

Arbeitsmaterial Zeitreise durch die Stammesgeschichte der Wirbeltiere: Vom Wasser ans Land

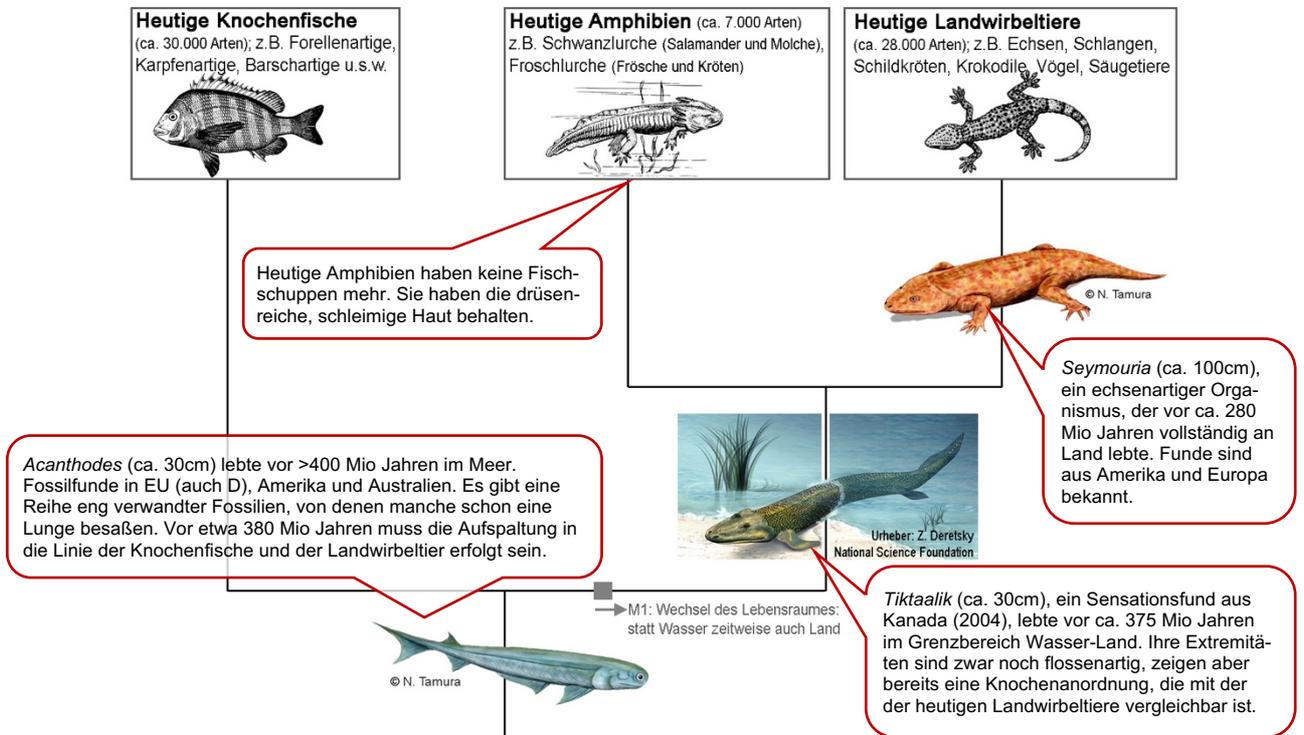
Die Evolutionstheorie stellt ein naturwissenschaftliches Erklärungsmodell für Biodiversität dar, das religiösen Ansichten zuwiderläuft. Noch vor 150 Jahren hatte die Evolutionstheorie daher enorme Akzeptanzprobleme¹. Dies änderte sich bis heute- nicht zuletzt, weil Veränderungsprozesse in der Evolution durch neue Fossilienfunde immer besser belegt werden konnten. Ein Beispiel ist der „Landgang der Wirbeltiere“, d.h. der Übergang fischartiger Vorfahren zu vierbeinigen Landbewohnern. Aus der langen Reihe von Fossilien sind hier drei besonders wichtige Funde herausgegriffen. Das Aufspaltungsdiagramm, auch Stammbaum genannt, in Material 1 zeigt, wie die Fossilien und die heute lebenden (rezenten) Arten miteinander in Beziehung stehen, d.h. wie sie miteinander stammesgeschichtlich verwandt sind.

Solche Stammbäume erzählen „Stammes-Geschichten“. Um diese Geschichten zu erkennen, musst du Stammbäume richtig lesen können.

1. **T r a g e** die Zeitachse in das Aufspaltungsdiagramm (Stammbaum) ein [Tipp: Hinweiskarte 1 „Zeitachse“].
2. **Z e i c h n e** zwei mögliche Darstellungen für das Aufspaltungsdiagramm (Stammbaum) aus Material 1, die zwar anders aussehen, aber denselben Inhalt haben [Tipp: Hinweiskarte 2 „Darstellungsweisen“].
3. **N o t i e r e** im Stammbaum (a) den letzten gemeinsamen Vorfahren von Amphibien und Landwirbeltieren (b) den letzten gemeinsamen Vorfahren von Amphibien, Knochenfischen und Landwirbeltieren (c) den letzten gemeinsamen Vorfahren von Amphibien und Knochenfischen [Tipp: Hinweiskarte 3 „Gemeinsame Vorfahren“].
4. **B e n e n n e** (a) den nächsten Verwandten der heutigen Amphibien (b) den nächsten Verwandten der heutigen Knochenfische. [Tipp: Hinweiskarte 4 „Nächste Verwandte“].
5. **N o t i e r e** mithilfe der Angaben in Material 2, an welchen Stellen in der Stammesgeschichte der Wirbeltiere (Material 1) Veränderungen aufgetreten sind. [Tipp: Es gilt das Prinzip der sparsamsten Erklärung, d.h. man nimmt immer an, dass eine Veränderung nur einmal aufgetreten ist. Man könnte auch annehmen, dass dieselbe Veränderung in verschiedenen Linien mehrfach unabhängig voneinander aufgetreten ist. Unabhängige und gleichartige Mutationen in unterschiedlichen Linien werden aber als extrem unwahrscheinlich angesehen. Als Beispiel wurde Merkmal 1 bereits an der korrekten Stelle eingetragen.]
Beachte: Deine Ergebnisse zu dieser Aufgabe kannst du eigenständig mit der h5p-Übung "6_Wirbeltiere_Vom_Wasser_ans_Land": Die Arbeit mit einem Stammbaum üben (drag&drop) im moodle-Kurs abgleichen.
6. **E r l ä u t e r e**, ob mit den jeweiligen Veränderungen ein Anpassungswert im Hinblick auf das Landleben verbunden ist.

¹ Heute wird die Evolutionstheorie von der evangelischen und katholischen Kirche akzeptiert und in ihre Deutungspraxis integriert

Material 1



Aufspaltungsdiagramm zur Stammesgeschichte der Wirbeltiere; Zeitachse senkrecht

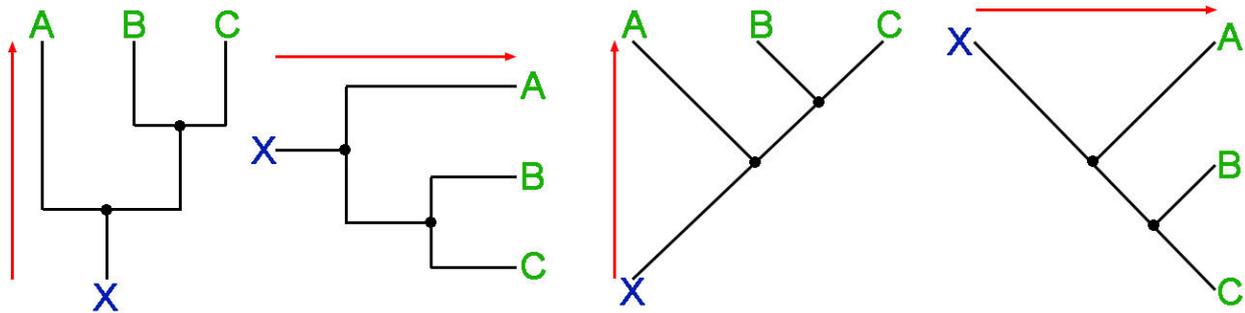
Material 2

Merkmalverteilung bei den Fossilien aus Material 1

Merkmal	<i>Acanthodes</i>	<i>Tiktaalik</i>	<i>Seymouria</i>
1. Lebensraum	Wasser	Übergang Wasser-Land	Land
2. paarige Extremitäten	Paddelflosse	muskulöse Laufflosse	muskulöses Laufbein
3. Kiemen	vorhanden	vorhanden	fehlend
4. Lungen	fehlend	vorhanden	vorhanden
5. Befruchtung	äußere Befruchtung	äußere Befruchtung	innere Befruchtung
6. Ei	gallertiges Ei	gallertiges Ei	Ei mit Kalkschale
7. paarige Hinterextremität	nur in Körpermuskulatur liegend	über Beckenknochen an der Wirbelsäule befestigt	über Beckenknochen an der Wirbelsäule befestigt
8. Haut	mit Schuppen bedeckt, feucht	beschuppt, feucht	unbeschuppt, trocken mit Hornschicht

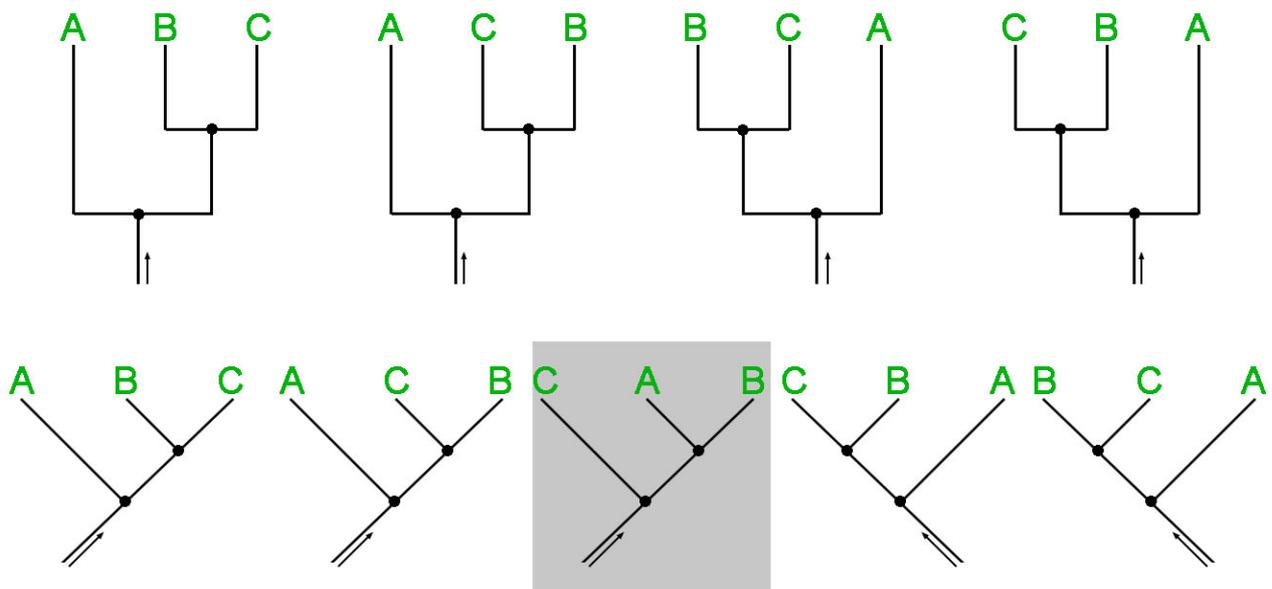
Hinweiskarte 1 Aufspaltungsdiagramme (Stammbäume) richtig lesen: **3. Zeitachsen**

Stammbäume bestehen immer aus Einzellinien, die sich an Knotenpunkten (•) in zwei Linien aufspalten. Das Ende der Aufspaltungslinien stellt die Jetztzeit dar; hier stehen die heute lebenden Arten (in den Beispielen **A, B, C**). Der Ursprung oder die Wurzel des Stammbaums ist der Punkt, an dem alle Linien zusammenlaufen, wenn man gedanklich von den Endpunkten in die Vergangenheit reist (hier **X**). Jeder Stammbaum hat eine Zeitachse, die als Pfeil (→) dargestellt wird. Egal wie ein Stammbaum gezeichnet ist: Der Pfeil kommt immer aus der Vergangenheit und zeigt mit seiner Spitze in Richtung Jetztzeit. Beispiele (Beachte: Alle Bsp. zeigen dieselbe Aufspaltung):



Hinweiskarte 2 Aufspaltungsdiagramme (Stammbäume) richtig lesen: **2. Darstellungsweisen**

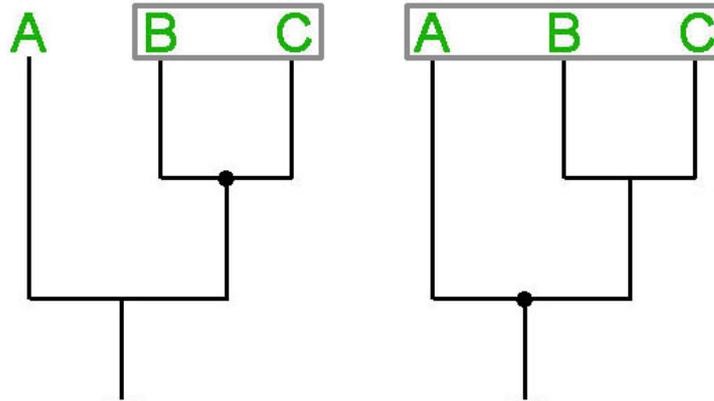
Stammbäume bestehen immer aus Einzellinien, die sich an Knotenpunkten (•) in zwei Linien aufspalten. Am Ende stehen die heute lebenden Arten (hier **A, B, C**). Der Stammbaum gibt damit nur eine Abfolge von Aufspaltungen wider. In den unten dargestellten Stammbäumen ist das immer dieselbe Abfolge von Aufspaltungen, nämlich vom Ursprung her kommend (Pfeilrichtung) zunächst eine Abspaltung nach A und im zweiten Schritt die Aufspaltung in B und C. Alle Darstellungen in den unteren Beispielen sind damit identisch. Lediglich in der grau unterlegten Darstellung ist ein Fehler. Versuche, die Darstellungen gedanklich ineinander zu überführen, um zu erkennen, dass sie (a) identisch sind bzw (b) die grau unterlegte Darstellung eine andere Aussage enthält.



Hinweiskarte 3

Aufspaltungsdiagramme (Stammbäume) richtig lesen: **3. Gemeinsame Vorfahren**

An einem Stammbaum kann man gemeinsame Vorfahren ablesen. Der letzte gemeinsame Vorfahr zweier Arten X und Y liegt immer am letzten gemeinsamen Knotenpunkt der Arten. Um den letzten gemeinsamen Vorfahren zweier Arten zu finden, muss man also in Gedanken von beiden Arten ausgehend in die Vergangenheit zurückreisen bis zu dem Knotenpunkt, an dem sich die Linien treffen. Man könnte sagen: Ab hier lief der Evolutionsweg für beide Arten getrennt und bis hier lief er noch gemeinsam. In den beiden Beispielen ist der letzte gemeinsame Vorfahr von den eingerahmten Arten jeweils durch einen Punkt (•) gekennzeichnet.



Hinweiskarte 4

Aufspaltungsdiagramme (Stammbäume) richtig lesen: **4. Nächste Verwandte**

An einem Stammbaum kann man nächste Verwandte ablesen. Der nächste Verwandte einer beliebigen Art X ist immer die Art oder Artengruppe, mit der die Art X den nächstgelegenen Knotenpunkt aufweist. Um den nächsten Verwandten zu finden, muss man also in Gedanken von der fraglichen Art in die Vergangenheit zum nächstgelegenen Knotenpunkt zurückreisen. (siehe Pfeile). Der nächste Verwandte muss damit auch immer in unmittelbarer Nachbarschaft im Stammbaum stehen. Aber aufgepasst: Jede Art kann ja zwei Nachbarn im Stammbaum haben. Welche der beiden der nächste Verwandte ist, entscheidet sich nicht nach „Gefühl“ oder „Ähnlichkeit“, sondern nach Knotenpunkt. So ist z.B. der nächste Verwandte des Schimpansen der Mensch und nicht der viel ähnlichere Gorilla; anders gesagt: Mensch und Schimpanse sind enger verwandt als Gorilla und Schimpanse. Der nächste Verwandte des Gorillas ist eine Art, aus der Mensch und Schimpanse hervorgegangen sind. Beispiele:

