Zeitschrift: Insecta Helvetica. Fauna
Herausgeber: Schweizerische Entomologische Gesellschaft
Band: 7 (1985)

Artikel: Diptera Drosophilidae
Autor: Bächli, Gerhard / Burla, Hans
Kapitel: System und Phylogenie
DOI: https://doi.org/10.5169/seals-1006761

Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use
The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 16.12.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

SYSTEM UND PHYLOGENIE

Im zoologischen System sind die Taxa (benannte Arten, Gattungen, Familien samt Unterteilungen) nach morphologischer Ähnlichkeit hierarchisch geordnet. Dabei gilt die Annahme, grosse Ähnlichkeit bedeute nahe Verwandtschaft. Beachtet man nur wenige ausgewählte Merkmale und nicht einmal bei allen Taxa die gleichen, ist die Interpretation intuitiv und subjektiv. Das mag für die Bildung von Hypothesen ausreichen. Gleichen zwei Arten einander in fast jedem Merkmal, so wie zum Beispiel *D. melanogaster* und *D. simulans*, wird man sie in die gleiche Artgruppe einrücken und phylogenetisch als nächst verwandt beurteilen: als Geschwisterarten. Die Intuition kann aber versagen, wenn die zu beurteilenden Arten einander nicht gleichen oder wenn Gattungen und Familien systematisch geordnet werden sollen. In der numerischen Taxonomie strebt man eine grössere Objektivität an, indem man bei jedem Taxon eine grosse Anzahl Merkmale registriert - hundert oder mehr - und alle Merkmale gleich gewichtet. Aufgrund der Rohdaten berechnet man mit einem multivariaten Verfahren die relative Ähnlichkeit zwischen je zwei Taxa (Abb. 19). Die Interpretation der Resultate ist allerdings wiederum subjektiv und lässt der Intuition Spielraum. Ein auf Ähnlichkeiten beruhendes System hat für die Phylogenie nur den Wert einer Hypothese. Wie die Evolution tatsächlich ablief, kann so nicht schlüssig ermittelt werden.

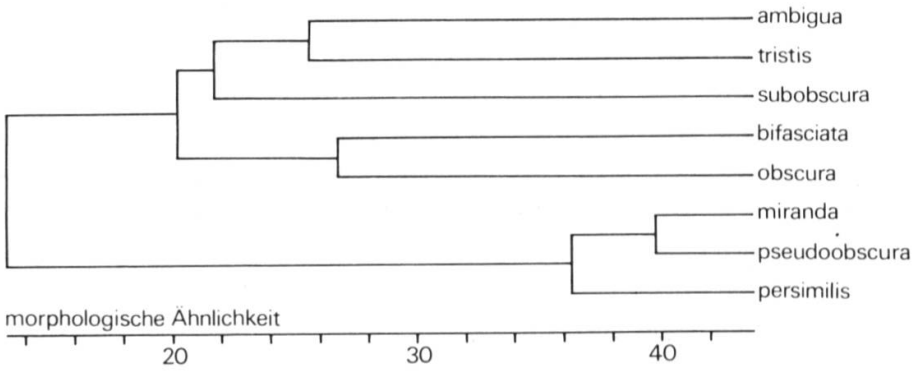

Abb. 19 - *obscura*-Gruppe: relative morphologische Ähnlichkeit zwischen Arten, dargestellt im Dendrogramm, berechnet aufgrund von Daten aus Buzzati-Traverso & Scossiroli (1955). *D. miranda*, *D. pseudoobscura* und *D. persimilis* sind nordamerikanische Arten.

Die Verwandtschaftsnähe zweier Arten lässt sich auch beurteilen, wenn die genetische Untersuchung homologe Erbfaktoren aufdeckt. Die These lautet: je grösser deren Anzahl und je ähnlicher deren Ausprägung im Phänotyp, auch je übereinstimmender deren Lage in Chromosomen, desto enger die Verwandtschaft. In die gleiche Richtung zielt der Vergleich von Enzymen und deren Allele, die als primäre Produkte von Erbfaktoren gelten. In der Regel ist die Anzahl von Genloci, die man dabei erfasst, im Bereich von 20 bis 100, was zum Vergleich von Arten einer Artgruppe oder Untergattung genügt (Abb. 20). Solche genetischen und zytologischen Vergleiche erfordern viel Arbeit und ein Instrumentarium, das nur das spezialisierte Laboratorium zur Verfügung stellen kann.

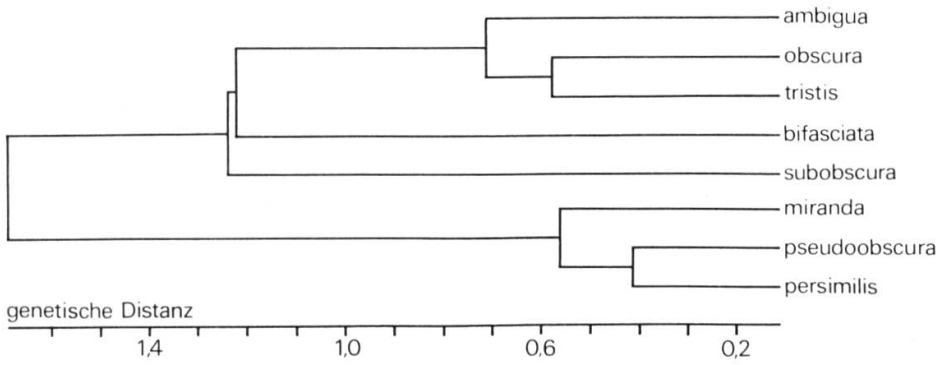

Abb. 20 - *obscura*-Gruppe: genetische Distanz zwischen Arten, dargestellt im Dendrogramm, beurteilt nach ihrem Enzymmuster (Lakovaara et al. 1976).

Der Vergleich von Chromosomensätzen erbrachte ebenfalls Einblicke in phylogenetische Beziehungen zwischen Arten mehrerer Artgruppen. Man ging von der Annahme aus, der phylogenetisch primitive Chromosomensatz im haploiden Ei und Spermium bestehe aus fünf stabförmigen Chromosomen und einem punktförmigen Chromosom (Abb. 21). Durch Verlagerung der Spindelfaseransatzstelle vom Ende in die Mitte wird ein grosses stabförmiges Chromosom zu einem kleinen V-förmigen (Abb. 22), während durch Koppelung zweier stabförmiger Chromosomen ein grosses V-förmiges entsteht (Abb. 23). Solche und ähnliche Vorgänge erklären alle Chromosomensätze, die man bei Drosophiliden feststellt. Durch sinnvolle Interpretation der Befunde lässt sich die

Stammesgeschichte von Chromosomensätzen und somit der betreffenden Arten ableiten.

21 22 23

Abb. 21 bis 23 - *Drosophila*: Der primitive haploide Chromosomensatz (21). Zwei Vorgänge, die aus stabförmigen Chromosomen V-förmige entstehen lassen (22, 23).

In jedem Chromosom können Inversionen die Reihenfolge der Genloci (=Erbfaktorenstellen) und mit ihnen der Bänder von Riesenchromosomen, wie sie in Speicheldrüsen verpuppungsreifer Larven enthalten sind, ändern. Reihenfolgen des gleichen Chromosoms, die sich durch invertierte Abschnitte unterscheiden, bezeichnet man als Strukturtypen. In der Regel unterscheiden sich die Chromosomen vergleichbarer Arten im Strukturtyp. Je geringer der Strukturtypenunterschied zwischen Arten (das heisst, je weniger Inversionen seit der Artaufteilung die Chromosomen umstrukturiert haben), desto enger die Verwandtschaft. Man kennt Geschwisterarten, die in allen Chromosomen im Strukturtyp übereinstimmen (Carson et al. 1967); doch dürfte dies eine Ausnahme sein. Liegt der invertierte Abschnitt des Chromosoms ausserhalb der Spindelfaseransatzstelle, ist die Inversion "parazentrisch", und die betreffenden Strukturtypen können innerhalb der Art nebeneinander existieren, ja im gleichen Individuum enthalten sein als heterokaryotypische Kombination. Bei rund einem Drittel aller daraufhin untersuchten *Drosophila*-Arten gibt es einen solchen "chromosomalen Polymorphismus". Zwei derart polymorphe Geschwisterarten können wenigstens einen Strukturtyp gemeinsam haben; er markiert die stammesgeschichtliche Verbundenheit (Dobzhansky 1951).

Das System der Drosophiliden-Arten der Schweiz ist ziemlich gefestigt. Das heisst nicht, alle systematischen Beziehungen zwischen Arten seien bekannt. Welche Arten einander besonders nahe stehen, ist für einige Gattungen und Untergattungen noch eine offene Frage.