutationen, welche sich nicht positiv oder negativ auswirken. Anhand der gezählten neutralen Mutationen lässt sich die Geschwindigkeit der Mutationsraten bestimmen und somit die benötigte Zeit errechnen. Eine globale Molekulare Uhr gibt es demnach nicht, da immer wieder Neutrale Mutationen gezählt und Mutationsraten errechnet werden müssen.

⁷ Universität Mainz „Das Konzept der Molekularen Uhr“

7. Evolution heutzutage

Die Evolution wird aktuell von keinem Forscher angezweifelt, doch wie sieht es mit der zukünftigen Entwicklung der Evolution aus?

Ein Beispiel im Gebiet der Tiere soll die Problemstellung veranschaulichen.

Die Tiere haben sich beispielsweise immer weiter an ihren Lebensraum angepasst. Durch den Drang der Anpassung ist letztendlich der Mensch entstanden, dessen größter Vorteil seine unglaubliche Anpassungsgabe ist.

Entwickeln sich die Tiere also nach dem Vorbild des Menschen weiter und passen sich ihrer Umgebung an?

Anders als zu der Entwicklungszeit des Menschen ist die Erde in der heutigen Zeit kontrolliert durch den Menschen. Es werden Wälder abgeholzt und weiterverarbeitet, gleichzeitig Forstwirtschaft an einem anderen Ort betrieben. Es werden künstliche Staudämme errichtet, die ein großes Wasserreservoir liefern, jedoch eine Wasserknappheit an anderer Stelle produzieren.

Die Tiere können sich also nicht mehr an ihre Umgebung anpassen. Sie müssen sich an das Zusammenleben mit dem Menschen anpassen.

Ein gutes Beispiel liefert die Geschichte vom Wolf und Hund.⁸

Der Wolf als wilder Jäger und Räuber erkennt, dass der Mensch öfter Reste der Jagd übriglässt oder sogar dem Wolf etwas zu essen überlässt. Durch die natürliche Selektion passt sich der Wolf an das Verhalten des Menschen an und entwickelt sich zum Hund, dem besten Freund des Menschen. Ein junges Experiment zeigt die Auswirkungen dieser Artenspaltung. Ein Stück Fleisch wird in einen Käfig gelegt. Zuerst soll der Wolf versuchen, das Stück herauszuholen, danach soll der Hund ein Stück herausholen. Der Wolf fängt direkt an zu graben und mit Gewalt den Käfig zu öffnen, scheitert jedoch. Der Hund hingegen erkennt schnell, dass der Käfig nicht aufzubekommen ist und läuft zu seinem Herrchen, welcher ihm den Käfig öffnen soll.

Dieses Experiment lässt erkennen, dass die Evolution der Tiere noch nicht abgeschlossen ist, aber klar in eine Richtung tendiert. Die Tiere müssen sich an den Menschen anpassen, um überleben zu können.

Bei dem Menschen kann es hingegen kaum noch zu einer Artenspaltung kommen, da ein einzigartiger Genpool vorhanden sein muss, welches bei der heutigen Population und der Logistik schlicht nicht möglich ist. Um eine Artenspaltung möglich zu machen, müsste eine Art mehrere zehntausend-, wenn nicht hunderttausend Jahre einem konstanten Umfeld ausgesetzt sein, welches den Organismus zwingt, sich zu wandeln. Gleichzeitig müssten die DNA Sequenzen aus einem bestimmten Pool der dort lebenden Menschen kommen, welche nicht in Fortpflanzung mit anderen Menschen außerhalb dieses Genpools treten dürften. Dieses Verfahren ist bei heutiger Betrachtungsweise sehr unrealistisch, da die menschliche Population immer weiter die Gleichberechtigung aller anstrebt und somit der Fortpflanzung mit verschiedenen Partnern keine Barrieren in den Weg stellt.

Einzigste Möglichkeiten, den Menschen in eine Artenteilung zu zwingen, wäre ein Katastrophenszenario, in dem die Menschheit durch eine Epidemie oder einen Weltkrieg auf sehr lange Zeit voneinander getrennt werden würde. Eine weitere sehr viel

⁸ ZDF Mediathek „Vom Wolf zum Hund“

realistischere Möglichkeit wäre eine Expedition zu einem fremden Planeten auf dem die Teilnehmer eine Kolonie errichten. Sollte diese Kolonie so weit entfernt sein, dass eine Fortpflanzung zwischen den Erdbewohnern und der Kolonie unmöglich erscheint, würde sich in mehreren zehntausend bis hunderttausend Jahren eine neue Spezies aus dem Menschen entwickeln.

8. Zukunft der Phylogenetischen Bäume

Unabhängig ob es eine Zukunft der Evolution gibt, endet der Gebrauch der phylogenetischen Bäume und somit der Lehre der Phylogenese erst in einer nicht absehbaren Zeit. Die Laufzeit der Evolution hat eine gewaltige Artenvielfalt zu Stande gebracht, sodass eine Darstellung aller Arten in der Gegenwart und naher Zukunft noch nicht möglich sein wird. Zu viele Arten sind noch unentdeckt und noch nicht erforscht. Selbst wenn dieser gewaltige Schritt in Hinblick auf die Evolution bewältigt werden könnte, so ist die Verarbeitung der Daten ein weiterer unvorstellbar großer Schritt.

Dieser Schritt kann an einem Beispiel veranschaulicht werden:

Wird eine Eingabe von Bäumen ohne Wurzel als Input in eine Software gegeben, so können mathematisch die Anzahl der möglichen produzierten Bäume berechnet werden.

4 Arten	–	3 Bäume
5 Arten	–	15 Bäume
6 Arten	–	105 Bäume
7 Arten	–	945 Bäume
8 Arten	–	10395 Bäume
9 Arten	–	135135 Bäume
10 Arten	–	2027025 Bäume
11 Arten	–	~34million Bäume
100 Arten	–	mehr mögliche Bäume als Elektronen im Universum 10^{70} ⁹

Wird sich an das Kapitel „Maße des Universums“ erinnert, so ist zu erkennen, dass es bei einem Vergleich auf den Blickwinkel des Betrachters ankommt. 100 Arten mögen erneut viel sein, jedoch ist es nur ein Bruchteil dessen, was die Evolution zustande gebracht hat. Um einen Fortschritt im Gebiet der Phylogenese gewährleisten zu können, müssen ständig neue Supercomputer hergestellt werden.

Ein junges Beispiel eines modernen Supercomputers ist das aktuell stärkste Rechensystem mit dem Namen Titan. Der Gigant steht im Oak Ridge National Laboratory in den USA und erreicht 17,59 Petaflops die Sekunde, was einer Rechenleistung von mehreren Milliarden Operationen gleichzusetzen ist. Eine solche Art von Rechensystem ist nötig, um die Forschung im Bereich der Phylogenese voranzutreiben und weitere Erkenntnisse und Zusammenhänge zu verstehen.

⁹ Universität Berkley Youtube „Biology 1B - Lecture 24: Phylogenetics“

9. Abschluss

Die Phylogenie ist im Bereich der Bioinformatik mit seiner gezielt-technischen Herangehensweise an fundamentale Grundereignisse in der Lehre der Biologie, aber auch an zukünftiger sowie gegenwärtiger Forschungsarbeit im Gebiet der Biologie stark vertreten und ist aus dem Bereich der Forschung nicht mehr wegzudenken. Allein durch die Hilfestellung der Informatik ist eine weitere Forschung in den meisten Bereichen möglich. Beispielsweise beginnen und enden Analysen mit einem In- oder Output eines Computers, Recherchen eines Forschungsgebietes können schnell und einfach per Onlinesuche getätigt werden, als auch eine komplexe Rechenleistung kann effizienter von einem Rechensystem vollbracht werden.

Evolution ist ein allumfassender Zustand. Die Erkenntnis über die Evolution hilft dem Menschen sich in der Welt einzuordnen und die Darstellung der Evolution anhand von Bäumen wandelt die Lehre der Evolution in einen greifbaren Zustand.

Die Menschen befassen sich seit über 150 Jahren mit der Evolution. Inzwischen wurden schon so viele Erkenntnisse bezüglich der Evolution gewonnen, dass aus den gesammelten Quellen ein Überblick über die Evolution und ihrer Darstellung als Baum-Diagramme gewonnen werden kann.

Mit Hilfe von verschiedenen Baumdiagrammen und Baumeigenschaften kann jede Baumtopologie individuell und der Problemstellung entsprechend angepasst werden, was den Forschern weltweit bei der Beantwortung von Fragen als Hilfestellung dient.

Die Evolution selbst ist noch nicht abgeschlossen und liefert selbst bei Betrachtung ausschließlich vergangener Ereignisse einen gigantischen Informationspool, der wohlmöglich noch Jahrzehnte analysiert und verarbeitet werden wird. Ständig neue Fossilienfunde sowie neue Forschungsmethoden ermöglichen weitere Entdeckungen und erschüttern heutzutage immer noch Weltbilder. Des Weiteren helfen uns die Kenntnisse der Phylogenie bei der Prävention von Krankheiten und beim medizinischen Fortschritt. Daher ist der Mensch ständig bedacht, neue Möglichkeiten zu ergründen, um die Forschung zu spezialisieren und zu verbessern.

Der Bereich der Phylogenie ist durch die Bioinformatik neu beleuchtet worden und ist in dieser Kombination ein recht junger Forschungsbereich. Es ist also zu erwarten, dass zukünftig mehrfach neue Erkenntnisse und Forschungsergebnisse in diesem Bereich veröffentlicht werden.

Es ist davon auszugehen, dass es in Zukunft zwar viele umstrittene Diskussionen und Hypothesen von Wissenschaftlern auf diesem Gebiet geben wird, doch langweilig wird der Forschungsbereich der Phylogenie nie werden.

Quellenverzeichnis

Zvelebil, Marketa; Baum, Jeremy O. :

„Understanding Bioinformatics“ 1. Auflage, Garland Science; August 2007

Universität Berkley :

<http://www.berkeley.edu/index.html>

Universität Mainz :

<http://molgen.biologie.uni-mainz.de>

ZDF-Mediathek:

<http://www.zdf.de/ZDFmediathek/#/suche/evolution>

Wiesemüller, Bernhard ; Rothe, Hartmut :

„Phylogenetische Systematik“ 1. Auflage , Springer Verlag; 2003

Engels. Eve-Marie :

„Charles Darwin, Abschnitt Person, Leben und Werk.“ , C.H. Beck; 2007

Leukart, Rudolph :

„Über die Morphologie und Verwandtschaftsverhältnisse der wirbellosen Tiere“,
Vieweg; 1848

Mats, Envall :

"On the difference between mono-, holo-, and paraphyletic groups: a consistent
distinction of process and pattern", Biological Journal of the Linnean Society; 2008

YouTube-Mediathek :

Biology 1B - Lecture 17: The tree of life: Phylogeny :

<http://www.youtube.com/watch?v=0UYthA4cExA>

Biology 1B - Lecture 24: Phylogenetics :

<http://www.youtube.com/watch?v=vrGfDPteKqU>

Biology 1B - Lecture 27: Human evolution :

<http://www.youtube.com/watch?v=cQTVTHIBOjM>