

NATURA Abiturtraining

Evolution Lösungen

Hanna Ekebrecht
Lilla-Eliza Hell
Julia Stöckel

Ernst Klett Verlag
Stuttgart Leipzig

1. Auflage

1 5 4 3 2 1 | 24 23 22 21 20

Alle Drucke dieser Auflage sind unverändert und können im Unterricht nebeneinander verwendet werden.

Die letzte Zahl bezeichnet das Jahr des Druckes.

Das Werk und seine Teile sind urheberrechtlich geschützt. Jede Nutzung in anderen als den gesetzlich zugelassenen Fällen bedarf der vorherigen schriftlichen Einwilligung des Verlages. Hinweis §60a UrhG: Weder das Werk noch seine Teile dürfen ohne eine solche Einwilligung eingescannt und in ein Netzwerk eingestellt werden. Dies gilt auch für Intranets von Schulen und sonstigen Bildungseinrichtungen. Fotomechanische oder andere Wiedergabeverfahren nur mit Genehmigung des Verlages.

© Ernst Klett Verlag GmbH, Stuttgart 2020. Alle Rechte vorbehalten. www.klett.de

Das vorliegende Material dient ausschließlich gemäß § 60b UrhG dem Einsatz im Unterricht an Schulen.

Autorinnen: Hanna Eckebrecht; Lilla-Eliza Hell; Dr. Julia Stöckel

Redaktion: Dr. Detlef Eckebrecht DIDACTIC CONCEPTIONS

Entstanden in Zusammenarbeit mit dem Projektteam des Verlages.

Gestaltung: Ernst Klett Verlag GmbH, Stuttgart

Umschlaggestaltung: KOMA AMOK®, Kunstbüro für Gestaltung, Stuttgart

Illustrationen: Otto Nehren, Achern; Ingrid Schobel, Hannover

Lösungen zu ISBN 978-3-12-049139-2

Blind durch ein Leben in der Dunkelheit? (Seite 2)

- **1** LAMARCK hatte in seiner Theorie zwei Gesetze aufgestellt:
 - Das erste Gesetz besagt, dass der verstärkte Gebrauch oder Nichtgebrauch eines Organs während der Entwicklung eines Lebewesens zu einer Verstärkung oder Verkümmern des betreffenden Organs führt.
 - Das zweite Gesetz besagt, dass ein solches durch den Organgebrauch oder Nichtgebrauch verändertes Merkmal von den Eltern auf die Nachkommen vererbt wird.

Die Reduktion der Augen bzw. der Verlust der Sehfähigkeit bei den überwiegend unterirdisch lebenden Maulwürfen und bei den komplett unterirdisch lebenden Blindmäusen war aus der Perspektive von LAMARCK eine Folge des Nichtgebrauchs des Sehsinns im dunklen Erdreich. Die äußerlichen Veränderungen (kleine Augen bzw. von Hautlappen überdeckte Augen) konnten nach Meinung von LAMARCK an die Nachkommen weitergegeben werden.

- **2** Zu Lebzeiten von LAMARCK war die Existenz von Genen und von Mutationen unbekannt. Ebenfalls unbekannt war, dass Erbgutänderungen nur über die Keimzellen in der Keimbahn vererbt werden. Das gilt nicht für somatische, erworbene Veränderungen (Modifikationen). Weiterhin waren Evolutionsfaktoren wie Rekombination, Selektion, Gendrift, Isolation unbekannt. LAMARCK verfolgte außerdem nur teilweise den heute üblichen naturwissenschaftlichen Weg der Erkenntnisgewinnung: Er überprüfte seine Aussagen nicht experimentell, suchte aber nach Beispielen, die er als Beleg für seine Aussagen präsentieren konnte.

- **3** In der Ursprungspopulation der Vorfahren der heutigen Blindmäuse existierte eine Variabilität hinsichtlich der Körperform. Die Mutanten mit einem eher walzenförmigen Körper und großen Nagezähnen waren durch diese Präadaptationen an ein Leben in selbst gegrabenen Gängen im Erdreich angepasst. Die speziellen Fähigkeiten führten zur Konkurrenzvermeidung bezüglich oberirdisch lebender Verwandter. Außerdem waren Mutationen zur Bildung eines Hautlappens über den Augen vielleicht ursprünglich im Rahmen einer transformierenden Selektion von Vorteil, da das Sehorgan vor Verletzungen im Erdreich geschützt war. Der Verlust des Sehvermögens aufgrund weiterer Mutationen stellte in der weiteren Evolution wohl keinen Selektionsnachteil dar, da in dunkler Umgebung keine optische Orientierung möglich ist. Die aufgrund ihres Lebensraums und evtl. durch andere Faktoren isolierte Population entwickelte sich unabhängig von der Ursprungspopulation der Blindmäuse weiter. Mutationen, Rekombination und weiter stattfindende Selektion sind seit der Isolation auf die neu entstandene Art beschränkt. Durch lang anhaltende Isolation konnte es zu einer allmählichen Festigung der Artsschranke durch weitere Unterschiede kommen.

Darwin und die Vielfalt der Taubenrassen (Seite 3)

- **1** DARWINs Erkenntnisse:
 - Der Züchter lässt nicht alle Individuen zur Zucht zu. Er selektiert Tiere mit bestimmten Merkmalen für eine Verpaarung (künstliche Selektion). In der Natur wird diese Selektion durch die Partnerwahl vollzogen.
 - Merkmale sind in den Folgegenerationen wiederzufinden (Vererbung).
 - Alle Taubenrassen gehen auf die Stammform, *Columba livia*, zurück (Veränderlichkeit von Arten).
 - Innerhalb einer Population einer Taubenrasse variiert die Ausprägung von Merkmalen (Variabilität).

- **2** Beim Gen EphB2 für den Ephrinrezeptor kommt an Position 596 613 eine Veränderung vor, die auf einer Genmutation beruht. Die Punktmutation betrifft den Basenaustausch G → T. Es handelt sich wahrscheinlich um eine Missense-Mutation, durch die eine andere Aminosäure in das Rezeptorprotein eingebaut wird, die wiederum zu einer geringeren Proteinaktivität führt. Die Tatsache, dass die Wildform im Gegensatz zur Mutante keine Federkrause aufweist, ist ein Beleg dafür, dass diese Mutation die Ursache für die Bildung der Halsfederkrause ist. Wenn Tauben beide Allele für EphB2 mit diesem Basenaustausch besitzen (homozygot T/T), bildet sich eine Halsfederkrause aus. Sind die Tauben allerdings homozygot oder heterozygot bezüglich des nicht mutierten Allels (G/G, G/T), so entwickeln sie keine Halsfederkrause. Es handelt sich demnach um einen dominant-rezessiven Erbgang, wobei das Merkmal „Halsfederkrause“ rezessiv vererbt wird.
- **3** individuelle Lösung. Mögliche Aspekte sind z. B.:
In der Population der Wildform (Felsentaube) führt die stabilisierende Selektion zu einem sehr einheitlichen Erscheinungsbild. Mögliche Selektionsfaktoren sind der Feinddruck und die verminderte reproduktive Fitness durch die Partnerwahl (sexuelle Selektion). Innerhalb der Population ist die Durchmischung des Genpools nicht eingeschränkt.

Die Taubenrassen sind durch die künstlich eingeschränkte Partnerwahl und die fehlenden natürlichen Selektionsfaktoren entstanden. Bei der Zucht liegt in kleinen Populationen ein kleiner Genpool vor. Rezessiv vererbte Merkmale können leicht sichtbar werden und vom Züchter zur Weitervermehrung ausgewählt werden. So kann sich das Erscheinungsbild der Artgenossen ändern. Es kommt immer wieder zu spontan auftretenden Unterschieden im Phänotyp im Vergleich zu den Eltern und Geschwistern, deren Ursache nach heutigem Wissen Mutationen sind. Ein Feinddruck auf solche Merkmalsträger besteht in der Obhut des Menschen kaum.

Variabilität bei Schwarzmündigen Bänderschnecken (Seite 4)

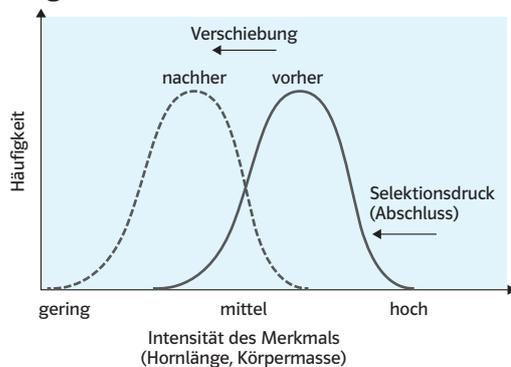
- **1** Die meisten Gehäuserümpfer zeigen eine gelbe Grundfarbe und Bänder in unterschiedlicher Anzahl. Gehäuse mit der Grundfarbe braun oder rosa treten seltener auf.
- **2** Modifikatorische Variabilität beruht auf individuellen Einflüssen von Standortfaktoren, wie z. B. dem Angebot an Nährstoffen oder Mineralstoffen. Da in Fortpflanzungsversuchen aber nachgewiesen wurde, dass die Gehäusefärbung vererbt wird, muss es sich um genetische Variabilität handeln, die auf unterschiedlichen Allelen beruht.
- **3** Die Abbildung 3 zeigt das Vorkommen gelber und brauner, gebänderter bis ungebänderter Schnecken in verschiedenen Habitaten. Braune, ungebänderte oder wenig gebänderte Individuen fand man danach vor allem im Wald, gelbe und stark gebänderte Schnecken hingegen vor allem in Hecken. Beide Varietäten fanden sich auch auf Wiesen, hier gab es aber auch ungebänderte Tiere mit hellerer Grundfarbe.
- **4** Die Gehäusefärbung der Schnecken könnte der Tarnung dienen. Eine gute Tarnung erschwert den Vögeln die Jagd, da diese ihre Beute mit den Augen suchen. Tiere mit dunklem Gehäuse sind im Wald auf dunklen Untergründen wie dem Boden und Totholz oder verrottendem Laub nur schwer zu erkennen. In lichterem Hecken verursachen Sonnenlicht und schattenspendende Blätter starke Kontraste auf den Zweigen. Hier sind Schnecken mit gelbem Gehäuse und vielen Bändern besser getarnt. Wiesen bieten ein sehr abwechslungsreiches Habitat, so können hier alle Gehäusetypen Tarnung bieten. Allerdings kommen Tiere mit hellem und nicht gebändertem Gehäuse nur hier vor. Die Bänderung könnte hier weniger vorteilhaft sein, da auf Wiesen weniger starke Schatten zu finden sind.

Schnecken, deren Gehäusefarbe in ihrem Habitat keine geeignete Tarnung darstellt, werden häufiger entdeckt und gefressen. Es findet Selektion zugunsten der gut getarnten Varianten statt. Da Bänderschnecken sehr unterschiedliche Habitate bewohnen, variiert auch ihre jeweils angepasste Färbung sehr stark.

Einfluss der Trophäenjäger beim Dickhornschaf (Seite 5)

- 1 Im Zeitraum von 1971–2002 wurden die Merkmale Körpermasse und Hornlänge bei vierjährigen Böcken in einer bejagten Population ermittelt. Die Körpermasse der getesteten Tiere verringerte sich in diesem Zeitraum allmählich von durchschnittlich ca. 85 kg auf ca. 65 kg. Gleichzeitig wurde bei diesen Tieren eine Abnahme der Hornlänge von durchschnittlich ca. 67 cm auf ca. 47 cm festgestellt.
- 2 Der Abschuss der Dickhornschafe im Rahmen der Trophäenjagd entspricht einer Selektion gegen die männlichen Tiere mit den längsten Hörnern. Weil diese Böcke auch gleichzeitig die kräftigsten und schwersten Tiere sind, wird durch ihren Abschuss indirekt nach dem Merkmal Körpermasse selektiert. Da es sich dabei um Varianten in der Horngröße und damit verbunden in der Körpermasse handelt, liegt ein stärkerer Selektionsdruck durch die Bejagung auf den Phänotypen mit langen Hörnern und großer Körpermasse. Es liegt eine transformierende Selektion in Richtung leichterere Tiere mit kürzeren Hörnern vor. Die Tiere, deren Hörner für eine Trophäenjagd nicht ausgewählt wurden, überleben länger und geben ihre Allele häufiger an die Folgegeneration weiter. Sie haben eine größere reproduktive Fitness als die Tiere mit den längeren Hörnern. Der Effekt durch Bejagung ist offenbar wirksamer als die transformierende sexuelle Selektion in Richtung längerer Hörner und größerer Masse durch die Weibchen.

mögliche Skizze:



Transformierende Selektion bei Dickhornschafen

- 3 Die Merkmale sind durch additive Polygenie bedingt. Durch Selektion der Träger von Allelen für große Hornlänge und große Körpermasse verringert sich der Anteil dieser Allele im Genpool der betroffenen Population. Im Extremfall können Allele für große Hornlänge und Körpermasse nach einem langen Zeitraum gänzlich verschwinden.

Mögliche Maßnahmen: individuelle Lösung, z. B.:

- Es wird ein langjähriges Jagdverbot erlassen, sodass sich die Weibchen mit den verbliebenen kräftigeren Männchen verpaaren können. Durch den Nachwuchs könnte sich mit der Zeit die Allelfrequenz in der Population in Richtung der Tiere mit längeren Hörnern verschieben.
- Man beschränkt die Jagderlaubnis auf Tiere mit mittlerer und kurzer Hornlänge, sodass sich die Weibchen mit kräftigeren Männchen verpaaren können. Mit der Zeit könnte sich die Allelfrequenz in der Population in Richtung der Tiere mit längeren Hörnern verschieben.

Augenmimikry (Seite 6)

- 1 Mimikry ist eine Nachahmung von Signalen wehrhafter Tierarten durch Arten ohne Wehrhaftigkeit. Mimikry erhöht bei Anwesenheit von genügend wehrhaften Vorbildern im Lebensraum die Überlebensrate der Nachahmer.
- 2 Es wurde getestet, inwieweit die verschiedenen Attrappen Reaktionen bei den Kohlmeisen hervorrufen, mit denen eine der beiden Hypothesen (Augenmimikry-Hypothese bzw. Auffälligkeits-Hypothese) verifiziert oder falsifiziert werden konnte. Die realen Eulenaugen ② riefen die stärkste Reaktion der Abwendung hervor, die realistischen Augenflecken ③ der Schmetterlinge riefen die zweitstärkste Reaktion der Abwendung hervor. Die modifizierten, aber gleich kontrastreichen Augenflecken ④ riefen eine deutlich schwächere Abwendereaktion hervor. Diese und die Reaktion auf einen Flügel ohne Augenfleck ⑤ fielen ähnlich gering aus. Daraus folgt, dass die abschreckende Wirkung der Augenflecken nicht mit der Auffälligkeits-Hypothese, sondern mit der Mimikry-Hypothese erklärt werden kann. Die Bilder von Eulen ohne Augen ① oder Schmetterlingsflügel ohne Augenflecken ⑤ erregten dagegen das meiste Interesse, was darauf zurückzuführen ist, dass die Attrappen eher in das Schema „Beute“ passen. Also schrecken die Augenflecken die Meisen ab.
- 3 Ursprungspopulation von Bananenfaltern mit großer Variabilität an Flügelmustern → Träger mit den besten Nachbildungen von Augen (entstanden durch Mutation und Rekombination) werden seltener gefressen, haben die größte reproduktive Fitness → der Genpool verändert sich (über Generationen findet entsprechende transformierende Selektion statt) → der optimale mimetische Augenfleck ist gebildet → Träger mit erneut abweichenden Formen (aufgrund von Mutation bzw. Rekombination) werden mit größerer Wahrscheinlichkeit gefressen (stabilisierende Selektion) → nur Träger mit dem sehr naturgetreuen Augenfleck überleben, es entsteht eine Population sehr ähnlich aussehender Individuen.

Flügelänge bei Klippenschwalben (Seite 7)

- 1 Um 1984 lag die Anzahl durch Autos getöteter Vögel bei 20 Tieren. In den nächsten Jahren nahm die Anzahl der getöteten Tiere nahezu stetig ab, auf zuletzt 4 Vögel im Jahr 2012. Die Anzahl der Nester nahm im gleichen Untersuchungszeitraum zu, von ca. 9 000 Nestern 1984 auf fast 25 000 Nester in 2012. Im Jahr 1996 sank die Anzahl der Nester allerdings auf 7 000 Nester ab. Danach stieg die Anzahl auf ca. 26 000 Nester im Jahr 2004. Seitdem schwankt die Anzahl der Nester um etwa 24 000.

Im Untersuchungszeitraum nahm also die Anzahl der durch Autos getöteten Vögel ab. Der Grund hierfür kann aber nicht eine gesunkene Anzahl an Vögeln sein, denn die Anzahl der Vogelnester hat deutlich zugenommen. Es muss einen anderen Grund geben, warum weniger Vögel durch Kollisionen mit Autos sterben, obwohl es mehr Vögel gibt.

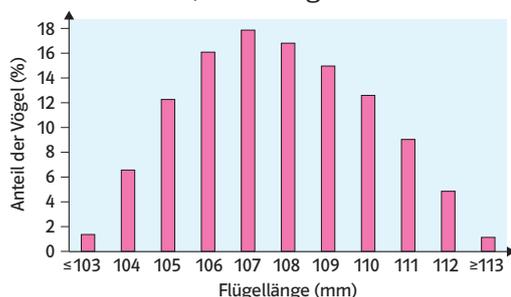
- 2 Die Ergebnisse in Abbildung 3 zeigen die durchschnittliche Flügellänge durch Autos getöteter Schwalben und die durchschnittliche Flügellänge der Gesamtpopulation. Zwischen 1982 und 2012 steigt die durchschnittliche Flügellänge durch Autos getöteter Schwalben von 108 mm auf 112 mm. Im gleichen Zeitraum sinkt die durchschnittliche Flügellänge der Vögel der Gesamtpopulation von ca. 111 mm auf 106 mm.

Die Ergebnisse in Abbildung 4 zeigen die Flügellängen durch Autos getöteter Schwalben und die Flügellängen in der Gesamtpopulation über die Jahre im Vergleich. Oberhalb einer Flügellänge von 108 mm ist der Anteil der durch Autos getöteten Vögel größer als in der Gesamtpopulation. Bis 108 mm ist allerdings der Anteil der durch Autos getöteten Vögel geringer als der Anteil an der Gesamtpopulation.

Das Sterblichkeitsrisiko im Verkehr ist für Schwalben mit überdurchschnittlich langen Flügeln (über 108 mm) deutlich höher als für Vögel mit der in der Gesamtpopulation häufigsten Flügellänge oder einer geringeren.. Durch die längeren Flügel könnte es ihnen schwerer fallen, herannahenden Autos auszuweichen.

Im Jahr 1984 sind allerdings mehr Schwalben mit kürzeren Flügeln im Verkehr getötet worden. Da die Besiedlung der Straßenbrücken durch die Schwalben erst in den 1980er-Jahren begann, könnte es sich um unerfahrene oder schwache Tiere gehandelt haben.

- 3 Da Schwalben mit längeren Flügeln ein höheres Sterberisiko an Straßen haben, ist deren reproduktive Fitness entsprechend geringer. Es wirkt bei an Straßen lebenden Schwalben folglich eine Selektion hin zu kürzeren Flügeln. Der schneller werdende Autoverkehr stellt hier einen Selektionsfaktor dar. Es gibt allerdings auch nur wenige Schwalben mit einer Flügellänge von 103 mm und keine mit noch kürzeren Flügeln. Vermutlich wären noch kürzere Flügel für den Beutefang im Flug oder für den Vogelzug ungünstig. Die Flugfähigkeit der Beutetiere könnte folglich ebenfalls ein Selektionsfaktor sein.
- 4 individuelle Lösung. Es gibt einen Selektionsdruck hin zu kleineren Flügeln (transformierende Selektion). Allerdings können die Flügel auch nicht beliebig klein werden.



Da 2012 wohl nur noch wenige Schwalben durch Autos getötet wurden, könnte auch argumentiert werden, dass sich die Flügellänge durch den Einfluss der Autos nicht weiter verändern wird und die Verteilung der Flügellängen auch in Zukunft der heutigen entsprechen wird. Wenn die Flügellänge nicht weiter abnehmen kann, da die Schwalben sonst nicht hinreichend weit oder gut fliegen können, aber auch nicht zunehmen kann, da die Schwalben sonst nicht schnell genug aufsteigen können, dann liegt eine stabilisierende Selektion vor.

Turbo-Evolution bei Rotkehl-Anolis (Seite 8)

- **1** Auf Inseln, auf denen nur Rotkehl-Anolis leben, suchen sie in ca. 100 cm Höhe nach Futter (Insekten). Wenn sie ihren Lebensraum mit den Bahama-Anolis teilen, die in einer Höhe von ca. 75 bis 80 cm nach Futter suchen, halten sie sich überwiegend in höheren Bereichen auf. Sie suchen dort in ca. 180 cm Höhe nach Nahrung. Die Anolis, die in größeren Höhen nach Futter suchen, haben größere Zehenballen mit mehr Lamellen in Relation zu ihrer Körpergröße als Tiere, die in niedrigeren Höhen vorkommen.
- **2** Die Rotkehl-Anolis sind an den höheren Aufenthaltsort zur Nahrungssuche angepasst. Das Prinzip der Konkurrenzvermeidung wird erkennbar. Zu ihrer ökologischen Nische gehört der veränderte Vorzugsbereich der Nahrungssuche. Mit größeren Zehenballen, die mehr Lamellen als ursprünglich aufweisen, haften sie sicher auf dem Untergrund und können besser in größeren Höhen jagen. In der Population der Rotkehl-Anolis muss ursprünglich eine Variabilität bezüglich der Größe der Zehenballen geherrscht haben. Die Anolis, die über größere Zehenballen verfügten, waren besser an die Futtersuche in größeren Höhen angepasst und hatten eine größere reproduktive Fitness. Es herrschte eine transformierende Selektion. Bei dem Prozess werden auch andere Evolutionsfaktoren, wie Mutation und Rekombination, gewirkt haben.
- **3** Wenn der Nachwuchs der Rotkehl-Anolis isoliert von Konkurrenten aufwächst und trotzdem die gleich großen Zehenballen hat wie die Elterntiere, wird deutlich, dass der Bau der Zehenballen mit einer bestimmten Anzahl von Lamellen genetisch bedingt ist. Er ist keine Modifikation als Anpassung an die veränderten Lebensumstände. Es hat demnach in relativ kurzer Zeit (Dauer von ca. 20 Generationen) Evolution stattgefunden.

Seepferdchen – Rollentausch unter Wasser (Seite 9)

- **1** Nach erfolgter Balz öffnet das Männchen seine Bauchtasche für kurze Zeit. Das Weibchen legt dabei seine Eier in der Tasche ab. Das Männchen gibt Sperma dazu und die Tasche schließt sich wieder. Die nun befruchteten Eier werden von Gewebe umwachsen, das Kohlenstoffdioxid der Embryonen aufnimmt und Sauerstoff sowie Nährstoffe in die Tasche abgibt. Nach einiger Zeit entlässt das Männchen an einem geschützten Ort 5 bis 2500 Jungtiere aus der Tasche.
- **2** Das Kosten-Nutzen-Prinzip besagt, dass sich evolutionsbiologisch nur solche Verhaltensweisen entwickelt haben, deren Nutzen höher ist als die damit verbundenen Kosten, da nur dann eine Überlegenheit im Sinne einer höheren reproduktiven Fitness gegenüber anderen Artgenossen besteht, die die Verhaltensweise nicht zeigen. Das Seepferdchenmännchen betreibt sehr intensive Brutpflege, d.h. es hat an dieser Stelle sehr hohe Kosten: Zum einen versorgt es den Nachwuchs mit Nährstoffen. Dazu kommt der Aufbau eines entsprechenden Gewebes im Beutel und der Aufbau des Beutels. Das heißt, die Brutpflege ist für das Männchen mit verhältnismäßig hohem Energieaufwand verbunden. Zum anderen ist es dem Männchen während der Brutpflege nicht möglich, sich mit anderen Weibchen zu paaren. Auch das ist unter Kosten-Nutzen-Aspekten ungünstig, da die Anzahl der Nachkommen so scheinbar niedriger bleibt als ohne diese intensive Form der Brutpflege. Entsprechend hoch ist aber auch der Nutzen dieser Form von Brutpflege: Zunächst verläuft die Entwicklung der Nachkommen deutlich geschützter als bei einer Eiablage im Wasser. Mehr überlebende Jungtiere bedeuten eine höhere reproduktive Fitness. Darüber hinaus ist ein weiterer, zentraler Vorteil, dass die Vaterschaft bei allen Jungtieren eindeutig ist. Das Männchen unterliegt also nicht dem Risiko, in fremden Nachwuchs zu investieren, wie es z.B. bei einem Bewachen der Eier und geschlüpften Jungtieren im Wasser der Fall wäre.

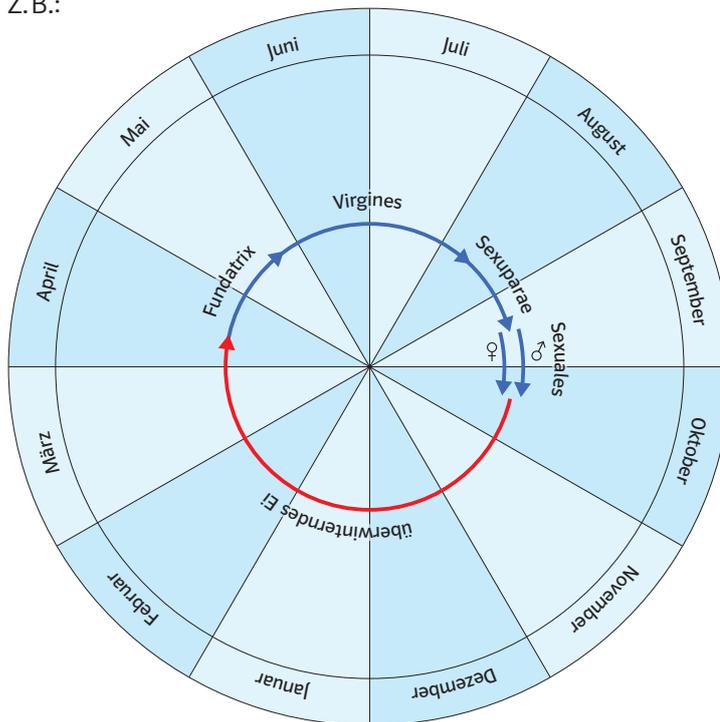
- **3** Individuelle Lösung. Mögliche Argumente für Erklärungshypothesen:
 Bei den Golfpfeifischen sind die Weibchen größer als die Männchen. Sie verfügen zudem über größere Rückenflossen und silberne Streifen. Bei den morphologischen Auffälligkeiten der Weibchen handelt es sich vermutlich um das Ergebnis sexueller Selektion durch die Männchen.
 Das Männchen hat durch das Tragen der befruchteten Eier in seiner Bauchtasche hohe Kosten. Es hat zudem nur die Möglichkeit, sich mit einem Weibchen pro Brutsaison zu paaren. Solche Männchen, die sich mit besonders fruchtbaren oder widerstandsfähigen Weibchen paaren, haben also eine höhere reproduktive Fitness als solche, die sich mit einem weniger erfolgreichen Weibchen paaren. Die Weibchen hingegen paaren sich mit mehreren Männchen pro Brutsaison. Sie erhöhen demnach ihre reproduktive Fitness vor allem über die Anzahl der erfolgreichen Paarungen.
 Es ist anzunehmen, dass die äußeren Merkmale des Weibchens wie Größe, Färbung und Größe der Flosse, mit weiteren vorteilhaften Eigenschaften, z. B. Fertilität oder Widerstandsfähigkeit, korreliert sind. Männchen, die sich mit großen, deutlich gestreiften Weibchen mit großen Flossen paaren, erzeugen mehr Nachkommen, wenn die Nachkommen kräftig sind und später ebenfalls Selektionsvorteile aufweisen. Ebenso haben Weibchen, die über eine solche Gestalt verfügen, mehr Paarungspartner und somit auch mehr Nachkommen. Es erfolgt also eine sexuelle Selektion zugunsten der größeren, stärker gefärbten Weibchen.

Geschwisterart vom Makibär entdeckt (Seite 10)

- **1** Der Anden-Makibär repräsentiert eine Art, deren Entwicklungslinie sich als erste von der Vorläuferart aus Mittelamerika vor etwa 3,5 Millionen Jahren abgespalten hat. Von der Restgruppe der Makibären spaltete sich erst viel später, vor ca. 1,8 Millionen Jahren, der Mittelamerika-Makibär ab. Die jüngste Trennung erfolgte vor etwa 1,3 Millionen Jahren. Damit ist der Anden-Makibär die evolutiv älteste Art in dieser Gattung.
- **2** Die Stammpopulation der Makibären besiedelte vor ca. 10,2 Millionen Jahren das Gebiet von Mittelamerika. Von dort aus breitete sich eine Population in Richtung der Anden aus. Es entstand die Art des Anden-Makibärs. Sie war geografisch von der Restpopulation isoliert. Diese Restpopulation verblieb in Mittelamerika und breitete sich zusätzlich weiter in den nördlichen Bereichen von Südamerika aus. Es entstanden die Arten des heutigen Mittelamerika-Makibärs und später die des Chocó-Makibärs und des Eigentlichen Makibärs. Da die Arten heute in verschiedenen Bereichen Mittel- und Südamerikas vorkommen, spielte bei dieser Artentstehung ebenfalls die geografische Isolation eine wichtige Rolle.
- **3** Die erfolglosen Verpaarungsversuche im Zoo sind damit zu begründen, dass die Männchen, die dem Anden-Makibär-Weibchen zur Paarung präsentiert wurden, zu anderen Arten gehörten. Damit wird bestätigt, dass Angehörige verschiedener Arten sich in der Regel nicht fruchtbar kreuzen lassen (biologischer Artbegriff). Bei den fehlgeschlagenen Paarungsversuchen werden wahrscheinlich präzygotische Isolationsmechanismen die Ursache gewesen sein, z. B. ethologische und/oder zeitliche Isolation, möglicherweise auch morphologische oder gametische Isolation. Diese Erklärung wird durch die Stammbaumanalyse gestützt, die ergab, dass die getrennte Entwicklung der Arten bereits vor 3,5 Millionen Jahren begann, was zu einem großen genetischen Abstand führte.

Nachkommen ohne Sex (Seite 11)

1 Z.B.:



- 2 Individuelle Lösung: Vorteile liegen in dem Wegfall einiger Investments zur Erlangung eines Sexualpartners, beispielweise der Ausprägung sekundärer Geschlechtsmerkmale oder der Notwendigkeit von Balzverhalten. In dünn besiedelten Gebieten, beispielsweise im Frühjahr nach dem Schlupf nur weniger Blattläuse, wäre die Suche nach einem Sexualpartner unter Umständen äußerst aufwendig. Zudem findet keine sexuelle Selektion statt. Stattdessen bleiben besonders günstige Genkombinationen erhalten. Parthenogenetisch kann schnell eine Vielzahl von Nachkommen erzeugt werden.

Nachteile: Es findet keine sexuelle Selektion statt, also keine Auswahl hin zu besonders starken oder anderweitig geeigneteren Eltern. Zudem können genetische Defekte nicht ausgeglichen werden, da kein zweiter Chromosomensatz eines anderen Individuums vorliegt. Auch sind die erzeugten Organismen genetisch identisch (Klone) oder zumindest sehr ähnlich. Eine Neukombination mütterlicher und väterlicher Gene (Rekombination) bleibt aus. Der Genpool der Population (Kolonie) ist somit wenig variabel und die Art ist damit weniger anpassungsfähig an veränderte Lebensbedingungen.

- 3 Am Ende des Jahres ist die Population der Buchenblattläuse gegenüber dem Jahresbeginn stark angewachsen. Es werden entsprechend viele Sexuales gebildet, die nun leichter Sexualpartner finden können. Bei der Befruchtung verschmelzen die Keimzellen, genauer die Zellkerne der Keimzellen. Die Fundatrix, die im Folgejahr aus dem überwinterungsfähigen Ei schlüpft, enthält durch Rekombination eine neue Zusammenstellung der Chromosomen zweier verschiedener Elterntiere. Die verschiedenen Fundatrix unterscheiden sich genetisch daher stärker voneinander. Die Variabilität der Genotypen äußert sich auch in der Vielfalt der Phänotypen. So können genetische Neukombinationen entstehen, die sich in veränderten Umweltbedingungen als besonders günstig erweisen. Die Fundatrix gibt diese Genkombination an alle folgenden parthenogenetisch erzeugten Nachfahren weiter.

Der Teydefink – das Symboltier der Insel Teneriffa (Seite 12)

- **1** Die erste Etappe der Einwanderung begann mit der Besiedlung der Azoren vor 1,5 Millionen Jahren ausgehend von der Iberischen Halbinsel. Von den Azoren gelangten die Finkenvorfahren nach Madeira. Von dort aus besiedelten die Vögel die Kanarischen Inseln. Dort gelang die Ausbreitung von Insel zu Insel, wobei Teneriffa als vorletzte Insel erreicht wurde. In einer späteren zweiten Einwanderungswelle erreichten Buchfinken von Marokko aus die Insel Teneriffa.

- **2** Die Evolutionsfaktoren sind: Gendrift, Mutation, Rekombination, Selektion, Isolation.
Gendrift: Der Zufall spielt bei der Verdriftung einiger weniger Vertreter der Finkenvorfahren vom Kontinent auf die Azoren bzw. von Insel zu Insel eine große Rolle. Dadurch ist die Genhäufigkeit im neu entstehenden Genpool zufällig dezimiert.
Isolation: Die Individuen der Finkenvorfahren, die die Azoren erreichten, waren von der Stammpopulation auf dem Festland geographisch isoliert (Separation). Auch bei der weiteren Besiedlung der nächsten Inseln spielt jeweils die geografische Isolation eine wichtige Rolle. Daraus ergibt sich ebenfalls eine reproduktive Isolation.
Mutation: Über den langen Zeitraum traten Mutationen auf, die zu veränderten Phänotypen mit teilweise auch veränderten Verhaltensweisen, z. B. bezüglich Gesang, Brutzeit, Habitat bzw. Nahrungswahl führten.
Rekombination: Verpaarungen der Vögel in den Populationen führten durch Neukombinationen von Allelen zu Phänotypen mit neuen Merkmalskombinationen.
Selektion: Mutanten, die an die Gegebenheiten auf den Inseln gut angepasst waren, hatten eine größere reproduktive Fitness als schlechter angepasste.

- **3** Die Koexistenz von Teydefink und Buchfink auf Teneriffa wird durch verschiedene ökologische Nischen begünstigt. Durch ihre unterschiedliche Habitatwahl sind Teydefink und Buchfink größtenteils geografisch (Höhe) und ökologisch (Kiefern- bzw. Laubwald) isoliert. Dadurch wird eine Nahrungskonkurrenz weitgehend vermieden.
Verschiedene Formen der präzygotischen Isolation verhindern die Entstehung von Zygoten aus Keimzellen der beiden Arten. Zusätzlich zur räumlichen Isolation liegt eine ethologische Isolation von Teydefink und Buchfink vor. Da die Vögel sich im Phänotyp unterscheiden und verschiedene Gesänge haben, erkennen sie sich nicht als Sexualpartner. Eine zeitliche Isolation liegt ebenfalls vor, da Teyde- und Buchfinken zu verschiedenen Zeiten im Jahr brüten.

- **4** Da Teydefinken und Buchfinken sich wegen der verschiedenen Formen von Isolation nicht verpaaren, bilden sie keine fruchtbare Fortpflanzungsgemeinschaft (biologischer Artbegriff). Daher stellen Teydefinken und Buchfinken verschiedene, nah verwandte Arten dar. Weil sie von einer gemeinsamen Ursprungspopulation abstammen, handelt es sich um Schwesternarten.

Endemische Tauben auf den Kanarischen Inseln (Seite 13)

- **1** Endemischen Arten kommen nur in einem natürlichen abgegrenzten Gebiet vor, z. B. auf Inseln oder in einem See.

- **2** Vor ca. 20,8 Millionen Jahren besiedelten die Vorfahren der heutigen Lorbeertauben die Kanarischen Inseln. Vor ungefähr 5 Millionen Jahren siedelten sich zusätzlich aus Europa stammende Tauben auf den Kanarischen Inseln an. Sie sind die Vorfahren der Kanarentauben. Die beiden endemischen Taubenarten sind zwar äußerlich ähnlich, aber genetisch nicht eng miteinander verwandt. Ihr letzter gemeinsamer Vorfahr existierte vor ca. 20,8 Millionen Jahren.

- **3** Die Unterschiede in der Nucleotidabfolge in der DNA entstehen durch natürliche Mutationen, die mit einer bestimmten Mutationsrate auftreten. Deshalb gilt: Je mehr Unterschiede in der Nucleotidabfolge in der DNA vorliegen, desto länger ist der Zeitraum, in dem die DNA-Moleküle der verglichenen Arten sich unabhängig voneinander entwickelten. Je mehr Unterschiede in der Nucleotidabfolge vorhanden sind, desto weniger nah ist die Verwandtschaft dieser Arten.

Aufgrund der natürlichen Mutationsrate kann eine sogenannte molekulare Uhr erstellt werden. Aus der Anzahl und der Lage der Unterschiede kann man auf die stammesgeschichtliche Ordnung schließen.

- **4** Da die mt-DNA nur über die mütterliche Linie weitervererbt wird, werden Rekombinationsereignisse nicht berücksichtigt. Die nukleäre DNA wird von beiden Elternteilen vererbt. Da Rekombinationsereignisse berücksichtigt werden, entsteht eine größere Varianz der DNA-Moleküle. Beide Analysemethoden ergeben kombiniert einen möglichst genauen Stammbaum der Verwandtschaftsverhältnisse.

Neue Meerschweinchenart aus Münster (Seite 14)

- **1** Der morphologische Artbegriff unterscheidet Arten je nach körperlicher Erscheinung. Verschiedene Arten müssen unterschiedliche Strukturen und Formen aufweisen, ohne dass Zwischenformen existieren. Dieser Artbegriff eignet sich besonders, wenn keine Daten über die genetische Verwandtschaft oder eine mögliche gemeinsame Abstammung vorliegen (z. B. bei Fossilien).

Der biologische Artbegriff definiert Arten als Fortpflanzungsgemeinschaft. Lebewesen, die miteinander fruchtbaren Nachwuchs zeugen können, gehören zu einer Art, auch wenn sie sich in Aussehen, Verhalten oder Vorkommen stark unterscheiden.

Der phylogenetische Artbegriff definiert Arten über die Abstammung der Lebewesen. Lebewesen, die vor relativ kurzer Zeit noch einen gemeinsamen Vorfahren hatten, gehören zu einer Art. Eine Einteilung der Arten nach diesem Artbegriff setzt also das Vorliegen entsprechender Daten voraus.

Der phylogenetische/genetische Artbegriff bei Bakterien definiert Bakterienarten über ihre speziellen Stoffwechselleistungen. Individuen mit gleichen speziellen Stoffwechselleistungen gehören zur gleichen Art. Durch ihre speziellen Stoffwechselleistungen können Bakterien genauer charakterisiert werden als beispielsweise durch ihre äußere Erscheinung.

- **2** Der biologische Artbegriff kann auf Bakterien nicht angewendet werden. Zwar können Bakterien DNA-Fragmente (Plasmide) austauschen, aber sie vermehren sich durch (asexuelle) Zellteilung. Fortpflanzungsgemeinschaften gibt es bei ihnen nicht. Durch die teilweise sehr kurzen Generationszeiten ist auch die Definition über einen gemeinsamen Vorfahren schwierig. Der Vergleich von Strukturen und Formen ist in der Praxis bei Bakterien oft wenig aussagekräftig. Daher musste eine andere, für Bakterien anwendbare Definition erstellt werden.
- **3** zu Abb. 3b): Die Münsterischen Meerschweinchen bilden keine Fortpflanzungsgemeinschaft mit den Wieselmeerschweinchen. In der Gruppe zeigte sich, dass kein Nachwuchs entsteht, vielleicht ist dies wegen der Unterschiede an den Geschlechtsorganen auch gar nicht möglich. Nach dem biologischen Artbegriff handelt es sich daher um zwei verschiedene Arten.

zu Abb. 3c): Zur Überprüfung des phylogenetischen Artbegriffs müssten mehr Informationen über die Abstammung beider Meerschweinchenarten vorliegen. Da sie aus dem gleichen Gebiet stammen, sich sehr ähnlich sehen und einige Gemeinsamkeiten aufweisen, ist davon auszugehen, dass sie einen gemeinsamen Vorfahren haben. Entscheidend ist hier aber ein Zeitrahmen, über den keine Erkenntnisse vorliegen.

zu Abb. 3a): Individuelle Lösung: In Bezug auf den morphologischen Artbegriff können die beiden Fotos verglichen werden. Die abgebildeten Tiere beider Arten ähneln sich stark. Nach dem morphologischen Artbegriff könnte es sich also um eine Art handeln. Andererseits werden im Eingangstext körperliche Unterschiede erwähnt, beispielsweise bezüglich der Geschlechtsorgane. Gibt es keine Übergangsformen, könnte es sich auch nach dem morphologischen Artbegriff um zwei verschiedene Arten handeln.

- **4** Individuelle Lösung. Z.B.:
Präzygote Isolationsmechanismen:
Es könnte eine ethologische Isolation oder Verhaltensisolation vorliegen. Die beiden Meerschweinchenarten zeigen große Verhaltensunterschiede. Da sie in monogamen Beziehungen leben, verjagen die Männchen des Münsterischen Meerschweinchens beispielsweise auch fremde Meerschweinchenweibchen, wenn sie schon eine Partnerin haben.
Die Geschlechtsorgane der Münsterischen Meerschweinchen unterscheiden sich von denen der Wieselmeerschweinchen. Verhindert dies die Fortpflanzung, läge eine morphologische oder Gestaltisolation vor.
Zum Vorkommen postzygotischer Isolationsmechanismen mit nicht entwicklungsfähigen Embryonen liegen keine Informationen vor.

Mohrenfalter im Alpenraum (Seite 15)

- **1** Definition des biologischen Artbegriffs: Eine Art besteht aus Individuen, die sich natürlicherweise untereinander sexuell fortpflanzen können und fruchtbare Nachkommen hervorbringen.
- **2** Die Kreuzungsexperimente sollten Auskunft darüber geben, ob die Mohrenfalter aus den verschiedenen Gebieten zu einer Art oder zu verschiedenen Arten gehören. Wenn aus einer Kreuzung uneingeschränkt fruchtbare Nachkommen hervorgehen, gehören die Elterntiere zu einer Art, auch wenn sie sich natürlicherweise geografisch nicht für eine Kopulation treffen können. Wenn aus einer Kreuzung Hybride mit eingeschränkter Fruchtbarkeit oder sogar keine Hybride hervorgehen, gehören die Elterntiere zu verschiedenen Arten. Dann liegen prä- oder postzygote Isolationsmechanismen vor.
- **3** Ausgehend von einer hypothetischen Urform der Mohrenfalter verbreitete sich diese Stammpopulation während der Eiszeit. Die Tiere waren an niedrige Temperaturen angepasst. In der folgenden Warmzeit überlebten Teilpopulationen in den Bergen. Sie waren dort geografisch voneinander isoliert. In dieser Zeit entstanden in den Populationen durch Mutationen genetische Unterschiede. Auch bei der nachfolgenden Ausbreitung in z.T. gemeinsamen oder aneinandergrenzenden Habitaten verhinderten die Unterschiede die Vermischung der Genpools. Es waren genetisch isolierte Arten entstanden. Durch Genommutationen können postzygote Isolationsmechanismen hervorgerufen werden. Hybride mit einer ungeraden Chromosomenzahl (21 bzw. 19) sind unfruchtbar. Sie können keine Eizellen oder Spermien bilden, weil die Meiose (Metaphase I) nicht regulär ablaufen kann.

Durch Genmutationen können präzygote Isolationsmechanismen auftreten. Hybride mit einer geraden Chromosomenanzahl (20 bzw. 18) können fruchtbar sein. Die Anzahl der Chromosomen ist kein Hinderungsgrund für eine vollständig ablaufende Meiose. Allerdings ist denkbar, dass bei den Arten der Elterntiere z. B. nicht passende Geschlechtsorgane entwickelt wurden oder phänotypische Erkennungsmerkmale verändert wurden. Dadurch gibt es nur eine geringe Anzahl von Hybriden.

- 4 Individuelle Lösung. Beispiel: Eine Kreuzung zwischen Vertretern von *E. cassioides* aus den Westalpen und dem Apennin wird wahrscheinlich erfolgreich sein und lässt fruchtbare Nachkommen entstehen. Die Elterntiere werden noch zu einer Art gezählt, auch wenn der Genfluss zwischen den weit entfernten Populationen seit der Eiszeit nicht mehr besteht. Es wäre aber auch denkbar, dass aufgrund der isolierten Lebensräume bereits phänotypische Unterschiede bei den Elterntieren festzustellen sind. Dann gehören die Elterntiere zu verschiedenen Unterarten derselben Art.

Langnasen-Nattern – Unterarten oder Arten? (Seite 16)

- 1 Eine Art besteht aus Individuen, die sich natürlicherweise untereinander sexuell fortpflanzen können und fruchtbare Nachkommen hervorbringen. Eine Unterart ist die Gesamtheit phänotypisch ähnlicher Populationen einer Art, die in einem abgegrenzten Teilgebiet des Gesamtverbreitungsgebietes der betrachteten Art vorkommen. Unterarten sind das Ergebnis von genetischer Variabilität und Selektion innerhalb einer Teilpopulation einer Art. Da die Vertreter verschiedener Unterarten sich untereinander fortpflanzen können, gehören sie zur selben biologischen Art. In der biologischen Systematik steht die Unterart direkt unter der Art.
- 2 Es sind die Populationen der Langnasen-Natter im Bereich der Mojave-Wüste und der angrenzenden Gebiete dargestellt. Im zentralen Wüstenbereich kommen die Populationen der Wüstenform vor, in der weiteren Umgebung die Populationen der Halbwüstenform. In den Berührungsgebieten kommen Mischformen vor, die die Merkmale beider Formen tragen. Die Verbreitungsangaben legen nahe, dass Wüstenformen und Halbwüstenformen teilweise im gleichen Gebiet angetroffen werden können. Es kommen sogar Wüstenformen im Verbreitungsgebiet der Halbwüstenform vor sowie umgekehrt Halbwüstenformen im Gebiet der Wüstenform.
- 3 Die beiden Formen sind Unterarten der Art *Rhinoleichus lecontei*. Aufgrund der Variabilität innerhalb der Art entstanden diese unterschiedlichen Phänotypen allopatrisch in der Wüstenregion bzw. Halbwüstenregion. Die Genpools der Populationen der Wüstenform und der Halbwüstenform weisen deutliche Unterschiede auf. Wenn sich nach dieser getrennten Differenzierung die Individuen verschiedener Populationen in den Kontaktzonen noch untereinander fruchtbar fortpflanzen können, dann entstehen Hybride (Mischformen). Die Elterntiere gehören also zur gleichen Art. Ist die reproduktive Fitness der Hybride gering, beginnt hier Isolation und Artbildung. Eine Hybridisierung der beiden Unterarten der Langnasen-Nattern ist in diesem Fall nur in eingeschränktem Maße gegeben. Einige Populationen existieren im fremden Verbreitungsgebiet ohne Hybridbildungen. Hier ist kein genetischer Austausch vorhanden. Sie haben sich aufgrund der Unterschiede in den Lebensbedingungen bereits weiter auseinanderentwickelt. Sie können als verschiedene Arten aufgefasst werden.

Fossile Einzeller (Seite 17)

- 1 Ein Fossil ist der versteinerte Rest oder die Spur eines Lebewesens in Gesteinen bzw. Sedimenten früherer Perioden der Erdgeschichte.
- 2 Die Diagramme zeigen Größe und Form der fossilen Endoskelette von Einzellern in neun aufeinander folgenden Sedimentschichten. Es ist jeweils der prozentuale Anteil der Radiolarien in den verschiedenen Größengruppen dargestellt. In allen Diagrammen ist zu erkennen, dass die Radiolarien eine gewisse Variabilität in ihrer Größe haben, d.h. es kommen unterschiedlich große Radiolarien vor. Repräsentative Vertreter dieser Radiolarien sind zusätzlich im Diagramm eingezeichnet.

In den beiden ältesten Sedimentschichten (Nr. 1 und 2) ist eine Art mit mittlerer Größe zu finden (Größe: 72 – 107 µm). In den folgenden Sedimentschichten (Nr. 3 und 4) hat die Variationsbreite zugenommen (Größe: 63 – 116 µm bzw. 72 – 134 µm). Die Schichten Nr. 5 und Nr. 6 enthalten Radiolarien, die eindeutig zwei Gruppen, einer mit kleineren Formen und einer mit größeren Formen, zuzuordnen sind. Gleichzeitig gibt es einige wenige Radiolarien von mittlerer Größe. In der nächst jüngeren Schicht (Nr. 7) existieren nur noch zwei Gruppen, aber keine Zwischenformen mehr. In den beiden jüngsten Sedimentschichten (Nr. 8 und 9) kommt nur die kleinere Radiolarienform vor. Diese Form entspricht in der Größe etwa der Ursprungsform, ist durchschnittlich nur etwas kleiner.

- 3 *Eucyrtidium calvertense* ist die ursprüngliche, vor ca. 2 Mio. Jahren existierende Radiolarienart. Aus dieser Art hat sich durch Abspaltung die größere Art *Eucyrtidium matuyamai* entwickelt. Für einen kurzen Zeitraum (Sediment Nr. 7) stellte sie eine eigene Geschwisterart dar, ohne in größerem Maße Mischlinge mit der Ursprungsart zu bilden. Diese divergente Entwicklung könnte das Ergebnis einer aufspaltenden Selektion gewesen sein, die zu einer Verringerung der Konkurrenz um Nahrung und zu einer Artaufspaltung führte. Danach starb diese große Radiolarienart vor 0,9 Mio. Jahren aus (Sediment Nr. 8).

Die Ursprungsart wandelte sich im Laufe von 2 Mio. Jahren nur geringfügig von einer Form mit mittlerer Größe zu einer etwas kleineren Form (Artwandel, transformierende Selektion). Seit 0,9 Mio. Jahren blieb sie unverändert (stabilisierende Selektion). Daher kann der gleiche systematische Name beibehalten werden.

Orcas – ein Beispiel für aktuelle Artbildung? (Seite 18)

- 1 Bei beiden Artbildungsprozessen geht man von einer Urart mit genetischer Variabilität aus. Innerhalb der Population herrscht Panmixie. Im Falle der allopatrischen Artbildung kommt es zu einer Aufspaltung dieser Population in zwei Teilpopulationen. Beide Teilpopulationen sind geografisch voneinander getrennt, z.B. durch ein Gebirge, Wasser oder Eismassen während einer Eiszeit oder andere Formen der Isolation. Die Genpools der beiden Teilpopulationen sind also voneinander isoliert. Durch Rekombination und Mutation sowie unterschiedlichen Selektionsdruck aufgrund unterschiedlicher Umweltbedingungen kommt es zu unterschiedlichen Entwicklungen der Genpools beider Teilpopulationen. Besteht die geografische Barriere über einen langen Zeitraum, können die Veränderungen so groß sein, dass auch bei Wegfall der Barriere keine Fortpflanzung mehr erfolgt bzw. nur unfruchtbare Hybride oder solche mit einer geringen reproduktiven Fitness entstehen. Die beiden Genpools sind in diesen Fällen dauerhaft hinreichend voneinander getrennt und es sind zwei neue Arten entstanden.

Der Ablauf bei der sympatrischen Artbildung ist ähnlich, allerdings liegt hier keine geografische Barriere vor. Es kommt stattdessen zu einer reproduktiven Isolation innerhalb desselben Gebiets, d.h. die ursprünglich vorliegende Panmixie wird aufgehoben und es paaren sich (fast) nur noch Individuen bestimmter Gruppen untereinander. Gründe dafür können z.B. Abweichungen in der Morphologie oder im Verhalten sein. In diesem Fall begünstigt die Partnerwahl oft das Merkmal, das die reproduktive Isolation fördert. Auch hier kommt es über einen längeren Zeitraum hinweg zu einer dauerhaften und hinreichenden Trennung der beiden Genpools und damit zur Entstehung zweier neuer Arten.

- 2 *Transient orcas* leben in küstennahen, flachen Gewässern. Vor der Küste British Columbias sind sie demzufolge vor allem im direkten Küstenbereich des Festlandes und der Inseln zu finden. Sie halten sich dabei jedoch nicht ständig am selben Ort auf, sondern wandern Tausende von Kilometern entlang der Küste Nordamerikas. Sie jagen dort andere Meeressäuger wie Robben und andere Wale. Mithilfe eines Repertoires universeller Lautäußerungen verständigen sich die einzelnen Orcas untereinander. Sie leben in losen Gruppen von 2 bis 6 Tieren zusammen.

Resident Orcas leben ebenfalls in küstennahen Gebieten vor British Columbia, grundsätzlich überschneidet sich ihr Verbreitungsgebiet also mit dem der *transient Orcas*. Im Gegensatz zu den *transient orcas* halten sich die *resident orcas* jedoch vor allem in tieferen Gewässern auf. Sie jagen dort v.a. Schwarmfische, z.B. Lachse und Heringe. Dabei zeigen sie nur ein geringes Wanderverhalten und besuchen immer wieder dieselben benachbarten Gebiete. Bei der Jagd verständigen sich die Individuen einer Schule über hochspezialisierte Lautäußerungen, dabei hat jede Orcaschule, die aus mehreren Mutterliniengruppen besteht und 10 bis 80 Tiere umfasst, ihren eigenen Dialekt.

Das Verbreitungsgebiet der *offshore orcas* liegt ebenfalls vor der Küste British Columbias, überschneidet sich also mit dem der beiden anderen Typen. Im Gegensatz zu diesen leben *offshore orcas* jedoch überwiegend im offenen Meer und werden nur gelegentlich in Küstennähe beobachtet. Wie die *transient orcas* legen auch sie lange Wanderungen zurück. Die bevorzugte Nahrungsquelle stellen Fische, v.a. große Raubfische dar, die in der Gruppe unter Nutzung einer intensiven Kommunikation über Lautäußerungen gejagt werden. Über die Sozialstruktur der Tiere, deren Gruppengröße in etwa der der *resident orcas* entspricht, ist nichts bekannt.

Möglich wäre eine Entstehung der drei Orca-Typen im Rahmen eines allopatrischen oder eines sympatrischen Artbildungsprozesses. Das Verbreitungsgebiet der drei Orca-Typen überschneidet sich weitgehend. Alle drei kommen vor der Küste British Columbias vor. Sowohl der *transient* als auch der *resident orca* bevorzugt dabei küstennahe Gewässer. Unterschiede liegen hier jedoch hinsichtlich der favorisierten Wassertiefe vor: Der *transient orca* bevorzugt flache Gebiete, der *resident* eher tieferes Wasser. Der *offshore orca* wird zwar überwiegend im offenen Meer vor British Columbia gesichtet, gelegentlich hält er sich jedoch auch in küstennahen Gewässern auf. Da keine Barrieren zwischen den einzelnen Verbreitungsgebieten bestehen und im Gegenteil diese deutliche Überschneidungen aufweisen, kann hier von einem sympatrischen Artbildungsprozess ausgegangen werden. Ursprünglich gab es demnach nur einen Orcatyp in dem fraglichen Gebiet. Vermutlich erfolgte die Auseinanderentwicklung der verschiedenen Typen aufgrund eines unterschiedlichen Jagdverhaltens/anderen bevorzugten Beutetieren und einer damit korrespondierenden anderen Kommunikation untereinander bzw. einer anderen Jagdtechnik. Auch ein anderes Sozialverhalten in Bezug auf das Zusammenleben und -jagen innerhalb einer Gruppe ist möglich. In der Folge kam es zu weniger Paarungen zwischen Tieren, die in Bezug auf das Verhalten unterschiedlich waren, und in der Folge zu einer vollständigen oder weitgehenden reproduktiven Isolation der Teilpopulationen voneinander. Über die Reihenfolge der Aufspaltung oder zu der Frage, welchem Typ die Stammart am ähnlichsten war, kann dabei keine Aussage gemacht werden.

Die Vielfalt kletternder Beuteltiere (Seite 19)

- **1** Nahezu alle nachtaktiven kletternden Beuteltiere sind Baumbewohner (Ausnahme: Honigbeutler) und benötigen für ihre Existenz Wald oder Areale mit lichtem Baumbestand. Ihre Nahrung finden sie in den Bäumen in direkter Nähe ihres Aufenthaltsorts. Sie besteht entweder aus Blättern, Blüten, Früchten verschiedener Bäume (Tüpfelkuskus, Fuchskusu, Ringelschwanzbeutler) oder speziell von Eukalyptusbäumen (Koala, Großflugbeutler). Andere Beuteltiere sind spezialisiert auf Nektar und Pollen (Honigbeutler) oder ausschließlich auf Insekten (Streifenbeutler). Die übrigen Beuteltiere ernähren sich als Allesfresser sowohl von Pflanzenmaterial als auch von Würmern, Insekten, Spinnen und ggf. kleinen Wirbeltieren (Zwerggleitbeutler, Schlafbeutler, Schuppenschwanzkusu).
- **2** Die Koexistenz der beschriebenen Beuteltiere wird zum einen durch die geografische Isolation der Populationen voneinander in Australien erleichtert. Zum anderen verringern die unterschiedlichen Nahrungsansprüche die direkte Konkurrenz im gleichen Biotop. Zu den unterschiedlichen ökologischen Nischen im gleichen Lebensraum gehören unterschiedliche Präferenzen in der Nahrungssuche, wie z.B. bei Ringelschwanzbeutler und Schlafbeutler, Tüpfelkuskus und Streifenbeutler oder Großflugbeutler und Kleingleitbeutler.
- **3** Dies ist ein Beispiel für adaptive Radiation. Die starke Vermehrung einer hypothetischen Ursprungsform von baumbewohnenden, kletternden Beuteltieren führt zu steigender intraspezifischer Konkurrenz um Nahrung, Raum usw. Phänotypen mit abweichenden Eigenschaften, z.B. die Fähigkeit zur Verdauung der Inhaltsstoffe von Eukalyptusblättern oder von tierischem Material, der Besitz längerer Finger bzw. längerer Zungen zum Erwerb versteckter Nahrung, haben eine erhöhte reproduktive Fitness durch die verringerte Konkurrenz. Allmählich entstehen unter Mitwirkung der Evolutionsfaktoren Mutation, Selektion, Rekombination und Isolation verschiedene Populationen mit unterschiedlichen Genpools. Die getrennte Weiterentwicklung der Populationen führt zu einer Trennung der Genpools und damit zur Entstehung von Arten, die an verschiedene Lebensbedingungen angepasst sind.

Evolutives Wettrüsten bei Kreuzschnabelarten (Seite 20)

- **1** Bei Koevolution handelt es sich um die Evolution von zwei oder mehr Arten, die füreinander Selektionsfaktoren darstellen und damit wechselseitig die Entstehung entsprechender Anpasstheit begünstigen.
- **2** In Gebieten, in denen nur Fichtenkreuzschnäbel vorkommen, sind die Zapfen länger und breiter und haben dicke Schuppen. Die Zapfen sind schwerer und enthalten eine größere Anzahl schwerer Samen. Umgekehrt sind die Zapfen in Gebieten, in denen überwiegend Rothörnchen vorkommen, kleiner und runder und haben dünnere Schuppen. Die Zapfen sind hier leichter und enthalten eine geringere Anzahl von Samen, die zudem leichter sind. Somit enthalten Zapfen mit vielen und großen Samen mehr Nährstoffe als Zapfen mit wenigen und kleinen Samen.
- **3** Die Schnabelhöhen der Fichtenkreuzschnäbel weisen eine Variationsbreite zwischen 8,4 mm und 10,5 mm auf. Im Gebiet B, in dem vorwiegend Rothörnchen vorkommen, haben die Vögel mit einer Schnabelhöhe von 9,3 mm die höchste relative Überlebensrate. Im Gebiet A ohne Rothörnchen überleben die meisten Vögel mit einer Schnabelhöhe von 10 mm. Sowohl flachere als auch höhere Schnäbel vermindern die Überlebensrate.

- 4 Es liegt Koevolution vor. Die Fichtenkreuzschnäbel üben durch ihren Nahrungserwerb einen Selektionsdruck auf die Kiefer aus. Zapfen mit dicken Schuppen sind als Nahrung für die Vögel weniger geeignet, weil die Samen nicht einfach herausgeholt werden können. Diese Zapfen werden gemieden, die Samen der übrigen Zapfen werden von den Vögeln dezimiert. Die Samen der größeren Zapfen mit dicken Schuppen keimen häufiger aus und bilden die nächste Baumgeneration. Folglich kommen in diesen Wäldern vermehrt Bäume mit diesen Zapfen vor.

Da Fichtenkreuzschnäbel mit flachen Schnäbeln die Zapfen mit dicken Schuppen nur schlecht bearbeiten können, erhalten solche Tiere weniger Futter. Ihre reproduktive Fitness ist entsprechend geringer. Tiere mit höheren, kräftigeren Schnäbeln haben eine höhere reproduktive Fitness. Die Fichtenzapfen üben einen Selektionsdruck auf die Form der Vogelschnäbel aus. Daher haben die Fichtenkreuzschnäbel in Gebiet A höhere Schnäbel.

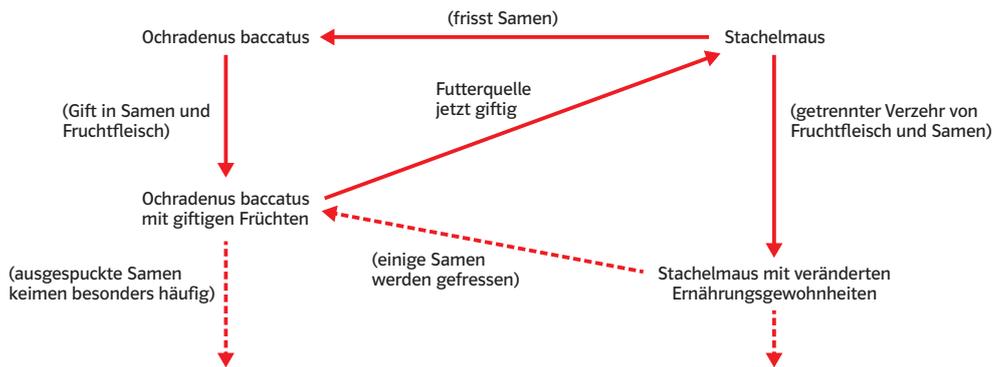
Die Rothörnchen üben auf die Küsteneiche einen entgegengesetzten Selektionsdruck aus. Sie bevorzugen lange, schmale Zapfen mit vielen Samen. In den Wäldern, in denen auch Rothörnchen vorkommen, sind die Zapfenmerkmale durch Selektion über viele Generationen entsprechend verändert, da die Samen anderer Zapfenformen zur Keimung kommen. Dementsprechend ist der Selektionsdruck auf die anwesenden Fichtenkreuzschnäbel in Gebiet B ein anderer, ihre Schnäbel sind entsprechend weniger kräftig. Die Selektion durch Fressen bestimmter Samen wirkt offenbar stärker als die Wirkung der Verbreitung durch Vergraben von Zapfen. Vermutlich beschränkt eher die Zapfenstabilität die Verbreitung der Fichtenkreuzschnäbel als die Nahrungskonkurrenz.

(Hinweis: Offenbar wirken sich extrem hohe Schnäbel auch negativ auf die reproduktive Fitness aus. Die Ursache dafür ist aus dem Material nicht zu erkennen.)

Wechselseitiger Einfluss – Koevolution (Seite 21)

- 1 Das Fruchtfleisch von *Ochradenus baccatus* enthält Senfölglycoside. Die Samen enthalten das Enzym Myrosinase. In der Frucht liegen die beiden Stoffe getrennt vor. Werden die Früchte aber gefressen, entstehen durch eine Enzymreaktion giftige Senföle. Fressen die Mäuse ausschließlich das Fruchtfleisch und spucken die Samen aus, gelangen Senfölglycoside und Myrosinase nicht zusammen und giftige Senföle können nicht entstehen. Fressen die Mäuse, nachdem sie das Fruchtfleisch verdaut haben, auch die Samen, können ebenfalls keine giftigen Senföle entstehen. Der Verzehr der Früchte ist für die Mäuse also unbedenklich, da sie Fruchtfleisch und Samen nicht gleichzeitig verzehren.
- 2 Als Koevolution bezeichnet man die wechselseitige Einflussnahme zweier Arten auf ihren jeweiligen Evolutionsprozess. In der Concept-Map übt Art B einen Einfluss auf die Art A aus, sodass ein Selektionsdruck besteht. Bei der Art A werden dadurch bestimmte Phänotypen mit einer bestimmten Kombination von Genen begünstigt, die durch Mutationen und Rekombination entstanden sind. Die durch transformierende Selektion veränderte Art A übt nun wiederum einen veränderten Selektionsdruck auf Art B aus, die dann ihrerseits durch Selektion bestimmter Phänotypen verändert wird. Durch diese Veränderung der Art B ändern sich die Lebensbedingungen für die veränderte Art A. Dieser Vorgang kann sich wechselseitig ständig wiederholen. Je größer der Selektionsdruck einer Art auf die andere, desto wahrscheinlicher überleben nur veränderte Phänotypen.

● 3 individuelle Lösung. Beispiel:



Das Aussterben des Beutelwolfs (Seite 22)

- 1 Unter einer Gendrift versteht man eine Veränderung der Frequenzen der allelen Gene innerhalb des Genpools einer Art bzw. Population aufgrund einer drastischen, ungerichteten Reduktion. In der Regel kommt es dabei auch zu einer Verringerung der genetischen Variabilität. Beim Gründereffekt beruht die Reduktion auf der Abspaltung einer kleinen, nicht repräsentativen Teilpopulation z.B. durch geografische Isolation von der Ursprungspopulation. Vom Flaschenhalseffekt spricht man, wenn ein Großteil der bestehenden Population z.B. durch eine Naturkatastrophe, die Ausbreitung einer Infektionskrankheit, aber auch durch menschliche Einflüsse dezimiert wird und eine ebenfalls nicht repräsentative Restpopulation erhalten bleibt.
- 2 Die Population lag zum Beginn der menschlichen Besiedlung vor ca. 50 000 Jahren bei ca. 100 000 Individuen. Sie sank bis zum Zeitpunkt der Isolation Tasmaniens vor ca. 10 500 Jahren auf ca. 3 000 ab. Die Population sank langsam weiter auf knapp 2 000 Individuen vor ca. 7 000 Jahren. Ca. 2 000 Jahre später starb der Beutelwolf auf dem australischen Kontinent aus, sodass die zu diesem Zeitpunkt vorhandenen gut 2 000 Exemplare ausschließlich zur tasmanischen Population gehörten. Der Bestand erholte sich ausgehend von diesen Tieren wieder und erreichte bis zum Eintreffen der europäischen Siedler eine Größe von knapp 100 000 Individuen. Der Bestand sank in den folgenden ca. 200 Jahren durch Bejagung und eine Seuche rapide, bis die Art 1936 ausgestorben ist.
- 3 Individuelle Lösung. Mögliche Hypothese:
Die Populationsgröße nahm seit dem Beginn der menschlichen Besiedlung Australiens zunächst kontinuierlich, wenn auch relativ langsam ab. Dies ist durch die Bejagung und ggf. Eingriffe in den Lebensraum der Tiere zu erklären. Es ist zu vermuten, dass die Beutelwölfe von ausgehend Norden nach Süden dezimiert wurden, da sich die Besiedlung ebenso wie kulturelle Errungenschaften, z. B. verbesserte Jagdmethoden, ebenfalls in dieser Richtung ausbreiteten. Zum Zeitpunkt der Abspaltung Tasmaniens war die verbliebene Restpopulation von ca. 3 000 Individuen also vor allem im Süden und auf dem Gebiet Tasmaniens anzutreffen. Die Dezimierung der Population durch den Menschen stellt eine erste Gendrift dar, bei der der Genpool des Beutelwolfs aufgrund eines Flaschenhalseffektes stark reduziert wurde. Aufgrund der Abspaltung Tasmaniens kam es nun zum Gründereffekt, der eine weitere Abnahme der genetischen Variabilität zur Folge hatte.

Während die Restbestände auf dem australischen Kontinent durch weitere Bejagung durch die wachsende und mit verbesserten Techniken jagende Bevölkerung sowie durch verwilderte Hunde ausgerottet wurden, erholte sich die Population auf Tasmanien, da

hier die Bevölkerungsgröße und Lebensweise konstant blieben. Jedoch ist hier von einer hohen Inzuchttrate und einer weiterhin geringen genetischen Variabilität auszugehen. Mit dem Eintreffen der europäischen Siedler änderten sich die Umweltbedingungen für den Beutelwolf drastisch: Modernste Jagdtechniken, eine starke Zunahme der Bevölkerung und damit eine Veränderung des Lebensraums, Konkurrenz durch eingeschleppte Tiere (z. B. Hunde) und das plötzliche Auftreten eines Krankheitserregers ließen den Beutelwolf auch auf Tasmanien aussterben. Dies ist vermutlich auch mit der geringen genetischen Variabilität zu erklären: Es gab offenbar keine Tiere, die über Präadaptationen für die sich plötzlich veränderten Umweltbedingungen verfügten, z. B. über eine Resistenz gegenüber dem neu aufgetretenen Krankheitserreger. Aufgrund der geringen genetischen Variabilität fehlten stattdessen variable Immunreaktionen.

Allelverschiebungen bei Bänderschnecken (Seite 23)

- 1 Am häufigsten sollten Schnecken mit braunen, ungebänderten Gehäusen auftauchen, da diese Merkmale dominant sind. Trägt eine Schnecke also ein Allel für die Gehäusefarben braun und blassgelb, wird ihr Gehäuse braun. Trägt sie das Allel für ungebändert und gebändert, wird ihr Gehäuse ungebändert.
- 2 In der Untersuchung in Empe ist der Anteil der Schnecken mit gelbem Gehäuse am größten. Weniger Tiere haben ein rosafarbenes Gehäuse. 1915 und 2010 gab es nur wenige Schnecken mit braunem Gehäuse, 1951 sogar gar keine. Dies widerspricht den Erwartungen.
- 3 Der Anteil von Schnecken mit braunem Gehäuse ist in städtischen und naturnahen Gebieten sehr ähnlich. In städtischen Gebieten ist allerdings der Anteil von Schnecken mit gelbem Gehäuse höher und der mit rosafarbenem niedriger als in naturnahen Gebieten. Unter den Schnecken mit gelbem Gehäuse ist insbesondere der Anteil mit drei oder fünf Bändern größer.

- 4 Allelfrequenz für gebändert (a) q
Allelfrequenz für ungebändert (A) p

Relative Häufigkeit des Genotyps aa
 $q^2 = 0,4 = 40\%$

Allelfrequenz von a:
 $q = \sqrt{q^2} = \sqrt{0,4} = 0,632$

Allelfrequenz von A:
 $p = 1 - q = 1 - 0,632 = 0,368$

Relative Häufigkeit des Genotyps AA:
 $p^2 = 0,368^2 = 0,135 = 13,5\%$

Relative Häufigkeit des Genotyps Aa:
 $2pq = 2 \times 0,632 \times 0,368 = 0,465 = 46,5\%$

Nach den Erwartungswerten sollten im Jahr 2011 46,5% der Tiere heterozygot hinsichtlich der Bänderung sein und damit keine Bänder zeigen. Ebenso ist zu erwarten, dass 13,5% homozygote Tiere keine Bänderung tragen.

- 5 Die Befunde bezüglich des Phänotyps aus den Jahren 1915 und 2010 ähneln sich sehr

stark. In dem dazwischen liegenden Jahr 1951 hingegen gab es in Empe weniger Schnecken mit gelbem Gehäuse und diese waren häufiger gebändert. Schnecken mit braunem Gehäuse wurden 1951 nicht gefunden. Wenn 1951 tatsächlich keine Schnecken mit braunem Gehäuse in Empe lebten, dann legt dieser Befund nahe, dass die Population keine Idealpopulation im Sinne des Hardy-Weinberg-Modells ist. Da die Farbe braun dominant ist, kann sie nicht „im Verborgenen“ weitervererbt worden sein. Im Jahr 2010 gefundene Schnecken mit braunem Gehäuse müssten eingewandert sein, wären also ein Beweis für Migration. Migration, Selektion, Mutation und Gendrift sind in der Idealpopulation entsprechend dem Hardy-Weinberg-Modell aber ausgeschlossen. Es ist allerdings nicht sicher, dass die in den drei Untersuchungszeiträumen gesammelten Gehäuse exakt repräsentativ für die realen Populationen waren.

Verwandtschaft der Kleidervögel (Seite 24)

- 1 Für die Herstellung der Hybrid-DNA-Moleküle wurde die DNA aus den Erythrocyten der sieben Vogelarten isoliert und geschmolzen, d.h. bis zum Zerfall der Doppelstränge in Einzelstränge erhitzt. Anschließend wurden die einsträngigen DNA-Moleküle von Apapane mit jeweils einem der anderen Vögel vermischt und durch Abkühlen hybridisiert. Die entstandenen Hybridmoleküle wurden anschließend wiederum erwärmt und die Temperatur, bei der 50% der Hybrid-DNA wieder einsträngig vorliegt, mittels UV-Absorption gemessen.
- 2 Bei der Hybridisierung lagern sich die komplementären Basenpaare der verschiedenen DNA-Einzelstränge zusammen. Bei nicht komplementären Basenpaaren bleiben Bereiche der Einzelstränge ungepaart. Je weniger Basenpaare komplementär sind, desto weniger Wasserstoffbrücken müssen bei der anschließenden Erwärmung getrennt werden. Die Einzelstränge sind dann bereits bei niedrigeren Temperaturen wieder voneinander gelöst. Die Schmelzkurve der Hybrid-DNA von Apapane x Apapane wird als Bezugskurve gewählt. Je weniger Verwandtschaft zwischen den Vögeln und Apapane besteht, desto weiter sind die entsprechenden Schmelzkurven in niedrigere Temperaturbereiche verschoben.
- 3 Es werden die Differenzen der Schmelztemperaturen der Hybrid-DNA-Moleküle (ΔT_{50} -Wert) von Apapane mit jeweils einem der anderen Vögel berechnet. Je kleiner die Differenz ist, desto näher liegen die Schmelzkurven zusammen, desto ähnlicher ist die DNA, desto enger sind die Vogelarten mit Apapane verwandt. Die DNA-Unterschiede, die bei der Hybridisierung eine zentrale Rolle spielen, beruhen auf Mutationen. Daher kann man sagen, dass eine größere Anzahl von Mutationen zu einer geringeren Anzahl von Basenpaarungen, also zu einer niedrigeren Schmelztemperatur der Hybrid-DNA führt. Da man den „Takt der molekularen Uhr“ kennt, kann man auf den Zeitraum, in dem eine bestimmte Anzahl von Mutationen stattgefunden hat, rückschließen. Je mehr Mutationsereignisse zwischen den DNA-Molekülen der Arten feststellbar sind, desto mehr Zeit ist seit der Trennung der Entwicklungswege vergangen.

Die Zuordnung der Arten: (A) Gartengrasmücke (A); (B) Zuckervogel; (C) Buchfink

Hox-Gene und der sechste Finger des Maulwurfs (Seite 25)

- **1** Sichelbeine sind bei den Maulwurfsarten an den Händen vorhanden, sind aber bei den verschiedenen Arten unterschiedlich deutlich ausgeprägt. Bei den beiden Spitzmull-Arten aus Japan, die überwiegend oberirdisch leben, sind die Sichelbeine nur geringfügig ausgebildet. Am stärksten sind die Sichelbeine bei den Küstenmaulwürfen sowie den Japanischen, den Europäischen und den Iberischen Maulwürfen ausgeprägt. Bei den nächsten Verwandten der Maulwürfe, den Kurzschwanz-Spitzmäusen, sind keine Anlagen für Sichelbeine erkennbar.
- **2** Hox-Gene sind regulative Gene, die in der Embryonalentwicklung in bestimmten Zeiträumen exprimiert werden. Dadurch entsteht die Gliederung des Embryos. Durch sie werden die Ausbildung und die Form z. B. der Extremitäten oder der Wirbelsäule bestimmt. Also sind die Hox-Gene auch für die Entwicklung der Armskelette des Maulwurfs verantwortlich. Ihre Genprodukte sind Transkriptionsfaktoren, die die Aktivität anderer Gene bei der Skelettentwicklung regulieren. Diese Transkriptionsfaktoren für die Bildung des Sichelbeins sind vorhanden, weil die Gene noch aktiv sind, was durch die Marker deutlich wird. Diese Knochenbildung ist im Ansatz in Abb. 3 sichtbar.
- **3** Individuelle Lösung. Eine Möglichkeit: Die Wirkung der Hox-Gene, die beim Embryo des Iberischen Maulwurfs gezeigt wurde, kann auf die anderen Vertreter aus der Familie der Maulwürfe übertragen werden. Bei allen Maulwürfen bestimmt die Aktivität der Hox-Gene die Bildung der Sichelbeine während der Embryonalentwicklung. Ein früher Vorfahr im Stammbaum der Maulwürfe trug im Gegensatz zu seinen nächsten Verwandten, den Kurzschwanz-Spitzmäusen, eine Mutation, die die Expression eines Hox-Gens, das die Ausbildung der Finger im Handskelett reguliert, weiter ablaufen ließ. Dadurch, dass die Bildung des Transkriptionsfaktors nicht abgeschaltet wurde, konnte das Sichelbein gebildet werden.

Es ist unwahrscheinlich, dass diese Mutation in der Familie der Maulwürfe mehrmals aufgetreten ist und sonst nicht bzw. sehr selten im Reich der Wirbeltiere. Also ist anzunehmen, dass der oben erwähnte Vorfahr der Maulwürfe, der die Mutation trug, dadurch bei seiner unterirdischen Lebensweise einen Selektionsvorteil und eine höhere reproduktive Fitness hatte. Diese positive Mutation wurde im Laufe der Zeit bei der Entstehung der verschiedenen Maulwurfarten weitergegeben, sodass alle Maulwurfarten dieses Sichelbein besitzen, wenn auch teilweise nur im Ansatz.

Der Wombat – das Murmeltier Australiens (Seite 26)

- **1** Waldmurmeltiere und Nacktnasenwombats graben mit ihren Füßen und Zähnen unterirdische Höhlen. Sie sind Pflanzenfresser und haben vergleichbar aufgebaute, nachwachsende Schneidezähne (Nagezähne).
- **2** Die Ähnlichkeiten in den Nagergebissen von Säuger Waldmurmeltier und Beuteltier Nacktnasenwombat sind aufgrund ihrer vergleichbaren Lebensweise (Pflanzenfresser, Gräber) analog entstanden. Analogie ist die Übereinstimmung von funktionsgleichen Organen bzw. Organsystemen mehrerer Arten, deren Vorfahren dieses Merkmal nicht aufwiesen. In dem beschriebenen Beispiel der Nagergebisse handelt es sich um eine konvergente Entwicklung. Die Zähne sind zwar im Aufbau homolog (Zahnschmelz, Zahnbein, Zahnkrone, Zahnwurzel), doch die Anpassung der ursprünglichen Schneidezähne an die gleiche Funktion ist im Laufe von 70 Millionen Jahre im Rahmen einer Spezialisierung auf die gleiche Funktion unabhängig voneinander bei den Beuteltieren und den

höheren Säugetieren entstanden. Auch fehlen den Nagern die Eckzähne. Insgesamt beruht diese Anpassungsähnlichkeit auf überwiegend gleichartiger Selektionswirkung der Umwelt bei Besetzung vergleichbarer ökologischer Planstellen durch die Vorfahren.

Dass diese Zahnähnlichkeit zwischen den Nagern unabhängig durch gleiche Anforderungen entstanden ist, zeigt die unterschiedliche Gebisszusammensetzung (Anzahl der Vorbacken- und Backenzähne). Ein weiterer Hinweis auf eine konvergente Entwicklung bei Säugern und Beuteltieren ist die unterschiedliche Struktur der Vorder- und Hinterextremitäten als Grabwerkzeuge.

Chamäleongattungen im Vergleich (Seite 27)

- **1** Die beiden Gattungen *Brookesia* und *Rhampholeon* weisen mehrere Gemeinsamkeiten auf. Die zugehörigen Arten sind kleiner als *Trioceros*-Arten, ähneln in der Farbgebung eher Laub und Holz und nutzen ihren Schwanz nicht zum Klettern. Chamäleons der Gattung *Trioceros* hingegen werden größer, sind auffälliger gefärbt und verfügen über einen Greifschwanz. *Trioceros* und *Rhampholeon* ist allerdings gemeinsam, dass sie teilweise ausgeprägte Körperanhänge aufweisen.

Wahrscheinlichste Hypothese:

Aufgrund der Anzahl der Gemeinsamkeiten ist es naheliegender, dass die Gattungen *Brookesia* und *Rhampholeon* enger miteinander verwandt sind als mit *Trioceros*.

- **2** Das Kladogramm basiert auf genetischen Untersuchungen. Danach sind die Gattungen *Trioceros* und *Rhampholeon* näher miteinander verwandt als mit der Gattung *Brookesia*. *Trioceros* und *Rhampholeon* sind also auf einen gemeinsamen
- **3** Kladogramme zeigen die verwandtschaftlichen Verhältnisse. Dabei sollen monophyletische Gruppen gebildet werden. Monophyletische Gruppen sind solche, bei denen die betrachteten Arten gemeinsame, nur in dieser Gruppe vorkommende Merkmale aufweisen, die auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückzuführen sind. Polyphyletische Gruppen wären solche, die zwar gemeinsame Merkmale aufweisen, die aber unabhängig voneinander, analog entstanden sind. Sie deuten also nicht auf eine enge Verwandtschaft hin.

Der Tasmanische Teufel – Rettung in letzter Sekunde? (Seite 28)

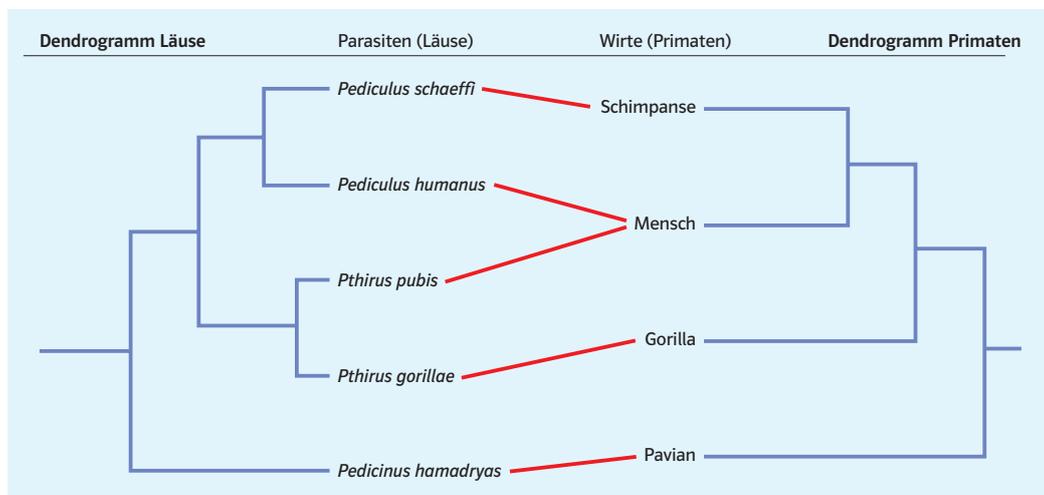
- **1** Die genetische Variabilität ist innerhalb einer Population in Gefangenschaft häufig gering. Eventuell liegt auch eine Gendrift vor, d.h. dass die Frequenz der allelen Gene des Genpools der Population in Gefangenschaft nicht der Frequenz der allelen Gene im Genpool der Wildpopulation entspricht. Dies kann zur Nachzucht von Individuen führen, die sich von den wildlebenden Individuen unterscheiden. Eine Reduktion des Genpools geht darüber hinaus mit einer Schwächung der Population einher, z.B. hinsichtlich variabler Immunantworten, Präadaptionen usw. Zudem kann es in Gefangenschaft zu Verpaarungen eng verwandter Tiere kommen. Das wiederum kann zum Auftreten von Missbildungen oder allgemein lebensschwachen Nachkommen führen.
- **2** Auf jedem Feld eines DNA-Chips wird, jeweils in millionenfacher Ausführung, eine ca. 20 Nucleotide lange DNA-Sequenz (einzelsträngig) aufgebracht. Diese Sequenz ist jeweils komplementär zu der Sequenz, auf die die Probe untersucht werden soll. Die Sequenz, auf die untersucht werden soll, ist wiederum spezifisch für ein bestimmtes Gen. Die

DNA-Moleküle der Testsubstanz werden markiert und auf den Chip gegeben. Liegen komplementäre Einzelstränge vor, gehen diese eine Bindung ein. Das anschließende Waschen entfernt die nicht gebundenen DNA-Moleküle. Auf dem Chip sind also nun auf einigen Feldern markierte DNA-Moleküle gebunden, auf anderen jedoch nicht. Die gebundenen DNA-Moleküle werden durch Fluoreszenz sichtbar gemacht und anhand der im Computer abgespeicherten Reihenfolge der Felder kann dann zugeordnet werden, welche der zu untersuchenden DNA-Moleküle in der Probe vorhanden waren.

- **3** Mithilfe des DNA-Microarrays kann man relativ einfach ein Individuum auf das Vorhandensein zahlreicher Gene testen. In Bezug auf den Tasmanischen Teufel ist das an verschiedenen Stellen vorteilhaft: So kann z.B. ein genetisches Profil aller Tiere in Gefangenschaft erstellt werden und es können gezielt Zuchtpartner ausgewählt werden, die hier möglichst viele Unterschiede aufweisen. So wird Inzucht vermieden und der Genpool möglichst stabil gehalten. Darüber hinaus können Wildtiere ohne großen Aufwand getestet werden, da lediglich eine geringe Gewebe- oder Blutprobe für den Test ausreicht. Es können dann gezielt Tiere der Wildpopulation entnommen werden, deren genetisches Profil sich von den bereits vorhandenen unterscheidet. Dies erhöht die genetische Variabilität der Ersatzpopulation. Von besonderem Interesse ist hier auch, dass die Anfälligkeit für die Tumorerkrankung der Tasmanischen Teufel genetisch bedingt ist. Die Tiere können also auch gezielt auf diese Disposition getestet werden und ggf. von der Zucht ausgeschlossen werden.

Parasiten lassen Verwandtschaften erkennen (Seite 29)

○ **1**



- **2** Im Stammbaum der Läuse erfolgt zunächst die Abspaltung von Pedicinus. Der andere Zweig der Läuse spaltet sich von einer Vorgängerart zu Pthirus und Pediculus auf. Aus der Stammform der Gattung Pthirus entwickeln sich die Arten *Pthirus gorillae* und *Pthirus pubis*. Aus der Stammform der Gattung Pediculus entwickeln sich *Pediculus schaeffi* und *Pediculus humanus*. Im Stammbaum der Primaten spaltet sich zunächst der gemeinsame Vorfahr der Menschenaffen ab. Auf der anderen Seite entwickelte sich der Pavian. In weiten Teilen gibt es Übereinstimmungen zwischen den Stammbäumen der Läuse und ihrer Wirte. Die getrennte Entwicklung von Pedicinus entspricht der ebenfalls getrennt verlaufenden Entwicklung der Paviane von den Menschenaffen. Auch die Aufspaltung der Pediculus-Arten entspricht der Aufspaltung in Schimpanse und Mensch. Ebenso entsprechen die Abspaltung von *Pthirus gorillae* und des Gorillas einander.

Die Abspaltung von *Pthirus pubis* von einem gemeinsamen Vorfahren mit *Pthirus gorillae* passt allerdings nicht zu der stammesgeschichtlichen Entwicklung des Menschen.

- 3 Der Filzlaus (*Pthirus pubis*) ist nach dem Vergleich der Dendrogramme der Wirtswechsel von einem Vorgänger der heutigen Gorillas auf den Menschen gelungen.
(Hinweis: Man nimmt an, dass der Wechsel vor ca. 3,3 Millionen Jahren erfolgte, weil die Vorfahren der Menschen alte Schlafplätze der Vorfahren der Gorillas aufgesucht haben. An diesen Schlafplätzen könnten die Vorfahren der beiden Pthirusarten gelebt haben, die in der Abwesenheit der Vorfahren der Gorillas von den Vorfahren der Menschen lebten. Selektion begünstigte dann solche Läuse, die dauerhaft auf den Vorfahren der Menschen leben konnten.)
- 4 Am vorliegenden Beispiel zeigt sich, dass es in der stammesgeschichtlichen Entwicklung von Wirt und Parasit oft Parallelen gibt. Dies verwundert nicht, da der Wirt meist in mehrfacher Hinsicht Teil der ökologischen Nische des Parasits ist. Veränderungen in der Anatomie oder der Lebensweise des Wirtes üben einen Selektionsdruck auf den Parasiten aus. Allerdings kommen Wirtswechsel vor. Die Ergebnisse eines Vergleichs können zur Rekonstruktion von stammesgeschichtlichen Entwicklungen herangezogen werden, sind aber beispielsweise wegen möglicher Wirtswechsel mit Vorsicht zu interpretieren.

Hoatzin – ein reptilienartiger Vogel (Seite 30)

- 1 Der Archaeopteryx besitzt in seinem Flügelskelett jeweils eine Kralle an den Fingern I, II und III.
Die Jungtiere des Hoatzins besitzen am Daumen und am 2. Finger ihres Flügelskeletts jeweils eine Kralle. Dabei steht die Daumenkralle des Nestlings des Hoatzins ungefähr im gleichen Größenverhältnis zum Daumen wie beim Archaeopteryx. Beim langen Finger des Fetus steht das krallentragende Endglied auch ungefähr im gleichen Größenverhältnis zum gesamten 2. Finger wie beim Archaeopteryx. Die relativen Längen der krallentragenden Fingerendglieder und die relativen Längen der davor liegenden Fingerglieder entsprechen ungefähr den Verhältnissen beim Archaeopteryx.
Vergleicht man die Handskelette des adulten Hoatzins und des Archaeopteryx, so wird deutlich, dass einerseits beim Hoatzin ein Krallenverlust sowie ein durch fehlendes Wachstum entstandenes kurzes Endglied an beiden Fingern auffällig ist. Dagegen erkennt man bei beiden Fingern des Hoatzins ein deutliches Längenwachstum der Grundglieder. Das Fingerglied vor dem Endglied des langen Fingers zeigt eine gewisse relative Größenkonstanz.
Die Feten und Küken des Hoatzins ähneln hinsichtlich ihrer krallentragenden Handskelette dem Urvogel Archaeopteryx.
- 2 Lebendes Fossil: Solche Lebewesen sind heute existierende Pflanzen- oder Tierarten, deren Bauplan sich über einen erdgeschichtlich langen Zeitraum nicht wesentlich verändert hat. Sie besitzen Merkmale, die sich im Laufe der Zeit nur geringfügig geändert haben. Die Lebewesen sind demnach Angehörige von erdgeschichtlich alten Organismengruppen. Dies ist durch Fossilien belegt. Ihre phylogenetische Position im System von Verwandtschaftsbeziehungen ist isoliert. Die Ursachen für die Existenz dieser überdauernden Formen sind vielfältig: die Existenz des unveränderten Lebensraums, geografische Isolation des Lebensraums, Fehlen von Konkurrenten oder Fressfeinden.

Biogenetische Grundregel: In der Ontogenese (Individualentwicklung mit Keimesentwicklung) durchlaufen die Lebewesen wesentliche Stadien der Phylogenese (Stammesentwicklung). Dies geschieht, weil die Individualentwicklung auf alten Entwicklungsabläufen der stammesgeschichtlichen Vorfahren basiert.

- **3** Die Jungtiere der Hoatzine haben Flügelkrallen, die als einziges Merkmal denen des Archaeopteryx entsprechen. Da die Evolution der Vögel von den Reptilien ausgeht, ist die Beziehung zum bekannten Urvogel Archaeopteryx, der diverse Reptilienmerkmale aufweist, naheliegend. In mehreren Schritten wären die Reptilienmerkmale verloren gegangen. Doch nur die Jungtiere, nicht die Alttiere, zeigen noch dieses Merkmal. Die nah verwandten Turakos zeigen dieses Merkmal ebenfalls nicht. Die Hoatzine stellen demnach im System der Vögel keine isolierte rezente Art dar. Aus diesen Gründen handelt es sich bei den Hoatzinen nicht um lebende Fossilien.
- **4** Wenn davon ausgegangen wird, dass das Merkmal der Flügelkrallen eine sekundäre Angepasstheit an die Lebensumstände ist, dann waren die Vorfahren der Hoatzine krallenlos. Durch Mutationen könnten ursprünglich genetisch blockierte alte Entwicklungsschritte entsprechend der biogenetischen Grundregel erneut ablaufen. Sollte ein Küken mit einer solchen, nicht nachteiligen Mutation ins Wasser fallen, wäre es beim Erreichen eines rettenden Baumstammes eher in der Lage, daran hochzuklettern. Das Überleben würde zur Steigerung seiner reproduktiven Fitness führen.

Homologe Insulinmoleküle – Zeichen der Verwandtschaft? (Seite 31)

- **1** Definition: Homologie ist die Übereinstimmung von Organen, Organsystemen oder anderen Merkmalen mehrerer Arten aufgrund gemeinsamer Abstammung, d.h. gemeinsamer Erbinformation. Dies gilt auch für den Aufbau von verschiedenen Proteinmolekülen, die ebenfalls durch gemeinsame Erbinformation codiert sind.
- **2** Anzahl der Aminosäureunterschiede

Aminosäuresequenz des Signalpeptids:																								
	1	10	20	24																				
Schimpanse	M	A	L	W	R	L	P	L	L	V	L	L	A	L	W	G	P	D	P	A	S	A		
Mensch	M	A	L	W	R	L	P	L	L	A	L	L	A	L	W	G	P	D	P	A	A	A	A	
Schwein	M	A	L	W	T	R	L	P	L	L	A	L	L	A	L	W	A	P	A	P	A	Q	A	
Rind	M	A	L	W	T	R	L	R	P	L	L	A	L	L	A	L	W	P	P	.	P	A	R	A

Aminosäureunterschiede im Signalpeptid	Schimpanse	Mensch	Schwein	Rind
Schimpanse				
Mensch	2			
Schwein	5	4		
Rind	6	5	4	

Aminosäuresequenz der B-Kette:																														
	25	30	40	50	54																									
Schimpanse	F	V	N	Q	H	L	C	G	S	H	L	V	E	A	L	Y	L	V	C	G	E	R	G	F	F	Y	T	P	K	T
Mensch	F	V	N	Q	H	L	C	G	S	H	L	V	E	A	L	Y	L	V	C	G	E	R	G	F	F	Y	T	P	K	T
Schwein	F	V	N	Q	H	L	C	G	S	H	L	V	E	A	L	Y	L	V	C	G	E	R	G	F	F	Y	T	P	K	A
Rind	F	V	N	Q	H	L	C	G	S	H	L	V	E	A	L	Y	L	V	C	G	E	R	G	F	F	Y	T	P	K	A

Aminosäureunterschiede in B-Kette	Schimpanse	Mensch	Schwein	Rind
Schimpanse				
Mensch	0			
Schwein	1	1		
Rind	1	1	0	

Aminosäuresequenz der C-Kette:

	55	60	70	80	89																																				
Schimpanse	R	R	E	A	E	D	L	V	G	Q	V	E	L	G	G	G	P	G	A	G	S	L	Q	P	L	A	E	G	S	L	Q	K	R								
Mensch	R	R	E	A	E	D	L	V	G	Q	V	E	L	G	G	G	P	G	A	G	S	L	Q	P	L	A	E	G	S	L	Q	K	R								
Schwein	R	R	E	A	E	N	P	Q	A	G	A	V	E	L	G	G	L	G	.	G	.	L	Q	A	L	A	E	G	P	P	Q	K	R								
Rind	R	R	E	V	E	G	P	Q	V	G	A	L	E	L	A	G	G	P	G	A	G	L	E	G	P	P	Q	K	R

Aminosäureunterschiede in C-Kette

	Schimpanse	Mensch	Schwein	Rind
Schimpanse				
Mensch	0			
Schwein	10	10		
Rind	14	13	13	

Aminosäuresequenz der A-Kette:

	90	100	110																		
Schimpanse	G	I	V	E	Q	C	C	T	S	I	C	S	L	Y	Q	L	E	N	Y	C	N
Mensch	G	I	V	E	Q	C	C	T	S	I	C	S	L	Y	Q	L	E	N	Y	C	N
Schwein	G	I	V	E	Q	C	C	T	S	I	C	S	L	Y	Q	L	E	N	Y	C	N
Rind	G	I	V	E	Q	C	C	A	S	V	C	S	L	Y	Q	L	E	N	Y	C	N

Aminosäureunterschiede in A-Kette

	Schimpanse	Mensch	Schwein	Rind
Schimpanse				
Mensch	0			
Schwein	0	0		
Rind	2	2	2	

- 3 Die A- und B-Kette zeigen die geringste Zahl von Aminosäureunterschieden zwischen den Tierarten. Sie bilden das funktionstüchtige Insulin. Mutanten mit funktionsuntüchtigen aktiven Insulinmolekülen sind nicht überlebensfähig. Das Signalpeptid und die C-Kette enthalten deutlich mehr Unterschiede. Sie besitzen mehr variable Molekülbereiche, ohne die Aufgabe des Moleküls zu beeinträchtigen. Schimpansen- und Menscheninsulin zeigen in A-, B-, C-Kette eine komplette Übereinstimmung, was auf eine nahe Verwandtschaft hinweist. Es folgen dann im Vergleich das Schweineinsulin und danach das Rinderinsulin mit den meisten Aminosäureunterschieden zu der Primatengruppe. Es gilt, je mehr unterschiedliche Aminosäuren eingebaut sind, desto mehr Mutationen haben stattgefunden, desto entfernter ist die Verwandtschaft. Demnach wären Schimpanse und Mensch nah verwandt, Mensch und Rind entfernt verwandt, Schwein und Rind untereinander näher verwandt. Der Aminosäuresequenzvergleich bei einem überlebenswichtigen Molekül ist nur bedingt für die Verwandtschaftsanalyse heranzuziehen, weil es der Selektion unterliegt. Am aussagekräftigsten wäre die Untersuchung des Molekülteils der homologen C-Kette, weil sie „nur“ für das Erlangen der Raumstruktur nötig ist. Da Verwandtschaftsbeziehungen über die Anzahl vorhandener Mutationen ermittelt werden, wäre die Analyse der Nucleotidsequenz der C-Kette zu bevorzugen, da dann alle einzelnen Mutationen erkennbar sind.

Die Herkunft des Europäischen Wisents (Seite 32)

- 1 Ausgehend von einer gemeinsamen Stammform trennten sich vor ca. 1,55 Millionen Jahren die Entwicklungslinien der Bisons und der Auerochsen. Von der Linie des Bisons spaltete sich vor ca. 260 000 Jahren die Entwicklungslinie des Wisents ab. Vor etwa 140 000 Jahren hat ein Genfluss durch Hybridisierungen zwischen Vertretern der Wisente und der Europäischen Auerochsen stattgefunden. Danach verläuft die Entwicklungslinie weiter, es entstand der Europäische Wisent in seiner heutigen Ausprägung.

- **2** Da bei der Fortpflanzung nahezu ausschließlich die mütterliche mt-DNA an die Nachkommen weitergegeben wird, muss das Muttertier bei der Paarung für eine Hybridbildung ein Auerochsen-Weibchen gewesen sein. Da das Y-Chromosom bei Säugetieren vom Vater zu den männlichen Nachkommen gelangt, muss der männliche Elternteil in der Paarung ein Steppenbison gewesen sein. Da im Genpool der rezenten Wisente ca. 10 Prozent des Erbmaterials des Auerochsen enthalten sind, müssen in der Vergangenheit noch weitere Hybridisierungen mit Steppenbison-Männchen stattgefunden haben. Dadurch verringert sich der Erbgut-Anteil des Auerochsen im Genpool der Population.
- **3** individuelle Lösung. Beispiel: Da Steppenbisons und Wisente bereits lange gleichzeitig existierten, kann es sein, dass sie bei unterschiedlichen Umgebungsbedingungen verschiedene reproduktive Fitness zeigten. Im Laufe der Zeit waren sie durch transformierende Selektion an verschiedene Habitats angepasst und lebten daher in verschiedenen geografischen Gebieten mit unterschiedlichen Temperatur- und Nahrungsbedingungen. Dies entspricht dem Prinzip einer Konkurrenzvermeidung. Nach dem Ende der Eiszeit veränderte sich das vorherrschende Klima in Mittel- und Südeuropa. Dies führte zu einer Veränderung der Lebensbedingungen und schließlich zum Aussterben des Steppenbisons. Der Wisent war aufgrund seiner Ansprüche und Anpassungsfähigkeit unter diesen Bedingungen begünstigt, hatte eine höhere reproduktive Fitness und verbreitete sich in diesem Gebiet.

Grünlaubsänger – eine Ringart (Seite 33)

- **1** Eine Ringart besteht aus mehreren Unterarten, die sich aus einer Ursprungsart durch die Bildung verschiedener Populationen um eine geografische Barriere herum entwickelt haben. Individuen benachbarter Populationen können sich noch miteinander fortpflanzen. Dabei entstehen fruchtbare Hybride. Wenn die genetisch am längsten getrennten Populationen der Ursprungsart am Ende ihres Ausbreitungswegs aufeinandertreffen, ist eine Kreuzung häufig nicht mehr möglich, da eine Fortpflanzungsbarriere entstanden ist. Diese Unterarten verhalten sich in diesem Bereich wie zwei verschiedene Arten. In manchen Fällen sind Hybridisierungen möglich, die Nachkommen haben jedoch möglicherweise eine geringere reproduktive Fitness als die Nachkommen von Eltern der gleichen Unterart.
- **2** Die Grünlaubsänger bilden eine Kette von hybridisierenden Unterarten rund um das Tibetische Hochland und den Himalaya aus. Im nördlichen Bereich, in dem die Verbreitungsgebiete von *P.t. viridanus* und *P.t. plumbeitarsus* aufeinandertreffen und sich überlappen, können die sympatrisch lebenden Tiere keine fruchtbaren Nachkommen erzeugen. Im Südosten ist die Kette aufgrund von Rodungen des natürlichen Waldhabitats der Vögel nachträglich unterbrochen. Restteile der betroffenen Populationen existieren im nördlichen Verbreitungsgebiet weiter.
- **3** Die Ausbreitung vollzog sich, ausgehend von der Region ⑤, sowohl westlich als auch östlich um das asiatische Hochgebirge (Tibetisches Hochplateau, Himalaya) herum. Bei der Besiedlung neuer Landstriche kamen die bekannten Evolutionsfaktoren zum Tragen (Mutation, Selektion, Rekombination, Gendrift, Isolation). Die Veränderungen zwischen den Individuen benachbarter Populationen waren nicht gravierend, sodass in den Kontaktzonen immer noch Hybridisierungen stattfanden. Sehr deutlich veränderte sich der Gesang. In Richtung Westen wurden die einzelnen Gesangs-Blöcke immer länger und enthielten mehr Silben. In Richtung Osten nahm die Anzahl der Blöcke zu, aber sie waren kürzer und umfassten weniger Silben. In der nördlichen Kontaktzone der dort aufeinandertreffenden Populationen unterscheiden sich die Gesänge dieser Unterarten so stark, dass diese Populationen reproduktiv isoliert sind (ethologische Isolation). Somit

verhalten sich die Tiere wie Vertreter von zwei unterschiedlichen Arten (Biologischer Artbegriff). Der molekulargenetische Vergleich der Länge des Allels Poo2 ergab, dass die genetischen Unterschiede zwischen Vertretern benachbarter Regionen geringer sind als die Unterschiede zwischen weit entfernten Tieren. Dies ist mit der natürlichen Mutationsrate über die langen Zeiträume der Ausbreitung zu erklären. Zwischen den benachbarten Populationen findet nach wie vor Genfluss statt, zwischen den weit entfernten Randpopulationen auf dem Weg nach Norden allerdings nicht mehr. Trotzdem ist die präzygote Isolation in Form der ethologischen Isolation der Hauptgrund für die fehlenden Hybridisierungen im Norden.

Das Erbe der Ursäuger (Seite 34)

- 1 Der CHIA-Stammbaum geht von einem hypothetischen Vorfahren aus und verzweigt sich in die Äste CHIA1 und CHIA2 sowie in den Ast CHIA3 und die sich erneut aufspaltenden Äste CHIA4 und CHIA5. Auf diesen Ästen befinden sich wiederum Verzweigungen, die zeigen, dass in verschiedenen Verwandtschaftsgruppen die Gene noch funktionstüchtig sind oder zu Pseudogenen abgewandelt wurden.
- 2 Affen sind Träger der fünf CHIA-Gene. Bei einigen Vertretern dieser Tiergruppe sind sowohl aktive Gene als auch Pseudogene (CHIA1, 3, 4, 5) zu finden. Der Anteil von Insekten am Nahrungsspektrum wird nicht bei allen Arten gleich hoch sein. Affenarten sind häufig Gemischtköstler.

Bisons besitzen hauptsächlich CHIA-Pseudogene (CHIA1, 2, 3, 4). CHIA5-Gene sind bei fast allen Bison-Arten aktiv. Bisons sind reine Pflanzenfresser.

Raubkatzen besitzen bis auf einen untersuchten Vertreter (CHIA5) ausschließlich Pseudogene aller CHIA-Gene. Raubkatzen sind reine Fleischfresser, in ihrem Beutespektrum sind Insekten bedeutungslos.

- 3 Im Mesozoikum entwickelte sich der Ursäuger mit einem Chitinase-Gen. Durch Duplikationen entstanden fünf Kopien, d.h. fünf Chitinase-Gene. Bei der teilweisen Inaktivierung der Chitinase-Gene in einer Tiergruppe konnte die Insekten-Nahrung nicht mehr vollständig abgebaut werden, der Anteil der Insekten an der Gesamtnahrung nahm ab. Wurden in einem langen Zeitraum nach und nach alle Chitinase-Gene inaktiviert, konnten nur die Säuger überleben, die sich zu Pflanzenfressern oder Fleischfressern (ohne Insekten als wichtige Nahrungsquelle) entwickelt hatten.

Lemuren – Waldgeister auf Madagaskar (Seite 35)

- 1 Proben mit verschiedenen Molekülgemischen (z. B. Proteine, DNA-Moleküle) werden in die Taschen des Elektrophorese-Gels gegeben. Diese können bei ausschließlich negativ geladenen Teilchen (z. B. Proteinen) am Ende des Gels lokalisiert sein, bei Gemischen von positiv und negativ geladenen Teilchen sind sie in der Mitte angeordnet. Dabei wird in eine Tasche zum Vergleich ausschließlich der Stoff gegeben, auf den die Probe untersucht werden soll (Kontrolle). An die Platte wird eine Gleichspannung angelegt. Negativ geladene Teilchen wandern zum Pluspol, positiv geladene zum Minuspol. Kleine Moleküle legen in derselben Zeit eine größere Distanz zurück als größere, da die Bewegung der kleinen Teilchen weniger stark durch das Gel behindert wird.

Stärker negativ geladene Moleküle legen dabei in derselben Zeit eine größere Strecke zurück als weniger geladene, da sie stärker vom Pluspol angezogen werden. Umgekehrt gilt das auch für positiv geladene Teilchen. Die Spannung wird nach einer gewissen Zeit abgestellt und die Molekülwanderung stoppt. Das Gel wird dann mit einem speziellen Farbstoff (z. B. für Proteine) angefärbt. Die in den Proben enthaltenen unterschiedlichen Moleküle werden als gefärbte Banden („Streifen“) auf dem Gel sichtbar. Durch die Elektrophorese erfolgte eine Auftrennung der Proben in Portionen mit unterschiedlichen Molekülgrößen und Ladungen. Kleine, stark negativ geladene Moleküle bilden dabei die am weitesten vom Minuspol entfernte Bande und umgekehrt. Ein Abgleich mit der Kontrollbande ermöglicht die Identifikation der Substanz (z. B. eines speziellen Proteins), auf die die Proben untersucht werden sollten.

- **2** Bei Stammbaum A sind Katta und Bambuslemur sowie Fingertier und Spitzhörnchen jeweils am engsten miteinander verwandt, da sie jeweils einen gemeinsamen Vorfahren haben, über den kein anderes Taxon verfügt. Der nächste Verwandte von Katta und Bambuslemur ist der Rotbauchmaki, da alle drei einen weiteren gemeinsamen Vorfahren haben. Der nächste Verwandte von Fingertier und Spitzhörnchen ist dagegen der Indri, auch diese drei Taxa gehen auf einen gemeinsamen Vorfahren zurück. Diese beiden gemeinsamen Vorfahren, aus denen sich später jeweils die genannten drei Arten entwickelt haben, gehen auf einen weiteren gemeinsamen Vorfahren zurück, sodass alle sechs Taxa miteinander verwandt sind.
Auch bei Stammbaum B sind Katta und Bambuslemur am engsten miteinander verwandt, da sie über einen gemeinsamen Vorfahren verfügen. Der nächste Verwandte dieser beiden Arten ist der Rotbauchmaki, da alle drei auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgehen. Der nächste Verwandte dieser drei Arten ist wiederum der Indri und der nächste Verwandte dieser vier Arten das Fingertier. Am weitesten entfernt verwandt ist schließlich das Spitzhörnchen.
- **3** Eine enge Verwandtschaft wird bei der Untersuchung von DNA durch wenig Abweichungen einer bestimmten Sequenz begründet, da jeder Unterschied auf einer Mutation beruht. Bei wenigen Mutationsschritten ist davon auszugehen, dass der letzte gemeinsame Vorfahr noch nicht so lange zurückliegt, also eine enge Verwandtschaft besteht. Katta und Bambuslemur weisen die geringsten Abweichungen zueinander auf (34), sind also am engsten miteinander verwandt. Das entspricht beiden Stammbaumhypothesen. Der nächste Verwandte von Katta und Bambuslemur ist der Rotbauchmaki, da er durchschnittlich 42 Abweichungen zu den beiden Lemurenarten aufweist. Dies entspricht ebenfalls beiden Stammbaumhypothesen. Laut der molekulargenetischen Untersuchungen ist am nächstengsten der Indri mit dem Katta, Bambuslemur und Rotbauchmaki verwandt, d.h. der Indri verfügt über einen gemeinsamen Vorfahren mit den übrigen drei Arten. Begründet wird dies durch die verhältnismäßig geringen Abweichungen (52, 54 und 54) zwischen Indri und den drei Arten. Diese Verwandtschaftsbeziehung wird nur in Stammbaumhypothese B dargestellt; bei Hypothese A müsste der Indri weniger Abweichungen zu Spitzhörnchen und Fingertier aufweisen, was aber hier mit jeweils 66 Abweichungen nicht gegeben ist.
Mit 66, 63, 68 und 62 Abweichungen ist das Fingertier enger mit den zuvor genannten Arten verwandt als mit dem Spitzhörnchen (74 Abweichungen). Dies trifft auf Stammbaumhypothese B zu; bei Hypothese A müsste die Anzahl der Abweichungen zum Spitzhörnchen geringer als die zu den anderen Taxa sein.
Zuletzt besteht die größte Abweichung aller Arten zum Spitzhörnchen, es ist also der entfernteste Verwandte der restlichen Arten. Dies wird ebenfalls nur in Hypothese B dargestellt. Abschließend lässt sich also festhalten, dass Stammbaumhypothese B im Einklang mit den molekulargenetischen Untersuchungsergebnissen steht.

Kooperative Verteidigung bei Zieseln (Seite 36)

- 1 Die Wahrscheinlichkeit, dass Männchen oder Weibchen ohne Verwandte in der Nähe Warnrufe ausstoßen liegt bei 18%. Die Wahrscheinlichkeit, dass Weibchen mit Töchtern, Enkelinnen, Müttern oder Schwestern in der Nähe Warnrufe ausstoßen, liegt bei 39%.

Die Wahrscheinlichkeit, dass ein Tier warnt, scheint vor allem von der Anwesenheit verwandter Tiere abzuhängen. Männchen wandern als Jungtiere für gewöhnlich in neue Reviere aus. Hier versuchen sie, Fortpflanzungspartnerinnen zu finden und sich zu vermehren. Dies gelingt allerdings nicht immer. Sie haben daher oft keine Verwandten in der Nähe.

- 2 Die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Weibchen gemeinsam ein Territorium verteidigen, hängt von dem Grad der Verwandtschaft unter den Tieren ab. Mütter und Töchter kooperierten beim Verjagen von Eindringlingen in 15% der beobachteten Fälle, Wurfgeschwister in 10% der Fälle, Geschwister aus unterschiedlichen Würfen in 8% der Fälle. Die Häufigkeit der Situation, dass entfernter miteinander verwandte Tiere oder nicht verwandte Tiere gemeinsam Eindringlinge verjagen, lag darunter.
Durch Kooperation können die Tiere ihre Gesamtfitness erhöhen. Die Gesamtfitness setzt sich zusammen aus der direkten Fitness (eigenem Nachwuchs) und der indirekten Fitness (Beitrag zur reproduktiven Fitness Verwandter). Je näher die Tiere miteinander verwandt sind, desto größer ist die individuelle indirekte Fitness durch Kooperation. Da die Weibchen sich mit mehreren Männchen paaren, können auch Geschwister unterschiedliche Väter haben. Über die jeweilige Verwandtschaft von Müttern und Töchtern besteht allerdings kein Zweifel. Die Kooperation zwischen Mutter und Tochter erhöht daher am ehesten die individuelle indirekte Fitness und damit die Gesamtfitness. Da auch Geschwister, selbst Wurfgeschwister, unterschiedliche Väter haben können, ist ihr Verwandtschaftskoeffizient unter Umständen geringer als der zwischen Müttern und Töchtern. Bei Mutter und Tochter liegt der Verwandtschaftskoeffizient bei 0,5. Bei Vollgeschwistern wäre dies ebenso, bei Halbgeschwistern liegt er hingegen nur bei 0,25. Dies erklärt, dass Geschwister seltener kooperieren als Mütter und Töchter. Je weniger eng die Verwandtschaft ist, desto geringer ist der Verwandtschaftskoeffizient. Entsprechend sinkt der Nutzen für die jeweilige indirekte Fitness durch Kooperation und damit der Nutzen für die individuelle Gesamtfitness.
- 3 Das Ausstoßen von Warnrufen senkt die individuelle Überlebenswahrscheinlichkeit und damit die Möglichkeit, eigenen Nachwuchs zu bekommen (direkte Fitness). Allerdings erhöht sich die Überlebenswahrscheinlichkeit der anderen Tiere in Hörweite. Da die Weibchen meist in der Nähe ihres Geburtsortes bleiben, ist die Wahrscheinlichkeit hoch, dass sie mit den Tieren in Hörweite verwandt sind. Durch das Ausstoßen von Warnlauten warnen sie zudem mehrere verwandte Tiere gleichzeitig. Durch das Warnen können sie dementsprechend ihre indirekte Fitness erhöhen. So steigt durch das Warnen ihre Gesamtfitness.
Männchen können nur mit deutlich geringerer Wahrscheinlichkeit davon ausgehen, in Hörweite viele Verwandte zu haben. Ihre indirekte Fitness würde durch das Warnen weniger stark erhöht. Das Verhalten erhöht ihre Gesamtfitness also mit geringerer Wahrscheinlichkeit.
Für Weibchen mit vielen Verwandten, etwa Mutter, Geschwistern und eigenem Nachwuchs, erhöht sich durch das Warnen die indirekte Fitness. Dieser Umstand wurde bei der Aussage, Warnen würde die reproduktive Fitness senken, nicht berücksichtigt. Die Aussage muss daher zurückgewiesen werden.

Altruismus bei Bienenfressern (Seite 37)

- 1 Unter Altruismus versteht man selbstloses (uneigennütziges) Verhalten, bei dem andere Artgenossen begünstigt werden. Dabei haben die begünstigten Artgenossen auf Kosten des Handelnden einen Fitnessgewinn.
- 2 Die Regel von W. D. HAMILTON beschreibt das Konzept der Verwandtenselektion. Dies ist eine Erweiterung der natürlichen Selektion, weil Individuen, die Verwandte z. B. bei der Brutpflege unterstützen, dadurch gemeinsame Gene in die Folgegeneration weitergeben können. Wenn Helfer Brutpaare unterstützen, fördern sie ihre indirekte Fitness, obwohl sie selbst auf Nachkommenschaft verzichten. Bei einem altruistischen Verhalten sollte das Produkt aus dem Verwandtschaftskoeffizienten und dem entstandenen Nutzen für die Helfer größer sein als die Kosten, die für die Hilfe aufgewendet werden müssen.
- 3 Die Helfer stammen überwiegend aus der eigenen Sippe (Abb. 2) und sind Jungtiere (Männchen) im Alter von einem oder zwei Jahren (Abb. 3). In den meisten Fällen helfen diese ihren eigenen Eltern oder nah verwandten Familienmitgliedern (Abb. 4). Insgesamt wird also innerhalb des eigenen Familienverbands meistens der Sohn oder Enkel als Helfer rekrutiert.
- 4 Wenn ein verpaartes Männchen als Helfer rekrutiert wird, kann es zwar die eigene Brut nicht aufziehen, aber die Brut z. B. der Eltern wird durch seine Unterstützung mit großer Sicherheit überleben. Auch auf diese Weise gelangen eigene Gene an die Filialgeneration. Wenn man den Verwandtschaftskoeffizienten berücksichtigt, ist die Gesamtfitness bei der Rekrutierung der direkten Nachkommen als Helfer viel größer, als wenn die Helfer entfernt verwandt sind. Mit abnehmender Verwandtschaft sinkt der Beitrag zur indirekten Fitness. Daher werden entferntere Verwandte oder Fremde sich mehr gegen Rekrutierungsversuche wehren.

Individuelles Beispiel:

Kosten (z. B. Verteidigung des Territoriums, Balzen bis zum Erfolg, Flüge zur Nahrungssuche): Ein einjähriges Männchen hat keine Helfer rekrutiert und kann ohne Helfer nur zwei seiner Jungen erfolgreich aufziehen:

$$r \times K = 0,5 \times 2 = 1.$$

Nutzen: Das einjährige Männchen hilft seinem Vater erfolgreich, fünf Junge aufzuziehen:

$$r \times N = 0,5 \times 5 = 2,5.$$

Dies ist ein Extremwert, wenn man annimmt, dass die Nestlinge ohne Helfer nicht alle überleben würden.

Daher ist die indirekte reproduktive Fitness im Extremfall höher als die direkte Fitness. Die Kosten sind geringer als der Nutzen.

Sexualdimorphismus bei Primaten? (Seite 38)

- 1 Sexuelle Selektion bedeutet, dass einige Individuen einer Population in Bezug auf den Zugang zu Geschlechtspartnern, mit denen eine erfolgreiche Paarung abläuft, einen Vorteil gegenüber Artgenossen des gleichen Geschlechts haben. Deren reproduktive Fitness ist höher als die der anderen Artgenossen.
Geht man von einer ausgewogenen Geschlechterverteilung aus, ist der Paarungserfolg im Durchschnitt bei allen Individuen gleich groß. Leben die Individuen monogam, kann man davon ausgehen, dass so gut wie jedes geschlechtsreife Individuum auch einen

Partner findet und sich auch erfolgreich paart. Es findet also keine sexuelle Selektion statt, da kein Individuum Vorteile gegenüber Geschlechtsgenossen bezüglich des Zugangs zu Partnern hat.

In einem Paarungssystem, in dem sich aber ein Männchen mit vielen Weibchen erfolgreich paart (Polygynie), ist der Paarungserfolg der Männchen sehr unterschiedlich: Während sich einige Männchen mit vielen Weibchen paaren, gibt es auch viele Männchen, die sich nur sehr selten oder gar nicht erfolgreich paaren. Ist der Paarungserfolg an bestimmte Merkmale, z. B. ein großes Geweih oder eine bestimmte Färbung, gekoppelt, spricht man von einer sexuellen Selektion. Umgekehrt gilt das Gleiche für die Polyandrie: Hier ist der Paarungserfolg der Weibchen sehr unterschiedlich und das Weibchen kann einer sexuellen Selektion unterliegen.

Man unterscheidet bei der sexuellen Selektion zwischen der intrasexuellen und der intersexuellen Selektion. Bei der intrasexuellen Selektion konkurrieren mehrere Individuen desselben Geschlechts um den Zugang zu Paarungspartnern. Dabei kommt es z. B. zu Kämpfen. Bei der intersexuellen Selektion spielt in der Regel die Wahl eines Partners eine größere Rolle. In der Regel wählt dabei der Partner, dem durch die Fortpflanzung die größeren Kosten entstehen.

- 2 Individuelle Lösung. Beispiel: Der Schädel des männlichen Gorillas ist deutlich größer als der des weiblichen. Zudem hat er über eine deutliche Knochenleiste am Oberkopf, die der des Weibchens nicht hat. Das spricht für eine sehr kräftige Muskulatur im Bereich des Kopfes und des Rückens. Es ist also von einem deutlichen Geschlechtsdimorphismus auszugehen, wobei das Männchen das Tier ist, das der sexuellen Selektion unterliegt. Das Paarungssystem der Gorillas ist demnach die Polygynie.
- 3 Individuelle Lösung. Beispiel: Der Mensch weist keine so deutlichen körperlichen Unterschiede auf wie z. B. der Gorilla. Viele vermeintliche Unterschiede hängen eher mit veränderbaren Merkmalen (z. B. der Frisur) zusammen. Dennoch gibt es einige Unterschiede, z. B. in Bezug auf die durchschnittliche Körpergröße, die beim Mann höher als bei der Frau ist. Demnach wäre der Mensch entweder einem monogamen Paarungssystem zuzuordnen, wenn man von eher geringen Unterschieden ausgeht, oder der Polygynie, wenn man davon ausgeht, dass die Unterschiede insgesamt deutlicher sind. Sowohl die Polygynie als auch die reine Monogamie scheinen auf den Menschen aber in der hier dargestellten Form nicht zu passen. Vielmehr bestehen bezüglich des Paarungssystems sehr große Unterschiede zwischen einzelnen Menschen, die z. B. von individuellen Vorlieben und kulturellen Einflüssen geprägt sind. Insgesamt spielen beim Menschen zahlreiche Faktoren eine Rolle, die in dem hier dargestellten Schema überhaupt nicht berücksichtigt werden. So führt beim Menschen z. B. nicht jeder Geschlechtsverkehr, nicht einmal jedes längere Zusammenleben mit einem Partner, zu einer Schwangerschaft – viele Paare entscheiden sich bewusst, nur ein oder zwei oder auch gar keine Kinder zu haben. Die „erfolgreiche Paarung“, die auch zu Nachkommen führt, ist also beim Menschen eher von seinen eigenen Entscheidungen beeinflusst und nicht so sehr von der Akzeptanz beim anderen Geschlecht: Ein Mann, der besonders stark dem Sexualdimorphismus unterliegt, also z. B. besonders groß und muskulös ist, wirkt zwar vielleicht zunächst attraktiv auf viele Frauen, hat aber nicht automatisch mehr Kinder als ein kleiner, weniger muskulöser Mann. Da bei der Partnerwahl und der Fortpflanzung des Menschen neben äußerlich sichtbaren Eigenschaften auch unzählige weitere Faktoren eine Rolle spielen, ist eine Zuordnung in eines der vorgegebenen Schemata so nicht möglich.

Lucy – Mensch, Affe oder gemeinsamer Vorfahr? (Seite 39)

- 1 Ein abgeleitetes Merkmal ist ein Merkmal, das innerhalb einer Entwicklungslinie gegenüber einem Vorfahren neu erworben wurde. In dem vorliegenden Stammbaum sind sowohl ein größeres Gehirn als auch der aufrechte Gang abgeleitete Merkmale. Sie haben sich erst nach der Abspaltung der Entwicklungslinie des Menschen entwickelt. Der letzte gemeinsame Vorfahr von Schimpanse und Mensch verfügte demnach nicht über diese Merkmale.
- 2 Die Gehirngröße von Lucy entspricht in etwa der Gehirngröße eines modernen Schimpansen und ist deutlich kleiner als die eines modernen Menschen. Lucy verfügte also über ein eher kleines, affenähnliches Gehirn. Der Oberschenkelknochen von Lucy ist zwar deutlich kleiner als der des modernen Menschen, allerdings entspricht er in der Ausrichtung der des Menschen und deutet auf einen aufrechten Gang von Lucy hin – wie beim modernen Menschen. Auch die Beckenform (schüsselförmig) deutet auf einen aufrechten Gang Lucys hin. Das Becken des Schimpansen ist dagegen eher langgezogen. Lucy verfügt also über Merkmale des modernen Menschen und des Schimpansen.
- 3 Lucy hatte ein relativ kleines Gehirn, ging jedoch aufrecht. Sie weist also Merkmale beider Entwicklungslinien auf. Dies könnte zunächst darauf hindeuten, dass es sich um einen gemeinsamen Vorfahren von Mensch und Schimpanse handelt. Allerdings würde das bedeuten, dass es sich bei dem aufrechten Gang um ein ursprüngliches Merkmal handelt. Das steht im Widerspruch zu den Angaben im Stammbaum (Abb. 1). Lucy kann also nicht gemeinsamer Vorfahr von Mensch und Schimpanse sein.

Ebenfalls kann es sich bei Lucy nicht um einen Vorfahren des Schimpansen handeln, da sie aufrecht ging. Dieses Merkmal müsste dann erneut ein ursprüngliches Merkmal sein, das sich beim Schimpansen zum vierfüßigen Gang entwickelt hat. Dies widerspricht jedoch auch den Angaben im Stammbaum (Abb. 1).

Lucy ist stattdessen der menschlichen Entwicklungslinie zuzuordnen. Zwar verfügt sie nicht über das abgeleitete Merkmal des größeren Gehirns, jedoch bereits über den aufrechten Gang. Das weist darauf hin, dass sich im Laufe der Hominisation zunächst der aufrechte Gang entwickelte und erst danach das größere Gehirn. Lucy ist der Zeit zuzuordnen, in der die menschlichen Vorfahren bereits aufrecht gingen, aber noch ein eher kleines Gehirn hatten.

(Hinweis: Es gibt Theorien, die die Annahme anzweifeln, dass sich der gemeinsame Vorfahr von Mensch und Schimpanse im vierfüßigen Gang bewegte.)

Domestikation der Gerste in der Steinzeit (Seite 40)

- 1 Bei der Auswahlenzucht werden solche Samen von Pflanzen der Wildgerste gesammelt, die über erwünschte Eigenschaften verfügen, z. B. Verbleib der Samen in der Ähre. Diese Samen gelangen durch ihre Eigenschaft häufiger in das Saatgut und werden für die Aussaat im Folgejahr verwendet. Von der entstehenden Tochtergeneration werden wiederum die Samen von Pflanzen mit den erwünschten Eigenschaften selektiert und für die Zucht weiterverwendet. Nach vielen Generationen treten zuverlässig die gewünschten Merkmale der Kulturgerste auf.
- 2 Die Auswahlenzucht fand sowohl in der nördlichen als auch in der südlichen Levante statt. Allerdings beruht das Auftreten der Gerstenpflanzen mit an den Ähren anhaftenden Samen auf unterschiedlichen Mutationsereignissen. Diese Varianten existierten schon

lange vor Zuchtbeginn. In der südlichen Levante ist das komplementäre Gen A durch eine Deletion von einem Basenpaar verändert. Wenn das Gen a homozygot rezessiv vorliegt, kann keine Abschnürungsfurche mehr gebildet werden. Vergleichbares gilt für das komplementäre Gen B, das in der nördlichen Levante durch eine Deletion von elf Basenpaaren verändert wurde. Wenn das Gen b homozygot rezessiv vorliegt, kann ebenfalls keine Abschnürungsfurche mehr gebildet werden. Die verschiedenen Mutationen zeigen, dass in verschiedenen Gebieten unabhängig voneinander die Selektion von bestimmtem Saatgut zu einem phänotypisch gleichen Ergebnis führte.

- **3** individuelle Lösung. Beispiel: Die Bauern, die als Folge von Überbevölkerung oder Klimaveränderungen oder aus anderen Gründen das Gebiet des Fruchtbaren Halbmonds verließen, zogen mit ihrem Hab und Gut, also auch mit Saatgut von Kulturgerste, z. B. nach Nordwesten. Über die sogenannte Balkanroute erreichten sie später Mitteleuropa. Sie siedelten sich an und bauten unter anderem wieder Getreide an.

Paarungssystem und Fortpflanzung bei Menschen (Seite 41)

- **1** Monogamie: lebenslange Fortpflanzungsgemeinschaft zwischen zwei Individuen einer Art
Polygynie: Fortpflanzungsgemeinschaft eines Männchens mit mehreren Weibchen
Polygynandrie: Fortpflanzungsgemeinschaft mehrerer Männchen und Weibchen, d.h. Polygynie (ein Männchen mit mehreren Weibchen) und Polyandrie (ein Weibchen mit mehreren Männchen)
- **2** Der Mensch hat im Vergleich zum Schimpansen relativ kleinere Hoden. Das deutet darauf hin, dass er nicht wie der Schimpanse in einem polygynandrischen System lebt und bei ihm kaum Spermienkonkurrenz vorliegt. Da sein Sexualdimorphismus nicht sehr ausgeprägt ist, wird sein Paarungssystem nicht dem des Gorillas entsprechen. Sein Paarungssystem wird wahrscheinlich eher dem des Gibbons entsprechen, der keinen Sexualdimorphismus aufweist und monogam lebt.
- **3** Abb. 2: Monogamie der Ache-Indianer:
Gute Jäger haben mehr überlebende Kinder als schlechte Jäger. Auch bei unsicherer Vaterschaft haben die Nachkommen guter Jäger bessere Überlebenschancen. Dabei könnte eine Rolle spielen, dass die Anlagen (Gene) der Väter für das Überleben der Kinder mitverantwortlich sind. Außerdem kann mitentscheidend für das Überleben der Kinder die gesicherte Vaterschaft der Jäger sein.

Abb. 3: Polygynie der Yanomami-Pflanzer:

Häuptlinge haben ein Drittel mehr Frauen als Nicht-Häuptlinge. Mit ihren Frauen haben die Häuptlinge ein Drittel mehr Kinder pro Frau als Nicht-Häuptlinge. Die ranghöhere Stellung bringt mehr Besitz und eine bessere Ernährung der Familie mit sich, sodass mehr Mütter und Kinder überleben. Häuptlinge haben damit eine höhere reproduktive Fitness.

- **4** Gute Jäger: Die Frauen bevorzugen bei der Partnerwahl gute Jäger, weil der Jagderfolg als ein Zeichen für die guten Merkmale (z. B. Gesundheit, Kräftigkeit, Unversehrtheit, Klugheit) des Mannes gewertet werden kann. Bei dem Wahlverhalten könnte auch die Überlegung eine Rolle spielen, dass ihnen und ihren Kindern mehr Nahrung zur Verfügung stünde und ihre Kinder eine größere Überlebenschance hätten. Damit würde die eigene reproduktive Fitness der Frauen maximal gefördert.
Häuptling: Frauen bevorzugen bei der Partnerwahl ranghöhere Männer, da mit dem höheren Status ein größerer Besitz verbunden ist. Solche Männer können wahrscheinlich

mehr Frauen und mehr Kinder ernähren. Eine weitere Rolle könnte die Tatsache spielen, dass die Söhne eventuell den hohen Rang erben.
In beiden Fällen wählen die Frauen solche Paarungspartner aus, die sich auf die eigene reproduktive Fitness und die ihrer zukünftigen Kinder positiv auswirken.

Ausbreitung des modernen Menschen (Seite 42)

- 1 Auf dem afrikanischen Kontinent ist vor allem die Haplogruppe L vertreten. Im Süden tritt L0 auf, im Westen L1 und L2, im Osten L0abf, L3, L4, L5 und L6. Im Norden Afrikas findet man die Haplogruppe U. Die Nachfahren der Haplogruppe L3 haben den afrikanischen Kontinent vor 90 – 55 000 Jahren verlassen.
- 2 Die Nachfahren der Haplogruppe L3 verließen den afrikanischen Kontinent über die Arabische Halbinsel nach Indien. Von dort aus gelangten sie über den heutigen Iran und die Türkei nach Zentraleuropa.
- 3 Die Out-of-Africa-Hypothese postuliert, dass alle heute lebenden Menschen auf gemeinsame Vorfahren zurückgehen. Diese entstanden in Afrika. Mindestens alle Nichtafrikaner sind daher Nachfahren von Migranten. Eine gesellschaftliche Ächtung „gemischtrassiger“ Kinder als Vermischung „reiner Blutlinien“ ist hiernach absurd. Ebenso unsinnig sind Annahmen von unterschiedlich wertvollen Menschenrassen. Annahmen, die damals noch verbreiteten Rassegesetzen zugrunde lagen, sind dementsprechend gegenstandslos. Die Menschheit ist vielmehr als große, weit verzweigte Familie zu beschreiben. Dieser Familie gehören alle heute lebenden Menschen an, unabhängig von Aussehen, Religion oder Nationalität.
- 4 Ebenso wie *Homo sapiens* ist auch *Homo erectus* im Osten des afrikanischen Kontinents entstanden. Auch er hat Afrika über die Arabische Halbinsel verlassen. Danach besiedelte er Asien und Europa. Allerdings erfolgte dies schon 1 Million Jahre vor *Homo sapiens*. Amerika und Australien besiedelte *Homo erectus* vermutlich nicht. Im Übrigen ist die Ausbreitung von *Homo erectus* mit der von *Homo sapiens* vergleichbar.

Der Denisova-Mensch und die Tibeter (Seite 43)

- 1 Das gefundene Unterkiefer-Fossil aus Tibet wird einem Denisova-Menschen zugeordnet, der mit den Denisova-Menschen aus der Denisova-Höhle im Altai-Gebirge in Russland nah verwandt ist. Diese Frühmenschen gehören zu einer Schwestergruppe der Neandertaler.

Die Entwicklung der Hominiden spaltete sich in zwei Zweige auf. Die eine Entwicklungslinie führte zum späteren modernen Menschen (*Homo sapiens*), die andere Linie verzweigte sich nach einem letzten gemeinsamen Vorfahren und führte zu der Gruppe der Denisova-Menschen bzw. zu der Gruppe der Neandertaler.

- 2 Die Hochgebirgsvariante des Gens EPAS1 existierte bereits nachweislich bei den Denisova-Menschen. Einige dieser Denisova-Menschen lebten auch in Asien auf der Tibetischen Hochebene, wie der Unterkiefer-Fund bestätigt. Als Vertreter des modernen Menschen Asien erreichten, trafen wahrscheinlich beide Menschengruppen aufeinander und es kam zu Paarungen, aus denen fruchtbare Nachkommen hervorgingen. Durch solche Mischlinge gelangte das Gen des Denisova-Menschen in den Genpool der Bevölkerung des asiatischen *Homo sapiens*.

(Hinweise: Die Vertreter des Denisova-Menschen starben wahrscheinlich vor ca. 40 000 Jahren aus. Einkreuzungen von Neandertaler-Genen haben auch in den Genpool der modernen Menschen stattgefunden.)

- **3** Die Variante des Gens *EPAS1*, auf der die Höhenangepasstheit beruht, existiert ausschließlich bei den Tibetern und den Denisova-Menschen. Diese Variante führte nach der Einkreuzung wahrscheinlich noch nicht zu einem Selektionsvorteil. Erst als die Träger auf dem Hochplateau von Tibet siedelten, verlieh sie ihnen eine höhere reproduktive Fitness. Da die Tibeter isoliert auf der Hochebene lebten, wurden in der Population die Träger dieser Genvariante begünstigt und die Allelfrequenz für die Variante erhöhte sich im Genpool. Die Han-Chinesen, die von den gleichen Vorfahren abstammen, siedelten hingegen im Flachland. Bei ihnen kam ursprünglich wohl ebenfalls die Variante des Gens *EPAS1* vor. Da die Variante allerdings in ihrer Umgebung keinen Selektionsvorteil bot, ging diese Genvariante mit der Zeit aus dem Genpool verloren. Andere Bevölkerungsgruppen, z. B. Japaner, Europäer oder Afrikaner, hatten keinen Kontakt zu den Trägern der *EPAS1*-Variante, sodass diese Variante nicht eingekreuzt werden konnte.

Nahrungszubereitung – ganz schön schlau? (Seite 44)

- **1** Aufgrund der Daten von verschiedenen Säugetieren ergibt sich die Tendenz, dass die Masse des Gehirns mit zunehmender Körpermasse linear ansteigt (Ausgleichsgerade). Während bei einzelnen Arten das Gehirn im Verhältnis zur Körpermasse im Mittel etwas größer oder kleiner bzw. in Einzelfällen auch deutlich kleiner ist als laut der Regressionsgeraden zu erwarten ist, ist das Gehirn des Menschen im Verhältnis zu seiner Körpermasse deutlich größer als bei den übrigen Säugetieren. Aufgrund der Daten zu den übrigen Säugetieren würde man für einen Menschen aufgrund seiner Körpermasse eine Gehirnmasse von ca. 600 g erwarten. Mit ca. 1200 g ist das Gehirn des Menschen tatsächlich jedoch etwa doppelt so schwer.
- **2** Beim Gehirn der Hominiden ist im Laufe der Evolution eine deutliche Massenzunahme festzustellen. Die starke Massenzunahme begann etwa mit der Entwicklung des *Homo erectus*. Sie geht mit einem starken Energiebedarf einher: Etwa 20 % der im Stoffwechsel frei werdenden Energie werden beim modernen Menschen durch die Gehirntätigkeit benötigt. Bei anderen Primaten ist es nur etwa halb so viel, bei Kaninchen, Katzen und Ratten sind es sogar nur 4 bzw. 6 %. Offensichtlich wird für ein derart großes Gehirn wie dem des Menschen sehr viel Energie benötigt. Der Beginn der Massenzunahme des Gehirns fällt in die Zeit, in der laut Annahme einiger Wissenschaftler auch die Beherrschung des Feuers fällt. Die Beherrschung des Feuers ermöglichte es den menschlichen Vorfahren, Nahrung zu kochen. Aus Abb. 4 geht hervor, dass die Verdauung von gekochtem Fleisch deutlich energiesparender ist als die Verdauung von rohem Fleisch, d. h. die Aufnahme der Nährstoffe aus dem Fleisch ist mit einem um ca. 15 % geringeren Energiebedarf verbunden. Einen ähnlichen Effekt hat das Zerkleinern von Fleisch vor dem Verzehr. Wird zerkleinertes Fleisch zusätzlich auch gekocht, reduziert sich der Energiebedarf insgesamt um über 20 % gegenüber rohem, unzerkleinertem Fleisch. Die Beherrschung des Feuers und die damit einhergehende Nahrungszubereitung könnte also eine Größenzunahme des Gehirns ermöglicht haben, da dem Körper durch das Kochen mehr Energie zur Verfügung steht.
Gestützt wird diese Annahme durch die Informationen aus Abbildung 5. Demnach steigt die Verdaulichkeit von Wurzeln und Knollen von 32 % durch Kochen auf 98 %. Das bedeutet, dass im rohen Zustand nur 32 % der enthaltenen Energie vom Menschen aufgenommen wird, im gekochten Zustand 98 %. Das Kochen des Lebensmittels führt also auch hier zu einer deutlich verbesserten Energieversorgung des Körpers. Das hat möglicherweise die Vergrößerung des Gehirns erst möglich gemacht.

- **3** Die biologische Evolution ist dadurch gekennzeichnet, dass Informationen für Merkmale in Form von DNA gespeichert und an eigene Nachkommen weitergegeben werden. Anders ist dies bei der kulturellen Evolution: Informationsquelle sind hier Erfahrungen von Artgenossen, eine Weitergabe dieser Informationen ist von jedem Individuum einer Gruppe zum anderen möglich, unabhängig von einer Verwandtschaft. Im Falle der Entwicklung des menschlichen Gehirns spielen beide Formen der Evolution eine Rolle: Fertigkeiten wie Feuermachen, Kochen, Jagen und das Herstellen und Verwenden von Werkzeugen zur Zerkleinerung von Nahrung werden im Rahmen der kulturellen Evolution innerhalb der Gemeinschaft weitergegeben und weiterentwickelt. Das ermöglicht Individuen, die über ein etwas größeres Gehirn verfügen, eine ausreichende Energieversorgung und damit ein erfolgreiches Überleben trotz verhältnismäßig hohem Energiebedarf. Zudem sind diese Individuen in einer Gesellschaft, die bereits über die oben genannten Fertigkeiten verfügte, unter Umständen auch reproduktiv erfolgreicher, da sie anderen Individuen z.B. im Gebrauch von Werkzeugen oder beim Jagen überlegen sind. Ihre reproduktive Fitness steigt dementsprechend und damit insgesamt auch die Gehirngröße in den Nachkommenspopulationen. Ein größeres und komplexeres Gehirn fördert in den Folgegenerationen wiederum die kulturelle Evolution, da es ein verstärktes Lernen und eine intensivere Kommunikation erlaubt.

Ein weiterer Frühmensch: *Homo naledi* (Seite 45)

- **1** Der Zahnbogen ist nicht U-förmig wie bei Affen, sondern V-förmig. Es sind keine großen Eckzähne zu erkennen, wie es für Affen zu erwarten wäre, sondern gleichförmige Zähne, die von den Vorbackenzähnen äußerlich kaum unterscheidbar sind. Auch ist keine Affenlücke zu sehen.

Homo-ähnliche Merkmale	Australopithecus-ähnliche Merkmale oder affenähnliche Merkmale
spezifische Gehirnstruktur an der Hirnoberfläche	Gehirngröße
-	Becken, Oberschenkel im Kniebereich
vordere Backenzähne	hintere Backenzähne
Greifhand mit opponierbarem, zugreifendem Daumen	lange, gekrümmte Finger
Handgelenk zum Drehen von Werkzeugen	-
Fußstruktur	gekrümmte Zehen

Die Größe des Gehirns scheint nicht entscheidend für die Komplexität des Denkens zu sein. Das Skelett von *Homo naledi* besteht aus einem Mosaik verschiedener moderner und urtümlicher Merkmale.

- **3** Da *Homo naledi* zeitgleich mit *Homo sapiens* und anderen *Hominiden* lebte, kann man davon ausgehen, dass keine lineare Entwicklung von einer Vorform zum heutigen *Homo sapiens* vorliegt, sondern dass es eine gewisse Diversität an Unterarten mit schrittweise stattgefundenen morphologischen Abwandlungen gab. Dies kann mit einem Stammbusch mit vielen verschiedenen Ästen, ggf. mit Querverbindungen, verdeutlicht werden.

Hinweis: Es kann auch Erbgut von ausgestorbenen Vertretern eines Seitenastes in das Erbgut des modernen Menschen eingebracht worden sein, z.B. vom Neandertaler.

Der Urahn der Vielzeller im Tierreich (Seite 46)

- 1 Die Vorstellung zur Entstehung von Vielzellern ist, dass sich verschiedene Kragengeißelflagellaten mithilfe von Gallerte zusammenfanden und Kolonien bildeten. Daraus entstand ein einfacher Organismus mit Choanocyten und zwei weiteren spezialisierten Zelltypen. Durch die Koloniebildung der Choanoflagellaten war die Basis für das Reich der Tiere gelegt.
- 2 Viele Gene, folglich auch Proteinbereiche, kommen nur bei Kragengeißelflagellaten und tierischen Vielzellern, aber nicht bei Pflanzen und Pilzen vor. Da diese Gene eine Gemeinsamkeit von tierischen Vielzellern und *M. brevicollis* darstellen, ist es wahrscheinlich, dass sie bereits bei ihrem letzten gemeinsamen Vorfahren vorhanden waren. Über das Fehlen von Genen bei *M. brevicollis*, können nur Vermutungen angestellt werden. Einerseits können diese Gene in der Entwicklungslinie der tierischen Vielzeller neu entwickelt worden sein. Andererseits könnte der letzte gemeinsame Vorfahr die Vorläufergene noch besessen haben, aber *M. brevicollis* hat sie im weiteren Entwicklungsverlauf verloren. Zwei Transkriptionsfaktoren (Homöotische Domäne und FOX) scheinen zu einer sehr alten Proteinfamilie zu gehören, weil sie bei allen Eukaryoten zu finden sind. Bis auf eine kleine Gruppe von Transkriptionsfaktoren, die *M. brevicollis* und die vielzelligen Tiere gemeinsam haben, sind die übrigen Transkriptionsfaktoren nur bei den tierischen Vielzellern zu finden. Dies können sehr spezifische Transkriptionsfaktoren sein, die bei Organbildungen eine Rolle spielen.
- 3 Die Aussage ist falsch. Korrekt wäre die Aussage, dass Choanoflagellaten die nächsten Verwandten der tierischen Vielzeller sind. Choanoflagellaten und tierische Vielzeller haben einen gemeinsamen Vorfahren. Da ein rezenter Vertreter der Choanoflagellaten vergleichbare Genabschnitte wie die untersuchten Tiere aufweist, muss ein Vorfahr von ihnen bereits diese Gene besessen haben. Es ist höchst unwahrscheinlich, dass alle Gene zufällig nach der Abspaltung der Vielzeller sowohl bei dem Einzeller *M. brevicollis* als auch bei den verschiedenen Vielzellern identisch entstanden sind.

Korallen – Belege für die Endosymbiontentheorie? (Seite 47)

- 1 Die Endosymbiontentheorie besagt, dass eukaryotische Zellen aus prokaryotischen Zellen hervorgegangen sind, die auf bestimmte Stoffwechselwege spezialisierte andere prokaryotische Zellen aufgenommen haben. Prokaryotische Zellen haben demnach andere prokaryotische Zellen, z. B. phototrophe oder chemotrophe Bakterien, phagozytiert. Diese Bakterien wurden aber nicht verdaut, sondern lebten im Inneren der aufnehmenden Zelle weiter und wurden zu Endosymbionten. Aus diesen Endosymbionten entwickelten sich dann Organellen und aus der Wirtszelle wurde so eine eukaryotische Zelle. Besonders deutlich wird dies an Mitochondrien und Chloroplasten, da diese Organellen noch über viele Merkmale der ursprünglichen Bakterienzellen verfügen, z. B. eine ringförmige DNA.
- 2 Zooxanthellen sind eukaryotische Einzeller, die Fotosynthese betreiben. Sie leben in den Zellen der Steinkorallen und betreiben dort Fotosynthese. Die dabei entstehende Glucose wird auch von der Korallenzelle genutzt. Im Rahmen der Zellatmung wird die Glucose hier unter Sauerstoffverbrauch wieder abgebaut. Das dabei und bei der Kalkbildung entstehende Kohlenstoffdioxid wird von der Zooxanthelle für die Fotosynthese genutzt. Die Konzentration von Kohlenstoffdioxid wird durch die fotosynthetisch aktive Zooxanthelle also stets niedrig gehalten. Dadurch läuft die Gleichgewichtsreaktion, bei der in der Korallenzelle Kalk gebildet wird, überwiegend in eine Richtung ab, nämlich zur Kalkbildung. Ohne die Zooxanthelle würde die Kohlenstoffdioxidkonzentration in der Umgebung der

Koralle steigen und die Reaktion würde verstärkt in die Gegenrichtung ablaufen, d.h. das Kalkskelett der Koralle würde abgebaut werden.

Beide Lebewesen ziehen Vorteile aus dieser Beziehung: Die Koralle wird mit organischem Material aus der Fotosynthese der Zooxanthelle versorgt und die Kohlenstoffdioxidkonzentration in ihrer Umgebung bleibt so niedrig, dass ihr Kalkskelett nicht abgebaut, sondern aufgebaut wird.

Die Zooxanthelle profitiert von der Korallenzelle als Lebensraum. Es handelt sich demnach um eine intrazelluläre Endosymbiose.

- **3** Steinkoralle und Zooxanthelle leben in einer intrazellulären Endosymbiose. Das entspricht genau der Lebensgemeinschaft, die in der Endosymbiontentheorie für die prokaryotische Wirtszelle und die aufgenommene Bakterienzelle angenommen wird. Die Tatsache, dass bei rezenten Lebewesen ein solcher Vorgang, d.h. die Aufnahme eines Organismus in einen anderen und das weitere Bestehen als Symbiose, beobachtet werden kann, bestätigt, dass der Mechanismus, der der Endosymbiontentheorie zugrunde liegt, tatsächlich stattfinden kann und möglicherweise in der Vergangenheit in anderen Konstellationen ebenso stattgefunden hat. Die Beziehung zwischen Steinkoralle und Zooxanthelle kann demnach als ein Beleg für die Endosymbiontentheorie betrachtet werden, mit der Einschränkung, dass hier nur eukaryotische Zellen beteiligt sind, in denen jeweils die „klassische Endosymbiose“ bezüglich der Organellen vorliegt.

Die Zuordnung der Pilze (Seite 48)

- **1** Viele Strukturen finden sich in allen drei eukaryotischen Zellen, wie der Zellkern, Mitochondrien, Golgi-Apparat und Ribosomen. Pilz- und Pflanzenzelle weisen zudem eine Zellwand auf, die allerdings bei den Pilzen aus Chitin und bei den Pflanzen aus Cellulose besteht. Anders als bei den Pflanzenzellen findet man bei den Pilzzellen keine Chloroplasten.
- **2** Die Endosymbiontentheorie besagt, dass Vorgänger heutiger Eukaryoten Prokaryoten aus der Domäne der Bacteria als Symbionten in sich aufgenommen haben. Diese aufgenommenen Zellen wurden aber nicht verdaut, sondern lebten in den eukaryotischen Wirtszellen weiter. Zwischen Wirtszelle und Einzeller entwickelte sich eine enge symbiontische Beziehung mit dem permanenten Austausch von Stoffen, die gegenseitige Vorteile bot (Symbiose). So entstanden Mitochondrien und Chloroplasten. Dies geschah zu zwei unterschiedlichen Zeitpunkten in der Evolution der Eukaryoten.
- **3** Pilze sind, ebenso wie Tiere, heterotrophe Organismen. Sie verfügen nicht über Chloroplasten und können benötigte Kohlenhydrate nicht wie Pflanzen selbst herstellen. Als heterotrophe Lebewesen müssen sie Nährstoffe mit der Nahrung aufnehmen wie die Tiere. Aufgrund der Heterotrophie lässt sich also eine engere Verwandtschaft mit den Tieren vermuten.
Der Stammbaum der Lebewesen beruht unter anderem auf dem Vergleich gemeinsamer Strukturen, DNA-Vergleichen und dem Vergleich der ribosomalen RNA. Er stützt die Vorstellung einer größeren Nähe der Pilze zu den vielzelligen Tieren.
Auch die Endosymbiontentheorie legt die engere Verwandtschaft zu den Tieren nahe. Zunächst bildete sich eine Symbiose zwischen Bacteria und Eukaryota, aus der Zellen mit Mitochondrien entstanden. Zu einem späteren Zeitpunkt entstand eine weitere Symbiose zwischen Bacteria und Eukaryota, die Chloroplasten entstanden. Zu diesem Zeitpunkt hatte aber bereits eine Aufspaltung der Eukaryoten stattgefunden. Heutige Pilze und vielzellige Tiere sind Nachfahren jenes Zweiges ohne Chloroplasten.
Diese Aspekte legen nahe, dass Pilze mit den vielzelligen Tieren näher verwandt sind als mit den Landpflanzen.