

Kapitel 25

- Unter Systematik versteht man die wissenschaftliche Erforschung der Diversität der Organismen. Die Taxonomie, ein Teilgebiet der Systematik, befasst sich mit Theorie und Methoden der Klassifizierung von Organismen.

Stammbäume

- In einem phylogenetischen Baum ist dargestellt, in welcher Reihenfolge sich Entwicklungslinien verzweigt haben.
[Siehe Abbildung 25.1](#)
- Von einem gemeinsamen Vorfahren geerbte Merkmale bezeichnet man als homolog. Ursprüngliche Merkmale nennt man Plesiomorphien.
- Ein abgeleitetes Merkmal (Apomorphie) unterscheidet sich in seiner Form von dem betreffenden Merkmal des Vorfahren einer Linie.
- Als analog bezeichnet man Merkmale, die infolge konvergenter Evolution oder Umkehr (Reversion) der Evolution ähnlich sind.
[Siehe Abbildung 25.2](#)

Die Schritte bei der Rekonstruktion von Stammbäumen

- Systematiker rekonstruieren Phylogenien anhand von morphologischen, physiologischen, molekularen, verhaltensbiologischen und anderen Merkmalen.
- In frühen Entwicklungsstadien sind an Strukturen oft evolutionäre Verwandtschaftsbeziehungen erkennbar, die bei den adulten Organismen nicht zutage treten.
[Siehe Abbildung 25.4](#)
- Die Primärstruktur von Proteinen und die Basensequenz der Nucleinsäuren sind ebenfalls wichtige Merkmale, die man zur Rekonstruktion von Phylogenien heranziehen kann.

Rekonstruktion eines einfachen Stammbaums

- Um evolutionäre Verwandtschaftsbeziehungen einschätzen zu können, müssen Systematiker zwischen ursprünglichen und abgeleiteten Merkmalen innerhalb einer Linie unterscheiden. Dies ist oft schwierig, weil sich Merkmale mehr als einmal verändern oder sogar im Laufe der Evolution wieder umkehren können.
[Siehe Abbildung 25.5](#)
- Systematiker wenden zur Rekonstruktion von Stammbäumen das Parsimonie-Prinzip (Sparsamkeitsprinzip) an.
[Siehe Aktivität 25.1](#)

Biologische Klassifizierung und evolutionäre Verwandtschaftsbeziehungen

- Mithilfe von Klassifikationssystemen können wir Verwandtschaftsbeziehungen zwischen Lebewesen besser erklären; sie dienen uns als Gedächtnisstütze und ermöglichen eine spezifische, universelle Benennung von Organismen.
- Bei der biologischen binären Nomenklatur wird jedem Lebewesen eine einzigartige Namenskombination aus Gattungs- und Artnamen zugewiesen (Binomen).

- Im universell angewendeten Klassifikationssystem von Linné werden mehrere Arten zu Einheiten auf höherer Ebene zusammengefasst: zu Gattungen, Familien, Ordnungen, Klassen, Stämmen beziehungsweise Abteilungen und Reichen.
[Siehe Abbildung 25.6](#)
- Taxonomen sind sich darüber einig, dass Taxa monophyletisch sein sollten und polyphyletische Gruppen aufgelöst werden sollten.
[Siehe Abbildung 25.7](#) und [Aktivität 25.2](#)
- Paraphyletische Taxa werden oft wegen ihres Bekanntheitsgrads beibehalten und um Gruppen mit besonders charakteristischen Merkmalen aufzuwerten.
[Siehe Abbildung 25.8](#)

Stammbäume sind in vieler Hinsicht von Nutzen

- Mithilfe von phylogenetischen Bäumen können Biologen die Verwandtschaftsbeziehungen von Organismen ermitteln, die geographische Verbreitung von Arten erklären, den Zeitpunkt adaptiver Radiationen herausfinden und feststellen, wie oft bestimmte Merkmale entstanden sind.
[Siehe Abbildung 25.9](#), [Abbildung 25.10](#) und [Abbildung 25.11](#)