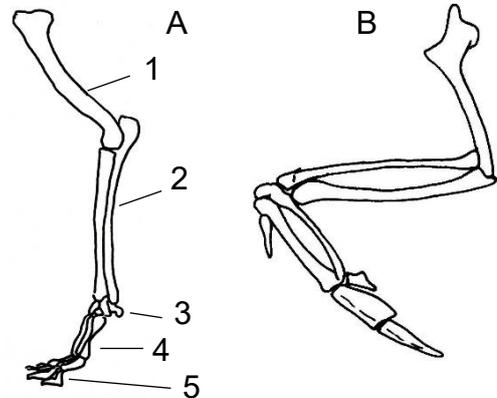


Aufgaben Evolution 1

1 Formen von Ähnlichkeit

1.1 Delphine und Haie besitzen Flossen und einen stromlinienförmigen Körper. Begründen Sie diese Form der Ähnlichkeit.

1.2 Die Vorderextremitäten von Hund (A) und Taube (B) sind zwar sehr unterschiedlich gestaltet, weisen aber dennoch Ähnlichkeiten auf. Beschreiben Sie diese Ähnlichkeiten unter Verwendung der Fachbegriffe für die Knochen 1-5 (zwei Namen bei Ziffer 2). Begründen Sie diese Form der Ähnlichkeit.



2 Evolutions-Mechanismen

Erklären Sie die Begriffe Mutation, natürliche Selektion und geographische Isolation.

3 Basen-Sequenzen

Gegeben sind Ausschnitte aus mRNA-Basen-Sequenzen von fünf Tierarten:

A: ACA-CUC-GCA-AGC

B: ACA-CUC-ACA-AGC

C: ACC-UUA-GCC-UCC

D: ACA-CUG-GCA-AGU

E: ACA-CUG-GCA-AGC

F: ACC-CUG-GCA-AGU

3.1 Erstellen Sie die zugehörigen Aminosäure-Sequenzen.

3.2 Leiten Sie Aussagen über die Verwandtschaft der Arten A-F ausschließlich aus den sechs Aminosäure-Sequenzen ab.

3.3 Erstellen Sie anhand der sechs Basen-Sequenzen ein Kladogramm und begründen Sie den Unterschied zu dem Ergebnis aus 3.2.

4 Natürliches System

Das natürliche System wurde in den 1750er-Jahren durch den schwedischen Naturforscher Carl von Linné entwickelt. Es stellt die abgestufte Ähnlichkeit der Arten dar. Jede Art erhält darin einen Doppelnamen, gebildet aus dem Gattungs- und dem Artnamen, z. B. *Homo sapiens*.

4.1 Ordnen Sie auf dem Arbeitsblatt „Verwandte der Katze“ den Abbildungen und Beschreibungen die folgenden Artnamen zu:

Löwe (*Panthera leo*), Gepard (*Acinonyx jubatus*), Luchs (*Lynx lynx*), Tiger (*Panthera tigris*), Sandkatze (*Felis margarita*), Jaguar (*Panthera onca*), Wildkatze (*Felis silvestris*), Leopard (*Panthera pardus*)

4.2 Ergänzen Sie in der Spalte „Gattung“ die wissenschaftlichen und deutschen Gattungsnamen: Pantherkatzen, Luchse, Kleinkatzen, Geparde.

4.3 Ergänzen Sie auf dem Arbeitsblatt „Verwandte des Hundes“ die wissenschaftlichen und deutschen Gattungsnamen: Dachse, Pantherkatzen, Hunde, Bären, Marder, Füchse.

- 4.4 Ergänzen Sie die Namen der Familien, die aus den Leitgattungen Hunde, Katzen, Marder und Bären mit dem Suffix „-artige“ gebildet werden.
- 4.5 Ähnliche Ordnungen werden zur gleichen Klasse zusammengefasst, ähnliche Klassen zum gleichen Stamm. Ergänzen Sie auf dem Arbeitsblatt Klasse und Stamm der dargestellten Arten.

5 Einordnung des Menschen in das natürliche System

Erstellen Sie anhand der Angaben im folgenden Text eine übersichtliche graphische Darstellung (z. B. Kladogramm).

Die Familie der Menschenaffen (Hominiden) umfasst vier Gattungen mit acht heute lebenden (rezenten) Arten: Westlicher Gorilla (*Gorilla gorilla*), Östlicher Gorilla (*Gorilla beringei*), Mensch (*Homo sapiens*), Sumatra-Orang-Utan (*Pongo abelii*), Tapanuli-Orang-Utan (*Pongo tapanuliensis*), Borneo-Orang-Utan (*Pongo pygmaeus*), Gemeiner Schimpanse (*Pan troglodytes*) und Bonobo (*Pan paniscus*). Die Gattungen *Gorilla*, *Homo* und *Pan* werden aufgrund molekularbiologischer Untersuchungsergebnisse zu einer Untergruppe zusammengefasst und der Gattung *Pongo* gegenüber gestellt. Die Verwandtschaft zwischen *Homo* und *Pan* ist enger als zwischen *Homo* und *Gorilla*. Innerhalb der Orang-Utans sind *P. abelii* und *P. pygmaeus* enger miteinander verwandt. [Stand: 2023]

6 Verwandtschaft bei Pflanzen

- 6.1 Erstellen Sie anhand der Angaben im folgenden Text einen Stammbaum bzw. ein Kladogramm. Markieren Sie in Ihrer Darstellung die Zeitpunkte für die Entstehung der Gene A, B und C sowie das Vorhandensein dieser Gene in den genannten Pflanzenarten.

Die Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) ist der genetisch am besten untersuchte Modellorganismus der Botanik. In den Wurzeln dieses Kreuzblütlers arbeitet ein Enzym zur Eiweißverdauung, das von Gen A codiert wird. Auch in der Tomatenpflanze (*Solanum lycopersicum*) ist Gen A vorhanden. Beide Arten ernähren sich ausschließlich durch Fotosynthese. Besondere Arten wie die Venusfliegenfalle (*Dionaea muscipula*), die Wasserfalle (*Aldrovanda vesiculosa*) oder der Asiatische Sonnentau (*Drosera spatulata*) ernähren sich unter anderem von Tieren, die sie fangen und verdauen. Bei allen drei fleischfressenden (karnivoren) Arten findet man Gen A (dessen Genprodukt nur in den Fangblättern hergestellt wird), aber außerdem Gen B. Gen C ist lediglich in der Venusfliegenfalle und der Wasserfalle vorhanden. Die Gene B und C codieren für Proteine, die für die fleischfressende Lebensweise notwendig sind. Venusfliegenfalle und Wasserfalle fangen ihre Beutetiere mit Hilfe eine Klappfalle, der Sonnentau durch Klebedrüsen auf seinen Blättern.

[Quelle: Rainer Hedrich, Jörg Schulz: Grüne Jäger. In Spektrum der Wissenschaft, Heft 6 2021, S. 30-36]

- 6.2 Beurteilen Sie, ob der aus genetischen Merkmalen erstellte Stammbaum mit dem übereinstimmt, der sich aus den genannten anatomischen Merkmalen ergibt.

7 Fortschritte in der Systematik

- 7.1 Der folgende Text beschreibt anatomische Eigenschaften der Paarhufer (Artiodactyla). Entwickeln Sie anhand dieser Informationen einen Stammbaum bzw. ein Kladogramm der Paarhufer.

Die Paarhufer sind huftragende Säugetiere mit 2 oder 4 Zehen bzw. Fingern pro Extremität. Ein besonderes Merkmal, das nur in dieser Gruppe auftritt, ist ein Sprungbein mit doppelt gerollter Gelenkfläche. Anhand der Form ihrer Backenzähne bilden die Paarhufer zwei Untergruppen: Während die Backenzähne der Schweineartigen im weiteren Sinn niedrige Kronen tragen, besitzt die andere Gruppe hochkronige Backenzähne mit halbmondförmigen Schmelzfalten, denen sie ihren wissenschaftlichen Namen Selenodontia verdankt (*selene*, altgriechisch: Mond; *dens*, lateinisch: Zahn).

Innerhalb der Selenodontier gibt es zwei Entwicklungslinien: Die Wiederkäuer besitzen vor dem eigentlichen Magen (Labmagen) drei Ausstülpungen der Speiseröhre, die als Vormägen dienen (Pansen, Netzmagen, Blättermagen). Zu ihnen zählen Rinder, Schafe und Ziegen. Dagegen besitzen die ebenfalls wiederkäuenden Schwielensohler (Kamelartige) vor dem eigentlichen Magen nur zwei Vormägen, was darauf hindeutet, dass sich das Auftreten von Vormägen und damit die Fähigkeit zum Wiederkäuen zwei Mal unabhängig voneinander entwickelt hat.

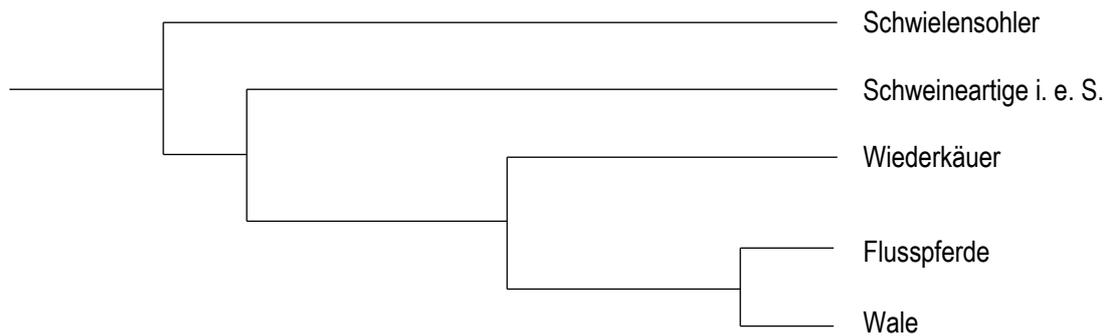
Innerhalb der Schweineartigen im weiteren Sinn unterscheidet man ebenfalls zwei Entwicklungslinien: Die Schweineartigen im engeren Sinn tragen kurze, borstenartige Haare und ihr kegelförmiger Kopf endet im typischen Schweinerüssel. Dagegen sind die Flusspferde haarlos und besitzen ein breites Maul.

- 7.2 2001 fand man in Pakistan etwa 48 Millionen Jahre alte Fossilien von zwei etwa hundegroßen Vorfahren der heutigen Wale: *Pakicetus* und *Ichthyolestes*. Beide Arten besaßen noch vier Extremitäten, wobei das Sprungbein jeweils eine doppelt gerollte Gelenkfläche aufwies.

Interpretieren Sie diese Information bezüglich des Stammbaums der Säugetiere.

- 7.3 Seit den 1990er-Jahren ist es möglich, die Basensequenz der DNA zu bestimmen. Bei der Untersuchung der Basensequenzen der Gene bestimmter Proteine bzw. von ribosomalen RNAs stellte sich heraus, dass die Wale (Cetacea) nahe mit den Flusspferden verwandt sind.

Weitere molekularbiologische Vergleiche führten dann zu einer Neugestaltung der Systematik von Paarhufern und Walen:

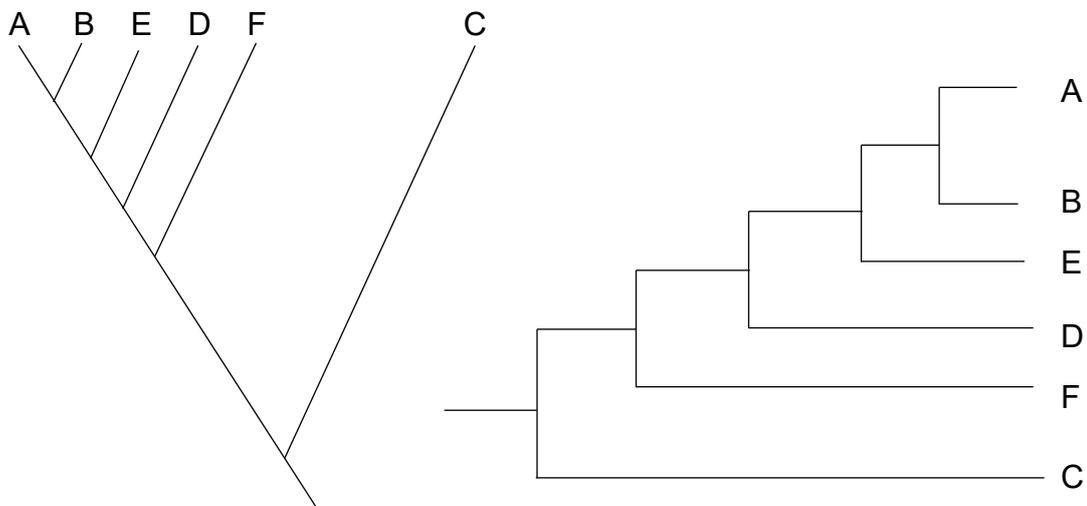


[vereinfacht nach Robin Beck et al.: *A higher-level MRP supertree of placental mammals*. In: BMC Evol Biol. 2006; im Wikipedia-Artikel Paarhufer, aufgerufen am 3.8.2023]

Beschreiben Sie die Veränderungen gegenüber dem veralteten Kladogramm.

Hinweise für die Lehrkraft:

- 1.1 Ähnlichkeit aufgrund ähnlicher Anforderungen, hier: Anpasstheit an schnelles Schwimmen; Stromlinienform verringert den Widerstand, Flossen sorgen für Vortrieb und Stabilisierung im Wasser (*Der Begriff „Analogie“ taucht im LehrplanPLUS nicht auf.*)
- 1.2 1 Oberarmknochen, 2 Unterarmknochen (Elle, Speiche), 3 Handwurzelknochen, 4 Mittelhandknochen, 5 Fingerknochen; beide Skelette zeigen die selben Knochentypen an den selben Stellen. Ähnlichkeit aufgrund gemeinsamer Vorfahren.
- 2 Mutation: zufällige Veränderung der Erbinformation, sorgt für genetische Variabilität
natürliche Selektion: gerichtete (gezielte) Auswahl derjenigen Individuen für die Fortpflanzung, die die besseren Anpasstheiten an Selektionsfaktoren zeigen
geographische Isolation: trennt Populationen voneinander, sorgt für unabhängige Weiterentwicklung der Formen
- 3.1 Die Basen-Sequenzen A sowie C-F ergeben die gleiche Aminosäure-Sequenz: Thr-Leu-Ala-Ser. Bei B ergibt sich Thr-Leu-Thr-Ser
- 3.2 Die Betrachtung der Aminosäure-Sequenzen legt nahe, dass fünf Arten sehr eng verwandt sind, nur Art B ist mit ihnen weniger eng verwandt.
- 3.3 *Diese Teilaufgabe kann nur gestellt werden, wenn der Begriff Kladogramm zuvor im Unterricht besprochen wurde.*
Sequenz E zeigt 1 Unterschied zu Sequenz A, ist ihr also am nächsten verwandt.
Sequenz D zeigt dieselbe und eine weitere Punktmutation; Sequenz F zeigt diese beiden und noch eine weitere Mutation. Je größer die Anzahl der Unterschiede, desto weniger eng ist die Verwandtschaft.
Sequenz C zeigt 8 Unterschiede zu Sequenz A, kann also nur sehr entfernt verwandt sein.



Beide Darstellungen sind möglich. In der linken ist die Größe der Unterschiede berücksichtigt, in der rechten nicht.

Abgestufte Einhilfen zu 3.3.:

- a) Beschreiben Sie die Unterschiede der Sequenzen B-F zur Sequenz A.
- b) Bringen Sie die Sequenzen A sowie C-F in eine Reihe (B vorläufig auslassen).
- c) Erstellen Sie aus dieser Reihe eine Kladogramm.
- d) Vergleichen Sie die Sequenzen B und E mit Sequenz A und ordnen Sie B in das Kladogramm ein.

Hinweis: B und E unterscheiden sich jeweils in 1 Base von A. Ob B oder E näher mit A verwandt ist, lässt sich daraus nicht ableiten. Die Lage von B bzw. E im Kladogramm ist somit willkürlich.

Vergleich:

Die Aminosäure-Sequenzen in diesem Beispiel suggerieren ein falsches Bild. Ursache dafür ist die Redundanz (Degeneration) des genetischen Codes, also die Tatsache, dass ein und dieselbe Aminosäure in vielen Fällen von mehreren Triplets codiert wird. Bei der Betrachtung von Aminosäure-Sequenzen werden stumme Mutationen nicht sichtbar.

- 4 Grundlage für diese Aufgabe sind die Arbeitsblätter zur Systematik der Carnivoren, die zwar für die Unterstufe erstellt wurden, aber auch in der Oberstufe eingesetzt werden können:

Systematik Katzenartige (Art bis Familie) [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Systematik Carnivoren (Art bis Ordnung) [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Hinweise:

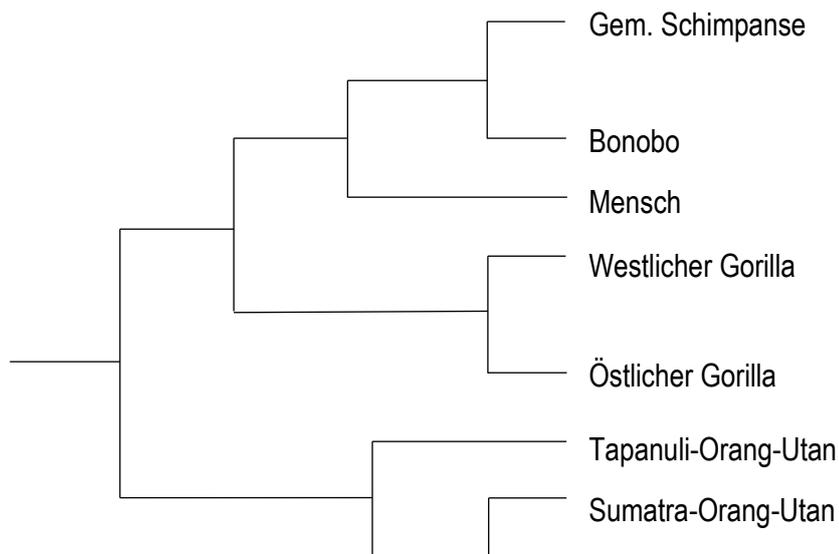
Nach der neuesten Nomenklatur werden Haushund und Wolf der selben Art zugeordnet; die alte Bezeichnung Canis familiaris für den Haushund

ist damit hinfällig.

Der Name Raubtiere für die Ordnung ist nicht gut gewählt, denn Raub ist ein krimineller Akt. Statt dem Begriff Räuber sollte besser Prädator oder Beutegreifer verwendet werden, aber das ist nicht die Bezeichnung für diese Ordnung. Die wissenschaftliche Bezeichnung Carnivora (wörtlich: Fleischfresser) ist ebenfalls unglücklich gewählt, denn es gibt auch in vielen anderen Ordnungen Arten, die Fleisch fressen.

Der Stamm heißt eigentlich Chordatiere, die Wirbeltiere stellen streng genommen einen Unterstamm dar. Aber ich halte es nicht für sinnvoll, die Unterteilungen der systematischen Hauptkategorien in der Schule zu thematisieren.

5

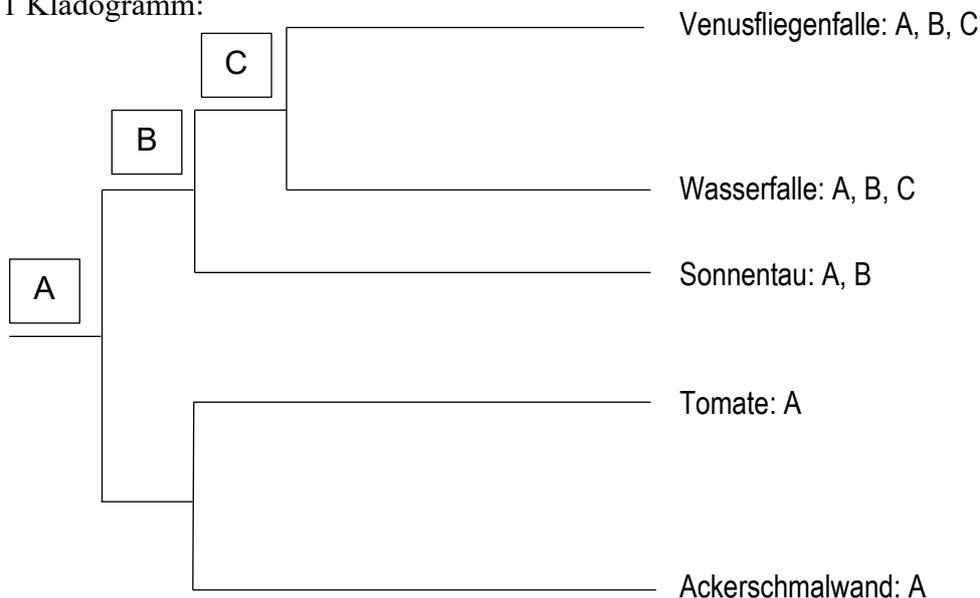


Die Aufgabe kann vereinfacht werden, indem das unbeschriftete Grundgerüst des Kladogramms vorgegeben wird. Die Aufgabe sollte während des Unterrichts angefertigt werden, weil die Lösung im Internet zu finden ist (z. B. bei Wikipedia unter Menschenaffen).

Hinweis: Die alte Einteilung in Hominiden und Pongiden ist längst überholt.

- 6 *Es ist sinnvoll, Fotografien der genannten Pflanzenarten zu zeigen bzw. sie im Internet suchen zu lassen.*

6.1 Kladogramm:

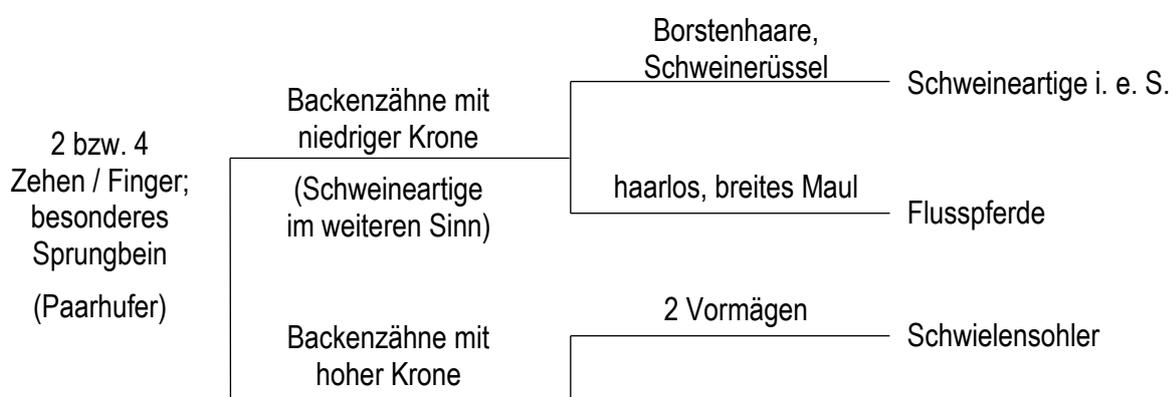


[Die Darstellung lehnt sich an eine Graphik der Autoren des Quellartikels an.]

- 6.2 Beide Stammbäume (bzw. Kladogramme) stimmen überein.

- 7 *Mit dieser Aufgabe üben sich die Schüler nicht nur erneut in der Arbeit mit Stammbäumen bzw. Kladogrammen, sondern erfahren, wie sich Fortschritte in den Untersuchungsmethoden teilweise massiv auf die Systematik auswirken können. Sie erkennen, dass der Weg der Erkenntnisgewinnung dynamisch ist, Veränderungen also zulässt. Dies halte ich für ein sehr wichtiges Lernziel.*

7.1 Kladogramm der rein anatomisch begründeten Systematik der Paarhufer



7.2 Die Linie, die in der obigen Abbildung zu den Flusspferden führt, muss verzweigt werden, wobei der eine Zweig zu den Flusspferden, der andere zu den Walen gehört.

7.3 weitere Veränderungen:

- Die Schwielensohler (Kamele) sind nicht nah mit den Wiederkäuern verwandt trotz großer Ähnlichkeiten, sondern haben sich als erste abgespalten.
- Die Schweineartigen i. e. S. sind nicht nah mit den Flusspferden verwandt, sondern haben sich als zweite Gruppe abgespalten.
- Die Gruppe mit den Flusspferden und Walen ist am nächsten mit den Wiederkäuern verwandt.

Thomas Nickl, August 2023