

Vorwort

„Nothing in biology makes sense except in the light of evolution.“

T. Dobzhansky, Titel eines Essays in *The American Biology Teacher* (1973)

Das Jahr 2009 bringt uns als „Charles-Darwin-Jahr“ das Doppeljubiläum seines 200. Geburtstages und den 150. Jahrestag der Erscheinung seiner *Origin of Species*. Eigentlich waren schon im Juli 2008 große öffentliche Feiern fällig, denn hierhin fällt die gemeinsame Lesung der Artikel von Alfred Wallace und Charles Darwin vor der Linnean Society in London zur Veränderlichkeit der biologischen Arten.

150 Jahre nach diesen bahnbrechenden Erkenntnissen sorgen PCR und Pyrosequenzierung dafür, dass sich die Datenbanken in immer höherem Tempo mit neuen Nukleotidsequenzen – inzwischen längst ganzen Genomen der Eukaryonten – füllen. Neben dem abstrakten „Genom des Menschen“ liegen uns nun auch schon die individuellen Genome zweier wichtiger Akteure in diesem Feld – James Watson und Craig Venter – vor. Stammesgeschichtlich noch viel interessanter sind da aber eher andere Neuzugänge der ersten Jahreshälfte 2008, so beispielsweise das Schnabeltier *Ornithorhynchus*, das Lanzettfischchen *Branchiostoma*, der Lacktrichterling *Laccaria*, das Laubmoos *Physcomitrella*, die Pappel *Populus*, der Choanoflagellat *Monosiga* oder das Chromatophorengenom von *Paulinella*. Sie alle scheinen Zeugen für das rasche Wachstum im Feld der Phylogenomik zu sein, weit verteilt über den Stammbaum des Lebens. Tatsächlich aber ist es die ungeheure Biodiversität in all den Verwandtschaftsgruppen, die molekulare Phylogenetik so faszinierend macht und die sie nur schlaglichtartig repräsentieren.

Methodisch sind in der molekularen Phylogenetik *Likelihood*-basierte, insbesondere die Bayesianischen Ansätze auf dem Vormarsch und spielen neben den klassischen Distanz- und Parsimonieverfahren eine immer größere Rolle. Ganz besonders die erheblich verbesserten Methoden, die erlauben, unseren Stammbäumen eine Zeitskala zu geben und die Verzweigungen im Baum des Lebens zu datieren, zählen zu den spannendsten neuen Entwicklungen, denen wir hier nun mehr Raum geben. Wir hoffen, mit diesen und anderen Aktualisierungen und den weiteren Umbauarbeiten für die zweite Auflage nichts verschlimmbessert zu haben.

Danksagung

Ein ganz allgemeiner Dank unsererseits geht zunächst an die vielen wohlmeinenden Kollegen für ihre freundlichen Kommentare zum Erscheinen der ersten Auflage. Konkrete Vorschläge zur Umsetzung von Verbesserungen kamen insbesondere von Prof. Michael Schmitt, Herrn Gerrit Hartig und Herrn Simon Fischer. Dafür besonders herzlichen Dank. Herzlicher Dank gebührt auch Herrn Dr. Bernd Müller für zahlreiche kleinere Verbesserungsvorschläge und Herrn Felix Grewe für das Korrekturlesen einzelner Kapitel. K.M. möchte noch einmal der Deutschen Telekom Stiftung danken, deren finanzielle Unterstützung wesentlich zur Entstehung der ersten Auflage beigetragen hatte. Vielen Dank unverändert an Dr. Iven und Dr. Moltmann für die Betreuung des Projektes auf Verlagsseite.

Vorwort zur ersten Auflage

Das 20. Jahrhundert ist gelegentlich als das Jahrhundert der Biologie, insbesondere der Molekularbiologie, bezeichnet worden. Ob nun in der Tat die Biologie im letzten Jahrhundert noch größere Fortschritte gemacht hat als andere Wissenschaften, sei dahingestellt. Eines aber ist sicher: In der Mitte des 20. Jahrhunderts ist das Gen stofflich fassbar geworden. Wir wissen sehr genau, wie wir uns unsere Erbanlagen vorzustellen haben. Wir kennen ihre chemische Beschaffenheit und wir können die Sprache der Gene in allen heute lebenden Organismen zumindest prinzipiell lesen. Nicht nur das – im letzten Drittel des 20. Jahrhunderts haben wir auch gelernt, diese Sprache zu schreiben und in transgenen Organismen durch molekularbiologische Methoden zu verändern.

Ein Jahrhundert vor der Entwicklung der Gentechnik hatte ein anderer, zunächst rein theoretischer, Erkenntnisgewinn in der Biologie vergleichbar weitreichende gesellschaftliche Auswirkungen – wenn auch nicht für den Alltag, so doch für Daseinsphilosophie und Selbstverständnis. Das Konzept der Evolution hat ein biblisch-statisches Bild von der Vielfalt biologischer Arten unwiderruflich vom Sockel gestoßen. Was heute auf der Erde lebt, ist das Ergebnis von 3,5 Milliarden Jahren an biochemischem Probieren, Verwerfen, Verändern und Anpassen als Antwort auf eine sich verändernde Umwelt unseres Planeten im weitesten Sinne – klimatisch, chemisch und biologisch. Einiges über die Geschichte des Lebens auf der Erde können wir Fossilfunden entnehmen. Die Vielfalt an Dinosauriern vor ihrem Aussterben vor 65 Millionen Jahren ist anhand ihrer beeindruckenden versteinerten Skelette gut nachvollziehbar und die Entstehung vieler tierischer Baupläne im Kambrium vor mehr als 500 Millionen Jahren ebenso. In anderen Bereichen aber ist organismische Vielfalt und Veränderung längst nicht so gut mit Fossilien dokumentiert: Bakterien und andere Einzeller hinterlassen viel seltener deutliche Spuren und auch die Entstehung der ersten Landpflanzen auf der Erde ist nur unzufriedenstellend dokumentiert. Es bleiben die rezenten, heute lebenden Organismen, deren morphologische Merkmale oft jedoch nur vage oder sogar widersprüchliche Rückschlüsse auf die Geschichte ihrer Evolution zulassen.

Hier bekommt der Evolutionsforscher mit den Sequenzen biologischer Makromoleküle, sei es mit den DNA-Sequenzen der Gene oder den abgeleiteten Aminosäuresequenzen der Proteine, ein völlig neues Instrumentarium. In diesen Sequenzen ist die Geschichte des Lebens gespeichert. Aus unseren Gensequenzen lässt sich ableiten, ob wir mit Gorilla, Schimpanse oder Orang-Utan am engsten verwandt sind. Auch dort, wo klassische Merkmale rar sind, wie bei den Einzellern, gibt es immer noch Hunderte von Genen mit gleicher Funktion, aus deren schleichenden Sequenzveränderungen wir die Evolutionsgeschichte dieser Organismen mit oft erstaunlicher Sicherheit erschließen können. In diesem Buch geht es darum, wie die Erkenntnisse der Molekularbiologie in die Konzepte der Evolution einfließen. Wie also helfen uns die informationsspeichernden Makromoleküle die Stammesgeschichte des Lebens nachzuzeichnen?

Das Konzept unseres Buches

Das Interesse an molekularen Stammbäumen kann den unterschiedlichsten Hintergründen entstammen. Einige systematisch und taxonomisch arbeitende Biologen bedienen

sich seit bald 20 Jahren der zunehmend einfacher zu gewinnenden molekularen Sequenzdaten, um die Stammesgeschichte und Evolution der Organismengruppen, die ihnen am Herzen liegen, zu verstehen. Für dahingehend Interessierte halten die Datenbanken vielleicht schon ein noch schlummerndes Potential bereits verfügbarer interessanter Sequenzen bereit. Molekularbiologen wiederum wollen vielleicht mit der evolutiven Entstehungsgeschichte der Proteine, Gene oder Genfamilien ihres Interesses mehr Einsichten über deren Funktion gewinnen – möglicherweise ist im Hinblick auf eine Publikation ein Genstammbaum gefragt.

Dem Biologiestudenten mag schlicht die interessante Schnittstelle von Molekularbiologie und Bioinformatik als einer der spannendsten Bereiche seines Faches erscheinen. Der Zugang in die Welt der molekularen Phylogenetik scheint jedoch vielen beschwerlich. Außer einem Verständnis für die Molekularbiologie braucht es Datenbanken, Computer, Programme und zum tieferen Verständnis auch etwas Mathematik, und zumindest einer dieser Bereiche schreckt manche interessierten Biologen und Biologiestudenten ab. Die verschiedenen Ansätze, Methoden und Modelle zur Stammbaumkonstruktion mit molekularen Sequenzdaten lassen die Materie oft zu theoretisch erscheinen, als dass sie zu forschersicher Tätigkeit motivieren würden. Die eher unfruchtbaren Gefechte zwischen den Befürwortern der einen gegenüber der anderen phylogenetischen Methodik machen den Zugang auch nicht leichter.

Wir wollen in diesem Buch zum *Learning-By-Doing* motivieren, ohne dabei die Grundlagen zu vernachlässigen. Die interessierten Leser sollen einen klaren Leitfaden zum Umgang mit Datenbanken und Programmen an die Hand bekommen, mit dem sie selbst schnellstmöglich loslegen können. Der ungeduldige Student mit biologischem Wissenshintergrund mag Kapitel 1 bis 3 überspringen und gleich bei 4 einsteigen. Das Buch könnte nach dem Studium der Grundlagen seinen Platz direkt neben dem PC finden und helfen, mit eigenen Sequenzdaten oder solchen aus den Datenbanken Alignments zu produzieren, Methoden auszuprobieren, Parameter zu verändern und gute Stammbäume zu produzieren – oder auch nur den kritischen Blick auf die publizierten Stammbäume der Kollegen schärfen. Wir hoffen, dass Index, Glossar und Verweise auf die Originalliteratur es auch als Nachschlagewerk nützlich machen. Andererseits wollen wir hier und da auch zur Erkundung neuer Terrains motivieren, denen wir uns hier nicht in größerer Breite widmen können. Insofern bleibt zu hoffen, dass wir mit dem hier gewählten Kompromiss im Spannungsfeld zwischen Umfang und Preis nicht völlig danebenliegen.

Molekulare Phylogenetik ist vielleicht noch mehr als andere Bereiche der modernen Biologie von Jargon und englischen Fachtermini dominiert. Wir bemühen uns hier nach bescheidenen Kräften um die deutsche Sprache, wenn auch nicht auf Kosten des Wiedererkennungswertes in der Literatur. So wird dann das „Alignment“ für uns als das Ergebnis einer Alinierung übernommen, aber den feinsinnigen Unterschied zwischen *Probability* und *Likelihood* wollen wir nicht mit deutschen Wahrscheinlichkeiten verwässern.

Gene und Stammbäume

Ein Handbuch zur molekularen Phylogenetik

Knoop, V.; Müller, K.

2009, XI, 386 S. 130 Abb., Softcover

ISBN: 978-3-8274-1983-5