

Das Problem des
paraphyletischen Taxons,
erläutert am Beispiel von
Pararge aegeria

Werner Kunz
Universität
Düsseldorf
www.kunz.hhu.de/

Der Konflikt
zwischen
Merkmalsähnlichkeit
und **Verwandtschaft**

Dieser Vortrag erläutert
theoretische Grundlagen, die zur
taxonomischen Gruppenbildung führen

Vielen Dank an **Martin Wiemers**,
der mich auf einen Teil der **Literatur**
aufmerksam machte, die zu diesem Vortrag
geführt hat

Pragmatisch orientierte Biologen meinen oft,
man brauche die **theoretischen Grundlagen**
nicht zu kennen.

Das ist ihr gutes Recht

Aber es ist nicht mehr ihr gutes Recht,
wenn sie sich trotzdem darüber äußern.

Und das führt zu **Fehleinschätzungen**, wie
folgendes Beispiel zeigt:



Canberra

Crisp MD & Chandler GT (1996):

“**Paraphyletic species**”, Telopea 6, 813-844

Paraphyletic groups are **'artifactual'**
and **qualitatively different** from
monophyletic groups, which **are 'real' taxa**

stimmt das?

Dass sie **'qualitatively different'** sind, das stimmt.

Aber:

Paraphyletische Taxa sind nicht mehr **'artifactual'**
als **monophyletische Taxa**
und
paraphyletische Taxa sind nicht weniger **'real'** als
monophyletische Taxa



tircis: gelbe Flecken

13320

Köln 2.8.14



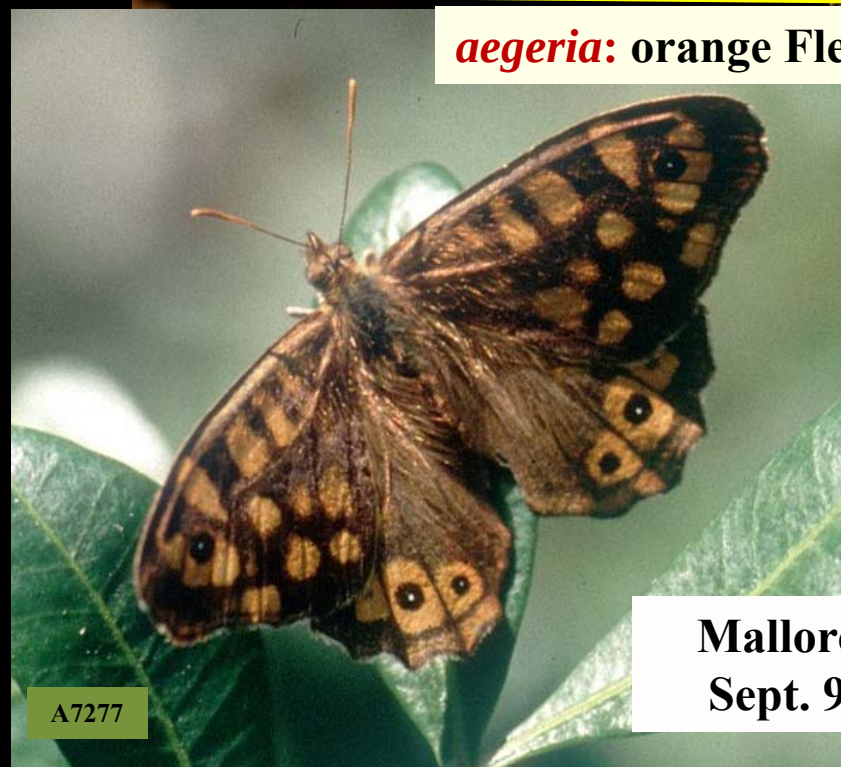
9032

Mosel 1.8.11



19447

Pirin-Gebirge/
Bulgarien 16.7.16



aegeria: orange Flecken

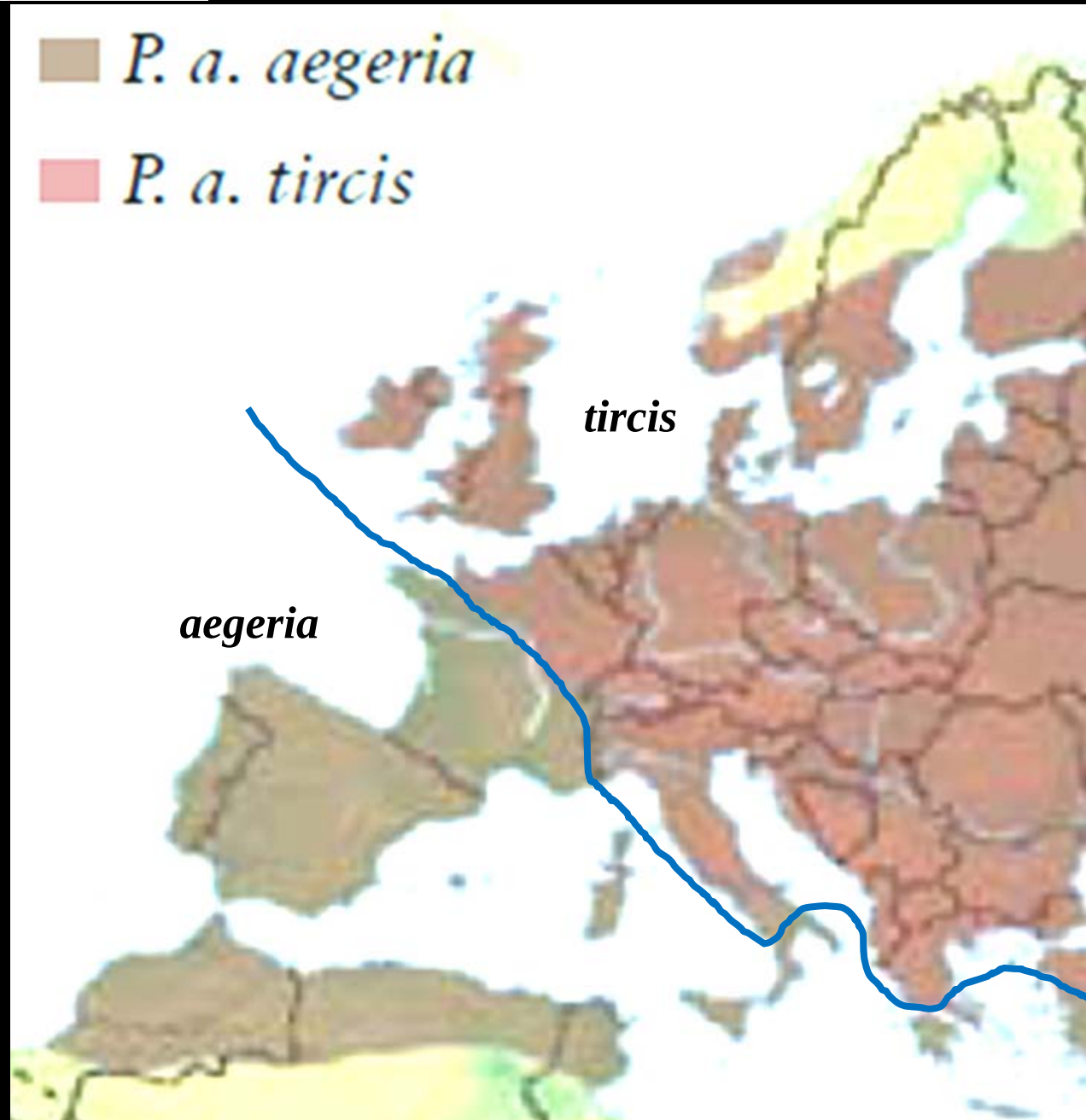
A7277

Mallorca
Sept. 91

Tshikolovets (2011):

■ *P. a. aegeria*

■ *P. a. tircis*



3 Vorkommen:

1.) Marokko

2.) S- und SW-Europa

3.) Mittel- und O-Europa



aegeria



tircis

3.) Mittel- und O-Europa

2.) S- und SW-Europa

1.) Marokko



Weingartner,E., Wahlberg,N. & Nylin,S.:

Speciation in *Pararge* (Satyrinae: Nymphalidae) butterflies – North Africa is the source of ancestral populations of all *Pararge* species. Systematic Entomology 2006:

Sie haben den **DNA-Stammbaum** und die **Verwandtschaft**verhältnisse erforscht:

1.) Marokko



2.) S- und SW-Europa



3.) Mittel- und O-Europa



gemeinsamer Vorfahr

und siehe da:

1 und 2 sind **gleich** in den **Merkmalen**,
aber weniger miteinander **verwandt**

2 und 3 sind **unterschiedlich** in ihren
Merkmalen, aber näher miteinander
verwandt

Das zeigt einen Konflikt zwischen

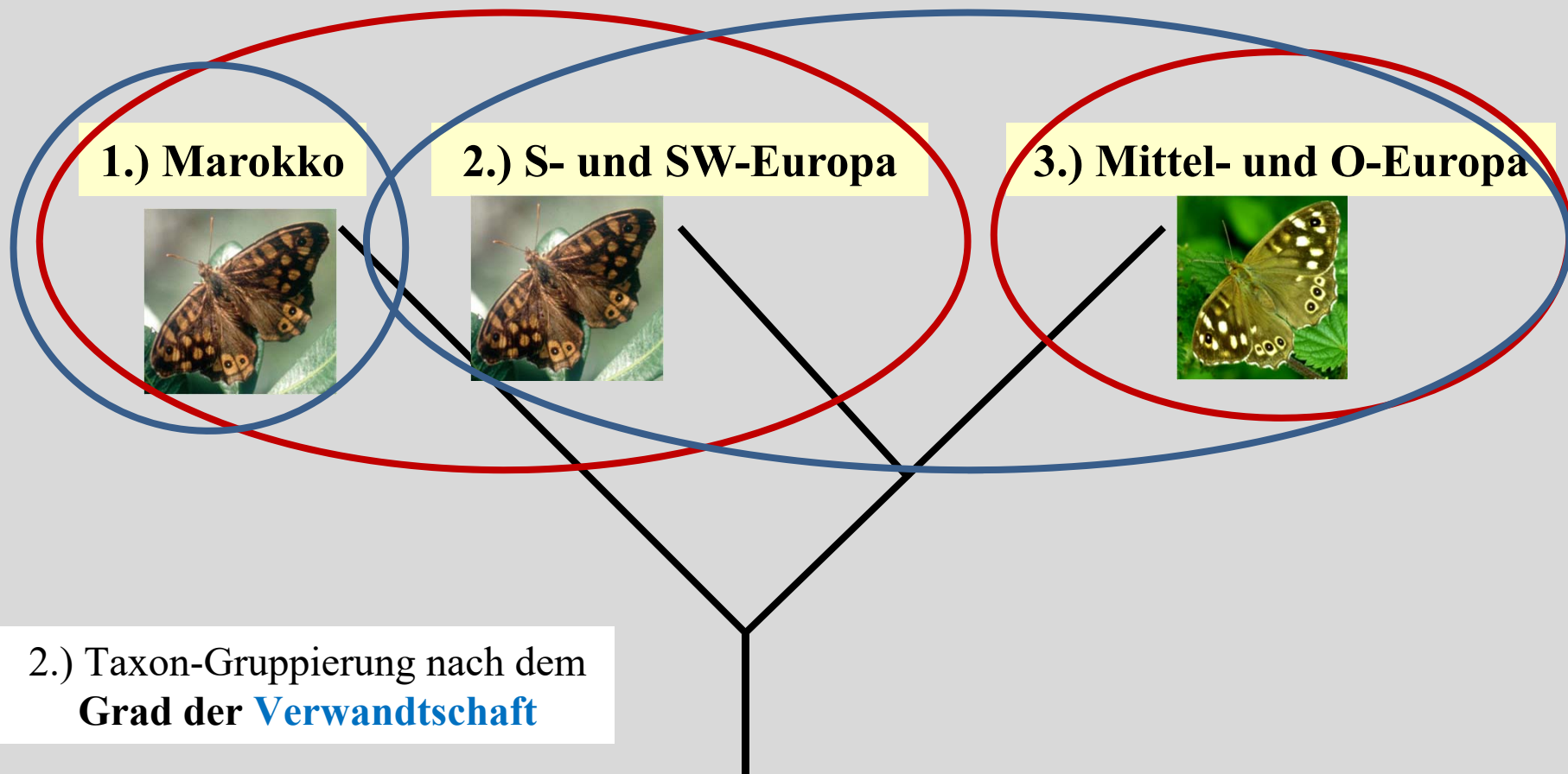
Verwandtschaft und **Merkmalsähnlichkeit?**

Was hat denn nun **Priorität?**:

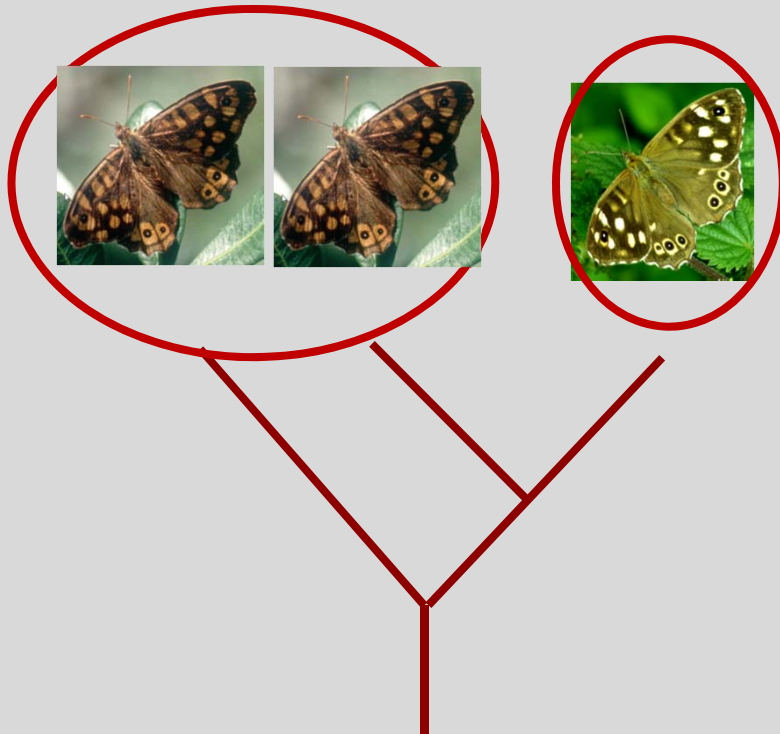
Verwandtschaft oder **Merkmalsähnlichkeit?**

Welche taxonomische Gruppenbildung ist richtig?:

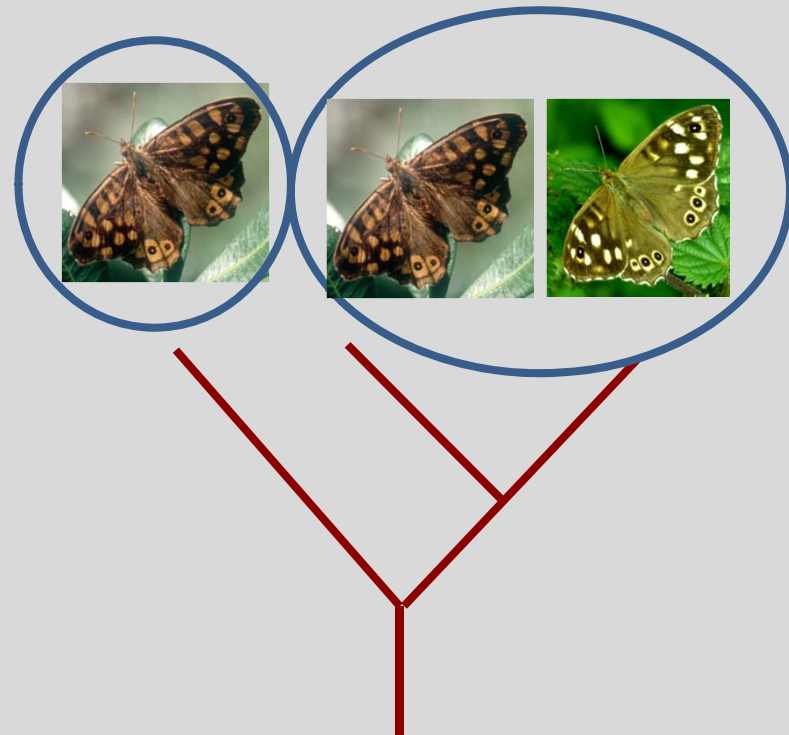
1.) Taxon-Gruppierung nach dem **Grad Merkmalsähnlichkeit:**



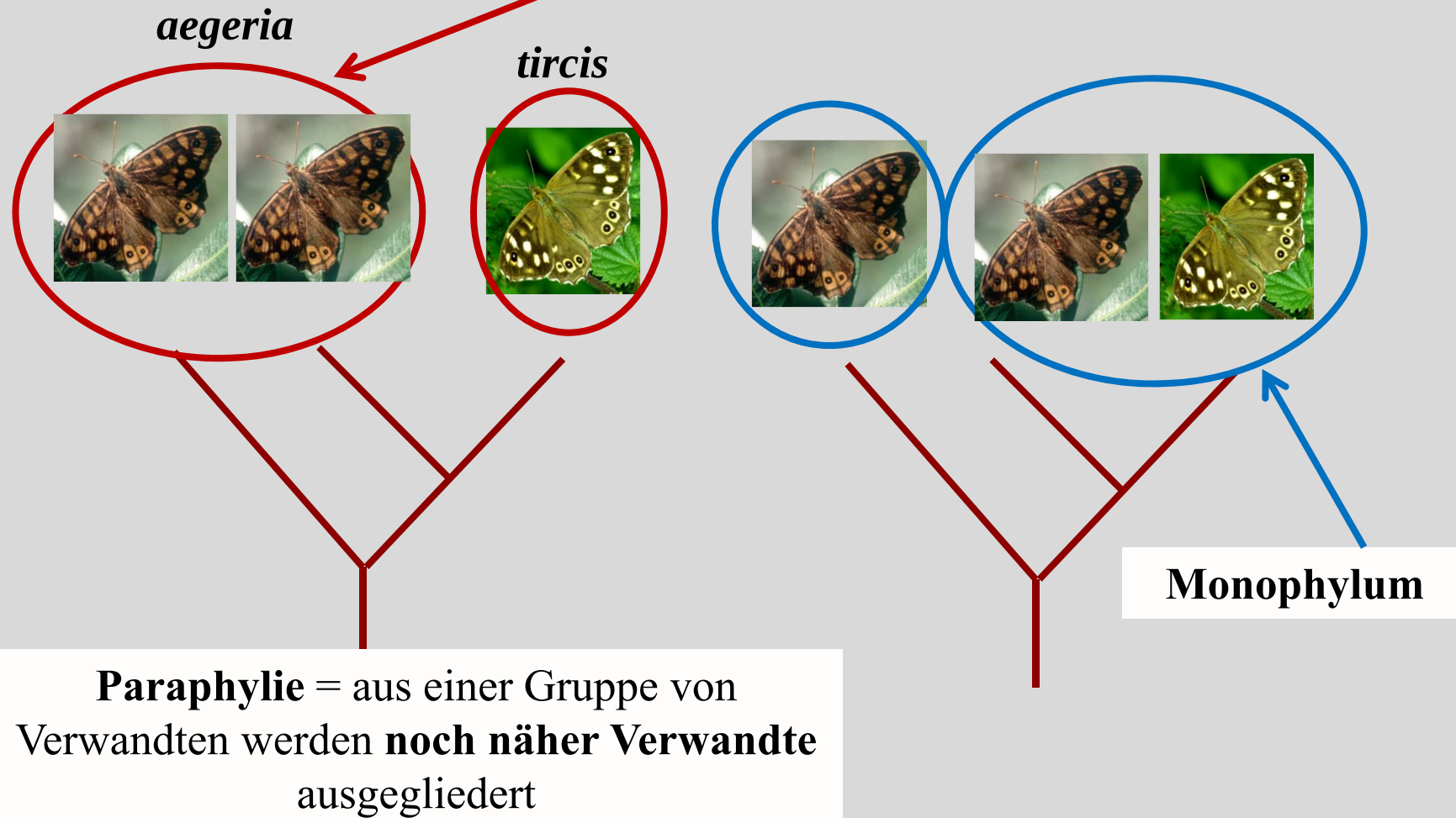
Ist **links** richtig?:
Merkmalsähnlichkeit



oder **rechts**?:
Verwandtschaft



Oft wird der Standpunkt vertreten, dass auf jeden Fall **rechts** richtig sein muss;
denn **links** enthält ein **paraphyletisches Taxon**:



'artifactual'
und **'not a real taxon'**



„Vettern werden vereinigt, während Brüder rausgeschmissen werden“

Wie löst man den Konflikt **Verwandtschaft** vs. **Merkmalsgleichheit**?

Soll man wirklich der **Verwandtschaft** höhere Priorität einräumen als der **Merkmalsgleichheit**, um damit **Paraphylie** zu vermeiden?

Nein:

Was hier zum Konflikt führt, hat eine **eindeutige Ursache:**

Es liegen hier **2 verschiedene Taxon-Begriffe** vor, die man **nicht mischen** darf:

einmal das **Taxon** aufgrund der **Verwandtschaft**
(= mehr oder weniger nahe **Verwandtschaft** zweier Gruppen)

und zum anderen das **Taxon** aufgrund der **Merkmalsgleichheit**
(= gleiche oder ungleiche **Merkmale**)

Die Nähe der **Verwandtschaft** und die Entstehung neuer **Merkmale**
aber sind **zwei ganz verschiedene Prozesse der Evolution**

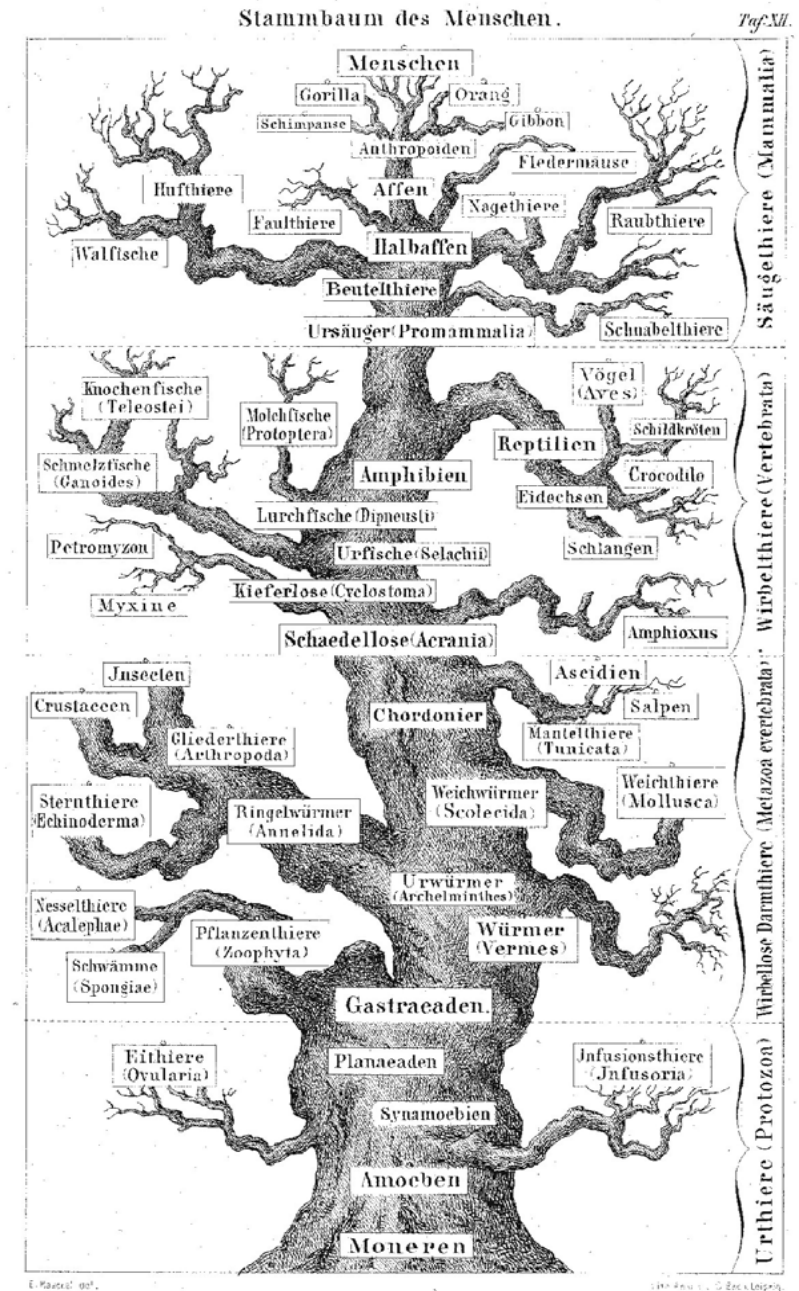
Die beiden Prozesse sind **unabhängig voneinander** und müssen deswegen
nicht zum gleichen Taxon führen

Ich darf die beiden Taxon-Begriffe **nicht mischen**.

Ich muss mich für einen der beiden Artbegriffe **entscheiden**

[Wenn die „**integrative Taxonomie**“ die Begriffe mischt
(was sie tut),

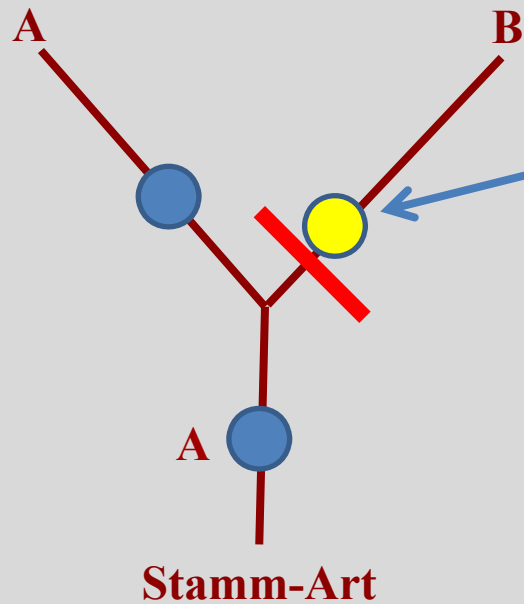
dann lässt sich in vielen Fällen nicht vermeiden, dass Konflikte
entstehen, die nicht **empirisch** und nicht **logisch** zu lösen sind,
so dass man **subjektive Entscheidungen** treffen muss]



Nur mit den Kriterien
„gemeinsamen Abstammung“ oder **„Ausmaß der Verwandtschaft“**

kann man keine Taxonomie machen; denn Taxonomie erfordert, dass
man **Taxon-Grenzen** setzen kann

Das führt uns zum zweiten **Taxon-Begriff**:
der Bildung und Abgrenzung zweier Taxa aufgrund der
Merkmals(un)gleichheit



Hier entsteht ein **neues Merkmal** ●, das ein **neu entstehendes Taxon** abgrenzt:

Damit entsteht die Art B ●, die sich von der Art A ● unterscheidet

Ein in der Evolution neu entstehendes Merkmal nennt man:

eine **Apomorphie**

Eine **Apomorphie** definiert die **Grenzen** im Stammbaum und unterteilt das phylogenetische **Kontinuum**

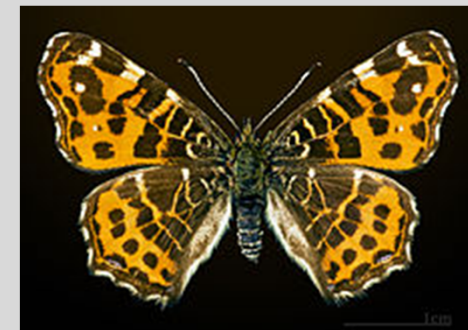
Aber es kann **nicht jedes Merkmal** genommen werden, um damit Taxa abzugrenzen:

die Merkmale, die Taxa definieren, müssen sauber auf ihre **taxonomische Brauchbarkeit** überprüft werden

Hier (so **banal** es auch zunächst klingen mag) haben wir Merkmals-Unterschiede, die **taxonomisch unbrauchbar** sind:



Orgyia recens



Merkmale, die zu einem **Taxon-Begriff** verwendet werden, müssen einen **phylogenetischen Aussagewert** haben,
eine Aussage über ihre **stammesgeschichtliche Zugehörigkeit und Herkunft**

z.B.:

Wenn zwei Organismen aufgrund ihrer Merkmals-Gleichheit zu einem gemeinsamen Taxon vereinigt werden, dann müssen diese Merkmale in beiden Organismen zueinander **homolog** sein

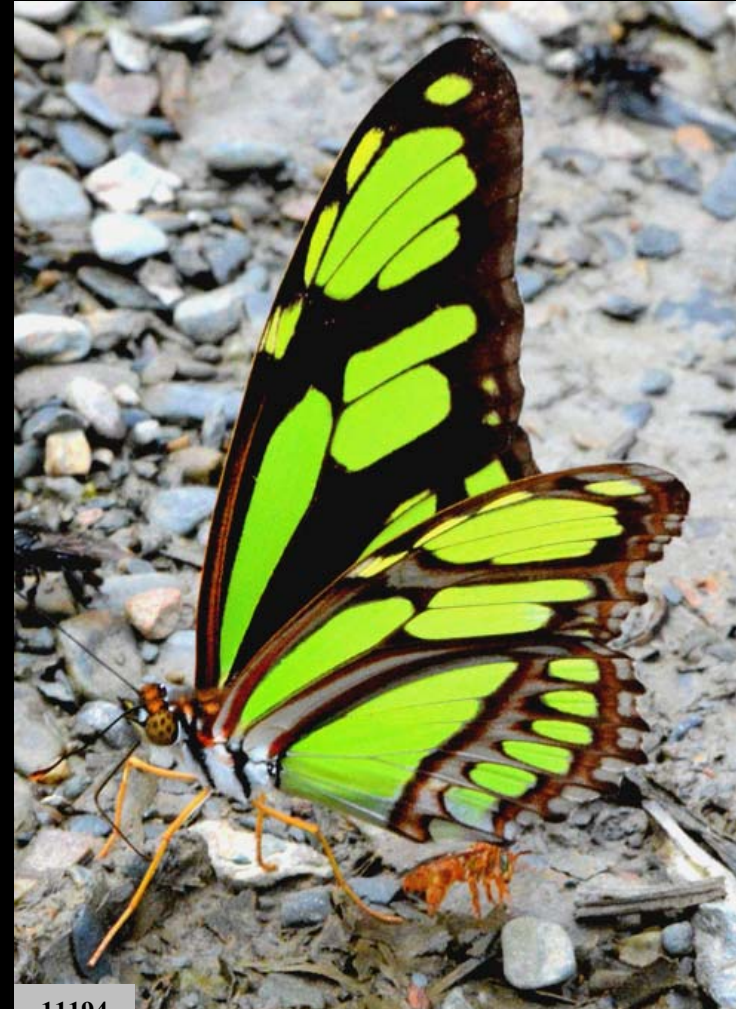
d.h.: die Merkmale müssen **deswegen** gleich sein, weil sie von **gemeinsamer Abstammung** sind (und nicht, weil sekundär durch **konvergente Umweltanpassung** gleich geworden sind)

Dies hier wäre ein Beispiel für eine **konvergent** entstandene Merkmalsgleichheit, die taxonomisch unbrauchbar ist:



11524

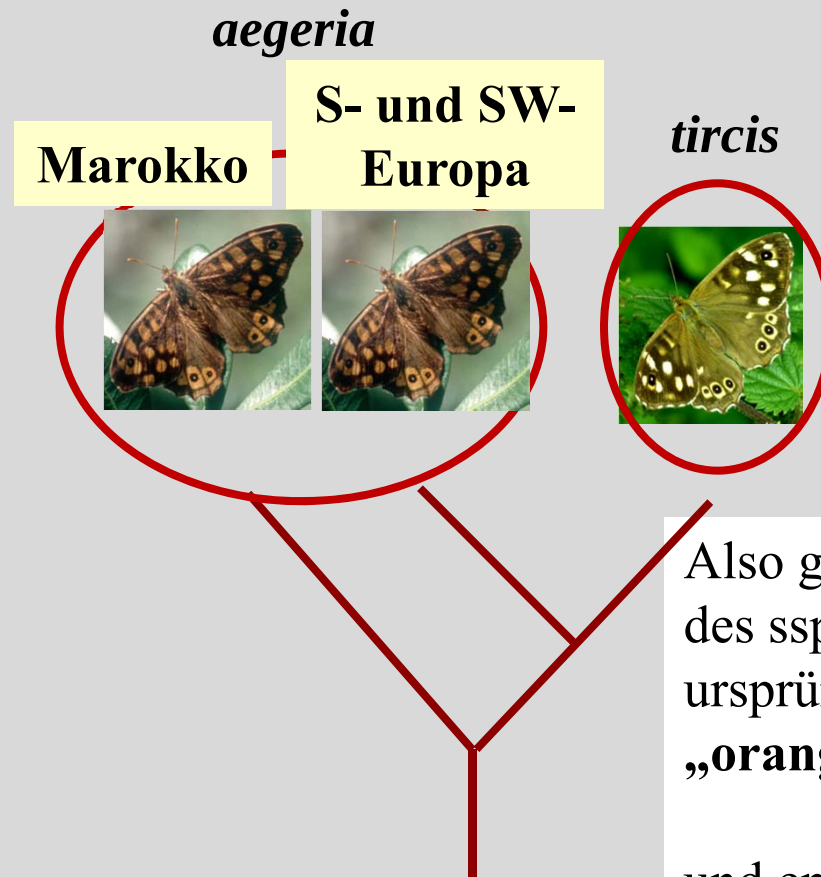
Nymphalinae:
Siproeta stelenes 18.1.2013
Taipiplaya/ Bolivien (Kunz)



11194

Heliconiinae:
Philaethria dido 7.1.2013
Caranavi/ Bolivien (Kunz)

Zurück zu den ssp-Taxa „*aegeria*“ und „*tircis*“:



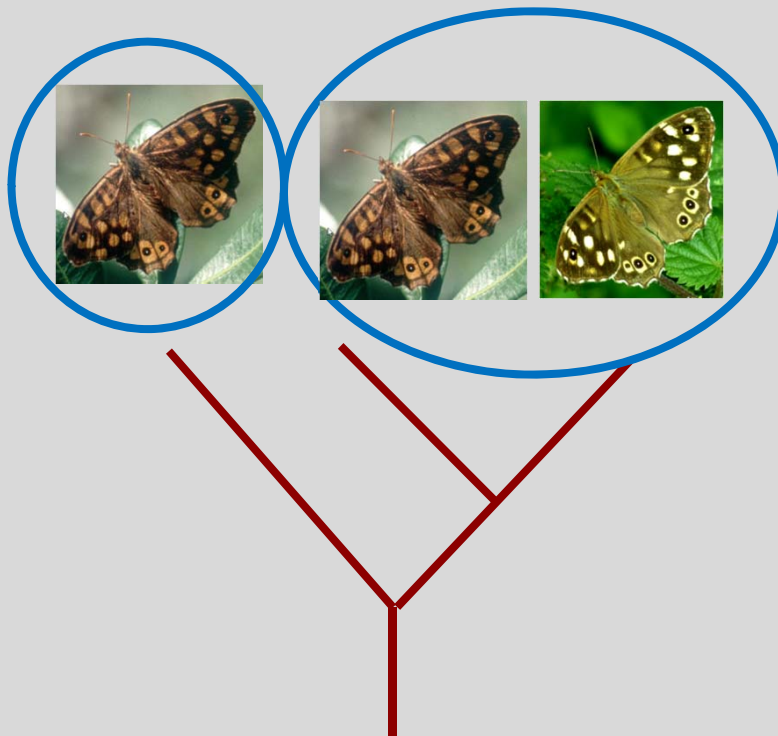
Es ist sehr wahrscheinlich, dass die Gleichheit in der Grundfarbe „orange“ bei den *aegeria*-Individuen in **Marokko** und denen in **S- und SW-Europa** auf gemeinsamer Abstammung beruht, also keine Konvergenz ist

Also gibt es eine Berechtigung für die Existenz des ssp-Taxons „*aegeria*“ auf der Basis des ursprünglichen (plesiomorphen) Merkmals „orange Flecken“

und entsprechend gibt es eine Berechtigung für die Abtrennung des ssp-Taxons „*tircis*“ auf der Basis des neu entstandenen (apomorphen) Merkmals „gelbe Flecken“

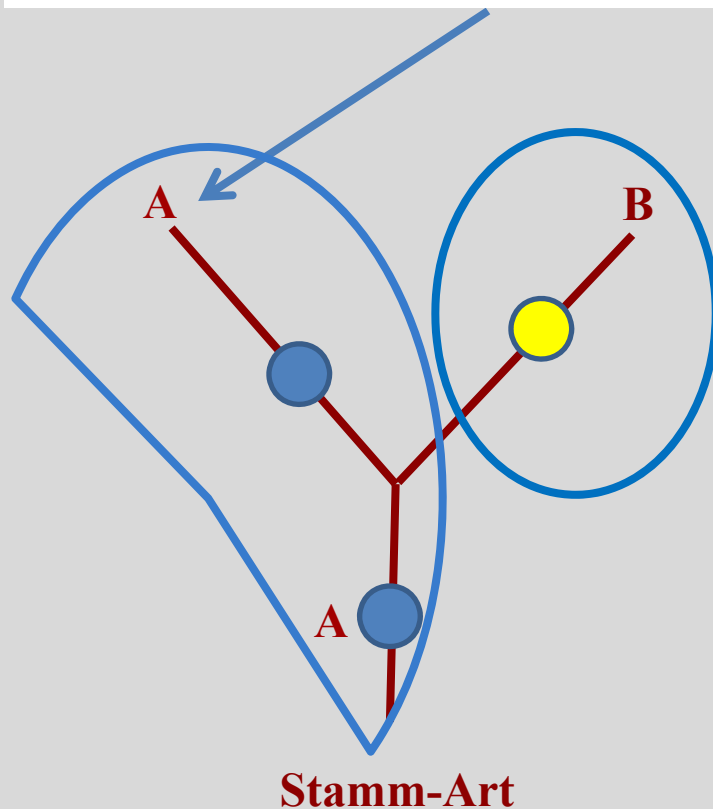
Ein Trennung der **afrikanischen** *aegeria*-Individuen von den **europäischen** kann nur damit begründet werden, dass man den (geringen)
Grad der Verwandtschaft zum Taxon-Begriff macht; **und das geht nicht**

Und ebenso kann eine Vereinigung aller **europäischen** Individuen zu einer gemeinsamen Subspezies nur damit begründen, dass man den (nahen)
Grad der Verwandtschaft zum Taxon-Begriff macht; **und das geht nicht**



Anerkennt man **Apomorphien** als Kriterien der Taxon-Abgrenzung, dann müssen **paraphylische Taxa** zugelassen werden

Die Stamm-Art A bleibt erhalten, weil sich in ihr ja **nichts geändert** hat:

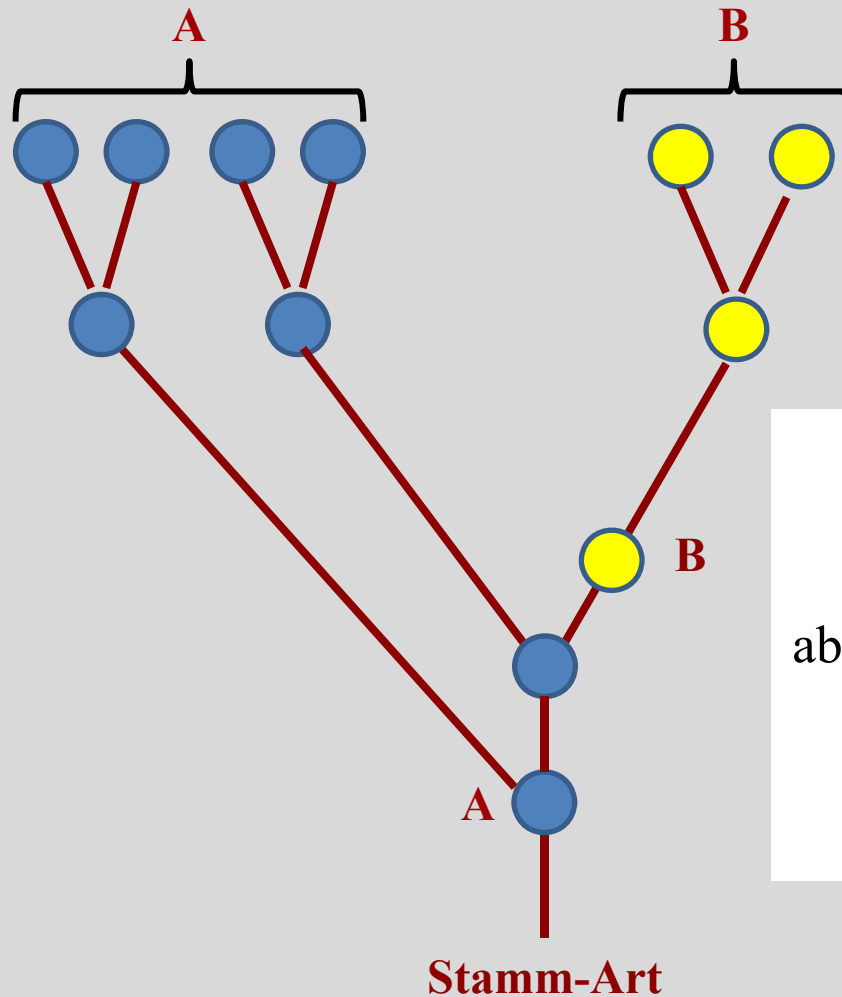


und damit wird das **Taxon A** zu einem **paraphyletischen Taxon**

Ebenso gibt es **paraphyletische Spezies (Arten):**

paraphyletische Art A:

monophyletische Art B:



monophyletische Art B =
alle Individuen (●) haben eine
gemeinsame Abstammung
(und **keine nahe verwandten
Individuen** sind ausgegliedert)

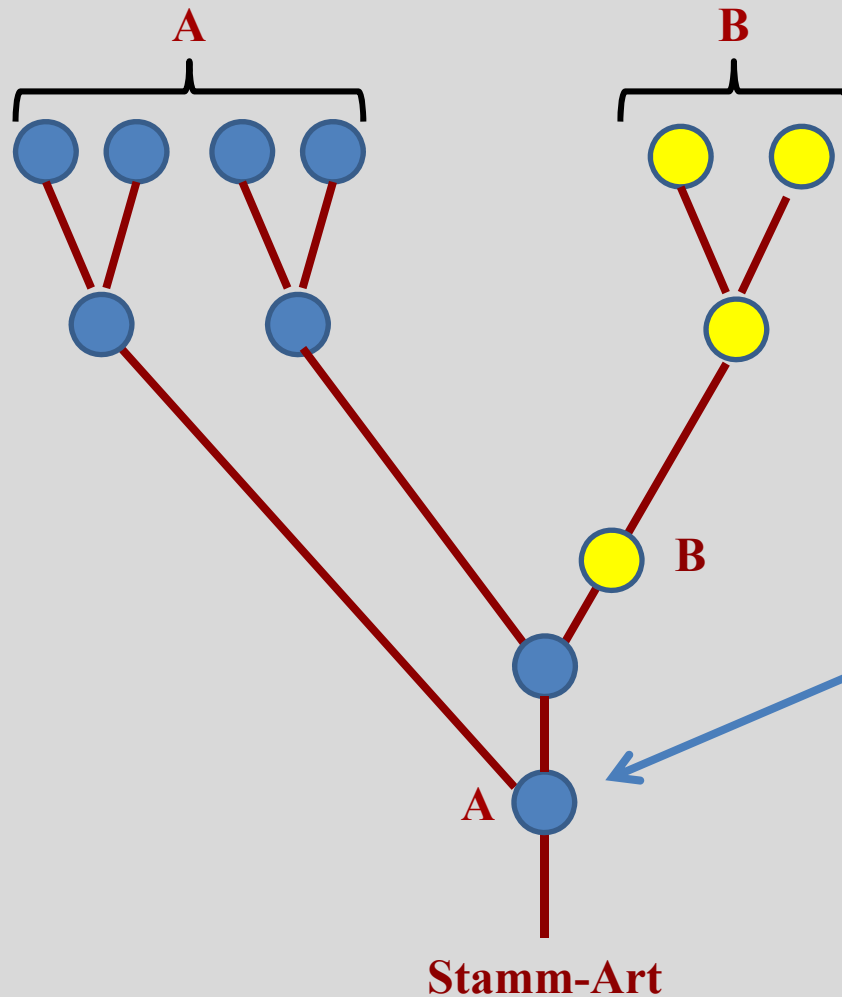
paraphyletische Art A =
alle Individuen (●) haben zwar eine
gemeinsame Abstammung;
aber **näher verwandte Individuen** wurden
ausgegliedert (●)

Deswegen => **paraphyletische Art**

anders erklärt:

paraphyletische Art A:

monophyletische Art B (●) :



Ich fasse alle Individuen der Art (●) zusammen und suche dem **letzten gemeinsamen Vorfahren** („last common ancestor“).

Der liegt hier:

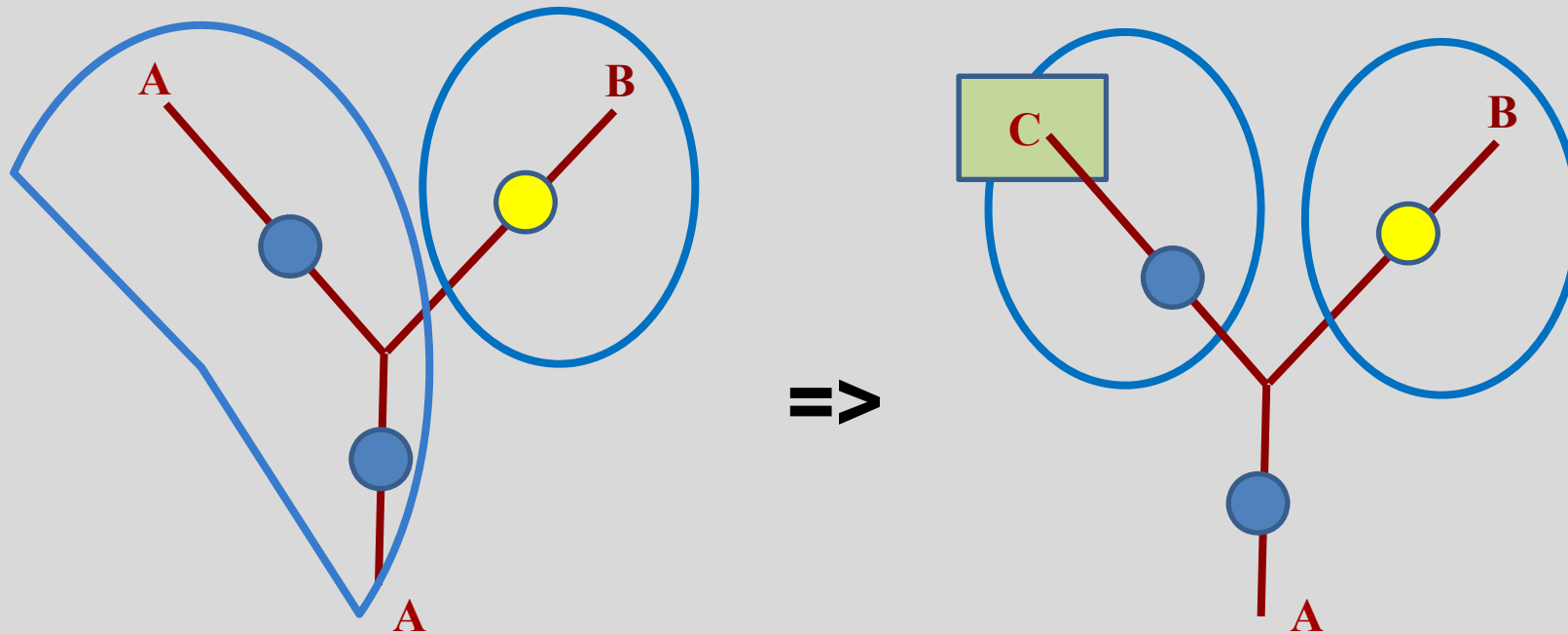
Wenn jetzt ein Teil der Individuen **ausgegliedert** ist (B●), dann ist die Restgruppe A (●) ein **Paraphylum**

Zugegeben: **ein paraphyletisches Taxon** ist unbefriedigend;
denn es bedeutet ja, dass im Taxon
Vettern vereinigt werden und **Brüder rausgeschmissen** werden.

Das würde man gern vermeiden; denn es erscheint **paradox**

Aber es ist nicht zu vermeiden

Der einzige Weg, Paraphylie zu vermeiden, läge darin, den linken Schwesterzweig nach dem Split auch **zu einem neuen Taxon (also C)** zu machen:



Dafür gibt es aber **keine Berechtigung**; denn von **A nach C** hat sich ja nichts geändert

Crisp MD & Chandler GT (1996):

Paraphyletic species
Telopea 6, 813-844



**“... using paraphyletic taxa
invalidates phylogenetic analysis”**

Die Autoren erwarten, dass **Taxonomie** die **Abbildung des Stammbaums** ist.

Das aber kann **Taxonomie** nicht sein; denn der Stammbaum ist nicht in **Gruppen** untergliedert.

Taxonomie aber ist gerade die Bildung von abgegrenzten **Gruppen**