1. Evolution MegaLab - Hintergrund

Ziel des *Evolution MegaLab* ist dem Publikum aus allen Altersstufen – von Schulkindern bis Grosseltern – eine Gelegenheit zu bieten, die Evolution in ihrer natürlichen Umgebung am Werk zu sehen. Wir möchten zeigen, dass Evolution keine abgehobene schwer verständliche Theorie ist, sondern eine alltägliche Gegebenheit (wenn auch eine sehr langsam arbeitende), die jeder selbst beobachten kann.

Die natürliche Selektion ist der einzige bekannte Mechanismus der zur Anpassung führen kann. Die drei wesentlichen Elemente der Anpassung sind:

- Variation der Charaktereigenschaften zwischen Individuen
- Vererbung der Differenzen zwischen Individuen
- Natürliche Selektion unter Individuen mit verschiedenen Charaktereigenschaften

Die natürliche Selektion bevorzugt diejenigen Varianten, die am meisten zu den nächsten Generationen beitragen, dass heisst mehr Nachkommen hinterlassen. Natürliche Selektion wird oft als „Überleben der Fittesten“ beschrieben, was etwas irreführend ist. Überleben ist natürlich wichtig (da man überleben muss, um sich fortzupflanzen), aber Überleben alleine reicht natürlich nicht aus, wenn es nicht zu zahlreichen Nachkommen führt.

Bänderschnecken der Gattung *Cepaea* sind ideal für die Studie der natürlichen Selektion weil:

- ihre Häuschenfarbe und –bänderung sehr variable sind (d.h. sichtbar polymorph)
- ihre genetischen Grundlagen untersucht wurden
- die Häufigkeit der verschiedenen Morphen mit dem Lebensraumtyp zusammenhängt
- Studien gezeigt haben, dass dieser Zusammenhang angepasst (adaptativ) ist, verursacht durch die Prädation der Singdrossel
- die Prädation der Singdrossel im Feld an den Drosselschmieden beobachtet werden kann
- es ebenfalls geografische Trends gibt, die mit dem Klima zusammenhängen
- die Prädation der Singdrossel und das Klima Beispiele sind, wie die natürliche Selektion arbeitet und Anpassung bewirkt
- sie häufig vorkommen und einfach zu finden sind
- sie in der Handhabung unproblematisch sind und nur normale Hygienemassnahmen bedingen (Hände waschen nachdem man Schnecken in der Hand hatte)
- den Schnecken durch die Handhabung kein Leid zugefügt wird wenn man sie an den Fundort zurücksetzt
- historische Daten über die Häufigkeit der verschiedenen Farbvarianten vorhanden sind
- diese historischen Daten mit neuen Erhebungen verglichen werden können um nach evolutiven Änderungen zu suchen, als Antwort auf veränderte Drosselzahlen oder ein wärmeres Klima in den letzten 50 Jahren

Cepaea-Schnecken wachsen bis zu einer vorbestimmten Grösse. Nach Erreichen dieser Grösse bildet sich die Lippe am Rand des Häuschens. Evolution MegaLab interessiert sich für zwei Bänderschnecken-Arten von den drei, die in der Schweiz vorkommen. Die Hain-Bänderschnecke mit einer braunen Lippe (*Cepaea nemoralis*) und die Garten-Bänderschnecke mit einer weissen Lippe (*Cepaea hortensis*).

Die Häuschen von *Cepaea* weisen unterschiedliche Varianten von mehreren Charaktereigenschaften auf. Das Evolution MegaLab interessiert sich für all diese Merkmale: Häuschenfarbe (gelb, rosa oder braun) und Anzahl Bänder (0,1 oder 5). Diese Eigenschaften können in allen neun Kombinationen auftreten (3 Grundfarben x 3 Bänderungsvarianten).

2. Genetik der *Cepaea*

Die nachfolgenden technischen Notizen zur Genetik wurden uns freundlicherweise von Dr. Laurence Cook zur Verfügung gestellt. Sie sind nicht für die Schüler bestimmt, sollen aber den Lehrpersonen einen guten Überblick verschaffen.

Cepaea-Genetik – was wir zu wissen meinen und was wir nicht wissen

A. Einführung

Am Ende des 19. Jahrhunderts zeigte Lang (1904, 1908), dass der Polymorphismus bei *Cepaea* auf Mendelschen Regeln basiert. So wurde daraus ein frühes Standardbeispiel für Genetik. Wie in vielen anderen Fällen können aber einfache Erbregeln (segregation rules) die ganze Komplexität des Systems nicht erklären (Darbishire, 1905; Stelfox, 1918; Pelseneer, 1920). Das aktuelle Wissen basiert auf extensiven Fortpflanzungsversuchen von Lamotte (1951, 1954) und Cain & Sheppard (Cain *et al*. 1960, 1968) und noch einigen weiteren Wissenschaftlern. Es wurde durch Murray (1975) revidiert, welcher auch Referenzen angibt. Tabelle 1 stammt in modifizierter Form aus dieser Arbeit.

B. Nomenklatur

Die Nomenklatur wurde von Cain etabliert, basierend auf vorangegangenem Gebrauch und sollte in formalen Diskussionen so gebraucht werden (siehe Cain 1988). Sie ist aber kompliziert zu tippen (die Exponenten in Tabelle 1 sollten eigentlich kursiv sein) und deswegen spricht eigentlich wenig dagegen, wenn man manchmal z.B. Pb und yU für pink banded (rosa gebändert) und yellow unbanded (gelb ungebändert) oder M3 für Mittelband verwendet.

C. Bänderung

Das Basismuster der Bänderung besteht aus 5 Bändern. Sie werden in der Regel – oder zumindest seit Taylor (1914) – vom oberen Rand der Windung an nummeriert. Fehlende Bänder werden durch 0 ersetzt. Das Standardmuster mit allen 5 Bändern wird demnach mit 12345 umschrieben. Fehlt Band 2 schreibt man 10345, 00300 hat nur das Mittelband, usw. Unvollständige Bänder werden mit Doppelpunkt (:) bezeichnet. Nebeneinander liegende Bänder können teilweise verschmelzen, was durch Klammern symbolisiert wird (so sind bei 1(23)45 die Bänder 2 und 3 verschmolzen, bei (12345) sind alle Bänder miteinander verschmolzen). Ausfliessende Bänder (S spread bands) sind ein anderes Merkmal, welches aussieht als ob Farbe vom Band auf die Hintergrundfarbe ausfliesst. Bänder entstehen dort wo die fehlende Grundfarbe durch ein braunes Pigment ersetzt wird. Bei der P-Serie der Allele ist die Grundfarbe fehlend, aber die Ablagerung von braunen Pigmenten ist teilweise reduziert.

D. Nicht segregierende Bandvariationen

Variationen in der Bandbreite, der Verschmelzung der Bänder und dem Verlust von Bändern stehen laut Literatur „unter multifaktorieller Kontrolle“ und unterscheiden sich von den segregierenden U und T Loci. Dies ist sicher korrekt, aber es fehlt an Informationen über die Vererbung und den Einfluss der Umwelt. Die Häufigkeit der Verschmelzung wurde in manchen Studien erfasst, aber Langzeitstudien zur Geschwindigkeit mit welcher sich die Häufigkeit ändern könnte sind nicht bekannt.

E. Grundfarbe

Die Tabelle zeigt die Allele für die Grundfarbe, die durch Fortpflanzungstests identifiziert wurden. Rosa wird manchmal auch rot (red, Wolda. *Rot*, Boettger) oder *rose* (Lamotte) genannt. Im Feld ist es

manchmal schwierig die Farben hellrosa (pale pink) und blassrosa (faint pink) auseinander zu halten. Deswegen ist es besser, die Schnecken nur in braun, rosa oder gelb einzuteilen. Die Allele, welche innerhalb der Kategorien vorkommen, sind sicher von Region zu Region sehr unterschiedlich. Bei Problemen, die drei Grundfarben auseinander zu halten, hat es sich bewährt, das Periostracum (äussere Schutzschicht der Schale) des Häuschens in der Nähe des Umbilicus (Nabel, befindet sich unter dem Gehäuse am Rand der Lippe) etwas abzuschaben und die Schalenfarbe darunter anzuschauen. Braune Schnecken haben in der Regel einen violetten Farbton, rosafarbene sind auch dort rosa und bei gelben kommt ein anderer Gelbton zum Vorschein.

Die Genetik der braunen Varianten ist noch nicht abschliessend bekannt. In weiten Teilen Grossbritanniens lebt ein dunkelbrauner Phänotyp, der fast immer Bänderlos ist. Die Erklärung dafür ist nicht bekannt (Epistase? Metabolische Inkompatibilität?), aber das heisst, dass die Häufigkeit der Bandmuster nur für Rosa und Gelb bestimmt werden muss. Manche Populationen, besonders Irland, haben hellbraune oder blassbraune Individuen mit normalem Bandmuster. Diese können sehr schwer von rosafarbenen unterschieden werden (siehe Clarke, Diver & Murray, 1967). In allen drei Farbtonkategorien gibt es eine Variabilität in der Sättigung der Farbe, was in extremen Fällen bis zu fast weissen Schalen führen kann; diese zeigen ein konvergentes Aussehen (und es ist möglich, dass sehr blasses braun über dunkles rosa dominant ist, was das Gegenteil der üblichen Beziehung zwischen den Hauptfarbklassen ist). In den meisten Regionen sollte es mit frischem Material aber keine Probleme geben. Gelagerte Schneckenhäuschen verblassen mit der Zeit.

F. Gekoppelte Gene

Cepaea wächst bis zu einer bestimmten Grösse, dann wird die Lippe am Häuschenrand gebaut. Es ist natürlich anzunehmen, dass die Geschlechtsreife zu diesem Zeitpunkt erreicht wird. Wenn die Tiere beginnen sich fortzupflanzen werden Spermatophoren ausgetauscht bevor die Eier reif sind und es ist möglich, dass dieser Austausch schon stattfindet bevor die Lippe voll entwickelt ist. Spermien können gelagert werden, so dass die Nachkommen von mehr als einem Partner abstammen können. Diese Fakten könnten einen Einfluss auf manche Studien gehabt haben aus denen die Resultate über gekoppelte Gene stammen. Am meisten Informationen liegen vor über die Kopplung zwischen Grundfarbe und Bänderung. Versuche, in denen 1094 Nachkommen analysiert wurden ergaben eine Crossover Rate von 0.0021 ± 0.0015. Dies ergibt einen oberen 95% Vertrauensintervall von 0.5% (Cook & King, 1966). Drei Kreuzungsversuche, der eine publiziert durch Fisher & Diver (1934) und die zwei anderen durch Cain *et al*. (1960), ergeben ein ganz anders Resultat mit 20% Crossing over. Alle Autoren wären wahrscheinlich entrüstet, wenn ihre Aufzuchtsmethoden in Frage gestellt würden. Entweder es ist etwas schief gelaufen oder es gibt mindestens zwei Wege wie diese Allelen-Paare vererbt werden. Stelfox war in seiner Aufzuchtsmethode vielleicht etwas weniger vorsichtig, ihm war das Problem der Mehrfachpaarung (multiple mating) aber bekannt. Seine Resultate zeigen eine Kopplungsdistanz von weniger als 3% zwischen „punktierte Bänder“ und dem Farbe/Bänderungs-Komplex und ung. 10% zwischen letzterem und dem P-Locus (hyalozonate) (Cook, 1967). Bei neuen Datensammlungen müssen unbedingt die braunen klar von den anderen getrennt werden und die verbleibenden 4 Farb-/Bandklassen separat gezählt werden. Mit oder ohne Mittelband bei rosa- oder gelbfarbenen muss auch untersucht werden als Vergleich für ein gekoppeltes und nicht gekoppeltes Paar. Analysen zu „punktierte Bänder“, „3-Bänder“ (T) und P-Locus wären ebenfalls interessant, auch wenn der letztere ein sehr komplizierter Locus ist.

G. Dominanz und Epistase

In allen ausser zwei Fällen sind die Allele dominant oder rezessiv zueinander. In manchen Kreuzungen der Grundfarbe zeigen Heterozygoten ihren Genotyp an der Spitze (frühes Wachstum) der Schale (Cain *et al*., 1960). Es ist aber nicht praktisch, diese Information beim zählen von wilden Exemplaren zu nutzen. Weiss-lippige Heterozygoten erscheinen heller als braun-lippige Homozygoten (Cain *et al*., 1968) und Beweise aus dem Feld deuten an, dass die Expressivität sehr breit sein kann (Cook, 2003). Ungebändert ist natürlich epistatisch (überdeckend) über alle Gene, die die Bänderung ändern.

Tabelle 1. Loci und Allele von *C. nemoralis*.

Tabelle 1. Loci und Allele von *C. nemoralis*. Modifiziert aus Tabelle 2 aus Murray (1975). Informationen über die Genetik stammen von Cain und Sheppard (1957), Cain, King & Sheppard (1960), Cain, Sheppard & King (1968), Cook (1967, 1969), Darbishire (1905), Lamotte (1951, 1954), Lang (1904, 1908, 1911, 1912), Murray (1963), Stelfox (1918), Wolda (1969). Die Allele sind in der Reihenfolge der abnehmenden Dominanz aufgeführt. Die Dominanzbeziehungen von P^L und P^A sind noch nicht geklärt.

Locus	Beschreibung	Allele	Phänotyp
C	Grundfarbe des Häuschens	C^B	Braun (brown)
		C^{DP}	Dunkelrosa (Dark pink)
		C^{PP}	Hellrosa (Pale pink)
		C^{FP}	Blassrosa (Faint pink)
		C^{DY}	Dunkelgelb (Dark yellow)
		C^{PY}	Hellgelb (Pale yellow)
B	Bänderung	B^0	Ohne Bänder (Unbanded)
		B^B	Mit Bändern (Banded)
I	Punktierte Bänder	I^I	Punktiert (Punctate)
		I^-	Normale Bänder (Unmodified)
S	Ausfliessen der Bänderfarbe	S^S	Ausfliessende Bänder (Spread bands)
		S^-	Normale Bänder (Unmodified)
P	Pigmentation der Bänder und Lippe	P^N	Normale (dunkelbraune) Bänder und Lippe
		P^L	Hellbraune Bänder und Lippe
		P^A	Weisse Lippe und normale Bänder (albolabiate)
		P^T	Weisse Lippe und transparente Bänder (hyalozonate)

Die 5 obigen Loci sind gekoppelt, die unten stehenden sind mit diesen nicht gekoppelt und auch nicht untereinander, soweit die Informationen vorhanden sind.

Locus	Beschreibung	Allele	Phänotyp
U	Unterdrückung Bänder 1, 2, 4, und 5	U^3	Mittelband (Mid-banded, 00300)
		U^-	Normal (Unmodified)
T	Unterdrückung Bänder 1 und 2	T^{345}	Band 1 und 2 unterdrückt (00345)
		T^-	Normal (Unmodified)
D	Hautpigmentierung	D^R	Rötliches Hautpigment

		D^G	Graues Hautpigment
Q	Quantität der Hautpigmentierung	Q^M	Mittelgrau
		Q^P	Sehr hell (gelblich)
R	Dunkler werdende Bänder	R^-	Normal (Unmodified)
		R^D	Bänder werden von Schalenspitze bis Lippe dunkler
O	Orangefarben	O^-	Normal (Unmodified)
		O^O	Orangefarbene Bänder und Lippe

3. Literatur

Kurze Literatur-Liste der zitierten Artikel in der Zusammenfassung von Laurence Cook über die *Cepaea*-Genetik.

Cain, AJ. 1988 The scoring of polymorphic colour and pattern variation and its genetic basis in molluscan shells. *Malacologia* 28, 1-15.
Clarke, B, Diver, C & Murray, J. 1967 Studies on *Cepaea*. VI. The spatial and temporal distribution of phenotypes in a colony of *Cepaea nemoralis* (L.). *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B* 253, 519-548.
Cook, LM. 1967 The genetics of *Cepaea nemoralis*. *Heredity* 22, 379-410.
Cook, LM. 2003 A colony of pale-lipped *Cepaea nemoralis.* J. *Conchol*. 38, 73-78.
Cook, LM & King, JMB. 1966 Some data on the genetics of shell-character polymorphism in the snail *Arianta arbustorum. Genetics* 53, 415-425.
Fisher, RA & Diver, C. 1934 Crossing over in the land snail *Cepaea nemoralis* L. *Nature, Lond*. 133, 834.
Murray, J.1975 The genetics of the Mollusca. In King, RC. (ed.) *Handbook of Genetics. Vol. 3. Invertebrates of genetic interest*. Plenum, New York 3-31.
Taylor, JW. 1914 *Monograph of the land and freshwater Mollusca of the British Isles. Vol. 3. Zonitidae, Endodontidae, Helicidae*. Taylor, Leeds.

4. Evolution MegaLab in der Schulklasse verwenden

Was können wir mit Evolution MegaLab tun?

Das Evolution MegaLab kann auf vielfältige Art genutzt werden. Die Entscheidung liegt bei Ihnen und hängt natürlich unter anderem vom Alter der Schüler ab. In dem Dokument „Informationen für Lehrpersonen“ finden Sie einige Ideen.

Bitte teilen Sie uns Ihre Ideen auf der Internetseite mit und tragen Sie so zum Austausch mit anderen Lehrpersonen bei.