Verh. Westd. Entom. Tag 1991, S. 7 - 10, Löbbecke-Mus., Düsseldorf 1993

Was ist eine Spezies?
Sagen die Methoden der Molekularbiologie wirklich mehr aus?

Prof. Dr. Werner Kunz

Eine Quelle der Freude und des Ehrgeizes für den Entomologen ist es, möglichst viele Arten zu finden. Insekten sind besonders artenreich. Der Weltbestand allein der Schmetterlinge wird auf fast 200.000 Arten geschätzt, und im Folgenden werde ich aus der Ordnung der Schmetterlinge die Beispiele wählen.

Warum gibt es überhaupt so viele Spezies? Warum gehören unterschiedlich aussehende Individuen zu verschiedenen Spezies?

Formenvielfalt allein genügt nicht zur Begründung verschiedener Arten. Larven unterscheiden sich von Imagines, Männchen von Weibchen, und die Frühjahrsgeneration sieht bei einigen Arten anders aus als die Sommergeneration. Außerdem gibt es Variationen, die nichts mit dem Entwicklungsstadium, dem Geschlecht oder der Saison zu tun haben. Z.B. sind die Weibchen einiger Bläulingsarten (Lycaenidae) braun gefärbt, bestimmte Individuen jedoch mehr oder weniger blau.

Solche Variationen können Auswirkung genetisch bedingter Vielfalt sein (multiple Allelie) oder auch Folge von Umwelteinflüssen. Manchmal führen beide so unterschiedlichen Ursachen zum gleichen Endergebnis (Phänotyp). Wird die Puppe vom Fuchs (*Aglais urticae*) bei tiefer Temperatur gehalten, so schlüpft ein dunkel gezeichneter Falter (umweltbedingt), der jedoch der Rasse *polaris* aus Lappland gleicht (genetisch bedingt). Wird die Puppe des Schwalbenschwanzes (*Papilio machaon*) bei 40°C gehalten, so sieht der daraus schlüpfende Falter heller aus. Auch das ist umweltbedingt, vererbt sich also nicht, obwohl die hellen Falter den südlichen Rassen des Schwalbenschwanzes gleichen, die in der Türkei und Syrien fliegen. Es ist wichtig festzustellen, daß hier völlig verschiedene Ursachen (Gene in einem Fall, Temperatur im anderen Fall) zum gleichen Phänotyp führen. Wen dies wundert, der vergleiche einen aus südlichen Ländern zurückkehrenden Sommerurlauber (umweltbedingte Melaninanreicherung in der Haut) mit einem Südeuropäer (genetisch bedingter Melaninreichtum).

Saisonpolymorphismus ist in vielen Fällen umweltbedingt. Erlebt die Raupe des Landkärtchens (*Araschnia levana*) die kurzen Tage des Herbstes und bedingt die Winterkälte eine Puppendiapause, so schlüpft die Form *levana*. Die Langtage des Frühlings und die fehlende Puppendiapause erzeugen die Form *prorsa*. Beide Formen sind unabhängig von der Jahreszeit jederzeit im Labor unter entsprechenden Bedingungen zu erzeugen; sie vererben sich nicht.

Anders die genetisch bedingten Formen. Hier vererben sich die Merkmale getreu nach den Mendelgesetzen. Die verschiedenen Formen von *Zygaena ephialtes* sind durch nur zwei Gene verursacht: das Gen r, das in zwei verschiedenen Allelformen über Rot- oder Gelbfärbung entscheidet, und das Gen p, das in zwei Allelformen die Ausdehnung der Schwarzzeichnung am Hinterflügel bestimmt. Gemäß dem Gesetz einer Zweifaktorkreuzung im dominant-rezessiven Erbgang entstehen vier Phänotypen im Verhältnis 9:3:3:1.

Diese vier Formen sind selbstverständlich keine getrennten Arten, so unterschiedlich sie auch aussehen. Aber es ist der erste Schritt zur Artbildung getan: Die Selektion hat bereits für ungleiche Häufigkeitsverteilung in verschiedenen geografischen Räumen gesorgt. So überwiegt in Mitteleuropa die rote Form mit wenig Schwarzzeichnung, vermutlich weil sie hier über Müllersche Mimikry andere Zygaenen imitiert, während in Italien und am Balkan die gelbe ephialtoide Form vorherrscht, die dort die *Amata*-Arten nachahmt.

Der zweite Schritt zur Artbildung ist getan, wenn solcherart genetisch unterschiedene Formen über erdgeschichtliche Zeiten voneinander getrennt sind. Kommen sie dann wieder miteinander in Berührung, so gibt es mehrere Möglichkeiten:

1. Die Formen vermischen sich in breiten, allmählich verlaufenden Übergangszonen, so daß keine scharf abgegrenzten Rassen mehr zu erkennen sind. Beispiele dafür sind *Pararge aegeria* im europäisch-kleinasiatisch-nordafrikanischen Raum und *Coenonympha tullia* in Großbritannien.

2. Die Formen sind (zumindest unter Zuchtbedingungen) noch kreuzbar, und ihre F1-Nachkommen sind fruchtbar; sie haben jedoch in der Natur ein geografisch (oder auch saisonal oder ökologisch) deutlich abgegrenztes Vorkommen. Dann sprechen wir von Rassen oder Subspezies. Ein Beispiel dafür ist *Euchloe ausonia* mit einer südeuropäischen Festlandsrasse und der Rasse *insularis* auf Korsika und Sardinien.

3. Die Formen sind zwar noch kreuzbar; die Hybride sind jedoch steril. Dann sind aus den Formen echte Arten geworden. Auch hierfür ein Beispiel, das gleichzeitig zeigt, welcher Fluß in der Natur herrscht, obwohl die theoretische Art-Definition eindeutig ist. *Pieris napi* und *P. bryoniae* waren erdgeschichtlich offenbar einmal getrennt. Heute kommen sie in einigen alpinen Gebieten wieder gemeinsam vor. In einigen Regionen kreuzen sie sich fruchtbar und sind demnach hier nicht als getrennte Arten zu definieren; in anderen Gebieten sind sie jedoch fortpflanzungsmäßig isoliert und entsprechen daher definitionsgemäß echten Spezies.

Im Prinzip ist die Artbestimmung also einfach. Man kreuzt die beiden fraglichen Individuen. Sind sie nicht kreuzbar oder ist der Nachwuchs steril, so sind es verschiedene Spezies. Nur so schafft es die Natur ja überhaupt, die Arten auf die Dauer getrennt zu erhalten. Gäbe es nicht die Vermischungsschranke, so würden Artgrenzen

(auf lange Sicht gesehen) von selbst verschwinden. Oft ist das Kreuzungsexperiment jedoch nicht machbar. Deshalb wird man nicht darauf verzichten können, Arten aufgrund von Merkmalsunterschieden gegeneinander abzugrenzen. Ist die Molekularbiologie hier überlegen?

Molekularbiologie beinhaltet hauptsächlich die technische Möglichkeit, die Genstruktur (Basensequenz der DNA) lesen zu können. Zwei einander entsprechende (homologe) Gene in zwei verschiedenen Populationen einer Art hatten einmal einen gemeinsamen Vorläufer. Im Laufe der Evolutionszeit haben sich Veränderungen (Mutationen) angesammelt, die die beiden Gene etwas verschieden gemacht haben. Solche Mutationen können entweder die Funktion des Gens verändern, oder sie haben keinen Einfluß auf die Genfunktion: sie sind neutral. Im gentechnischen Experiment konnte ganz klar gezeigt werden, daß viele Bausteine der Gene beliebig austauschbar sind, ohne daß sich die Funktion ändert. Z.B. ist die dritte Base vieler Kodiertripletts ohne Bedeutung für die Genwirkung.

Die Natur reagiert nun ganz anders auf funktionsrelevante als auf neutrale Mutationen. Erstere werden durch die Selektion behindert oder gefördert; letztere dagegen sind für die Selektion und damit die Evolution völlig bedeutungslos. Früher glaubte man, neutrale Mutationen hätten keine Chance, sich über alle Individuen einer Population auszubreiten; dazu sei ein Selektionsvorteil nötig. Heute weiß man, daß dem nicht so ist.

Das Besondere der neutralen Mutationen ist nun, daß ihre Zahl (über größere Zeiträume betrachtet) proportional mit der Zeit zunimmt. Homologe Gene in verschiedenen Arten reichern pro Zeit etwa die gleiche Zahl an neutralen Mutationen an, so daß die Zahl der neutralen Unterschiede zwischen zwei Genen (analog dem radioaktiven Zerfall) ein Maß für den Zeitabstand ist, seit sich die beiden Arten voneinander getrennt haben. Man spricht hier von einer molekularen Uhr.

Ist jedoch die Zeit der stammesgeschichtlichen Trennung ein Maß für die Artbildung? Gehören zwei Populationen um so eher zu zwei verschiedenen Arten, je länger sie nachgewiesenermaßen voneinander getrennt waren? Nein; denn die evolutionäre Fortentwicklung kann schnell oder langsam verlaufen. So sind sich z.B. alle Frösche in ihren Merkmalen so ähnlich, daß man sie in eine einzige Ordnung steckt, obwohl sich die einzelnen Gattungen schon vor 90 Millionen Jahren getrennt haben (Kreidezeit), als noch keine der heutigen Vogelordnungen existierte.

Demnach kann die Molekularbiologie (und zwar ziemlich genau) stammesgeschichtliche Abstände messen; trägt sie aber auch zur Artbestimmung bei? Die Antwort heißt ja, weil Genstrukturen keinen Konvergenzen unterliegen.

Morphologische, physiologische und Verhaltensmerkmale sind immer das Endergebnis (Phänotyp) von oft mehrstufigen Stoffwechselwegen, die durch Gene gesteuert werden. Ein einziges sichtbares Merkmal kann durch unterschiedliche Gene be-

stimmt werden, und daher können vielfältig mutierte, unterschiedliche Gene zu einer einzigen Merkmalsveränderung führen. Umgekehrt kann eine Mutation viele Merkmale ändern. Das bedeutet logisch eine Unter- oder Überbewertung der sichtbaren Merkmale.

Dieses komplexe Phänomen führt u.a. zur Konvergenz. Die Selektion kann ganz entfernten Arten ein gleich-"artiges" Aussehen verschaffen, wenn strenge Umweltanforderungen dies verlangen. Dafür zwei schöne Beispiele: Das *Papilio-dardanus*-Weibchen (Fa. Papilionidae) gleicht in einigen Regionen Ostafrikas mit täuschender Ähnlichkeit dem Danaiden *Danaus chrysippus*. In Mittelamerika und auf Neuseeland gleicht das *Hypolimnas-misippus*-Weibchen (Fa. Nymphalidae) ebenfalls *Danaus chrysippus*. Konvergenz macht phänotypische Merkmale also unzuverlässig, um Verwandtschaftsgrade zu bewerten. Demgegenüber sind Genstrukturen (Basensequenzen) sehr viel weniger (wenn überhaupt) konvergenzanfällig, da die Selektion am Phänotyp angreift. DNA- und Enzymelektrophorese geben grobe Hinweise auf die Genstruktur; viel genauer ist die direkte Gensequenzierung.

Zum Abschluß noch eine kritische Ergänzung zur Artabgrenzung. Wie gesagt, gehören zwei Individuen definitionsgemäß zu verschiedenen Arten, wenn es keinen Genfluß mehr zwischen ihnen gibt. Mit dieser Definition kann man gut leben, weil es nur wenige Ausnahmen gibt. Aber es gibt Ausnahmen.

Solange Gene nur über Keimzellen im Zusammenhang mit Sexualprozessen in neue Individuen gelangen, bleiben die Artschranken (zumindest im Tierreich) meist gewahrt. In neuerer Zeit mehren sich jedoch Beobachtungen, daß Gene auch ohne Sexualprozesse zwischen Organismen übertragen werden können, ein Vorgang, den man früher nur von Bakterien kannte. Solcher Gentransfer läuft über Viren oder auch höhere Parasiten, z.B. Milben. Damit werden Artschranken überbrückt. Bedeutet dies, daß Genfluß die Arten durch Vermischung verschwinden läßt? Dies ist sicher nicht der Fall; denn alle Fälle von Gentransfer sind sehr seltene Ereignisse. Das zeigt allein schon die Tatsache, daß überhaupt gut abgegrenzte Arten existieren.

Literatur

COYNE, J.A. (1992): Genetics and speciation. Nature 355, S. 511-515.

KIMURA, M. (1985): Die "neutrale" Theorie der molekularen Evolution. In: Evolution, S. 100-108. Spektrum der Wissenschaft, Heidelberg.

SBORDONI, V. & FORESTIERO, S. (1984): Weltenzyklopädie der Schmetterlinge. Südwest Verlag, München.

WILSON, A.C. (1986): Die molekulare Grundlage der Evolution. In: Die Moleküle des Lebens, S. 124-134. Spektrum der Wissenschaft, Heidelberg.

Prof. Dr. Werner Kunz, Inst. f. Gen. Univ.
Universitätsstr. 1
4000 Düsseldorf

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Verhandlungen des Westdeutschen Entomologentag Düsseldorf

Jahr/Year: 1993

Band/Volume: 1991

Autor(en)/Author(s): Kunz Werner

Artikel/Article: Was ist eine Spezies? Sagen die Methoden der Molekularbiologie wirklich mehr aus? 7-10