SYSTEMATISCHE DIERKUNDE, OEROUD EN SPRINGLEVEND

door E. Gittenberger

Op 17/1/1986 hield prof. Gittenberger zijn inaugurele rede. Het ligt niet op de weg van het CB de rede in zijn geheel af te drukken. Een belangrijk deel ervan willen wij U echter niet onthouden.

Redactie CB

De systematische dierkunde, of taxonomische zoölogie voor wie aan modernismen de voorkeur geeft, is er niet in de eerste plaats om orde te scheppen in de chaotische veelheid van fossiele en recente vormen van dieren die we op aarde aantreffen. Het gaat om méér dan orde. Het samenstellen van determineertabellen, faunalijsten, nomenklatorische revisies en wat dies meer zij, is een uitermate belangrijk en ook ver buiten het eigen vakgebied relevant deel van het systematisch werk, maar het is geen einddoel. Het gaat er om de talloze levensvormen te registreren, te beschrijven en daarbij te classificeren, onderling met elkaar in verband te brengen, als de resultaten van een historisch proces, als objectieve eenheden, verbonden door objectieve relaties die er zijn onafhankelijk van een waarnemer. De naamgeving, helaas voor sommigen (buiten deze zaal natuurlijk) nog steeds in hoge mate gezichtsbepalend voor de systematiek, komt achteraf, als een zeer belangrijke bijzaak.

Het zal u duidelijk zijn dat er voor mij in feite slechts één systematische dierkunde bestaat, die eventueel, met kanttekeningen, als fylogenetische systematiek zou kunnen worden aangeduid. Bij bijvoorbeeld chemotaxonomie of numerieke taxonomie gaat het niet echt om andere soorten van systematiek, maar slechts om andere methoden om de doelstellingen van het vakgebied te benaderen. Er bestaan alleen uiteenlopende inzichten m.b.t. de mate van nauwkeurigheid waarmee de systematicus de ware gang van zaken kan reconstrueren. Lang niet iedereen zal het met deze, wellicht enigszins provocerende zienswijze eens zijn. Zo zal men tegenwerpen dat zeker de fenetische of numerieke taxonomie wel degelijk eigen ideologieën kent. Laat ik U met een praktijkvoorbeeld proberen duidelijk te maken dat de ware numerieke taxonoom desondanks, uiteindelijk, niet echt blijkt te bestaan: de systematicus dus, die bij zijn werk steeds vele kenmerken gebruikt, die principieel als onderling gelijkwaardig worden beschouwd en waarbij geldt, hoe hoger het aantal overeenkomstige kenmerken, des te nauwer de verwantschap. Eén is geen, is het devies; alleen grote aantallen kenmerken laten conclusies toe.

We moeten nu in gedachten even terug naar het jaar 1965, toen er een nieuwe soort van de Bivalvia, tweekleppige weekdieren, werd beschreven. De beschrijving van Microanadonta regii nam een hele pagina tekst in beslag; een flink aantal kenmerken werd genoemd. Iedereen kon er in eerste instantie vrede mee hebben, al was het jammer dat alleen de schelpkleppen van de nieuwe soort beschreven konden worden; komplete dieren waren aanvankelijk onbekend. Laten we nu de ware gang van zaken even geweld aandoen, en aannemen dat een levend exemplaar van Microanadonta regii bestudeerd zou kunnen worden, tegelijkertijd door wat men noemt een numeriek en een phylogenetisch systematicus. Laten we aannemen dat ze allebei waarnemen hoe de schelpklepjes van het diertje iets uiteenwijken, waarbij er een heel klein stukje van een chitineus pootje zichtbaar wordt, één extra

kenmerk slechts. Wat doen de twee systematici uit ons voorbeeld? Eén van hen zal onmiddellijk concluderen dat Microanadonta volledig verkeerd werd geïnterpreteerd, dat de soort in kwestie niet eens tot de Bivalvia behoort, ja zelfs niet tot de Mollusca (weekdieren), dat we te maken hebben met een vertegenwoordiger van een ander phylum, de Arthropoda (geleedpotigen). Zou de andere systematicus werkelijk durven volhouden, één is geen, één kenmerk is niet genoeg, alle kenmerken die we krijgen voorgeschoteld zijn gelijkwaardig. Het lijkt me weinig waarschijnlijk. De ware, consequente, numerieke taxonoom komt in de praktijk niet voor. Dat betekent overigens zeer bepaald niet, dat we de onder het label numerieke taxonomie ontwikkelde methoden achteloos ter zijde kunnen schuiven. Integendeel, de mathematische analyse van grote aantallen gegevens kan tot zeer belangrijke resultaten leiden, die op een andere manier niet geboekt zouden kunnen worden. De systematicus heeft een vrijwel ondoenlijke taak voor zich, wanneer hij zich ten doel stelt om alle levensvormen objectief te classificeren, op basis dus van hun natuurlijke verwantschap. Hij mag best op sommige punten voorlopig met wat minder enigszins tevreden zijn, en bijvoorbeeld genoegen nemen met een indeling van bepaalde soortengroepen op basis van de mate van overeenkomst, zonder meer, bij gebrek aan beter. Over dat beter zou ik nu nog iets meer willen zeggen.

Zoals we gezien hebben kan men als systematicus onmogelijk volhouden dat alle kenmerken gelijkwaardig zijn. De vraag wat als kenmerk kan gelden, laten we daarbij maar rusten. Er is nóg een reden om te stellen dat men het percentage overeenkomstige kenmerken tussen bijvoorbeeld diersoorten, niet zonder meer mag gebruiken als een maat voor meer of minder nauwe verwantschap. Iets van de inzichten die achter deze opmerking schuil gaan, kan nog worden aangestipt. Daarbij moet de naam Hennig genoemd worden. Zonder in feite uitzonderlijk origineel te zijn, heeft Hennig door de publicatie, in 1966, van zijn 'Phylogenetic systematics' meer dan wie ook in de tweede helft van deze eeuw bijgedragen tot de ontwikkeling van superieure methoden binnen de systematiek. Eén van de kernpunten in het boek is de stelling dat er bij het voorkomen van overeenkomstige kenmerken bij verschillende soorten, drie mogelijkheden zijn. De overeenkomst kan berusten op convergentie, het algemeen voorkomende verschijnsel dat bepaalde structuren onafhankelijk van elkaar meer dan eens in de loop der evolutie ontstaan. Denkt U aan de schelpklepjes bij tweekleppige weekdieren en, vrijwel identiek, bij de genoemde Microanadonta, een kreeftachtig diertje. Convergentie kan tot grote vergissingen leiden als men haar niet doorziet. Overeenkomst op basis van convergentie is al lang bekend. Als voorbeeld worden vaak de vleugels van vogels en vleermuizen, of de uitwendige vorm van in zee levende zoogdieren en vissen genoemd. Als er geen convergentie in het spel is, is het bezit van een overeenkomstig kenmerk terug te voeren op het afstammen van een gemeenschappelijke voorouder, die het betreffende kenmerk ook bezat. Daarmee is evenwel niet alles gezegd. In geval van overeenkomst op basis van afstamming moeten er twee wezenlijk verschillende categorieën worden onderscheiden. Laat ik proberen U enigszins een indruk te geven waar het bij dit kernpunt uit Hennig's werk om gaat. Alle vogels hebben veren. Het bezit van veren kan men zien als een afgeleid kenmerk: eerst waren er alleen uiteenlopende reptielachtige dieren met schubben op de huid. Bij een ons onbekende soort, X, ontwikkelden zich uit schubben structuren die uiteindelijk tot de zo succesvolle veren evolueerden. Alle van soort X afstammende soorten, met veren dus, vormen de vogels, een objectieve, historische, natuurlijke eenheid. Het gezamenlijk bezit van een afgeleid kenmerk, veren in plaats van schubben, karakteriseert deze eenheid. Wanneer we een groep formeren op basis van een gemeenschappelijk oorspronkelijk kenmerk, het bezit van schubben in ons voorbeeld, ontstaat er een anderssoortige groepering. We mogen een soort Y postuleren, die als

eerste een schubachtige structuur ontwikkelde. Het valt vervolgens op dat alle diersoorten met schubben, niet al de diersoorten zijn die van Y afstammen. De vogels, met veren, stammen óók van Y af. Kort samengevat: een indeling op basis van een afgeleid kenmerk (zoals veren) levert een komplete groep op (alle nakomelingen van X); bij een classificatie op basis van een oorspronkelijk kenmerk (zoals schubben) krijgen we een inkomplete verzameling (een deel van de nakomelingen van Y).

Het zou vervelend worden om nog verder te proberen Hennig's omvangrijke werk en de nog weer later gepubliceerde theoretische literatuur in enkele minuten samen te vatten. Waar het op aan komt is, dat de systematiek gedurende de afgelopen 20 jaar een zeer wezenlijke stap vooruit gedaan heeft. Opmerkelijk, voor één van de oudste richtingen binnen de biologie. De systematicus van nu heeft de mogelijkheid om beter dan voorheen de resultaten van zijn werk op een bepaalde wijze te presenteren. Dat betekent ook dat onzekerheden en speculaties onverhuld naar voren komen, wat een voordeel is. Daarnaast is het nog duidelijker geworden dat zinnige uitspraken aangaande de afstamming van bepaalde groepen van organismen wel degelijk mogelijk kunnen zijn, óók als men geen fossiele voorouders kent. Dit alles brengt met zich mee dat er voor de systematicus heel wat te doen valt, al was het alleen maar om de modernere inzichten meer algemeen bekendheid te geven.

Een fraaie illustratie van de denkfout aangaande de relatie tussen mate van overeenkomst en mate van verwantschap trof ik aan op 5 september 1985 in een bekend Nederlands dagblad, kennelijk nieuw en uitgegeven te Rotterdam. In de enigszins eufore nabespreking van een biochemie congres, gehouden te Amsterdam, konden we lezen: 'Steeds vaker grijpen systematici naar biochemische hulpmiddelen om de mate van verwantschap van dieren en planten vast te stellen. In tegenstelling tot de klassieke vergelijkingen, waarbij de vorm, de ontwikkeling en het gedrag van verwante dieren met elkaar werden vergeleken, bieden de biochemische technieken een kwantitatieve maat.' Hier past een kritisch geluid. Er is namelijk geen sprake van een tegenstelling. De kenmerken, eigenschappen zo U wilt, van macromoleculen moeten net zo geanalyseerd worden als meer alledaagse kenmerken. We moeten ook daarbij uiteraard een verschil maken tussen oorspronkelijke en afgeleide kenmerken,. en beducht zijn voor convergentie, willen we tot een zinvolle classificatie kunnen komen.

'Moderne handboeken over evolutieleer besteden meer ruimte aan de moleculaire evolutie dan aan de evolutie van organen, diergroepen of de afstamming van de mens,' ook dat kon men lezen in het zojuist genoemde kranteartikel. De opmerking maakt in de eerste plaats duidelijk wat de auteur als een modern handboek beschouwt. Daarnaast kunnen we er een voorbeeld in zien van een ongewenst modern reductionisme. Men kan de evolutieprocessen niet reduceren tot biochemische wetmatigheden en processen. Wie de ondergang van de dinosauriërs, en de daaropvolgende ontwikkeling van de zoogdieren, meent te kunnen beschrijven op het niveau van de macromoleculen, zou wel eens te optimistisch kunnen zijn. Ook zeer veel kleinschaliger evolutieprocessen kunnen lang niet altijd in biochemische termen afdoende beschreven worden. Het ontstaan van twee of meer soorten uit één voorouderlijke soort, is een voorbeeld van zo'n proces, dat bovendien van groot belang is voor de systematicus.

Er is geen reden om aan te nemen dat de grenzen tussen enerzijds soorten en anderzijds variaties binnen één soort zich scherper zouden gaan aftekenen, zodra men ter karakterisering van de betreffende eenheden ook de kenmerken van hun macromoleculen gaat gebruiken. Individuen die tot verschillende soorten behoren zullen per definitie onder natuurlijke omstandigheden geen gezamenlijke nakomelingen produceren. De ervaring leert dat het al dan niet bestaan van deze zogenaamde reproductieve isolatie lang niet altijd uit biochemische gegevens valt af te leiden. Eén mutatie kan bij landslakken een ommekeer in de windingsrichting van het huisje en het dier daarin veroorzaken, met als consequentie

dat de mutant reproductief geïsoleerd is van zijn ouders, zonder daarvan wezenlijk biochemisch te verschillen. Het voorbeeld is extreem, en wat slordig gebracht, maar het maakt het principe duidelijk. De biochemie geeft niet het laatste antwoord aan de systematicus, we hebben geen wondermiddel binnen handbereik.