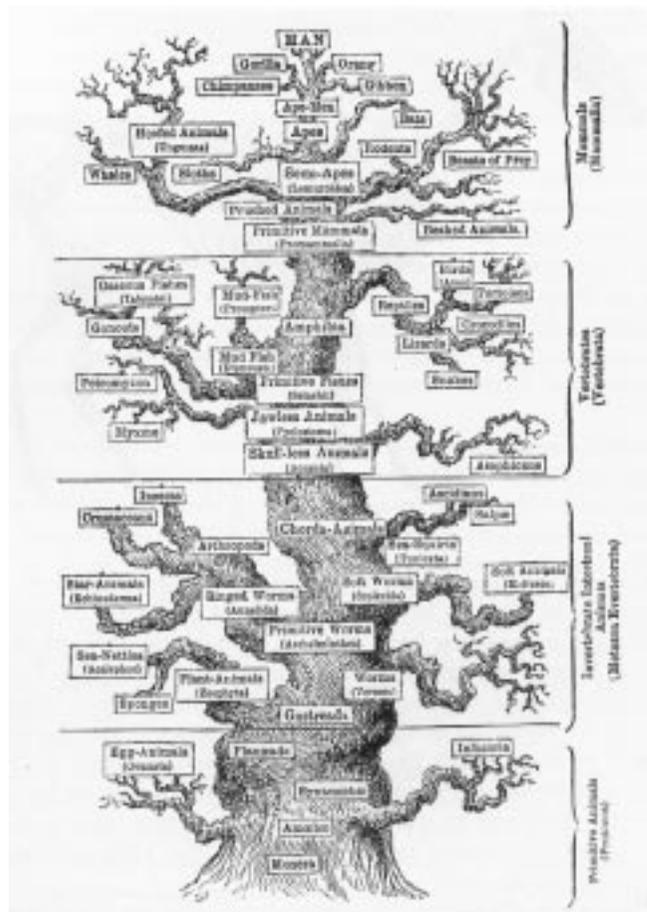


# Rekonstruktion von Evolutionärer Geschichte



Populations- und  
Evolutionenbiologie

21.1.04

Florian Schiestl

# Phylogenetische Systematik

Phylogenie: (gr. Phylum=Stamm) die Verwandtschaftsbeziehungen der Organismen, erklärt durch ihre evolutionäre Geschichte

Phylogramm: graphische Zusammenfassung dieser Geschichte; beschreibt das Muster und eventuell auch die zeitliche Abfolge der Aufspaltung der Taxa.

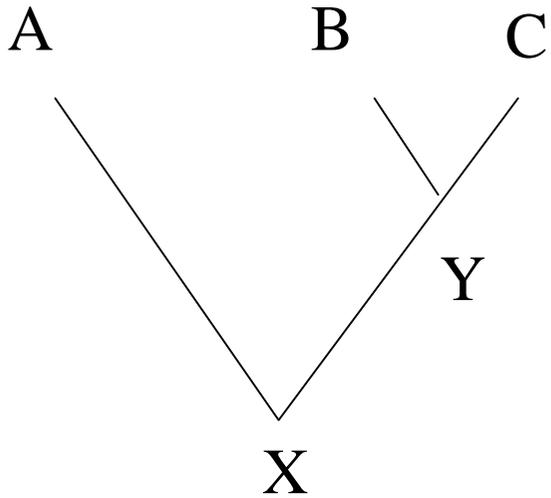
Phylogenese: Entstehung Verzweigungen im Phylogramm

Merkmale

1      2      3

Arten

A	<b>X</b>	-	-
B	<b>X</b>	<b>X</b>	-
C	<b>X</b>	<b>X</b>	<b>X</b>



Mit Hilfe von Phylogenien lassen sich die evolutionäre Geschichte einer Gruppe rekonstruieren.

Welches sind die nächsten Verwandten?

Wann entstand eine Organismengruppe?

Wo entstand eine Organismengruppe?

# Welches sind die besten Merkmale für Phylogenien?

Basale Annahme: die nächstverwandten Organismen sollten die meisten gemeinsamen Merkmale aufweisen.

Kann man aufgrund von Ähnlichkeiten zwischen Gruppen Verwandtschaften annehmen?

NEIN

die Merkmale müssen genau geprüft werden!

# Welches sind die besten Merkmale für Phylogenien?

Merkmale müssen **homolog** sein, d.h. von gemeinsamer Stammart vererbt.

Problem: Evolution von Merkmalen hängt nicht nur von Verwandtschaft ab, sondern Selektion spielt eine Rolle.

Am geeignetesten sind Merkmale, auf denen kein Selektionsdruck liegt, weil damit Konvergenzen vermieden werden.

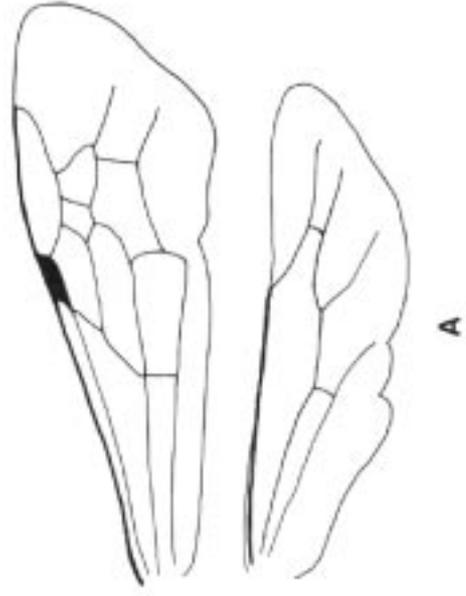
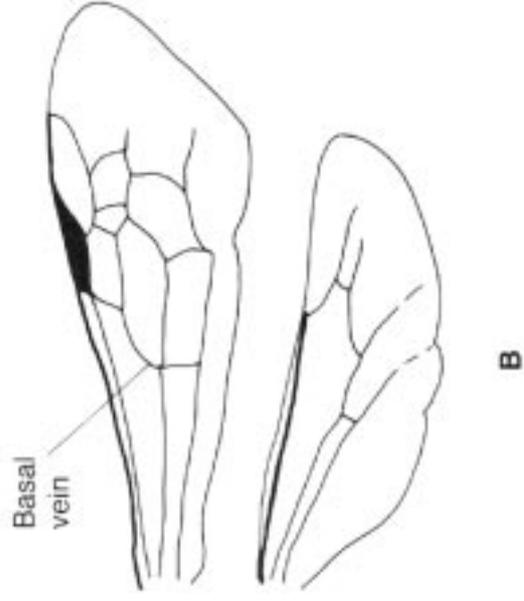


FIGURE 7

# Morphologische Merkmale

- Grösse und Form von Insektengenitalien
- Anzahl und Anordnung von Blütenorganen
- Anzahl von Drehungen bei Schneckenschalen

Unabhängigkeit muss überprüft werden; z.B. Grössenmerkmale sind oft nicht unabhängig voneinander.

Konvergenzen müssen aufgespürt werden

Insgesamt gibt es weniger solche Merkmale als z.B. DNA Merkmale

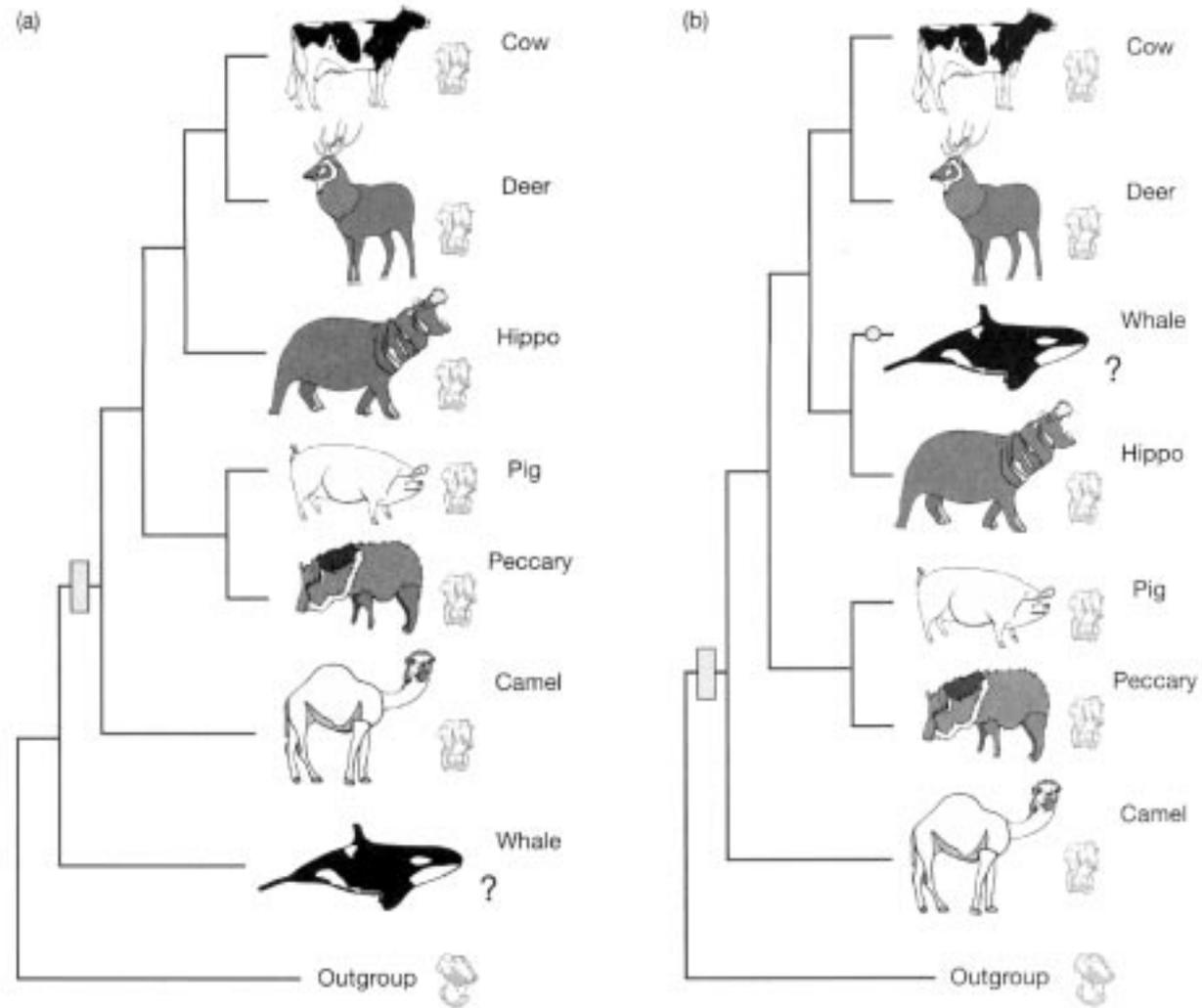


Fig. 13.4 Freeman & Herron

# Molekulare Merkmale

- Aminosäuresequenzen
- Allozymanalyse mittels Gelelektrophorese
- DNA Sequenzen; abgelesene Sequenzen: Gene (Extrons), nichtabgelesene Sequenzen: z.B. Introns, DNA Abschnitte zwischen Genen
- Marker: RAPDs, AFLPs, Mikrosatelliten

Unabhängigkeit: Wahrscheinlichkeit von Änderungen an einem Locus ist normalerweise unabhängig von anderen.  
Reversionen können häufig sein, wenn sich das Genom rasch verändert

Grosse Anzahl von Merkmalen

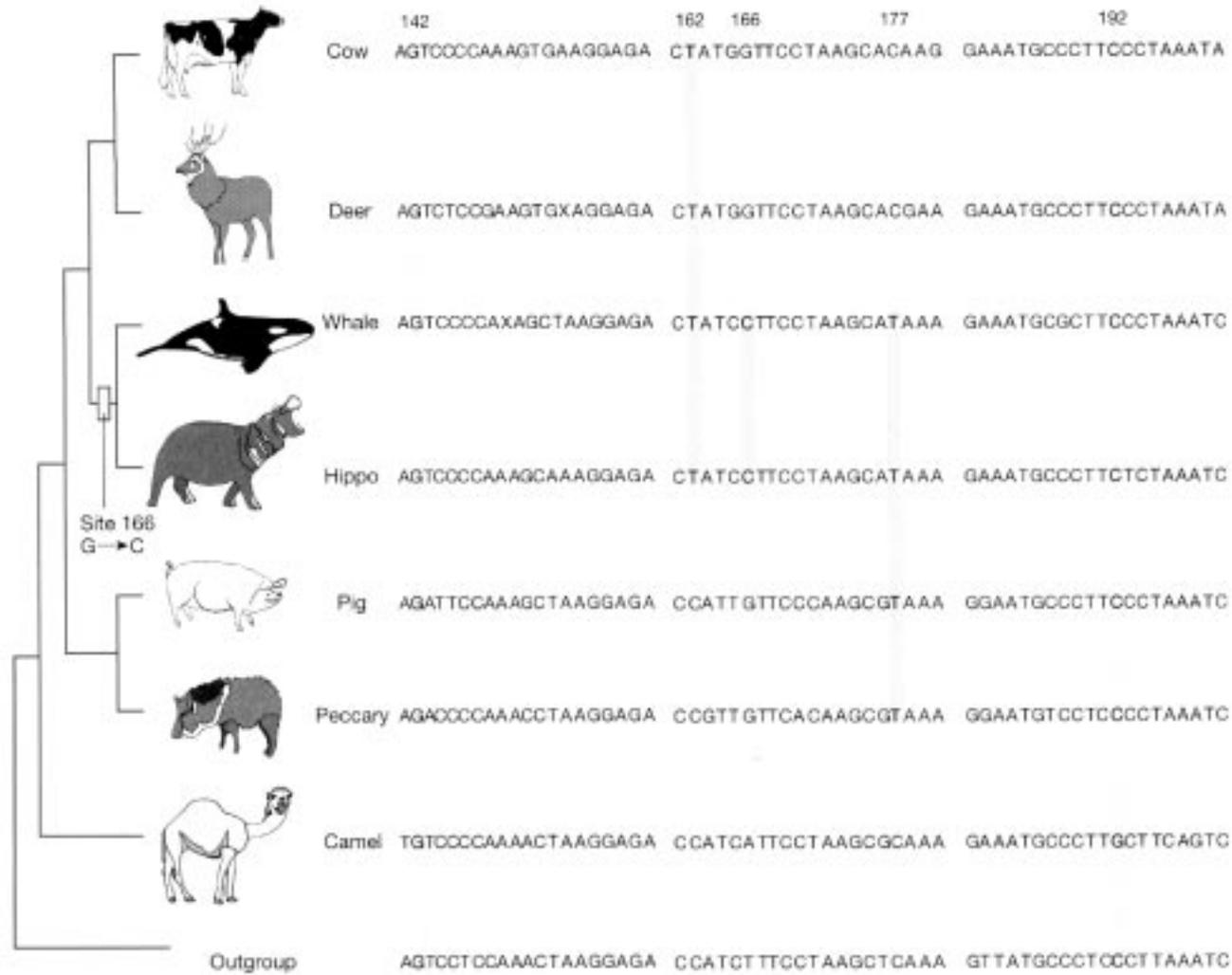


Fig. 13.5 Freeman & Herron

# Homologie - Konvergenz

**Homologie:** ein Merkmal zweier Gruppen, das von einem gemeinsamen Vorfahren vererbt ist.

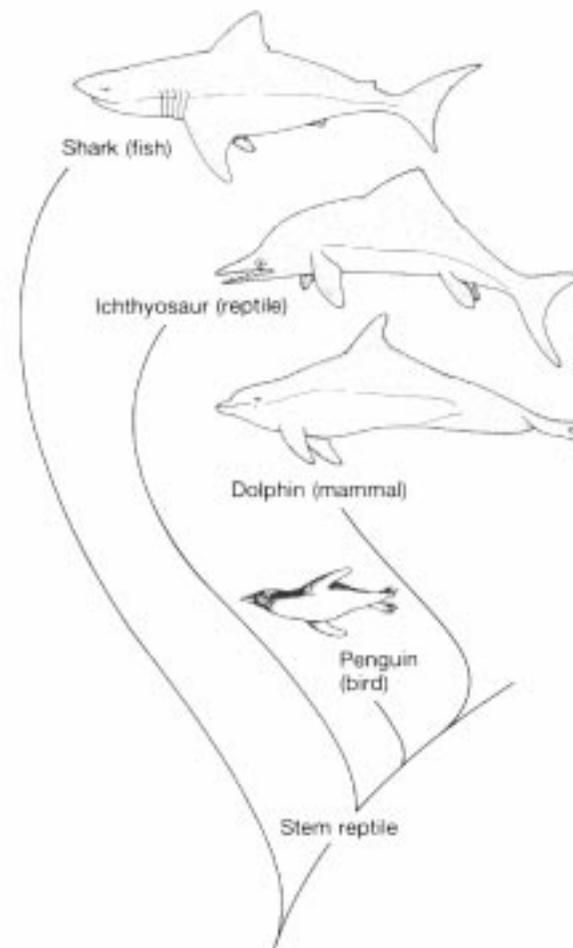
**Konvergenz:** ein Merkmal zweier Gruppen ist nicht von einem gemeinsamen Vorfahren abzuleiten, sondern durch einen ähnliche Selektionsdruck mehrfach unabhängig entstanden.

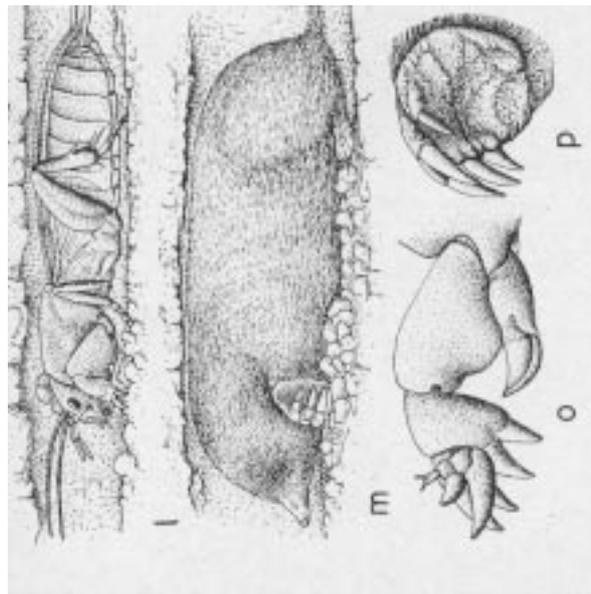
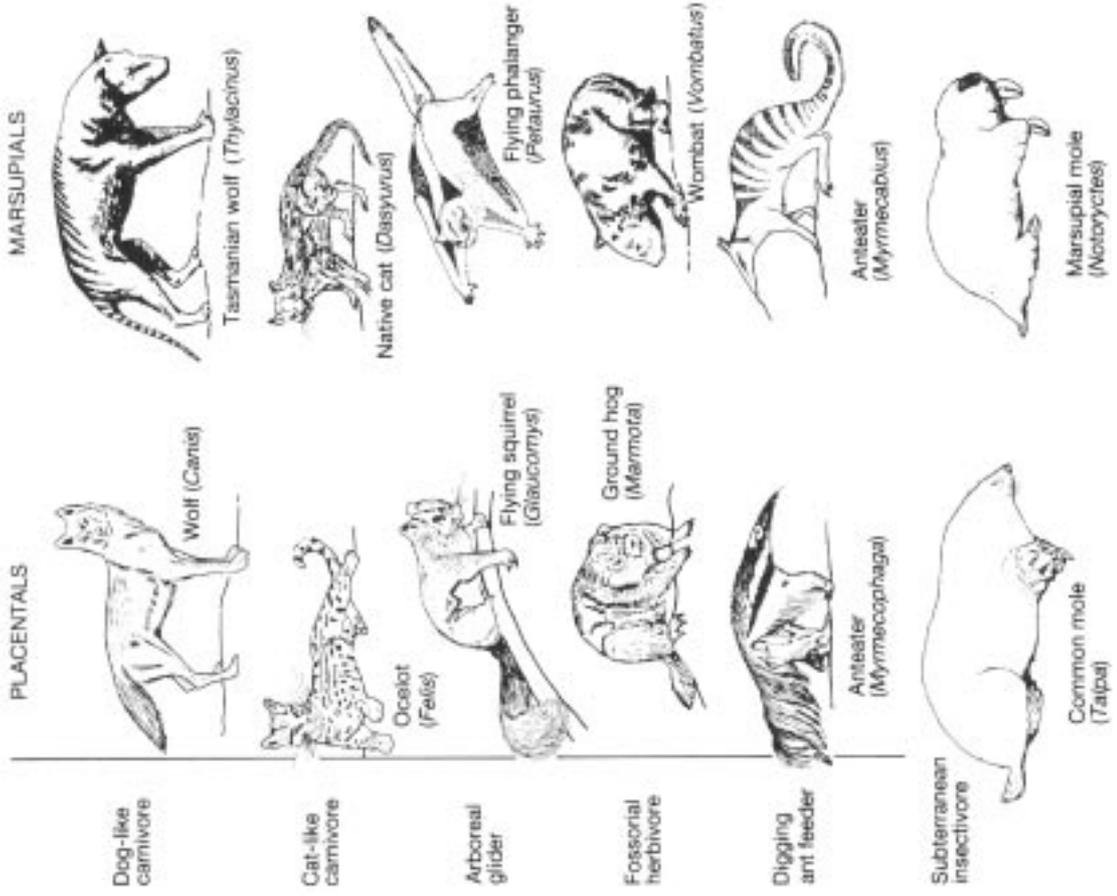
**Paralellismus:** ein unabhängiges Merkmal ist in zwei Gruppen über denselben Entwicklungsweg entstanden.

**Reversion:** durch Mutation wird ein Merkmal in die Ursprüngliche Form zurückgeführt.

Reversion und Konvergenz: **Homoplasy**

# Beispiele für Konvergenzen:





# Bsp. für Konvergenz: Mimikry

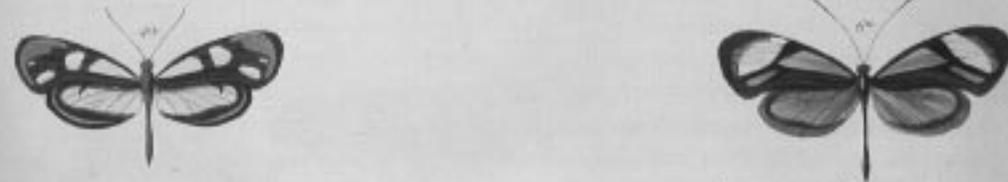
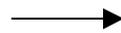
typischer Pieridae (Weissling)



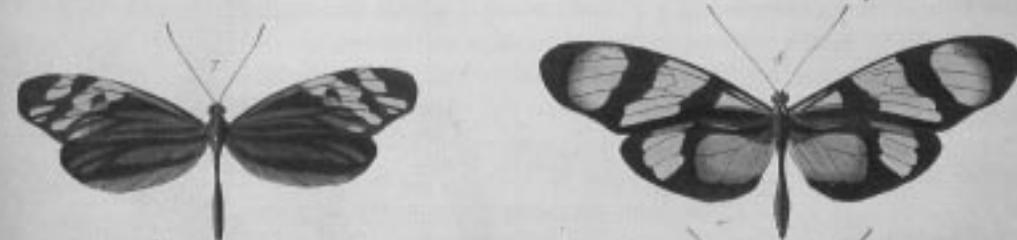
Pieridae



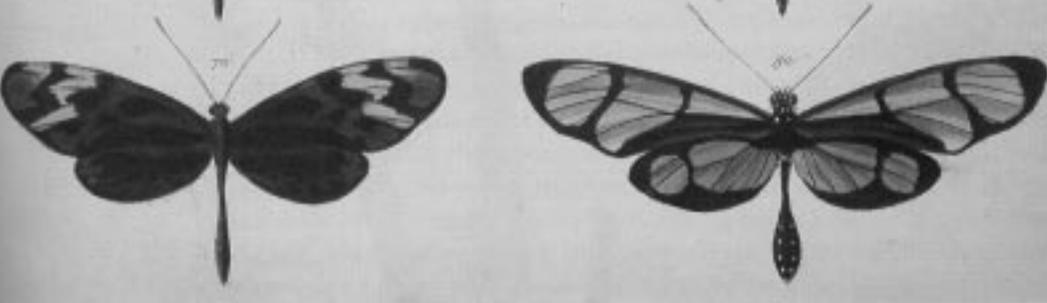
Heliconiidae



Pieridae



Heliconiidae

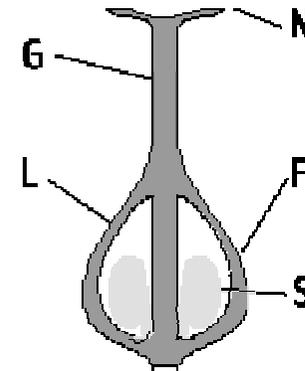


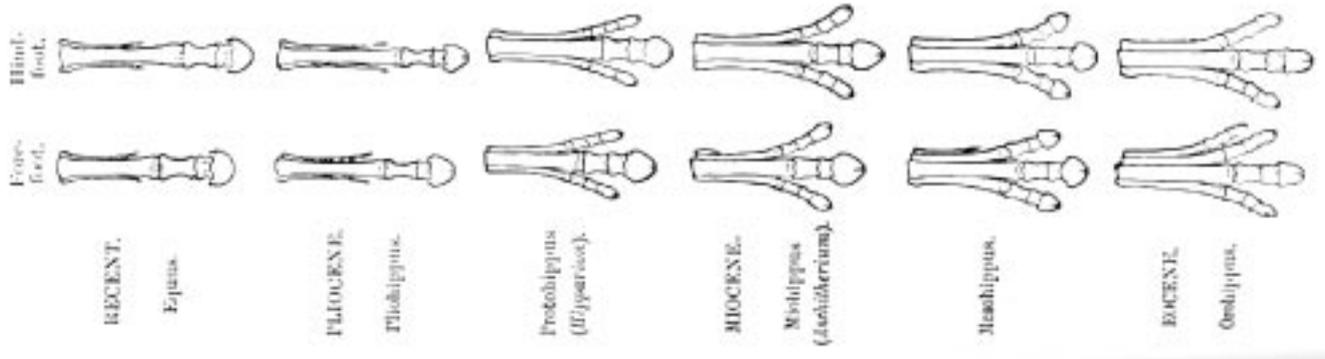
# Identifikation von Homologien

Homologiekriterien nach Remane:

- Spezifische Lage
- Spezielle Qualität
- Verknüpfung durch Zwischenformen

Bsp. Fruchtknoten





RECENT.

*Equus.*

PLEISTOCENE.

*Thiodippos.*

PROTODIPPOS  
(*Diposot.*)

MIOCENE.

*Miodippos*  
(*Auchilercium.*)

*Miodippos.*

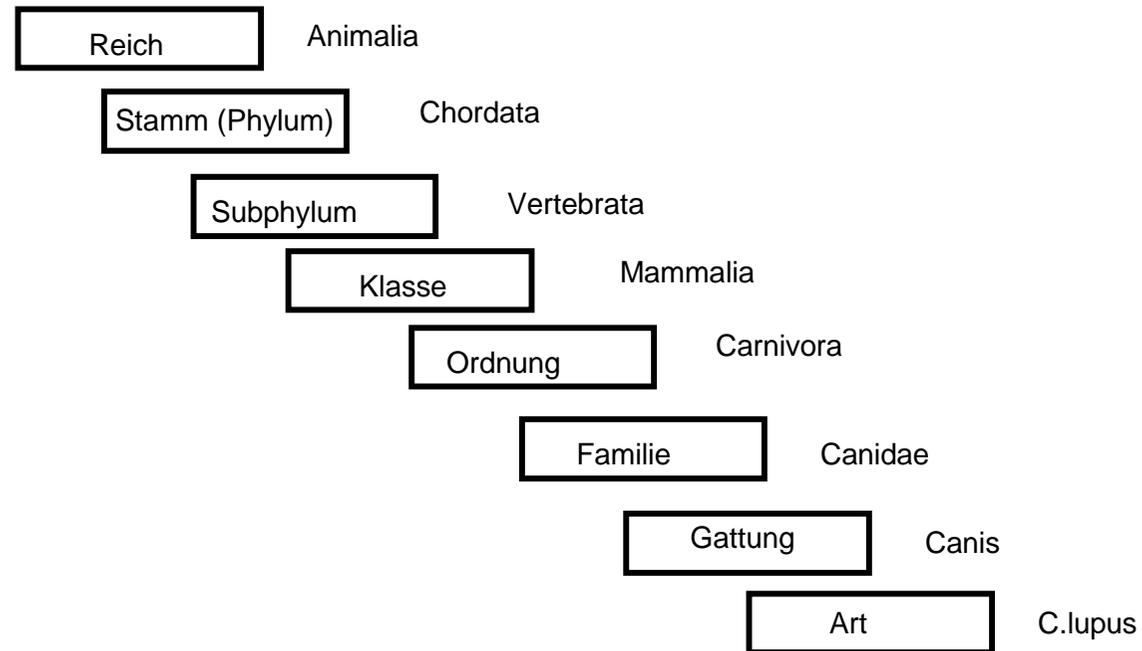
EOCENE.

*Orodippos.*

Nur homologe Merkmale dürfen verwendet werden,  
um Verwandtschaftsbeziehungen aufzuspüren.

Verwendet man Konvergenzen, kommt man auf  
polyphyletische Gruppen, denn Konvergenzen  
stammen nicht aus derselben genetischen Information.

# Klassifikation



Carl von Linné (Linnaeus)  
(1707-1778)

# Klassifikation

**Taxonomie:** Klassifikation (Einteilung in Kategorien) der Organismen

**Systematik:** Verwandtschaftsbeziehungen der Organismen

Klassifikation kann auf mehreren Prinzipien beruhen,  
z.B. Ähnlichkeiten im Körperbau (Phänetik) oder  
evolutionäre Geschichte (Kladistik)

# Kladistik

Begründet von Willi Hennig

Wichtige Begriffe:

**Apomorphie:** ein abgeleitetes Merkmal (bezogen auf eine bestimmte Gruppe); d.h. eine evolutionäre Novität;

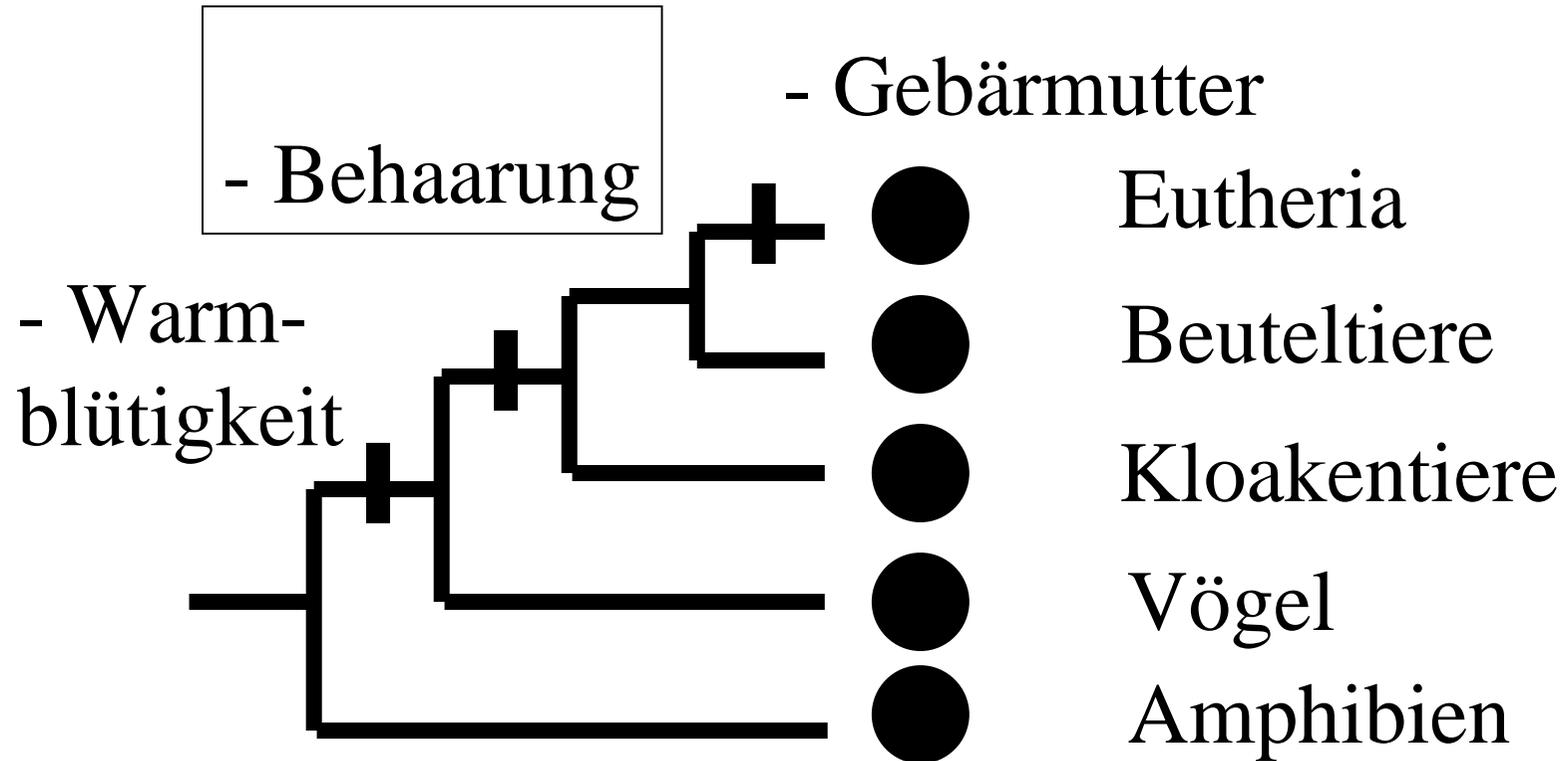
**Plesiomorphie:** ein ursprüngliches Merkmal; d.h. es wurde vom Vorfahren vererbt.

**Synapomorphie:** ein abgeleitetes Merkmal, das bei mehreren Gruppen gemeinsam vorkommt.

**Autapomorphie:** ein abgeleitetes Merkmal, das nur bei einer bestimmten Gruppe vorkommt.

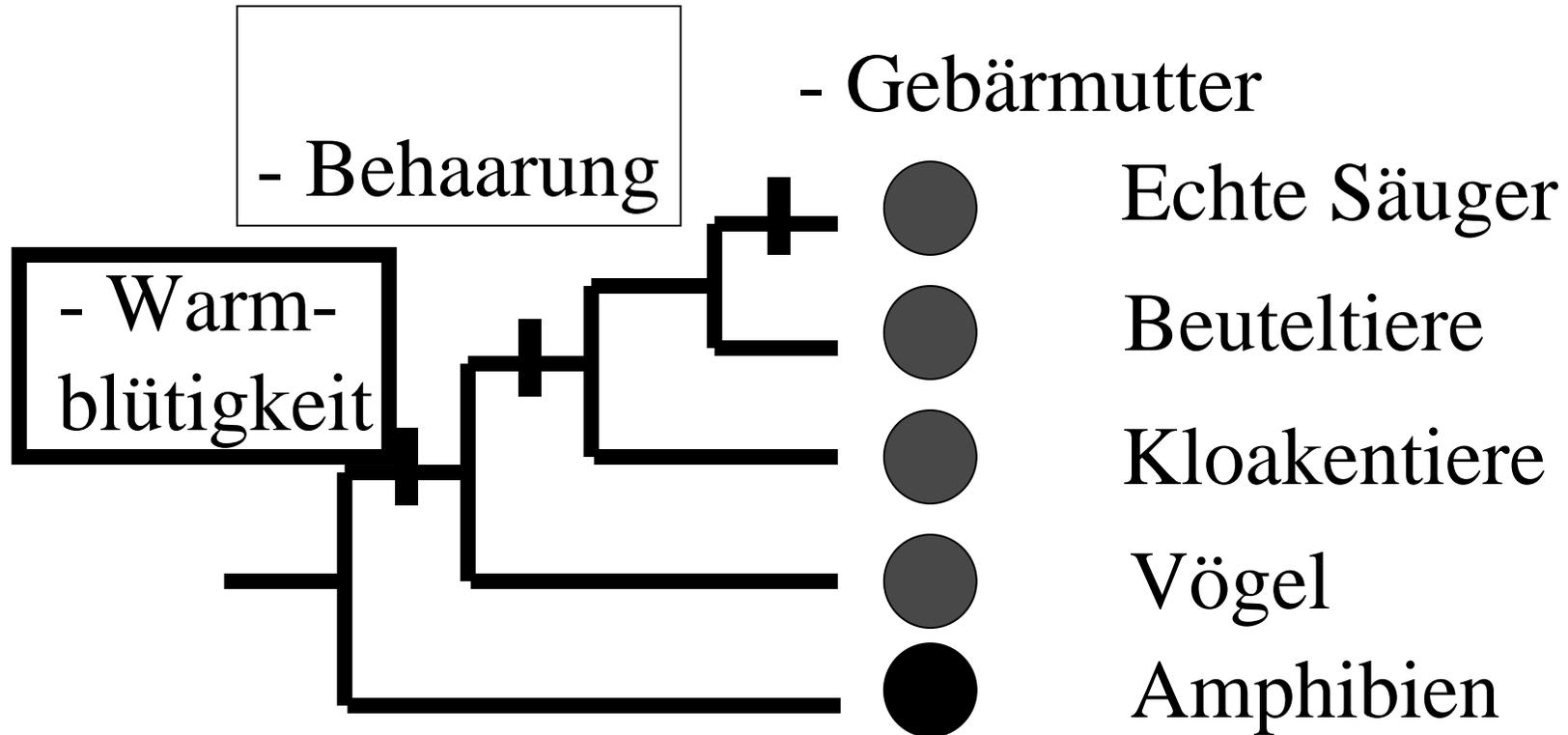
**Symplesiomorphie:** ein gemeinsames, ursprüngliches Merkmal

# Kladistik



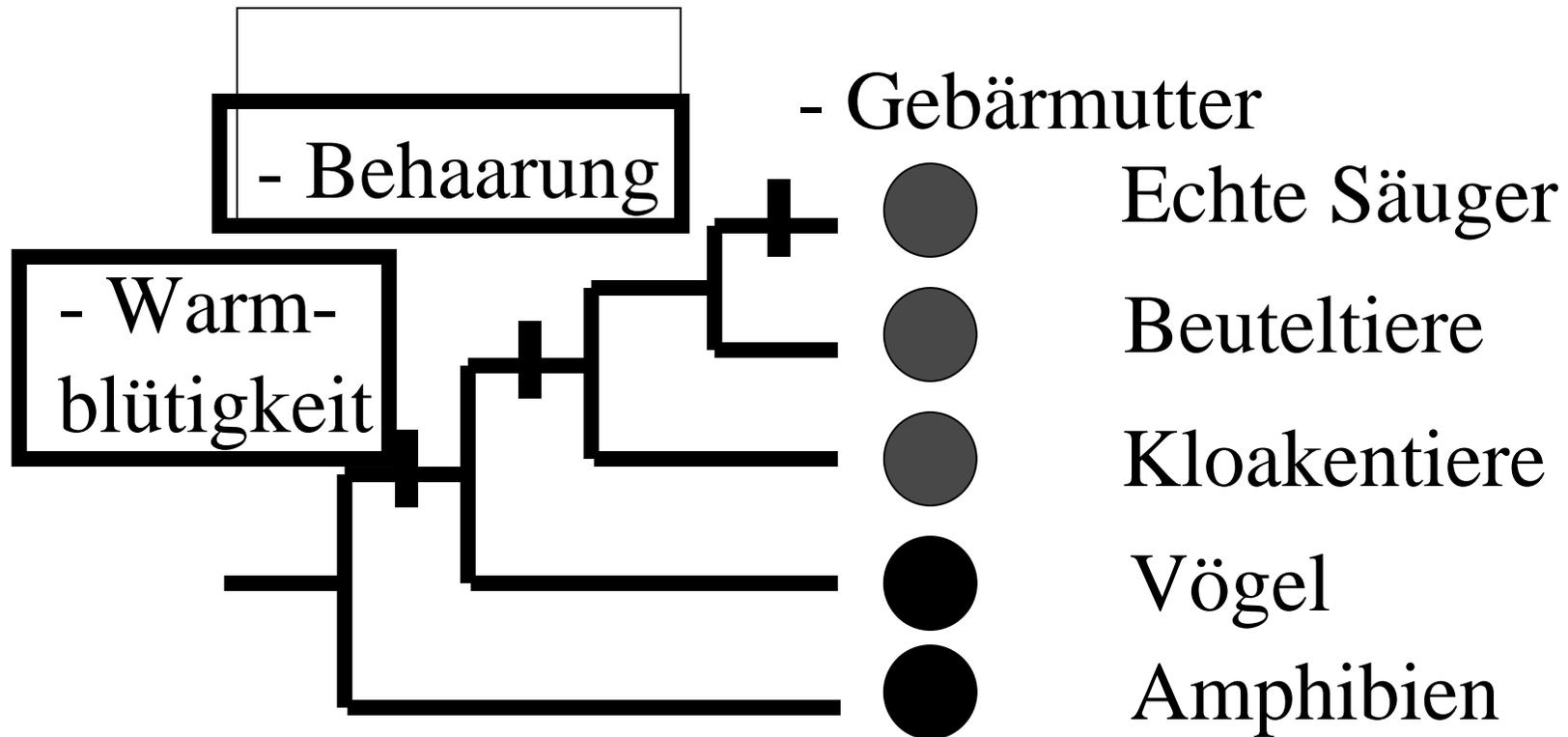
# Kladistik

## Synapomorphie



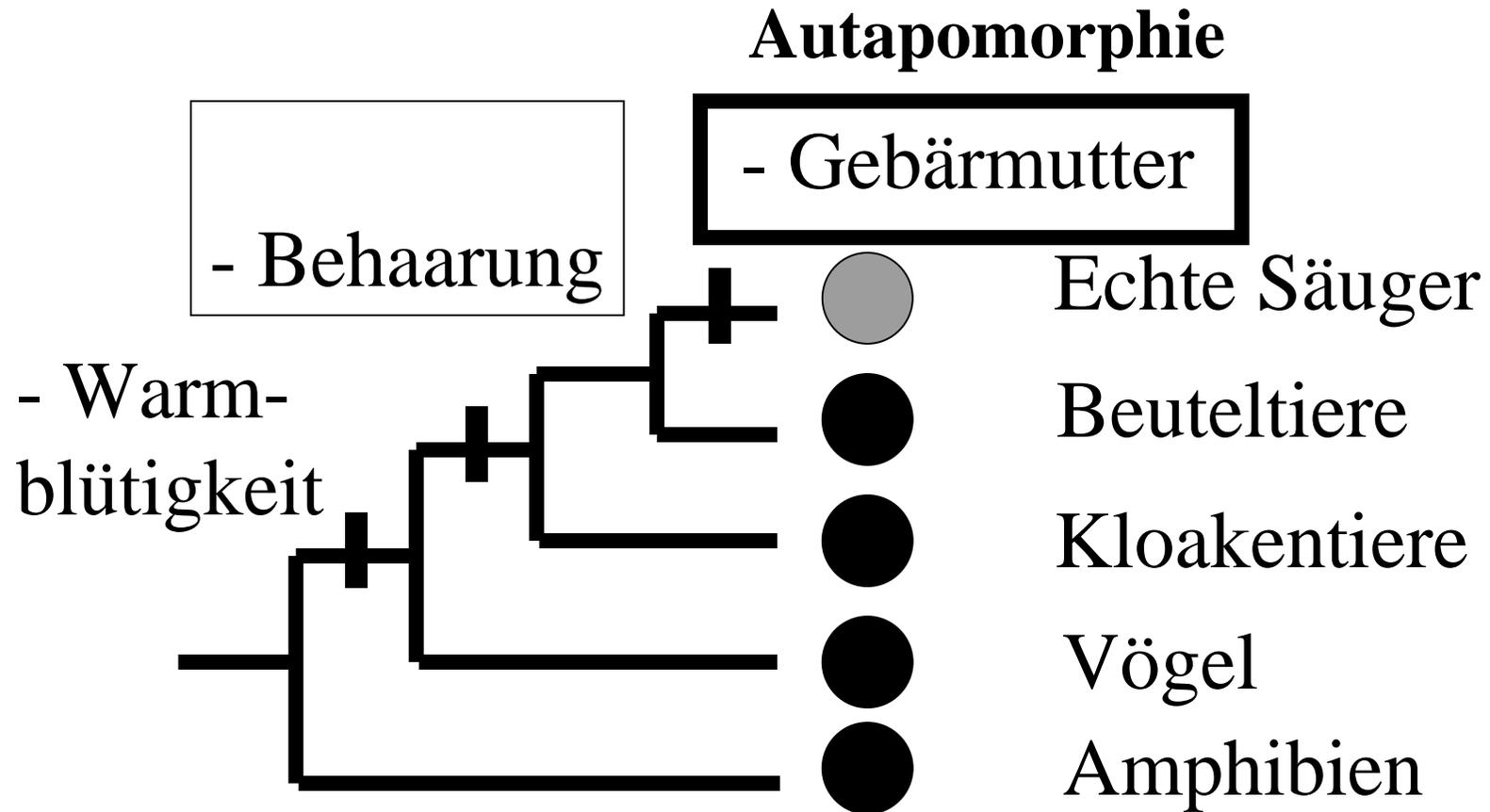
# Kladistik

## Synapomorphien



## Plesiomorphie

# Kladistik



# Nur Apomorphien dürfen für ein Kladogramm verwendet werden!

Bsp. für Synapomorphien:

- Behaarung, Milchdrüsen bei Säugetieren
- Amnion bei Reptilien, Vögeln und Säugern
- Wachsschicht auf der Kutikula bei Insekten

Synapomorphien identifizieren Unterbrechungen des Genflusses zwischen zwei Populationen in der Vergangenheit. Synapomorphien sind additiv, d.h. die am meisten abgeleitete Gruppe hat am meisten dieser Merkmale

# Phylogenie von Vögel-Gruppen seit Mesozoikum

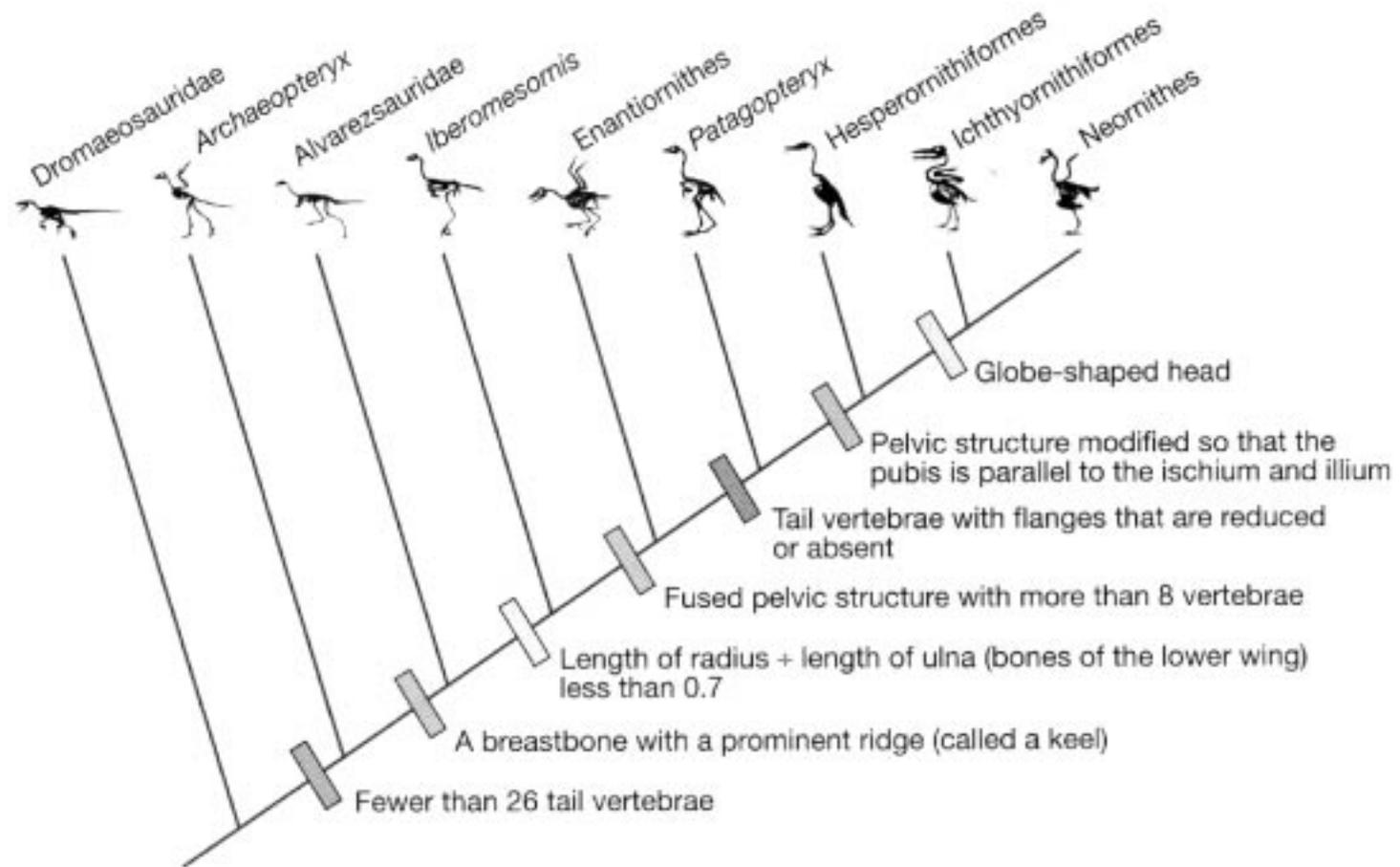
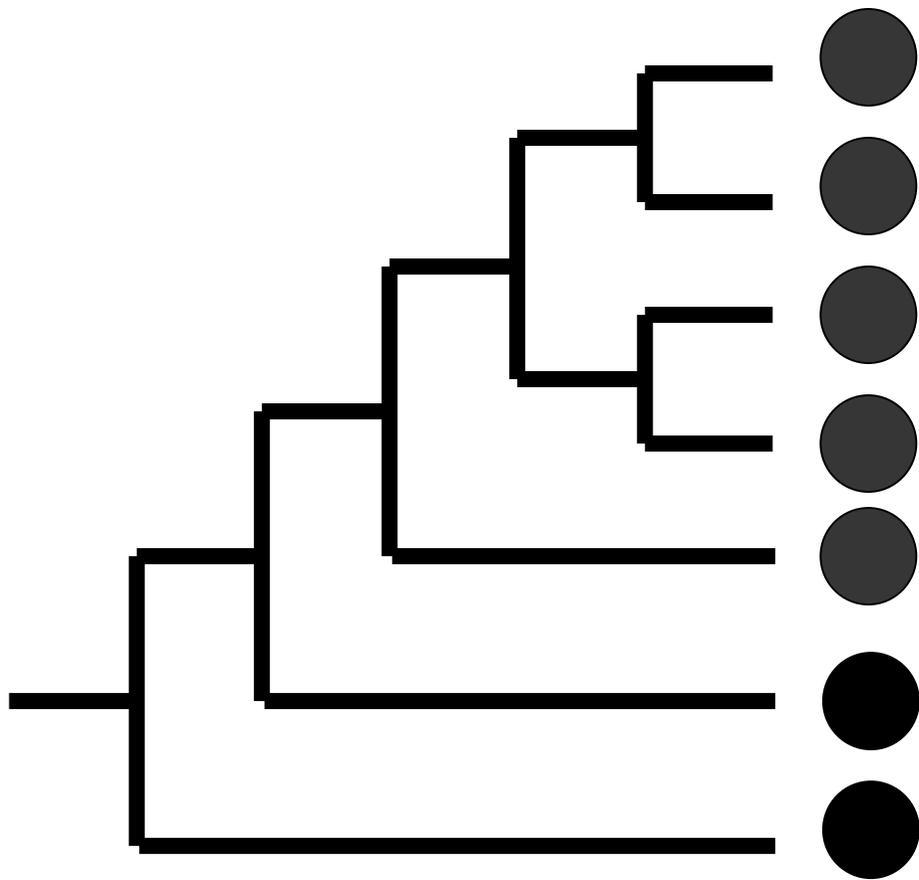


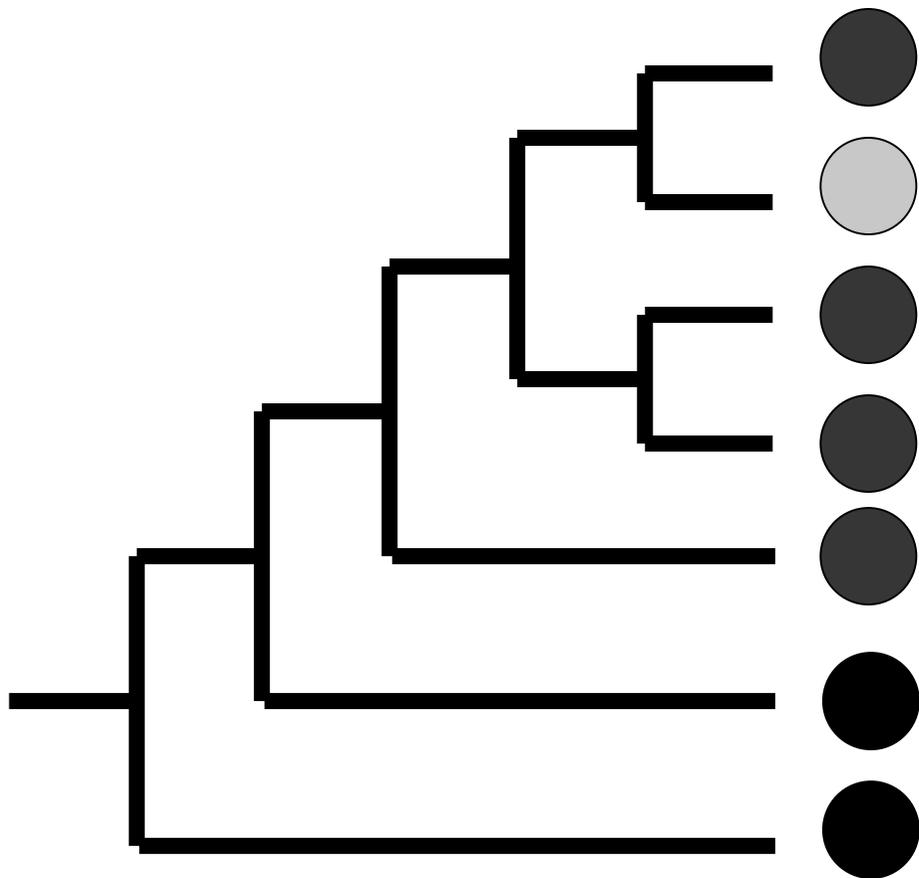
Fig. 13.1 Freeman & Herron

# Gruppen monophyletisch



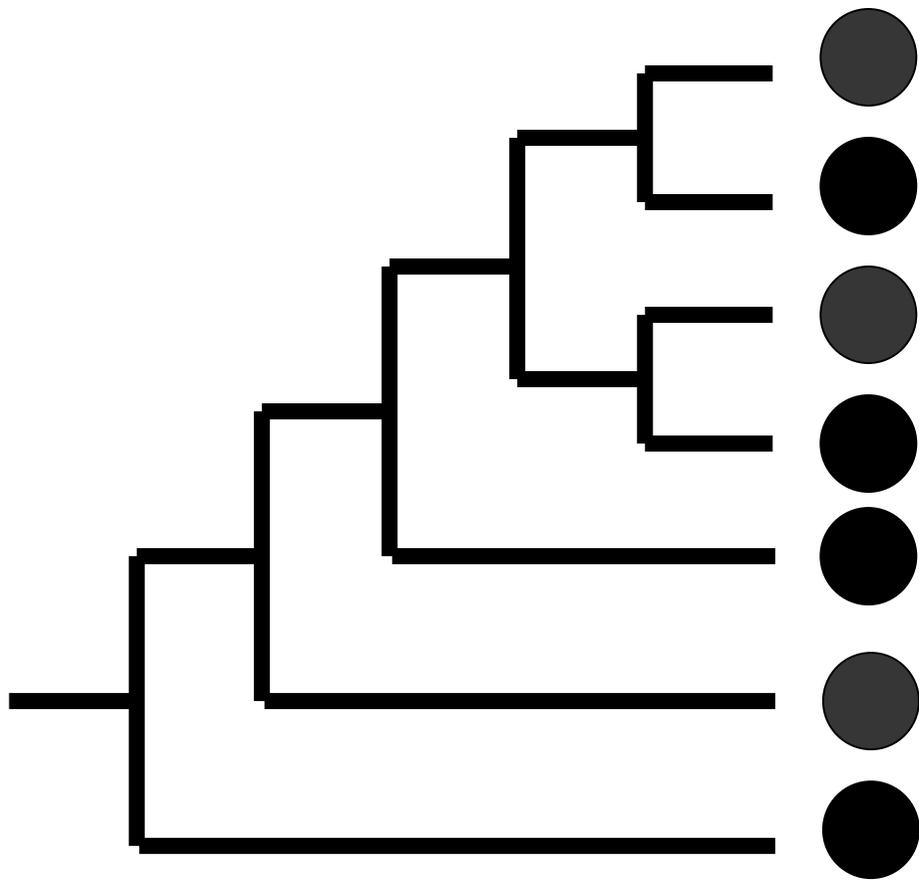
**eine taxonomische  
Gruppe,  
z.B. Bedecktsamer:  
1) auf eine  
gemeinsamen  
Vorfahren  
2) alle Nachkommen  
eingeschlossen**

# Gruppen paraphyletisch



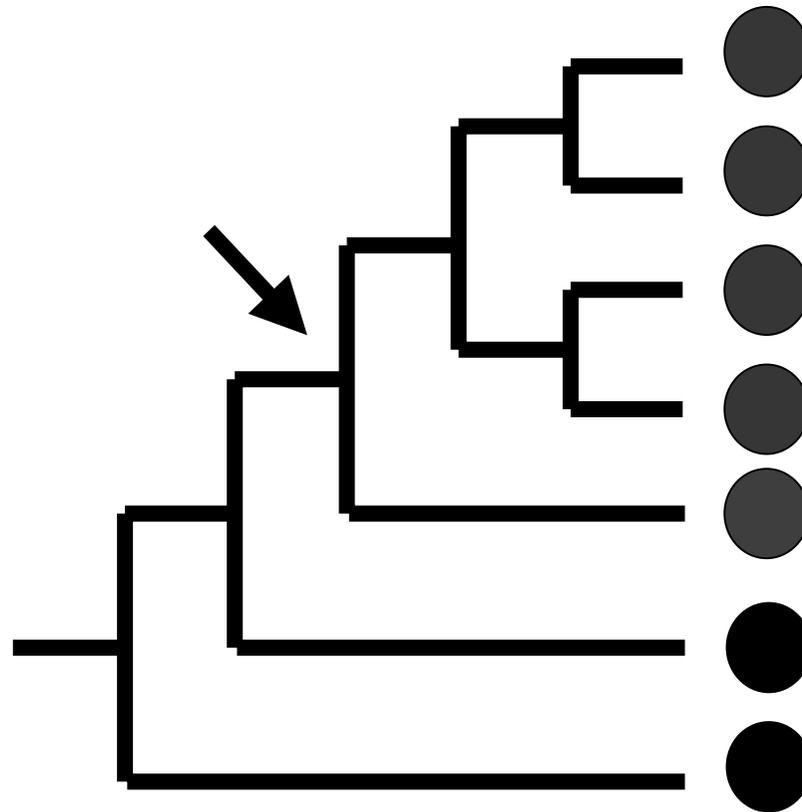
**eine taxonomische  
Gruppe, z.B. Nacktsamer:  
1) auf eine  
gemeinsamen  
Vorfahren  
2) nicht alle  
Nachkommen  
eingeschlossen (gelb)**

# Gruppen polyphyletisch



**eine taxonomische  
Gruppe, z.B. Pilze:  
1) nicht auf eine  
gemeinsamen  
Vorfahren**

# Schwestergruppen

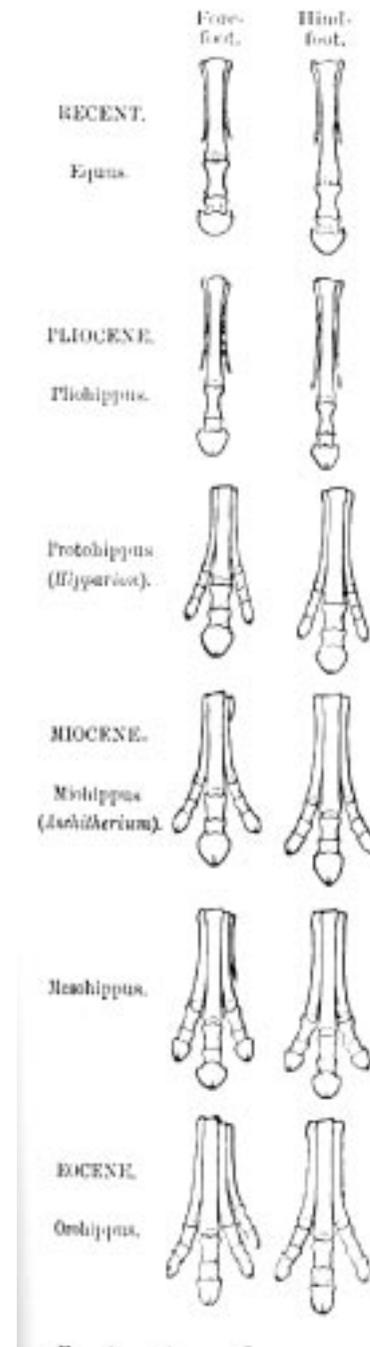


**Zwei Gruppen Rot und Blau gehen auf einen gemeinsamen Vorfahren innerhalb einer monophyletischen Gruppen zurück**

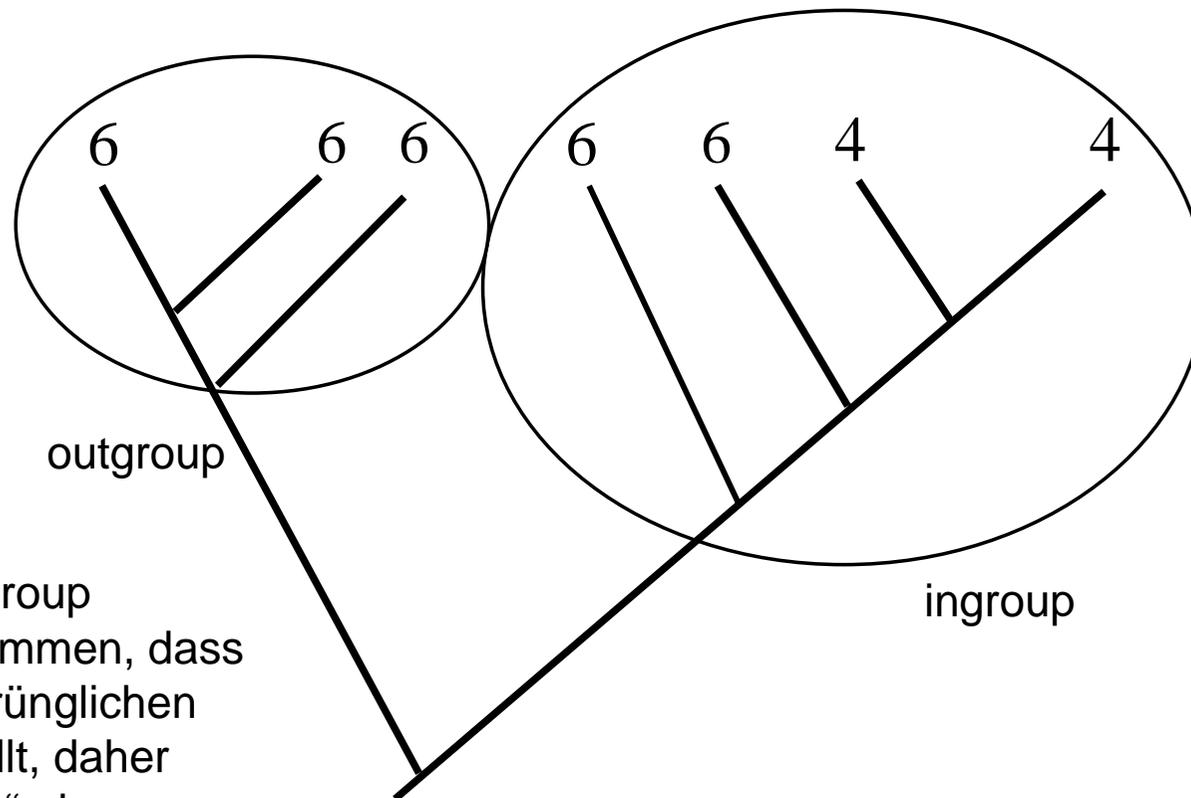
Feststellen der **Polarität von Merkmalen** (die Richtung ihrer Entwicklung) – welches Merkmal ist evolutionär älter

- Outgroup Analyse
- Ontogenese
- Fossilien

# Evolutionäre Änderung des Pferdefusses:



# Outgroup-Analyse



Von der outgroup  
Wird angenommen, dass  
sie den ursprünglichen  
Staus darstellt, daher  
wird „6 Beine“ als  
ursprüngliches Merkmal  
angenommen.

# Methoden, den besten Baum zu finden

Jedes Kladogramm stellt nur eine Hypothese dar; es gilt, aus mehreren Möglichkeiten die wahrscheinlichste zu finden.

# Parsimony

**Parsimony** („Prinzip der sparsamsten Erklärung“): das beste Kladogramm ist das, welches am wenigsten evolutionäre Änderungen annimmt.

Annahme: Homoplasien sind weniger häufig als Synapomorphien; daher: würde man das Kladogramm mit homoplasy-Merkmalen aufbauen, wird man mehr Änderungen annehmen müssen als mit homologen Merkmalen.

## Maximum likelihood

Aus einer Datenmatrix wird die Wahrscheinlichkeit eines bestimmten Verwandtschaftsmusters berechnet, wobei die Wahrscheinlichkeit für bestimmte Nukleotid-Substitutionen einbezogen werden.

## Distanzmatrix

konkrete Merkmale werden in Distanzwerte übersetzt. z.B. Fehlen oder Existenz best. Morphologischer Merkmale; hier werden nur Ähnlichkeiten verglichen, geht nur, wenn keine Konvergenzen auftreten.

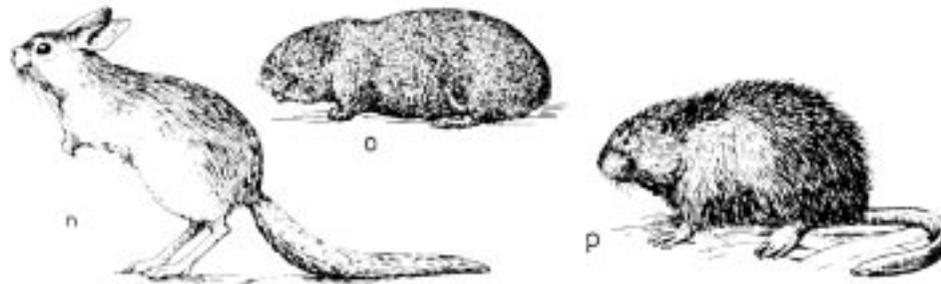
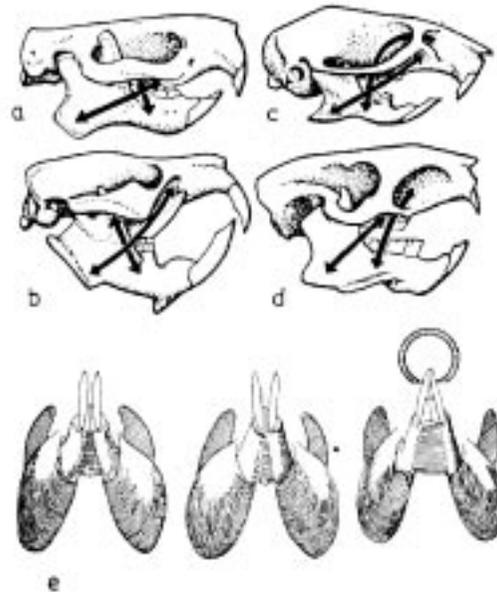
# Evolutionraten und Molekulare Uhr

Evolutionraten sind oft unterschiedlich für verschiedene  
Merkmale: Mosaik-Evolution

z.B. Schneidezähne bei allen Nagetieren sehr ähnlich  
(generelle Anpassungen), Form der Beine variiert dagegen  
innerhalb der Gruppe viel stärker (spezifische  
Anpassungen)

Konservative Merkmale können Selektionsneutral sein.

# Bsp. für Mosaikevolution: Nagerzähne - Nagerbeine

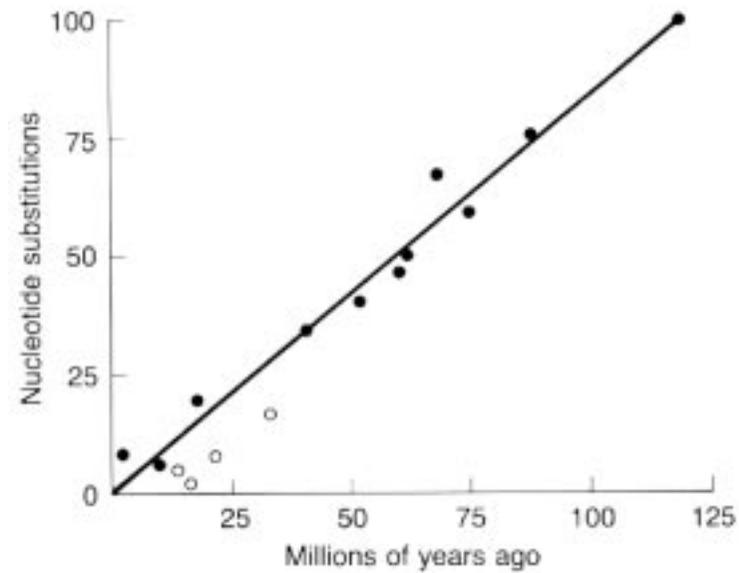


# Molekulare Uhr

Neutrale Mutationen sollten sich mit der Mutationsrate anhäufen. Bei konstanter Mutationsrate sollten solche Mutationen gleichmässig mit der Zeit zunehmen.

Daher: Aus der Anzahl der Mutationen kann das Alter der Abspaltung bestimmt werden. Die molekulare Uhr kann anhand von Fossilienreihen geeicht werden.

## Molekulare Uhr: Anhäufung von Mutationen über längere Zeiträume



# Molekulare Uhr

Probleme:

- Evolutionsraten sind oft unterschiedlich für verschiedene Merkmale: Mosaik-Evolution
- innerhalb eines Gens, verschiedene Evolutionsraten möglich
- zwischen verschiedenen Organismen unterschiedliche Evolutionsraten, nicht-linear

<= Selektion auf DNA-Abschnitt!

Möglichst neutrale Merkmale verwenden; diese schwierig zu erkennen.