



Leopoldina  
Nationale Akademie  
der Wissenschaften

Juni 2014 | Stellungnahme

# Herausforderungen und Chancen der integrativen Taxonomie für Forschung und Gesellschaft

Taxonomische Forschung im Zeitalter der *OMICS*-Technologien

OMICS

**OMICS-Technologien** bezeichnen Hochdurchsatzmethoden zur vollständigen Erfassung molekularbiologischer Informationen. Mit Hilfe von Hochdurchsatzmethoden werden innerhalb kürzester Zeit große Datenmengen erzeugt, die in Datenbanken abgelegt und mit bioinformatischen Werkzeugen analysiert werden. Der Begriff leitet sich aus dem gemeinsamen Suffix der einzelnen technologiegetriebenen Forschungsgebiete ab: Die Erfassung der gesamten genetischen Information eines Organismus wird als Gen*OMICS* bezeichnet, die Erfassung der Gesamtheit der vorliegenden RNA-Moleküle als Transcript*OMICS* und die der in den Zellen vorhandenen Proteine entsprechend Prote*OMICS* usw.

## Impressum

### Herausgeber:

Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina e.V.  
– Nationale Akademie der Wissenschaften –  
Geschäftsstelle: Jägerberg 1, 06108 Halle (Saale)  
Berliner Büro: Reinhardtstraße 14, 10117 Berlin

### Redaktion:

Dr. Henning Steinicke

### Gestaltung und Satz:

unicommunication.de, Berlin

### Druck:

mediabogen  
Fiedler-Nöschel GbR  
Marienburger Straße 16  
10405 Berlin

### Lektorat:

Sebastian Tilch

### Titelbild:

Sisters of Design, Halle/Saale; Dr. Carsten Lüter und Thomas Schmidt-Dankward, Berlin;  
Dr. Ramon Rossello-Mora, Esporles

### Auflage:

3000

**ISBN: 978-3-8047-3281-0**

### Zitiervorschlag:

Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina, 2014: Herausforderungen und Chancen der integrativen Taxonomie für Forschung und Gesellschaft – Taxonomische Forschung im Zeitalter der *OMICS*-Technologien. Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina e.V. Nationale Akademie der Wissenschaften. Halle/Saale, 56 Seiten.

### Bibliographische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie, detaillierte bibliografische Daten sind im Internet unter <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

# Herausforderungen und Chancen der integrativen Taxonomie für Forschung und Gesellschaft

Taxonomische Forschung im Zeitalter der *OMICS*-Technologien



## Vorwort

Die Beschreibung und Klassifikation der uns umgebenden Vielfalt der Arten stehen am Beginn der wissenschaftlichen Erforschung des Lebendigen. Als Carl von Linné 1735 seine Schrift *Systema Naturae* veröffentlichte, löste er mit seinen Ideen für eine neuartige Ordnung der Natur eine Revolution aus, die insbesondere die Biologie lange Zeit prägte. Knapp 280 Jahre später liefert die Taxonomie, also die Lehre von der Erfassung, Beschreibung und Klassifikation der biologischen Vielfalt, wichtige Grundlagen für nahezu alle lebenswissenschaftlichen Forschungsbereiche.

Die Taxonomie erlebt heutzutage erneut tiefgreifende Veränderungen. Sie setzt moderne Hochdurchsatzanalysen für molekulare Informationen ein und erweitert dadurch in einem nie dagewesenen Maße das Verständnis bisher verborgener komplexer Zusammenhänge in unserer Umwelt. Eine moderne taxonomische Wissenschaft ist im Entstehen begriffen, die mehr als je zuvor einen integrativen Charakter hat. Diese Veränderungen bringen allerdings auch große Herausforderungen mit sich, denen sich Wissenschaft und Gesellschaft stellen müssen, um das vorhandene Potenzial der modernen taxonomischen Forschung voll auszuschöpfen.

Die Leopoldina legt in der vorliegenden Stellungnahme eine Analyse der taxonomischen Forschung in Deutschland vor und macht Vorschläge, wie sie im internationalen Kontext ihre Spitzenstellung behaupten kann. Diese Empfehlungen richten sich einerseits an Politiker und Forschungsförderer, beinhalten aber auch Ideen, wie die wissenschaftliche Gemeinschaft selbst die integrative Taxonomie zukünftig angemessen stärken und nachhaltig weiterentwickeln kann.

Juni 2014



*Prof. Dr. Jörg Hacker*

Präsident

Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina

# Inhalt

	Zusammenfassung.....	6
	Empfehlungen.....	7
<b>1</b>	<b>Einleitung.....</b>	<b>9</b>
	1.1 Die Taxonomie in der Forschung.....	10
	1.2 Taxonomie im 21. Jahrhundert.....	13
<b>2</b>	<b>Chancen und Herausforderungen für die integrative Taxonomie.....</b>	<b>17</b>
	2.1 Beschreibung aller Arten Mitteleuropas zum Schutz der Biodiversität und für ökologische Grundlagenforschung.....	18
	2.2 Deutsche Taxonomie im internationalen Kontext: Sammlungsrevision in enger Zusammenarbeit.....	22
	2.3 Taxonomie auf der Zeitachse: Paläo <i>OMICS</i> und Globaler Wandel .....	26
	2.4 Taxonomie für die Lebenswissenschaften.....	29
<b>3</b>	<b>Neue Organisationsformen für die integrative Taxonomie....</b>	<b>34</b>
	3.1 „Schools of Taxonomy“ .....	35
	3.2 Kompetenznetzwerk für Taxonomie.....	36
	3.2.1 Datenlangzeitspeicherung, -archivierung und -zugänglichkeit.....	37
	3.2.2 Open Access für taxonomische Daten.....	38
	3.2.3 Standardisierungsprozesse.....	39
	3.2.4 Qualitätssicherung für Gutachten und weitere Serviceleistungen der Taxonomie.....	39
	3.3 Artbeschreibung im Hochdurchsatz.....	40

<b>4</b>	<b>Dynamische Weiterentwicklung der Klassifizierung und Benennung von Organismen.....</b>	<b>42</b>
4.1	Integrative Standards für Artbeschreibungen.....	43
4.2	Genomische Marker – Parameter für die Beschreibung von Arten.....	44
<b>5</b>	<b>Glossar.....</b>	<b>46</b>
<b>6</b>	<b>Methodik.....</b>	<b>50</b>
6.1	Anlass, Mandat und Entstehung der Stellungnahme.....	50
6.2	Mitwirkende der Arbeitsgruppe.....	51
6.3	Zu Einzelaspekten gehörte Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler.....	52
6.4	Gutachter dieser Stellungnahme.....	52
6.5	Danksagung.....	52
6.6	Vorträge der Themenworkshops.....	53

## Zusammenfassung

Die Taxonomie, die Wissenschaft der Identifizierung, Beschreibung und Klassifizierung von Lebewesen, erlebt derzeit eine technologische Revolution. Die rasante Entwicklung von molekularbiologischen Hochdurchsatzmethoden, den sogenannten *OMICS*-Methoden zur Sequenzierung und Analyse von Erbinformation, Proteinen und Stoffwechselprodukten, eröffnet den Biowissenschaften völlig neue Dimensionen. Das hohe Tempo, in dem heute diese Daten, aber auch phänotypische Artmerkmale automatisiert erstellt werden können, lässt das große Ziel der Taxonomie, die gesamte biologische Vielfalt der Erde zu erfassen, in greifbare Nähe rücken.

Mit den molekularbiologischen Möglichkeiten wächst auch die Bedeutung dieser integrativen Taxonomie erheblich – für die Grundlagenforschung, aber auch für die Beantwortung gesellschaftspolitischer Fragen. Bisher kennen wir ca. 1,8 Millionen Arten. Dabei hängt unsere Existenz maßgeblich von dieser Vielfalt ab. Nahrungsmittel, Medikamente, aber auch sauberes Trinkwasser und fruchtbare Böden sind das Werk von Lebewesen. Gleichzeitig verschwinden tagtäglich Arten unwiederbringlich. Wie viele es sind und welches Potenzial uns damit verloren geht, ist bisher kaum zu erfassen. Dies ist eine wichtige Aufgabe der Taxonomie.

Die deutschen taxonomisch forschenden Institute an den Universitäten, aber besonders auch den großen Naturkundemuseen und Staatssammlungen sind bereits wichtige Knotenpunkte der internationalen Forschung. Hier lagert mit Millionen von Objekten, die zum Teil vor über 300 Jahren gesammelt wurden,

ein Naturkapital von unschätzbarem Wert. Diese Institutionen gehören zu den weltweit umfangreichsten Sammlungen der bekannten globalen Biodiversität und bergen wesentliche Informationen zur Beantwortung aktueller wissenschaftlicher Fragen verschiedenster Disziplinen. Sie dienen als Referenz bei der Frage, wie sich die Artenvielfalt durch Phänomene, wie etwa den Klimawandel verändert, sind aber auch ein Fundus für neue Wirkstoffe.

Auch über Forschungsfragen hinaus setzen internationale politische Schutzverpflichtungen den Zugang zu taxonomischen Daten voraus. Hierzu gehören neben anderen das Übereinkommen über den Schutz der biologischen Vielfalt auf UN-Ebene (CBD), die Nationale Biodiversitätsstrategie (NBS) und das Washingtoner Artenschutzabkommen (CITES). Denn aussagekräftiges Monitoring und Modelle zur Entwicklung unserer Ökosysteme sind nur mit der nötigen Artenkenntnis und mit Hilfe taxonomischer Methoden möglich; und durch Vergleiche mit der Vergangenheit. Hierfür haben sich die Sammlungen der Mammutaufgabe verschrieben, unter Einsatz modernster Technik, wie 3-D-Scannern, ihre Objekte in eine digitale Datenform zu überführen und in offenen Online-Datenbanken der Forschung in aller Welt zur Verfügung zu stellen. Die Kenntnis klassischer Methoden zur Beschreibung und Klassifizierung ist dabei ebenso wichtig wie die Anwendungen moderner *OMICS*-Methoden.

Die Voraussetzungen für unsere Taxonomie sind also gut, in der aktuellen Umbruchphase eine international anerkannte Führungsposition zu erlangen.

Dazu passt es gar nicht, dass die taxonomische Ausbildung und Forschung an den Universitäten in den vergangenen Jahrzehnten immer mehr zurückgefahren wurden. Gerade in der jetzigen Phase des technologischen Entwicklungssprungs, den die Taxonomie durch die *OMICS*-Methoden erfährt, gilt es, die bestehenden Einrichtungen und Organi-

sationsformen den neuen Anforderungen anzupassen. Eine bessere Vernetzung von universitärer und außeruniversitärer Forschung und Lehre sowie die gezielte Vermittlung und Anwendung von *OMICS*-Methoden schafft die Voraussetzung für eine Hauptrolle deutscher Forschungseinrichtungen bei der Erfassung der globalen Artenvielfalt.

## Empfehlungen

### **Verbesserte Einbindung taxonomischer Expertise in Wissenschaft und Gesellschaft:**

Über die letzten Jahrzehnte hat sich die taxonomische Forschung in Deutschland zunehmend von den Universitäten an die großen Naturkundemuseen und Staatssammlungen verlagert, mit negativen Auswirkungen besonders im Bereich der Lehre. Die Arbeitsgruppe „Integrative Taxonomie“ der Leopoldina sieht in der *OMICS*-Revolution der Lebenswissenschaften die Chance, diese Tendenz umzukehren und durch eine bessere Einbindung der Taxonomie den Wissenschafts- und Wirtschaftsstandort Deutschland zu stärken. Hierfür bedarf es gemeinsamer Anstrengungen der Universitäten und der außeruniversitären Forschungseinrichtungen, von Forschungspolitikern und -förderern sowie der Gesellschaft. Taxonomie ist die Voraussetzung für Artenschutz und die nachhaltige Entwicklung unserer Umwelt.

### **Reform der Taxonomie durch Schwerpunktsetzung, Vernetzung, Stärkung der Ausbildung, Aufbau von Forschungsinfrastruktur und Internationalisierung:**

Eine Verbesserung der nationalen Kapazität und Leistungsfähigkeit kann durch die folgenden fünf Maßnahmen erreicht werden:

#### **1. Schwerpunktsetzung an einzelnen Standorten:**

An geeigneten Standorten sollten Universitäten die integrative Taxonomie in Forschung und Lehre fördern und hierbei verstärkt auf die Kooperation mit außeruniversitären Einrichtungen setzen.

#### **2. Schaffung eines Kompetenznetzwerkes für integrative Taxonomie:**

Die taxonomischen Kompetenzen universitärer und außeruniversitärer Einrichtungen Deutschlands sollten in einem „Kompetenznetzwerk Integrative Taxonomie“ verknüpft werden. Das Netzwerk sollte als direkter Ansprechpartner für Politik und Gesellschaft dienen, Forschungsschwerpunkte koordiniert identifizieren und Standardisierungsprozesse auf nationaler und internationaler Ebene mitgestalten.

#### **3. Einrichtung von „Schools of Taxonomy“:**

An den Schwerpunktstandorten sollten international ausgerichtete „Schools of Taxonomy“ mit kombinierten Master- und Promotionsstudiengängen in integrativer Taxonomie unter Einbeziehung der *OMICS*-Technologien eingerichtet werden.

#### 4. Aufbau international wettbewerbsfähiger Forschungsinfrastrukturen:

An Schwerpunktstandorten (z. B. Berlin, Bonn, Frankfurt, München; für Mikroorganismen Braunschweig) sollten schon bestehende *OMICS*-Einrichtungen in den Forschungsmuseen bzw. Staatssammlungen weiter ausgebaut und der universitären Forschung vor Ort sowie Forschungssammlungen und Universitäten an anderen Orten zugänglich gemacht werden.

#### 5. Internationale Vernetzung:

Eine integrative Taxonomie auf modernstem methodischen und technischen Stand fördert den internationalen Austausch taxonomischer Daten im Rahmen interdisziplinärer Forschungsfragen. Das hohe Engagement Deutschlands im UN-Weltbiodiversitätsrat (IPBES) und in internationalen Projekten zur Erfassung der Artenvielfalt und der Verfügbarmachung von Biodiversitätsdaten (GBIF) sollte beibehalten werden.

#### Archivierung und Verarbeitung von Daten:

Die dauerhafte Sicherung und Bereitstellung von taxonomischer Information ist eine zentrale Aufgabe. Eine Dachstruktur könnte die bisher existierenden dezentralen Dateninfrastrukturen stützen und virtuell zusammenführen, ihre Vernetzung und Interoperabilität optimieren und die internationale Kompatibilität sicherstellen.

#### Open Access für die Taxonomie:

Das Kompetenznetzwerk für integrative Taxonomie sollte aktiv dazu beitragen, taxonomische Informationen international in noch höherem Maße frei verfügbar zu machen. An den Schwerpunktstandorten bestehende Fachzeitschriften sollen in den Open-Access-Standard überführt werden. Es gilt unter Beibehaltung der Qualitätsstandards, aktuelle wie ältere Artbeschreibungen möglichst kostengünstig oder kostenfrei verfügbar zu machen.

### Empfohlene Forschungsprojekte

#### Beschreibung aller Arten Mitteleuropas:

Wir kennen selbst in Deutschland nicht in vollem Umfang die biologische Vielfalt. Die Beschreibung aller in Mitteleuropa vorkommenden Arten sollte ein gesellschaftliches Ziel sein, da wir nur so Veränderungen vollständig messen und verstehen können. Hierbei sollten Algen, Pilze, Einzeller und Mikroorganismen mitberücksichtigt werden, auch weil diese eine wichtige Rolle bei Umweltanpassungen und Artbildung von Pflanzen und Tieren spielen. Das vom Bund geförderte GBOL Projekt („German Barcode of Life“) ist hierfür ein Beginn. Für eine derart umfangreiche Aufgabe muss der Beschreibungsprozess durch Automatisierung signifikant beschleunigt werden.

#### Innenrevision von Sammlungen:

Die Sammlungsbestände in den Museen stellen ein Datenarchiv mit unschätzbarem Wert für eine Vielzahl interdisziplinärer Forschungsfragen dar. Dafür müssen sie möglichst vollständig erschlossen, katalogisiert, digitalisiert und verfügbar gemacht werden. Die deutschen Forschungssammlungen sollen in die Lage versetzt werden, ihre Sammlungen nach den Standards der integrativen Taxonomie aufzuarbeiten.

#### Weiterentwicklung der Taxonomie:

Mit der Anwendung sequenzbasierter *OMICS*-Methoden werden historisch gewachsene Abgrenzungen der taxonomischen Teildisziplinen zu Pflanzen, Tieren, Algen, Pilzen, Einzellern und Mikroorganismen überwunden. Auch nähert sich damit die Taxonomie wieder den anderen Teildisziplinen der Biologie an. Empfohlen wird die Erarbeitung *OMICS*-basierter Standards. Die internationalen Nomenklatur-Regeln, welche die Namensgebung in der Taxonomie regeln, sollten zunehmend organismenübergreifend angepasst werden. So sollen sie den Bedürfnissen der integrativen Taxonomie gerecht werden.

# 1 Einleitung

Die enorme Artenvielfalt unseres Planeten ist das faszinierende Ergebnis jahrmillionenlanger evolutionsbiologischer Prozesse, die das Leben auf der Erde formten. Diese Biodiversität stellt schon für sich allein einen riesigen Schatz dar. Die Erhaltung und nachhaltige Nutzung dieser biologischen Vielfalt ist daher nicht nur von hoher wissenschaftlicher, wirtschaftlicher und gesellschaftspolitischer Relevanz, sie sind auch unsere ethische Pflicht. Voraussetzung dafür ist die taxonomische Erfassung dieses Schatzes.

**Taxonomie** ist die Wissenschaft von den biologischen Arten und damit eine grundlegende Teildisziplin der Biologie. Taxonominnen und Taxonomen erfassen, beschreiben und klassifizieren Arten, sie vergleichen Merkmale, um Arten zu benennen und nach ihren natürlichen Verwandtschaftsbeziehungen zu katalogisieren. Solche Klassifizierungen bilden eine der wichtigsten Grundlagen der Lebenswissenschaften.

**Integrative Taxonomie** verfolgt einen multidisziplinären Ansatz und vereint die klassischen Methoden der taxonomischen Forschung unter anderem mit den molekularen *OMICS*-Technologien.

Die Taxonomie ist die Wissenschaft zur Erfassung, Beschreibung und Klassifizierung der biologischen Artenvielfalt.<sup>1</sup> Neue Methoden und Ansätze aus dem Bereich der *OMICS*-Technologien ermöglichen nun einen Quantensprung in der Erforschung der Artenvielfalt – von der Lebensgemeinschaft bis zur molekularen Ebene.

**OMICS-Technologien** bezeichnen Hochdurchsatzmethoden zur vollständigen Erfassung molekularbiologischer Informationen. Mit Hilfe von Hochdurchsatzmethoden werden innerhalb kürzester Zeit große Datenmengen erzeugt, die in Datenbanken abgelegt und mit bioinformatischen Werkzeugen analysiert werden. Der Begriff leitet sich aus dem gemeinsamen Suffix der einzelnen technologiegetriebenen Forschungsgebiete ab. Im aktuellen Fokus der Forschung stehen vier große *OMICS*-Technologien: Die Erfassung der gesamten genetischen Information eines Organismus wird als Gen*OMICS* bezeichnet, die Erfassung der Gesamtheit der vorliegenden RNA-Moleküle als Transcript*OMICS* und die der in den Zellen vorhandenen Proteine entsprechend Prote*OMICS*. Schließlich erfassen Metabol*OMICS* die vorliegenden Stoffwechselprodukte einer Zelle, eines Gewebes oder sogar eines Organismus.

Die Taxonomie befindet sich durch die *OMICS*-Revolution in einer Aufbruchphase. Sie stellt sowohl die Lösung wichtiger biologischer, medizinischer oder landwirtschaftlicher Fragestellungen als auch eine effiziente und präzise Umweltbeobachtung in Aussicht, die zur Erreichung der gesetzten Ziele der UN-Biodiversitätskonvention (CBD) oder Anforderungen zwischenstaatlicher Vereinbarungen notwendig ist. Hier gilt es, die aktuellen Chancen zu nutzen und eine internationale Vorreiterrolle zu übernehmen. Die *OMICS*-Technologien wirken darüber hinaus auch integrativ und verknüpfen weite Teile der Lebenswissenschaften, indem sie über unterschiedliche Methoden gewachsene Abgrenzungen verschiedener Disziplinen überwinden.

<sup>1</sup> Lohrmann V, Vohland K, Ohl M, Häuser C (Hrsg.). 2012. Taxonomische Forschung in Deutschland – Eine Übersichtsstudie. Museum für Naturkunde Berlin, 122 S. Abrufbar unter: <http://www.biodiversity.de/images/stories/Downloads/taxo-studie-2012.pdf>, aufgerufen am 01.06.2012.

### Internationale Verpflichtungen – Taxonomie im politischen Umfeld

Mit der Unterzeichnung des Übereinkommens über den Schutz der biologischen Vielfalt der Vereinten Nationen (Convention on Biological Diversity **CBD**, ab Dezember 1993) hat die Bundesrepublik Deutschland sich verpflichtet, die Komponenten der Biologischen Vielfalt zu identifizieren, Veränderungen durch regelmäßige Probenanalysen zu registrieren (Monitoring) und den Artenverlust aufzuhalten. Die Ziele sind in der „Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt“ verankert. Die Erkenntnisse der Taxonomie sind hierfür die Basis.

Das **Nagoya-Protokoll** der CBD (Oktober 2010) regelt den völkerrechtlichen Rahmen für den Zugang zu genetischen Ressourcen und den gerechten Vorteilsausgleich zwischen Ursprungsländern und Nutzern. Die Identifizierung genetischer Ressourcen erfordert taxonomische Forschung.

**IPBES** (Intergovernmental Platform on Biodiversity and Ecosystem Services), auch Weltbiodiversitätsrat genannt, hat seinen Sitz in Bonn. Der Rat soll, ähnlich dem Weltklimarat, Zustandsberichte und Prognosen zur Entwicklung der Biodiversität erarbeiten. IPBES ist dringend auf Daten der Taxonomie angewiesen.

### 1.1 Die Taxonomie in der Forschung

Von der globalen Artenvielfalt der Bakterien, Pilze, Algen, Einzeller, Pflanzen und Tiere ist bisher nur ein kleiner Teil wissenschaftlich entdeckt und beschrieben worden. Das Verschwinden von Arten zu dokumentieren und zu verstehen, ist aus diesem Grund derzeit nur für diesen bekannten Teil der Biodiversität möglich. Die **OMICS-Technologien** haben hierbei zu einer deutlichen Verbesserung der Dokumentierbarkeit und des Verständnisses beigetragen.

Vermutlich kennen wir nur einen Bruchteil der Krankheitserreger und unsere Kenntnis dieser so genannten Pathogene ist meist auf den Menschen und z. T. Nutzpflanzen bzw. -tiere beschränkt. Bedenkt man jedoch, dass viele epidemiologische Ereignisse auf noch unbekannte Pathogene zurückgeführt werden konnten, wird die Bedeutung einer umfassenderen Analyse der mikrobiellen Diversität deutlich. Eine genauere Kenntnis der

**Abbildung 1:** Die integrative Taxonomie ist in vielen Bereichen des täglichen Lebens präsent. Die Abbildung zeigt die Relevanz der integrativen Taxonomie im Kontext von Forschung, Anwendung, Naturschutz und Öffentlichkeit. Die mit einem \* gekennzeichneten Disziplinen repräsentieren zusammengefasst die Biodiversitätsforschung. Grafik: Sonja Kreft und Carsten Lüter (Museum für Naturkunde Berlin).



Krankheitserreger, aber auch ihrer Zwischenwirte, eröffnet neue Möglichkeiten der Früherkennung und verbessert die Abschätzung von Gefahrenpotentialen. Die Fortschritte in der Genomsequenzierung und in bioinformatischen Ansätzen ermöglichen eine schnellere und genauere taxonomische Einordnung für Mikroorganismen.

Im Bereich der Infektionsmedizin können Ergebnisse taxonomischer Forschung direkten Einfluss auf die Diagnostik und Patientenbehandlung haben. Ein Beispiel sind Amöben, die im Darm schwere blutige Durchfälle (Amöbenruhr) und lebensbedrohliche Komplikationen (Amöbenleberabszesse) auslösen, sich in vielen Fällen aber auch völlig symptomlos ansiedeln können. In den 1990er Jahren gelang es, die morphologisch (am äußeren Erscheinungsbild) nicht differenzierbare Amöbenart *Entamoeba histolytica* mit molekularbiologischen Methoden in zwei Spezies zu unterteilen. Von diesen Arten ist eine, *Entamoeba histolytica*, humanpathogen und für die beschriebenen Erkrankungen verantwortlich, während die zweite Art, *Entamoeba dispar*, keine Erkrankungen auslöst. Auf dieser Basis konnten diagnostische Verfahren entwickelt werden, die es jetzt erlauben, gezielt nur die pathogene Art zu behandeln. Dieses Forschungsergebnis erspart jedes Jahr vielen Tausenden von Patienten eine belastende Therapie (siehe auch Beispiel *Aspergillus*, S. 15).

Die Genomanalyse gewinnt in Biologie und Medizin kontinuierlich an Bedeutung. Es entsteht ein neues Verständnis von Evolutionsprozessen, insbesondere auch zur Frage, wie Arten entstehen und warum sie sich unterscheiden. Gene verändern und vervielfachen sich im Laufe der Zeit, was beispielsweise zu neuen Strukturen, wie etwa Flügeln bei Insekten oder zu Anpassungen wie Antibiotika-Resistenzen bei Bakterien führen kann.

Mit Hilfe vergleichender Genomanalysen konnte die Geschichte der Assoziation von Krankheitserregern mit dem Menschen detailliert analysiert werden. Besonders prominente Beispiele hierfür sind *Yersinia pestis*, der Erreger der Pest („Schwarzer Tod“),<sup>2</sup> das krebserregende Magenbakterium *Helicobacter pylori* oder der Tuberkulose-Erreger *Mycobacterium tuberculosis*.<sup>3,4,5</sup> Genomanalysen erlauben auch eine sehr detaillierte Aufklärung von Ausbruchereignissen. Ein Beispiel hierfür ist die große Infektionswelle durch so genannten enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC) O104:H4, die im Frühjahr 2011 vorwiegend in Norddeutschland zu mehr als 3 500 Infektionen und 54 Todesfällen führte.<sup>6</sup> Genomsequenzierungen werden sehr wahrscheinlich in naher Zukunft zum Standard für die Feintypisierung von Infektionserregern in gutachterlichen oder forensischen Zusammenhängen und werden andere Typisierungsverfahren ablösen.

Beschleunigt durch die OMICS-Technologien werden fast täglich neue Wirk- und Inhaltsstoffe in Bakterien, Pilzen, Pflanzen, Schwämmen, Sesscheiden und anderen Organismen entdeckt. Die natürlichen Funktionen dieser Wirkstoffe sind häufig nicht bekannt. Sie können Signal- oder auch Abwehrfunktionen haben und sind als Anpassungen

- 2 Morelli G, Song Y, Mazzoni CJ, Eppinger M et al. 2010. *Yersinia pestis* genome sequencing identifies patterns of global phylogenetic diversity. *Nature Genet* 42:1140-1143.
- 3 Alm RA, Ling LSL, Moir DT, King BL et al. 1999. Genomic-sequence comparison of two unrelated isolates of the human gastric pathogen *Helicobacter pylori*. *Nature* 397:176-180.
- 4 Falush D, Wirth T, Linz B, Pritchard JK et al. 2003. Traces of human migrations in *Helicobacter pylori* populations. *Science* 299:1582-1585.
- 5 Roetzer A, Diel R, Kohl TA, Ruckert C et al. 2013. Whole genome sequencing versus traditional genotyping for investigation of a *Mycobacterium tuberculosis* outbreak: a longitudinal molecular epidemiological study. *PLoS Med.* 10:e1001387.
- 6 Mellmann A, Harmsen D, Cummings CA, Zentz EB et al. 2011. Prospective genomic characterization of the German enterohemorrhagic *Escherichia coli* O104:H4 outbreak by rapid next generation sequencing technology. *PLoS ONE.* 6:e22751.

der einzelnen Arten an ihren Lebensraum entstanden. Die Entdeckung dieser neuen Wirkstoffe ist von erheblicher, auch wirtschaftlicher Bedeutung für die Pharmakologie, Medizin, Physiologie und Ökologie. Nur über die korrekte Identifizierung der entsprechenden Arten ist der Zugang zu diesen Wirkstoffen möglich.

Eine durch *OMICS*-Technologien beschleunigte Identifizierung von Organismen eröffnet uns zudem neue Chancen zur Bewertung unserer Umwelt. Die Qualität von Böden in Wäldern und in der Agrarlandschaft, die Wasserqualität in Seen und Flüssen, der Zustand unserer Küstenmeere und die Überlebenswahrscheinlichkeit für bedrohte Arten lassen sich nur bewerten, wenn die Zusammensetzung von Organismen in Umweltproben erfasst und so Veränderungen wahrgenommen werden können. Dazu gehört die Identifizierung von Rostpilzen und anderen Schädlingen auf Obstbäumen und Getreide, aber auch von nicht-heimischen Tier- und Pflanzenarten, die sich derzeit, durch die Klimaerwärmung begünstigt, ausbreiten (siehe Beispiel *Ambrosia*, S. 14). Für den Menschen besonders relevant sind auch unbekannt Viren in Affen.

Wir sehen uns mit massiven Veränderungen der natürlichen Artengemeinschaften konfrontiert, was direkte Auswirkungen auf unsere Lebensbedingungen hat. Diese Veränderungen sind großenteils Ursache menschlichen Einflusses. So werden durch den globalen Handel neue Arten eingeschleppt, die einheimische Arten verdrängen und unsere Umwelt verändern können (siehe Beispiel Artidentifizierung von invasiven Arten, S. 16). Eine Dokumentation und Reaktion auf diese Veränderungen unserer Umwelt ist nur auf der Grundlage taxonomischer Forschung möglich. Der Einsatz der *OMICS*-Technologien bietet hierfür beispielsweise die Möglichkeit, den Ist-Zustand der Artenzusammensetzung zu analysieren, frühere Zustände zu

rekonstruieren und mit diesen zu vergleichen. So können auch zukünftige Veränderungen prognostiziert werden, und es kann bei Bedarf zeitnah reagiert werden.

Zahlreiche Lebewesen in Böden und in Gewässern – insbesondere Bakterien, aber auch Algen, Pilze und Einzeller – sind bisher noch nicht im Labor kultivierbar. Informationen über diese Organismen waren daher bisher nur schwer zugänglich. Über genomische Ansätze wird die Erfassung von Lebensgemeinschaften ganzer Biotope möglich (Metagenomik). Aus diesen Daten kann die genetische Information über nicht-kultivierbare Organismen herausgefiltert werden. Dadurch entstehen für eine moderne Taxonomie völlig neue Möglichkeiten, um Organismen mit besonderen Eigenschaften über ihre genetische Information zu charakterisieren und mit anderen Organismen zu vergleichen.

Mikrobiome von Tieren und Pflanzen sind weitgehend unbekannt und damit vielversprechende neue Forschungsgebiete für eine integrative Taxonomie. Als Mikrobiom bezeichnet man die Gesamtheit der Mikroorganismen und ihrer Gene, die mit einem höheren Lebewesen interagieren, zum Beispiel im Darm eines Menschen, auf der Haut eines Tieres oder im Wurzelraum einer Pflanze. Beim Menschen kommen auf eine Körperzelle in etwa zehn mikrobielle Zellen. Zusammensetzung, Dynamik und Funktion dieses Mikrobioms – des „zweiten Genoms“ eines jeden Menschen, jeder Pflanze oder jeden Tieres – beginnen wir erst zu verstehen. Das menschliche Mikrobiom ist hoch dynamisch und für unsere Gesundheit und Ernährung von großer Bedeutung.<sup>7</sup> Detaillierte taxonomische Erkenntnisse über Mikrobiome erlauben z. B. eine frühzeitige Identifizierung von Quellen potentieller Pathogene für Menschen

<sup>7</sup> siehe beispielsweise Smith MI, Yatsunenko T, Manary MJ, Trehan I et al. 2013. Gut microbiomes of Malawian twin pairs discordant for Kwashiorkor. *Science* 339:548-554.

aber auch für Nutztiere oder -pflanzen. Die Beschreibung und funktionelle Analyse des Mikrobioms im menschlichen Darm beginnt jenseits neuer Erkenntnisse für eine gesunde menschliche Ernährung auch Einblicke in die Wechselwirkung des individuellen Mikrobioms mit dem Immunsystem zu liefern.

## 1.2 Taxonomie im 21. Jahrhundert

Nicht nur die *OMICS*-Technologie, sondern auch die Taxonomie hat sich in den letzten Jahren erheblich weiterentwickelt und modernisiert. Insbesondere ist die taxonomische Forschung in ihren Methoden und Ansätzen zunehmend integrativ geworden. Molekularbiologische Datensätze, neue bildgebende Verfahren, vernetzte Online-Datenbanken und verschiedene bioinformatische Analysemethoden stehen heute gleichberechtigt neben klassischen morphologischen Verfahren und Objektsammlungen. Die fortschreitende Digitalisierung von Sammlungsinformationen und ihre freie Zugänglichkeit in Online-Datenbanken erleichtern automatisierte Analysen enorm. So ist mittlerweile die elektronische Publikation von Artbeschreibungen sowohl in der Botanik als auch in der Zoologie möglich. In vielen Schwellenländern mit hoher Artenvielfalt boomt die taxonomische Forschung, was vielversprechende Möglichkeiten für internationale Kooperation und Wissenstransfer ermöglicht.

Im Prozess der Entwicklung der Taxonomie für dringende Anwendungen wird es notwendig sein, moderne Forschungsinfrastrukturen für Morphologie<sup>8</sup> und *OMICS*-Technologien aufzubauen und in der Ausbildung eine breite methodische Expertise zu vermitteln. Hier liegen große Potenziale zur Profilbildung für die Forschungslandschaft in Deutsch-

land. Die Vernetzung von Universitäten mit außeruniversitären Instituten und Forschungssammlungen ist das Grundelement, um die großen Potenziale der Taxonomie in Deutschland voll auszuschöpfen. Durch kombinierte Master-/Promotionsstudiengänge könnte eine neue Generation taxonomisch versierter und mit modernsten Techniken vertrauter Lebenswissenschaftlerinnen und -wissenschaftler ausgebildet werden, was zur Profilbildung der entsprechenden Universitäten beitragen würde.

Taxonomische Forschung war und ist immer auch sammlungsbezogene Forschung. Gerade die historischen Belege aus Forschungssammlungen bieten eine enorme Chance, durch Anwendung von *OMICS*-Methoden Veränderungen der Artenzusammensetzung unter sich wandelnden Umweltbedingungen zu verstehen. Sammlungen erfüllen die unverzichtbare Aufgabe, Untersuchungsobjekte und dazugehörige Daten langfristig zu archivieren. Die Sammlungen dienen auch als Grundlage, bereits beschriebene Organismen zu identifizieren sowie neue Daten zu gewinnen oder zu verifizieren.

Dies ist umso wichtiger, als aufgrund internationaler Abkommen, wie dem Übereinkommen über die biologische Vielfalt (CBD), der Import von Neuaufsammlungen gerade aus tropischen Regionen schwieriger geworden ist. In neuartigen Biobanken wird ein reicher Fundus an Proben (Bälge, Knochen, eingelegtes Material, tiefgefrorenes Gewebe, Zellen, DNAs, RNAs etc.) gelagert, auf die Forschende ohne zeitliche Verzögerung zurückgreifen und mit *OMICS*-Technologien analysieren können.<sup>9,10</sup> Da neben den eigentlichen Objekten auch entsprechende Metadaten zunehmend

<sup>8</sup> wie beispielsweise die digitale Elektronenmikroskopie, konfokal-Mikroskopie, Computer-Tomographie ( $\mu$ CT), 3D-Verfahren, Morphometrie und deren Kombination

<sup>9</sup> Bi K, Linderoth T, Vanderpool D, Good JM et al. 2013. Unlocking the vault: next-generation museum population genomics. *Mol Ecol* doi:10.1111/mec.12516.

<sup>10</sup> Droege G, Barker K, Astrin JJ, Bartels P et al. 2014. The Global Genome Biodiversity Network (GGBN) Data Portal. *Nucl Acids Res* 42 (D1):D607-D612.

wichtig werden, spielen die Forschungssammlungen immer mehr die Rolle von Open-Access-Informationsquellen. Um die Bedürfnisse aller Nutzer abzudecken, müssen für diese taxonomischen Biobanken professionelle und definierte Standards weiterentwickelt werden – ähnlich wie dies bereits bei medizinischen Biobanken üblich ist.

Die integrative Taxonomie ist heute eine moderne Wissenschaft, die gerüstet ist, sich wichtigen gesellschaftlichen Herausforderungen zu stellen. Mit einer entsprechenden Strategie zur institutionellen Vernetzung und methodischen Weiterentwicklung kann die integrative Taxonomie zu einem wesentlichen Impulsgeber der Biowissenschaften im 21. Jahrhundert werden.

### Wie rasant breitet sich das hoch-allergene Beifuß-Traubenkraut aus?



**Abbildung 2:** *Ambrosia artemisiifolia* an einer Baustelle bei München.

Foto: Bernhard Dickoré.

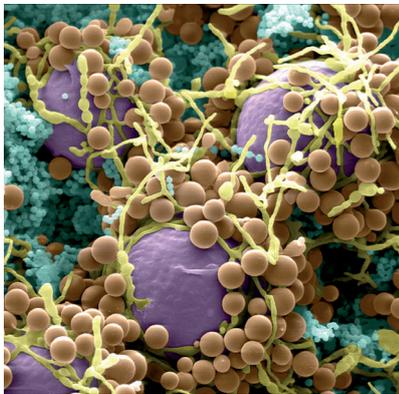
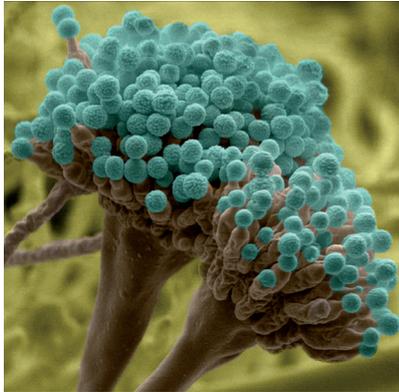
Der Pollen des Beifuß-Traubenkrauts (*Ambrosia artemisiifolia* L.) ist stark allergieauslösend. Mit Hilfe molekularer Daten konnte gezeigt werden, dass diese nordamerikanische Art auf mehreren Wegen unabhängig voneinander nach Europa gelangt ist. Ihr Genpool ist heute in Europa diverser und durchmischer als in den natürlichen nordamerikanischen Populationen.<sup>11</sup> Um diese Art wirkungsvoll bekämpfen zu können, gilt es festzustellen, wie schnell sich diese Art ausbreitet und welche Maßnahmen wirksam sind. In Süddeutschland wird die Art besonders zusammen mit Sonnenblumensämereien weiter eingeführt und verbreitet.<sup>12, 13</sup> Eine Kontrolle des EU-Binnenmarkts für Samenmischungen ist schwierig und kostspielig. *Ambrosia*-Samen können aber von ähnlich aussehenden Samen anderer Korbblütengewächse mit OMICS-Methoden effizient unterschieden werden.

11 Genton BJ, Shykoff JA, Giraud T. 2005. High genetic diversity in French invasive populations of common ragweed, *Ambrosia artemisiifolia*, as a result of multiple sources of introduction. *Mol Ecol* 14:4275-4285.

12 Klotz J. 2006. Zur Verbreitung von *Ambrosia artemisiifolia* bei Regensburg. *Hoppea* 67:471-484.

13 Klotz J. 2009. Breitet sich *Ambrosia artemisiifolia* im Raum Regensburg weiter aus? *Hoppea* 70:97-104.

### Gießkannenschimmel (*Aspergillus*) können „gut“ und „böse“ sein



**Abbildung 3 a und b:** Der Gießkannenschimmel *Aspergillus nidulans* kann als asexuelle (oben) und sexuelle (unten) Form auftreten. Die Form mit sexuellen Fruchtkörpern (lila; Durchmesser: ca. 0,5 mm) überwintert und bekam von der klassischen Taxonomie den weiteren Namen *Emericella nidulans*. Bilder: O. Bayram und G. Braus, Universität Göttingen.

Gießkannenschimmel wurden auch als die „Dr. Jekyll und Mr. Hyde-Gattung“ der Pilze bezeichnet. Ihr Name stammt von den Trägern für die asexuellen Sporen, die durch die Luft weltweit verbreitet werden. Diese Schimmelpilze wachsen fadenförmig und beeinflussen menschliches Leben auf ganz unterschiedliche Weise. *Aspergillus fumigatus* beeinträchtigt Patienten mit einem geschwächten Immunsystem und gilt als „teuerster“ Pilz in unserem mitteleuropäischen Gesundheitssystem. *Aspergillus flavus* kontaminiert zahlreiche landwirtschaftliche Produkte und bildet das stark krebserregende Gift Aflatoxin. *Aspergillus sydowii* hingegen gefährdet ernsthaft das Korallensystem in der Karibik. Auf der „Dr. Jekyll-Seite“ wird *A. niger* für die Produktion von Citronensäure in vielen Soft-Drinks benutzt. *A. oryzae* dient in Japan der Herstellung des Nationalgetränks Sake, was ihm eine eigene Briefmarke besichert hat.

Von mehr als zwei Drittel aller *Aspergillus*-Arten ist keine sexuelle Vermehrung bekannt. Das verbleibende Drittel kann jedoch sexuelle Fruchtkörper bilden, was aktuell zu einer Neuordnung der Gattung geführt hat. So nennt man den abgebildeten *Aspergillus nidulans* (oben) wenn er einen Fruchtkörper ausbildet auch *Emericella nidulans* (unten). Nicht einmal zehn Jahre nach der ersten Veröffentlichung von *Aspergillus*-Genomen (2005)<sup>14</sup> haben OMICS-Technologien zahlreiche neue Einsichten in diese wichtige Pilz-Gattung gebracht. Weitgehende Ähnlichkeit der Genome von *Aspergillus*-Schimmeln bedeuten jedoch nicht automatisch ähnliche Ausprägungen. Pathogene Vertreter haben meist harmlose Verwandte. So ist der biotechnologisch genutzte und gesundheitlich unbedenkliche *A. oryzae* eine domestizierte Form der giftigen Art *A. flavus*. Ihre Genome decken sich zu 99,5%.

<sup>14</sup> Galagan JE, Calvo SE, Cuomo C, Ma LJ et al. 2005. Sequencing of *Aspergillus nidulans* and comparative analysis with *A. fumigatus* and *A. oryzae*. Nature 438:1105-1115.

### Identifizierung von invasiven Arten mittels *OMICS*-Technologien



**Abbildung 4:** Kollage verschiedener Organismen des Zooplanktons der Nordsee.

Bild: Inga Mohrbeck, DZMB/Senckenberg am Meer

Als Konsequenz des globalen Warenverkehrs werden immer mehr Lebewesen – beispielsweise als Larven im Ballastwasser schwimmend oder am Schiffsrumpf haftend – aus anderen Teilen der Welt in die Nordsee verschleppt.<sup>15</sup> Zwar sterben die meisten dieser Exoten (Neobiota) in ihrer neuen Heimat, manche sind jedoch in der Lage, sich zu vermehren und stabile Populationen aufzubauen. Insbesondere die Fundamente der derzeit zahlreich errichteten Offshore-Windsparks bilden einen harten Untergrund in der sonst von Weichböden geprägten Nordsee und bieten einen potentiellen neuen Lebensraum für heimische Organismen und Exoten. Die Neulinge bringen nicht zwangsläufig negative Folgen für das Ökosystem mit sich, einige können unter Umständen jedoch auch heimische Arten verdrängen. Für ihre rechtzeitige Erfassung ist taxonomische Expertise unverzichtbar. Besonders bei der Identifizierung von Larven eröffnen *OMICS*-Technologien neue Möglichkeiten für ein rasches und präzises Monitoring von Neobiota.<sup>16, 17</sup>

<sup>15</sup> Schückel U, Markert A, Neumann H, Kröncke I et al. 2013: Neue Krebse im Vormarsch – Arealverschiebung und Bioinvasionen in der Nordsee. *SENCKENBERG – natur – forschung – museum* 143 (5/6):152-157.

<sup>16</sup> Thomsen PF, Kielgast J, Iversen LL, Møller PR et al. 2012: Detection of a diverse marine fish fauna using environmental DNA from seawater samples. *PLoS ONE* 7:e41732.

<sup>17</sup> Thomsen PF, Kielgast J, Iversen LL, Wiuf C et al. 2012: Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA. *Mol Ecol* 21:2565-2573.

## 2 Chancen und Herausforderungen für die integrative Taxonomie

Durch die Integration der *OMICS*-Technologien ergeben sich neue Chancen und Herausforderungen für die Taxonomie, die neue Organisationsformen und eine klare wissenschaftliche Prioritätensetzung notwendig machen. Konkret schlägt die Leopoldina hier zunächst die folgenden vier übergreifenden Forschungsthemen vor, um anschließend Empfehlungen für notwendige Organisationsformen zu geben.

### 1. Beschreibung aller Arten Mitteleuropas zum Schutz der Biodiversität und für die ökologische Grundlagenforschung

Erstmals in der Geschichte der taxonomischen Forschung ist es möglich, mit Hilfe von automatisierbaren Hochdurchsatzmethoden eine Inventarisierung aller Organismengruppen durchzuführen und damit den Status Quo sowie Veränderungen der gesamten organismischen Diversität zu erfassen. Dies bedeutet einen Quantensprung in der Diversitätsforschung. Studien zur Veränderung der Biodiversität im Rahmen des natürlichen und anthropogenen Wandels bekämen dadurch verlässliche Basisdaten („*baseline data*“), worauf zukünftige Forschungsfragen aufbauen können. Dieser zentrale Punkt der Forschungsagenda sollte in enger Abstimmung mit den Nachbarländern und langfristig auch auf europäischer Ebene umgesetzt werden. Eine ideale Modellstudie wäre die Erfassung und digitale Dokumentation aller Arten Mitteleuropas.

### 2. Deutsche Taxonomie im internationalen Kontext: Sammlungsrevision in enger Zusammenarbeit

Die naturwissenschaftlichen Sammlungen dokumentieren mit ihren gut konser-

vierten Belegen aus allen Teilen der Welt die große organismische Vielfalt. Mit den modernen Methoden können in den bestehenden Sammlungen eine Vielzahl neuer Arten entdeckt werden. Dies sollte in enger Wissenschafts-Kooperation mit den entsprechenden Herkunftsländern erfolgen und eine starke universitäre Ausbildungskomponente enthalten.

### 3. Taxonomie auf der Zeitachse: Paläo-*OMICS* und Globaler Wandel

Wir erleben aktuell nicht nur den Klimawandel, sondern auch globale Biodiversitätsverluste. Dringend benötigte Daten dazu fehlen weitgehend. Automatisierbare Hochdurchsatzmethoden könnten diese Daten in Zukunft für die Forschung liefern. Existierende Sammlungen umfassen organismische Belege, die in den letzten beiden Jahrhunderten gesammelt wurden bzw. teilweise noch sehr viel älter sind. Diese können mit heutigen Organismen verglichen werden, um Veränderungen der Verbreitungsmuster in definierten Zeiträumen zu erfassen.

### 4. Taxonomie für die Lebenswissenschaften

Eine moderne integrative Taxonomie mit ihren schnellen und präzisen Identifizierungsmethoden birgt große Chancen für die Medizin, die Biotechnologie, die Landwirtschaft und den Naturschutz. Die konkreten Anforderungen aus diesen lebenswissenschaftlichen Disziplinen stellen einen Treiber für die kontinuierliche Weiterentwicklung der Taxonomie dar. Offen zugängliche und vernetzte Datenbanken („Open Access“) sind eine Grundvoraussetzung für die optimale Nutzung der integrativen Taxonomie in den angewandten Lebenswissenschaften.

## 2.1 Beschreibung aller Arten Mitteleuropas zum Schutz der Biodiversität und für ökologische Grundlagenforschung

Der globale Wandel mit dem einhergehenden Aussterben von Arten und Veränderungen der Funktionsfähigkeit von Ökosystemen stellt unsere Gesellschaft vor große Herausforderungen. Wenn das Artensterben nicht aufgehalten werden kann, dürfte dies letztlich auch mit einem Verlust von Lebensqualität einhergehen. Es liegt somit in unserem eigenen Interesse, Veränderungen der biologischen Vielfalt zu erkennen und zu verstehen. Hierfür ist eine weitgehende Erfassung der biologischen Vielfalt (taxonomischer Zensus) eine notwendige Voraussetzung, denn auch in Deutschland kennen wir noch nicht alle Arten (siehe Beispiel Neue Arten vor der Haustür, S. 21). Dieser zentrale Punkt der Forschungsagenda soll in enger Abstimmung mit den Nachbarländern umgesetzt werden.

Wir kennen in Deutschland rund 70 000 Tier-, Pflanzen- und höhere Pilzarten.<sup>18</sup> Betrachtet man zusätzlich die niederen Pilze, Algen, Einzeller sowie die Archaea und Bakterien, ist von wesentlich höheren Zahlen auszugehen.<sup>19</sup> Das nationale GBOL Projekt („German Barcode of Life“<sup>20</sup>) und die Initiative „Barcoding Fauna Bavarica“<sup>21</sup> arbeiten daran, für die häufigsten 20 000 Tier- und Pflanzenarten Deutschlands genetische Fingerabdrücke zur Artidentifikation in Form von Barcodes zu erfassen. Die vorgeschlagene Ausweitung dieser Projekte auf alle in Deutschland vorkommenden

Arten, die Einbeziehung aller Algen, Pilze und Einzeller und die Anwendung eines erweiterten molekulargenetischen Methodenspektrums ermöglicht erstmalig die automatisierte und standardisierte Erfassung der einheimischen biologischen Vielfalt. Dies führt zu einem besseren Verständnis ökologischer Prozesse und der Folgen menschlicher Einflussnahme.

Ein derartiges Forschungsprogramm würde erstmals die Trennung zwischen Einzellern und Vielzellern als auch Eukaryoten und Prokaryoten in Erfassung, Beschreibung und Monitoring der Vielfalt aufbrechen. Diese historisch gewachsene, aber vom biologischen Standpunkt aus künstliche Unterscheidung ist für ein notwendiges integriertes Verständnis von aquatischen und terrestrischen Ökosystemen äußerst hinderlich.

Die Methoden der vollständigen Beschreibung der Arten Mitteleuropas müssen angesichts der unterschiedlichen Diversitätsmuster verschiedener Organismengruppen differenziert werden. Unterschiedliche Markergene werden für verschiedene Organismenklassen verwendet, wie zum Beispiel die 16S rRNA oder Cytochrom Oxidase Untereinheit I (siehe Kapitel 4.2). Für die Beschreibung neuer Arten wird die Artabgrenzung durch zusätzliche Markergene abgesichert und zusätzliche morphologische, physiologische und chemo-taxonomische Eigenschaften werden herangezogen.<sup>22, 23</sup> Alle eukaryotischen Organismen, also Pflanzen, Tiere, Algen, Pilze, Einzeller, werden darüber hinaus mit automatischen bildgebenden Verfahren erfasst. Bei Pflanzen, Algen, Pilzen und Tieren muss zusätzlich auch die geographische Verbreitung dokumentiert

18 Bundesamt für Naturschutz: Daten zur Natur 2012. Bonn Bad-Godesberg: 358 S.

19 Blackwell M. 2011. The Fungi: 1, 2, 3 ... 5.1 million species? *Am J Bot* 98:426-438.

20 GBOL – German Barcode of Life. Deutschlands Fauna und Flora in einer einzigartigen Bibliothek. Wägele W (Hrsg.). Abrufbar unter: <http://www.bolgermany.de>, aufgerufen am 01.06.2012.

21 Barcoding Fauna Bavarica. Erstellung einer genetischen Bibliothek der bayerischen Tierarten. Haszprunar G (Hrsg.). Abrufbar unter: <http://www.faanabavarica.de>, aufgerufen am 01.03.2013.

22 Richter M, Rossello-Mora R. 2009. Shifting the genomic gold standard for the prokaryotic species definition. *Proc Natl Acad Sci USA* 45:19126–19131.

23 Tindall BJ, Rossello-Mora R, Busse HJ, Ludwig W et al. 2010. Notes on the characterization of prokaryote strains for taxonomic purposes. *Int J Syst Evol Microbiol* 60:249–266.

werden (beispielsweise im Rahmen der Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie). Durch die Methoden der integrativen Taxonomie ist eine nahezu vollständige Erfassung aller Arten von prokaryotischen und eukaryotischen Mikroorganismen realistisch geworden.<sup>24</sup>

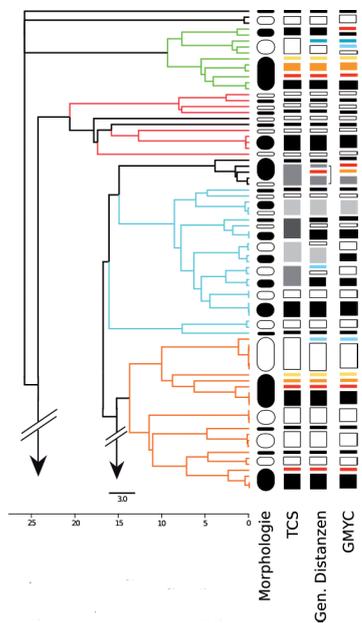
biete oder das Auftreten invasiver Arten schnell und effizient erkannt werden. Dies gilt insbesondere auch für invasive, phänotypisch aber nur schlecht zu differenzierende Arten.

Ist der Status Quo der gesamten organismischen Diversität an ausgewählten Standorten erst einmal qualitativ erfasst, können Veränderungen der Biodiversität mit Monitoringprogrammen schnell und verlässlich erkannt werden. Hieraus ergeben sich faszinierende Perspektiven, beispielsweise um zu verstehen, wie der globale Wandel die Biodiversität in Mitteleuropa beeinflusst. Derzeit fußen Zustandsbewertungen von Ökosystemen auf wenigen Indikatorarten und bergen Ungenauigkeiten. Die komplette Inventarisierung der biologischen Vielfalt mit Barcodes macht Bewertungen von Lebensräumen auf der gesamten Organismengemeinschaft möglich. Wenn bekannt ist, welche Organismen in Deutschland vorkommen und welcher Organismus sich hinter welcher genetischen Signatur verbirgt, lassen sich diese Gensignaturen mit Hochdurchsatzverfahren in verschiedenen Ökosystemen nachweisen (Metabarcoding) und Veränderungen umfassend erkennen. So können bisher auf einzelnen Indikatorarten beruhende Bewertungen von Lebensräumen auf eine wesentlich breitere Basis gestellt werden (siehe Beispiel Stammbäume zur Artidentifikation, S. 20). Alternativ können mittels Proteom- oder Metabolomdaten Arten präzise charakterisiert und teilweise sogar identifiziert werden.<sup>25</sup> Mit *OMICS*-Methoden können also Veränderungen der Verbreitungsge-

24 Yarza P, Yilmaz P, Prüße E, Glöckner O et al. (under review). Reconciling taxonomic classification of Bacteria and Archaea and their environmental diversity by means of SSU rRNA gene sequences. *Nat Rev Microbiol*.

25 Laakmann S, Gerds G, Erler R, Knebelberger T et al. 2013. Comparison of molecular species identification for North Sea calanoid copepods (Crustacea) using proteome fingerprints and DNA sequences. *Mol Ecol Resour* 13:862–876.

### Stammbäume als Grundlage der Artidentifikation



Rüsselkäferarten der Unterfamilie Cryptorhynchinae sind oft schwer für das menschliche Auge zu unterscheiden. Sie kommen u. a. in der gesamten Paläarktis, einschließlich der Kanarischen Inseln, vor. Ihre Anwesenheit ist oft ein Indiz für relativ ungestörte Lebensräume, was sie zum Instrument für den Naturschutz macht. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des Museums Koenig in Bonn haben die Artenvielfalt dieser Rüsselkäferunterfamilie mithilfe klassisch taxonomischer und molekularer Methoden studiert. Um eine biologisch möglichst relevante Klassifikation zu erreichen, wurden für diese Tiere Stammbäume, basierend auf DNA-Sequenzmerkmalen, erstellt. Dabei zeigte sich einerseits, dass häufig morphologisch nicht unterscheidbare Tiere ganz unterschiedlichen, einzigartigen genetischen Linien angehören können, andererseits aber auch, dass sich klar ökologisch unterscheidbare Formen in den beim DNA-Barcoding genutzten molekularen Sequenzmerkmalen nicht unterscheiden.<sup>26</sup>



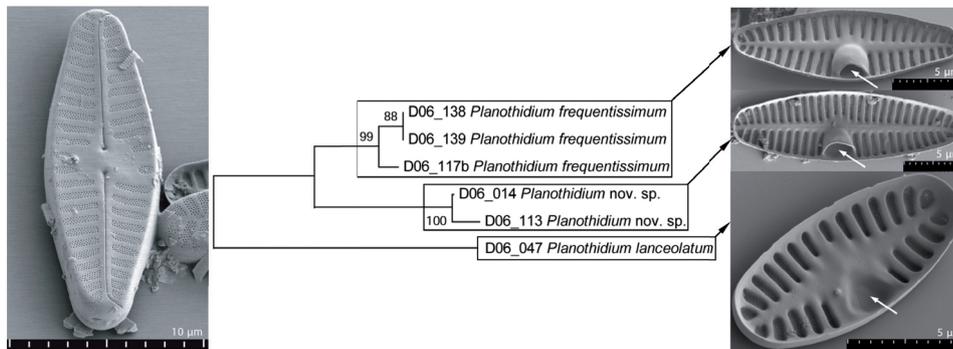
Ergebnisse wie diese zeigen Taxonomen zunehmend, dass eine biologisch relevante Arteinteilung nur über einen integrativen, methodisch weit gefächerten Ansatz gelingen kann, für den ein Stammbaum der untersuchten Arten die zentrale Ausgangsbasis ist. Für Fragen des Naturschutzes ist die Entdeckung kryptischer, nicht leicht zu unterscheidender Arten von großer Wichtigkeit, denn nur dadurch können wir den Artenreichtum und das ökologische Funktionsgefüge vieler Lebensräume zuverlässig beschreiben. Viele kryptische Arten unterscheiden sich stark in ihren ökologischen Ansprüchen und Anpassungen. Die Identifikation bisher übersehener Arten hat daher wichtige Auswirkungen auf unser Verständnis biologischer Funktionalität in Ökosystemen und biologischer, biochemischer Anpassungserscheinungen und -strategien.

**Abbildung 5 a und b:** Rüsselkäfer der Unterfamilie Cryptorhynchinae und ihre Zuordnung zu genetischen Linien, je nach verwendeter Methode. Abkürzungen: TCS = Taxon Concept Schema, GMYC = Generalized Mixed Yule Coalescent. Bilder und Stammbaum verändert nach 26.

<sup>26</sup> Astrin JJ, Stüben PE, Misof B, Waegele JW et al. 2012. Exploring diversity in cryptorhynchine weevils (Coleoptera) using distance-, character- and tree-based species delineation. *Mol Phylogen Evol* 63:1-14.

### Neue Arten vor der Haustür – Kieselalgenart mit Hilfe von DNA-Barcoding-Methode entdeckt

Diatomeen (Kieselalgen) sind eine artenreiche Gruppe von einzelligen Algen, die für die Sauerstoff- und Primärproduktion in allen Gewässertypen wichtig sind. Es wird angenommen, dass sie 25 % des weltweit vorhandenen CO<sub>2</sub> fixieren<sup>27, 28, 29</sup> und bis zu 20 % zur globalen Nettoprimärproduktion beitragen.<sup>30</sup> Bei der Untersuchung einer einzigen Gewässerprobe aus dem Berliner Flüsschen Wuhle (D06) konnte durch molekularbiologische Analysen eine bisher nicht bekannte Kieselalgenart identifiziert werden. Dies ist insofern erstaunlich, als die Berliner Gewässer hinsichtlich der Diatomeen als die am besten untersuchten Gewässer weltweit gelten. Die neue Art unterscheidet sich von zwei bereits bekannten, sehr ähnlichen Diatomeenarten durch unterschiedliche kapuzenartige Strukturen (siehe Abbildung 6 rechts). Bei der Erstellung einer taxonomischen Referenzdatenbank für die DNA-Barcoding-Methode aus Berliner Gewässern waren mindestens 10 % der identifizierten Arten neu. Dies zeigt deutlich, welchen Erkenntnisgewinn molekulare Methoden für die taxonomische Wissenschaft bringen.



**Abbildung 6:** Kieselalgen aus der Berliner Wuhle. Abbildung: Regine Jahn und Mitarbeiter, Forschungsgruppe Diatomeen, BGBM FU Berlin.

<sup>27</sup> Falkowski PG, Barber RT, Smetacek V. 1998. Biogeochemical controls and feedbacks on ocean primary production. *Science* 281:200-206.

<sup>28</sup> Field CB, Behrenfeld MJ, Randerson JT, Falkowski P. 1998. Primary production of the biosphere: Integrating terrestrial and oceanic components. *Science* 281:237-240.

<sup>29</sup> Smetacek V. 1999. Diatoms and the ocean carbon cycle. *Protist* 150:25-32.

<sup>30</sup> Mann DG. 1999. The species concept in diatoms. *Phycologia* 38:437-495.

## 2.2 Deutsche Taxonomie im internationalen Kontext: Sammlungsrevision in enger Zusammenarbeit

In den großen naturwissenschaftlichen Sammlungen der Welt ist bereits ein erheblicher Anteil der globalen Biodiversität konserviert. Für die Entdeckung und Beschreibung der noch unbekannt organischen Diversität der Erde sind diese Sammlungen unerlässlich, denn nur durch Vergleiche mit bereits Bekanntem kann Neues überhaupt als neu für die Wissenschaft identifiziert werden. Sammlungen bergen nach wie vor „unbestimmtes Material“, in dem sich immer wieder neue Arten finden. Neue taxonomische Analysemethoden fördern zudem immer öfter auch Fehlbestimmungen zutage, die sich ebenfalls als neue Arten herausstellen. Unsere jahrhundertealten Sammlungen stellen also eine Fundgrube zur Entdeckung neuer Arten dar. Eine kritische Revision der großen Sammlungen trüge somit wesentlich zu einer Beschleunigung der globalen Erfassung der Artenvielfalt bei<sup>31,32</sup>, ohne kostenintensive Feldarbeit leisten zu müssen.<sup>33</sup> Eine solche „taxonomische Innenrevision“ unter Einbeziehung der *OMICS*-Methoden ist eine der drängendsten Aufgaben für naturhistorische Sammlungen. Sie kann nur in Kooperation mit Expertinnen und Experten aus den (zumeist tropischen) Herkunftsländern der Objekte sinnvoll durchgeführt werden. Gerade Länder mit hoher Artenvielfalt, zum Beispiel die Länder des tropischen Südamerikas, Afrikas und Südostasiens, verzeichnen einen stetigen Anstieg taxonomischer Expertise in der Wissenschaft. Diese Expertinnen und Experten gilt es zur Durchführung

gemeinsamer Forschungsprojekte in die traditionellen Sammlungen einzuladen und die daraus resultierenden Daten und Erkenntnisse zum beiderseitigen Nutzen digital verfügbar zu machen. Das Sammlungsmaterial in Deutschland ist reich an Belegen aus dem 19. und frühen 20. Jahrhundert. Die mit den Objekten verknüpften Metadaten geben Aufschluss über die Diversität lokaler Ökosysteme in diesen Zeiten. Deutschland und andere Länder mit traditionsreichen naturhistorischen Sammlungen sind hier in der Pflicht.

Konkret gilt es, das hier vorhandene Wissen im Bereich Biodiversität, Taxonomie und Systematik in Form von digitalen Open Access-Publikationen, Linked Open Databases und Schulungsangeboten international zugänglich zu machen und durch molekulare Information aufzuwerten. So wird gewährleistet, dass die hiesigen Daten in internationalen Vergleichsstudien genutzt und damit sichtbar gemacht werden können. Dazu müssen offene und verknüpfte Wissens- und Lerninfrastrukturen gefördert werden. Bei deren Planung ist auf eine gleichberechtigte Verteilung von Verantwortung, Zugänglichkeit, aber auch von Nutzungsrechten zu achten. Die Lehrangebote dieser Infrastrukturen können als „*Schools of Taxonomy*“ organisiert werden. Eine zentrale Aufgabe dieser Einrichtungen wird es darüber hinaus sein, die zur Aufrechterhaltung international vergleichbarer Standards in der Taxonomie notwendigen Regeln, insbesondere jene zur Beschreibung neuer Arten, weiterzuentwickeln und im Rahmen von Ausbildungsmaßnahmen an den taxonomischen Nachwuchs zu vermitteln. Gleichzeitig müssen auch die Grundlagen und Praktiken für ein nachhaltiges Sammlungswesen weitergegeben werden, um die Einrichtung bzw. die Erhaltung von Vergleichssammlungen nach internationalen Maßstäben zu fördern. Folgende Aufgabenfelder ergeben sich damit für die großen Sammlungsinfrastrukturen in Europa und weltweit:

31 Costello MJ, Coll M, Danovaro R, Halpin P et al. 2010. A census of marine biodiversity knowledge, resources, and future challenges. *PLoS ONE* 5:e12110.

32 Appeltans W, Ahyong ST, Anderson G, Angel MV et al. 2012. The magnitude of global marine species diversity. *Curr Biol* 22:2189-2202.

33 Bebbler DP, Carine MA, Wood JRI, Wortley AH et al. 2010. Herbaria are a major frontier for species discovery. *Proc Natl Acad Sci USA* 107:22169-22171.

- „Taxonomische Innenrevision“ zur beschleunigten Dokumentation globaler Artenvielfalt in bereits konservierten, aber bisher un- oder fehlbestimmten Sammlungseinheiten
- Erstellung und Bereitstellung von digitalen Infrastrukturen (Datenbanken, Portale etc.), um den Wissensaustausch über Biodiversität, Taxonomie und Sammlungsobjekte zu fördern
- Digitale Erfassung und internationale Verfügbarmachung objektbasierter taxonomischer Daten, um einen global vergleichbaren Wissensstand über die bereits beschriebene und in Sammlungen konservierte Artenvielfalt zu erreichen
- Ausarbeitung und Definition von Standards für die Beschreibung von Arten
- Schulung von Nachwuchstaxonominnen und -taxonomen und Weitergabe des an den großen Sammlungen vorhandenen Spezialwissens
- Etablierung internationaler Netzwerke taxonomisch geschulter Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler zur Durchführung gemeinsamer Forschungsprojekte

Deutschland kommt aufgrund seiner Wissenschaftstradition und seiner Bedeutung als Wissenschaftsstandort im 19. Jahrhundert – dem Zeitalter der Entdeckungen und Gründung der großen Forschungsmuseen – eine wichtige Rolle bei der Bewältigung der an die Taxonomie gestellten Aufgaben zu. Die deutschen naturkundlichen Sammlungen verfügen über eine große Fülle an Sammlungsmaterial, das zusammen mit den Sammlungen in Washington, New York, London, Paris und Wien die weltweit umfangreichste Abdeckung der bekannten Biodiversität darstellt. Dadurch werden sie, gemeinsam mit internationalen Kooperationspartnern, zu Hauptakteuren bei der Bewältigung der globalen Artenerfassung. Jüngste Bestrebungen einer koordinierten Zusammenarbeit der im Leibniz-Verbund vereinten großen deutschen Naturkunde-

museen in Berlin, Bonn und Frankfurt/Main sind wegweisend. Eine ebenso wichtige Rolle spielen die Botanischen Sammlungen sowie die Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ) in Braunschweig.

Eine verstärkte Revision der Sammlungen, auch zur internationalen Verfügbarmachung verlässlicher, objektbezogener Metadaten, ist hierbei ein wichtiger Schritt.<sup>34</sup> Im Zuge dieser Revisionen gelangen zudem immer wieder spektakuläre Entdeckungen, beispielsweise bisher unbekannter Organismen (siehe Beispiele Monsterwespe, S. 24 und „Ältester Viren-Nachweis, S. 25). Die indonesische Riesenwespe ist ein populäres Beispiel dafür, welche historischen Schätze die Sammlungen der Naturkundemuseen bergen. Besonders bei den Wirbellosen gibt es eine hohe Zahl solcher unbestimmter Objekte.

<sup>34</sup> Meier R, Dikow T. 2004. Significance of databases from taxonomic revisions for estimating and mapping the global species diversity of invertebrates and repatriating reliable specimen data. *Conserv Biol* 18:478-488.

### „Monsterwespe“ in Berliner Museum für Naturkunde entdeckt



**Abbildung 7 a und b:** Riesenwespen sind eine imposante Erscheinung. Männchen der Riesenwespe, oben im direkten Vergleich mit einer Arbeiterin der Gemeinen Wespe aus Berlin. Text und Fotos: Michael Ohl (MfN Berlin).

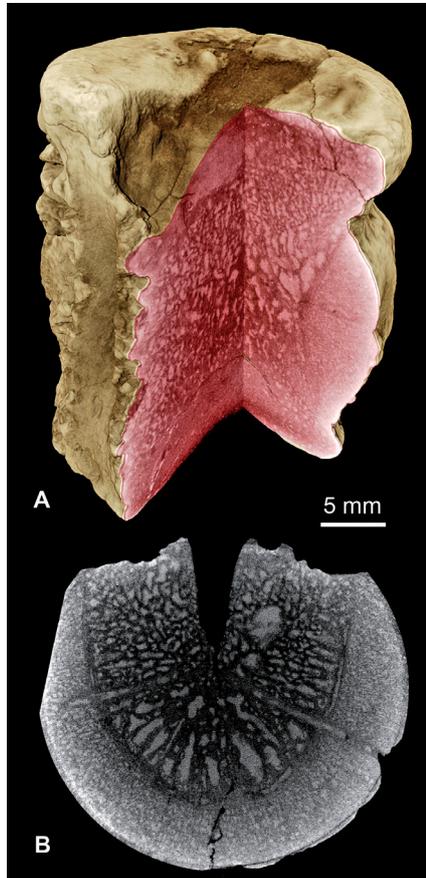
Als Gerd Heinrich, Entdeckungsreisender und Kenner von Vögeln und Schlupfwespen, 1930 zwei riesige Wespen auf der indonesischen Insel Sulawesi fing, schenkte er ihnen vermutlich wenig Aufmerksamkeit. Sein Blick war auf die schlecht bekannte Vogel- und Schlupfwespenvielfalt der Insel gerichtet, und so kamen die beiden Riesenwespen zusammen mit Hunderten anderer Insekten als „Beifänge“ schließlich in die Sammlungen des Berliner Museums für Naturkunde. Dort blieben sie über achtzig Jahre lang unerkant.

Beim Durchsehen noch nicht bestimmter Grabwespenproben im Rahmen umfangreicher Forschungsprojekte zur Diversität und Phylogenie dieser Tiere entdeckte Michael Ohl, Mitarbeiter des Museums, die zwei Männchen, die bereits durch ihre schiere Größe aus dem Rahmen fielen. Vergleiche mit bestimmtem Sammlungsmaterial und entsprechender Literatur ließen keinen Zweifel, dass es sich um eine unbeschriebene Art handelte, die zudem noch in eine eigene Gattung gestellt werden musste.

Fast zur gleichen Zeit fing die US-amerikanische Wespenforscherin Lynn Kimsey auf Sulawesi im Rahmen eines Insektenerefassungsprojektes in Kooperation mit indonesischen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern ebenfalls Exemplare einer spektakulären Wespe. Sie sandte Digitalbilder an Michael Ohl, der erkannte, dass es sich um dieselbe Riesenwespe-Art handelte, die Gerd Heinrich achtzig Jahre zuvor bereits gesammelt hatte. Im Zusammenhang mit der Publikation der neuen Art, die gemeinsam von Lynn Kimsey und Michael Ohl beschrieben wurde,<sup>35</sup> gaben der Verlag, das Museum für Naturkunde sowie die University of California Pressemitteilungen zu diesem ungewöhnlichen Fund heraus, die von Hunderten von Presseorganen weltweit als „Monsterwespe“ oder „giant wasp“ zitiert wurden.

<sup>35</sup> Kimsey LS, Ohl M. 2012. *Megalara garuda*, a new genus and species of larrine wasps from Indonesia (Larrinae, Crabronidae, Hymenoptera). *ZooKeys* 177:49–57.

### Ältester erdgeschichtlicher Nachweis einer *Osteitis deformans*-ähnlichen Krankheit schlummerte fast 100 Jahre unentdeckt im Museum



**Abbildung 8:** Mikro-computertomografische Aufnahmen von Strukturveränderungen durch das *Paget Syndrom* an einem Dinosaurierwirbel (Fotos: F. Wieder, A. Hilger, HZB). **A.** Blockbild und **B.** Transversalschnitt des Wirbels. Der Wirbel weist eine gleichmäßige Verdickung im mittleren Abschnitt mit einer blumenkohlartigen Oberflächenstruktur auf. Während im inneren Bereich Knochen abgebaut wurde, führte Knochenanbau im äußeren Bereich zu einer starken Verdickung der Außenschicht.

Blutgefäße und Nerven einklemmen. Der Nachweis einer Paget-ähnlichen Erkrankung bei einem fossilen Wirbeltier ist von außergewöhnlicher Bedeutung, da sich diese Krankheit bisher nur bis zum jungsteinzeitlichen Menschen zurückverfolgen ließ. Der pathologische Wirbel des 150 Millionen Jahre alten Dinosauriers im Museum für Naturkunde ist daher mit Abstand der älteste Nachweis einer derartigen Erkrankung. Falls eine virale Ursache der *Osteitis deformans* beim Menschen sowie bei *Dysalotosaurus lettowvorbecki* eindeutig nachgewiesen werden könnte, würde dies die Diagnose bei Letzterem bestätigen und gleichzeitig den ältesten Beleg von Viren in der Erdgeschichte darstellen.<sup>37</sup>  
Text: Florian Witzmann (MfN Berlin).

Der Nachweis einer bislang nur vom Menschen und anderen Primaten bekannten Knochenkrankheit bei einem Dinosaurier im Museum für Naturkunde Berlin illustriert eindrucksvoll, wie in alten Sammlungen noch unentdeckte Schätze auf ihre Entdeckung warten und dabei wertvolle medizinische Erkenntnisse liefern können. Paläontologinnen und Paläontologen des Museums diagnostizierten im Jahr 2011 in Zusammenarbeit mit der Charité Universitätsmedizin Berlin und dem Helmholtz-Zentrum für Materialien und Energie (HZB) an einem Wirbel des 150 Millionen Jahre alten Dinosauriers *Dysalotosaurus lettowvorbecki* eine Störung des Knochenstoffwechsels, welche auf der Basis von CT- und Mikro-CT-Befunden der Paget Krankheit des Menschen ähnlich ist. Die Erkrankung könnte durch masernähnliche Viren, so genannte Paramyxoviren, mitverursacht sein. Der versteinerte Wirbel war vor dem ersten Weltkrieg aus dem heutigen Tansania nach Berlin gelangt und hatte fast 100 Jahre in einer Schublade der Sammlung zugebracht, bevor seine wahre Bedeutung erkannt wurde.

Das Paget-Syndrom wurde erstmals im Jahr 1877 von dem britischen Arzt und Anatom Sir John Paget beschrieben. Diese von ihm als *Osteitis deformans* bezeichnete Krankheit manifestiert sich als eine sehr langsam voranschreitende Stoffwechselstörung, die in einem oder mehreren Knochen beginnt und bei der zunächst verstärkt Knochensubstanz abgebaut wird.<sup>36</sup> Im weiteren Krankheitsverlauf wird dann wieder Knochenmasse angebaut, die aber im Vergleich zu gesundem Knochen ungeordnet und brüchig ist. Die Knochen verdicken und verformen sich und können dabei

<sup>36</sup> Paget J. 1877. On a form of chronic inflammation of bones (osteitis deformans). *Medico-chirurgical Transactions* 60:37-64.

<sup>37</sup> Witzmann F, Claeson KM, Hampe O, Wieder F et al. 2011. Paget disease of bone in a Jurassic dinosaur. *Curr Biol* 21:647-648.

### 2.3 Taxonomie auf der Zeitachse: PaläoOMICS und Globaler Wandel

Der Globale Wandel verändert die Lebensbedingungen der Menschen, wobei der Klimawandel dabei bisher die meiste Beachtung findet. Der Biodiversitätsverlust ist eine besonders dramatische Komponente des Wandels, da er irreversibel ist. Ausgestorbene Arten sind für alle Zeiten verloren. Um die Mechanismen dieses Diversitätsverlustes messen, verstehen und entgegen wirken zu können, sind Daten über die Zusammensetzung und den Zustand von Artengemeinschaften heute, aber auch in früheren Zeiten, notwendig.

PaläoOMICS umfasst die Hochdurchsatzanalyse von „alter“, meist degradiertes (fragmentierter) DNA aus Museumsmaterial, oft jahrhundertealten Proben oder sogar aus Fossilien. Bereits in den 1980er-Jahren konnte erstmals erfolgreich Erbgut des Quagga, einer ausgestorbenen Zebra-Art, mit herkömmlichen Methoden untersucht<sup>38</sup> und Rückschlüsse auf dessen evolutionäre Verwandtschaft zu noch lebenden Arten gezogen werden. Durch die OMICS-Technologien ist es heute aber möglich, nicht nur kurze Abschnitte der Erbinformation, sondern ganze Genome schnell und relativ kostengünstig zu untersuchen. Die Bedeutung solcher kompletter Datensätze zeigt sich eindrucksvoll am Beispiel der Evolution des Menschen: Nur durch die Sequenzierung vollständiger Genome des modernen Menschen sowie seiner ausgestorbenen Verwandten, Neandertaler<sup>39</sup> und Denisova-Mensch<sup>40</sup>, konnte gezeigt werden, dass sich der moderne Mensch, im Gegensatz zu früheren Hypothesen, immer

wieder mit seinen Verwandten gekreuzt hat (siehe Beispiel Evolution des Menschen, S. 28). Die Evolutionsgeschichte des Menschen muss daher neu geschrieben werden. Im Falle von Pandemien von Infektionskrankheiten, wie zum Beispiel der Pest, der Lepra, der Spanischen Grippe oder der Irischen Kartoffelfäule, erlaubt die Analyse „alter“ DNA mit Hilfe von OMICS-Technologien eine präzise Identifizierung der entsprechenden Stämme und ermöglicht detaillierte Einblicke in die Variabilität und Anpassung sowie die Ausbreitungswege entsprechender Krankheitserreger.<sup>41, 42</sup>

Für die Taxonomie und die Evolutionsforschung ist die Analyse „alter“ DNA von großer Bedeutung. Auf diese Weise können teilweise sogar evolutionäre Veränderungen in definierten Zeiträumen erfasst und Evolutionsprozesse rekonstruiert werden. Dies beinhaltet auch Populationen und Arten, die ausgestorben sind, wie zum Beispiel Beutewolf, Höhlenbär, Mammut oder das von Darwin 1835 auf Galapagos gesammelte Gurkengewächs *Sicyos villosus*,<sup>43</sup> von denen nur noch Museumsexemplare oder Fossilien vorliegen. Auch die Biodiversitätsforschung ist auf die Analyse „alter DNA“ angewiesen. Mit Hilfe genetischer Proben aus noch existierenden Tigerpopulationen Indiens sowie Museumsexemplaren konnte kürzlich gezeigt werden, dass die genetische Variation innerhalb dieser Populationen in den letzten 60 Jahren stark zurückgegangen ist.<sup>44</sup> Völlig neue Einblicke in prähistorische Ökosysteme und unsere Klimageschichte ermöglicht die OMICS-basierte

38 Higuchi R, Bowman B, Freiberger M, Ryder OA et al. 1984. DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature* 312:282-284.

39 Green RE, Krause J, Briggs AW, Maricic T et al. 2010. A draft sequence of the Neanderthal genome. *Science* 328:710-722.

40 Meyer M, Kircher M, Gansauge MT, Li H et al. 2012. A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science* 338:222-226.

41 Schuenemann VJ, Singh P, Mendum TA, Krause-Kyora B et al. 2013. Genome-wide comparison of medieval and modern *Mycobacterium leprae*. *Science* 341:179-182.

42 Gibbons A. 2013. On the trail of ancient killers. *Science* 340:1278-1282.

43 Sebastian P, Schaefer H, Renner SS. 2010. Darwin's Galapagos gourd: Providing new insights 175 years after his visit. *J Biogeogr* 37(5): 975-980.

44 Mondol S, Bruford MW, Ramakrishnan U. 2013. Demographic loss, genetic structure and the conservation implications for Indian tigers. *Proc R Soc B* 280:20130496.

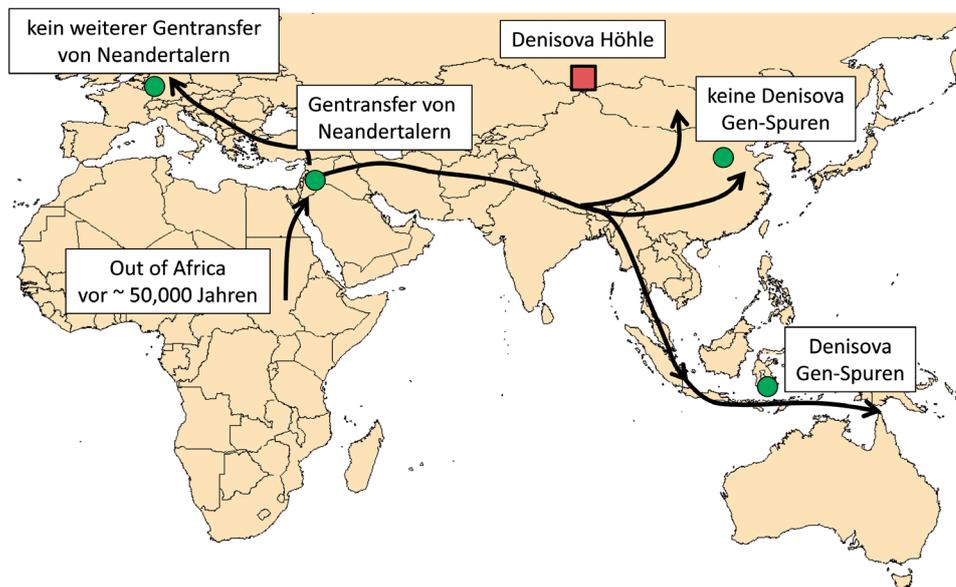
Analyse von tiefgefrorenem und so vor dem Verfall geschütztem Erbgut aus den Sedimentablagerungen der Permafrostböden der Arktis. Die Analyse von DNA aus Pollen oder Sporen dieser Proben ermöglicht die taxonomische Bestimmung der Pflanzen oder Pilze, die in prähistorischen Ökosystemen vor mehreren tausend bis zehntausend Jahren gelebt haben.<sup>45</sup>

---

<sup>45</sup> siehe beispielsweise Bellemain E, Davey ML, Kauserud H, Epp LS et al. 2013. Fungal palaeodiversity revealed using high-throughput metabarcoding of ancient DNA from Arctic permafrost. *Environ Microbiol* 15:1176-1189.

### Die Evolutionsgeschichte des modernen Menschen muss neu geschrieben werden

Analysen „alter“ DNA mit *OMICS*-Technologien brachten den Nachweis dafür, dass sich der anatomisch moderne Mensch, im Gegensatz zu früheren Hypothesen, mit heute ausgestorbenen verwandten Arten, wie dem Neandertaler und dem Denisova-Menschen, gekreuzt hat. Hierbei wurde das vollständige Erbgut des Neandertalers<sup>46</sup> und des Denisova-Menschen<sup>47</sup>, dessen Fossilien erst 2008 in der sibirischen Höhle von Denisova im Altaigebirge Mittelasiens gefunden wurden, entschlüsselt. Die DNA des Denisova-Menschen wurde hierfür aus einem winzigen, 30 000 bis 48 000 Jahre alten Fingerknöchelchen eines Mädchens extrahiert – bis dato der einzige Beweis für die Existenz dieser Menschenart. Der Vergleich der Neandertaler- und Denisova-Genome mit jenen des modernen Menschen unterschiedlicher geographischer Populationen zeigte, dass Neandertaler und Denisova-Menschen einen gemeinsamen Vorfahren hatten, sich aber nach ihrer Trennung lokal mit modernen Menschen gekreuzt haben. Nach derzeitigem Wissensstand wanderte der anatomisch moderne Mensch vor etwa 50 000 Jahren aus Afrika aus. Im Nahen Osten kam es zum Kontakt und genetischen Austausch mit dem Neandertaler. Menschen, deren Vorfahren durch dieses Nadelöhr in der Levante gegangen sind, tragen heute 1,9% bis 3,1% Neandertaler-Gene. Diese fanden sich nicht bei Menschen, deren Vorfahren in Afrika südlich der Sahara blieben. Ein ähnlicher Genaustausch fand zwischen den Denisova-Menschen und den Vorfahren der Bewohner Ost-Indonesiens, Papua-Neuguineas, Australiens und Polynesiens statt, bei denen etwa 4,3% bis 5,3% des Erbguts vom Denisova-Menschen stammen.<sup>48</sup> Diese auf umfangreichen genetischen Daten basierenden Erkenntnisse zeigen eindrucksvoll die Komplexität unserer eigenen Evolutionsgeschichte.



**Abbildung 9:** Ausbreitung des modernen Menschen und genetischer Austausch mit Neandertalern und Denisova-Menschen (aus 49; verändert nach 50).

46 Green RE, Krause J, Briggs AW, Maricic T et al. 2010. A draft sequence of the Neanderthal genome. *Science* 328:710-722.

47 Meyer M, Kircher M, Gansauge MT, Li H et al. 2012. A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science* 338:222-226.

48 Reich D, Patterson N, Kircher M, Delfin F et al. 2011. Denisova admixture and the first modern human dispersal into Southeast Asia and Oceania. *Am J Hum Genet* 89:516-528.

49 Zinner D, Roos C. 2013. Natürliche Hybridisierung bei Primaten. *Biospektrum* 3/2013:253-256.

50 Stoneking M, Krause J. 2011. Learning about human population history from ancient and modern genomes. *Nature Rev Genet* 12:603-614.

## 2.4 Taxonomie für die Lebenswissenschaften

Eine moderne integrative Taxonomie ist nicht nur für sich genommen ein wichtiges Forschungsgebiet, sondern sie liefert auch Daten für Anwendungen in der Medizin, der Landwirtschaft, der Bio- und Lebensmitteltechnologie sowie im Naturschutz. Sie ist damit eine wichtige Grundlage für die Forschung in allen Lebenswissenschaften. Für die Informationsvermittlung und -zugänglichkeit sind hierbei die vielen existierenden offenen Datenbanken von zentraler Bedeutung.

### Medizin

Der Nutzen taxonomischer Forschung für die Medizin wird besonders deutlich bei Infektionserregern. Hier hilft die Taxonomie, die Evolution der Erreger und ihrer Assoziation mit dem Wirt zu verstehen, die Erreger korrekt zu klassifizieren, Krankheiten auslösende von ungefährlichen Mikroorganismen zu unterscheiden und diagnostische, therapeutische und präventive (Impf-) Strategien zu entwickeln.

Mit Hilfe der *OMICS*-Technologie können Ausbruchereignisse detailliert zurückgeführt werden. Beim großen Ausbruch von so genannten enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC) O104:H4 in Deutschland im Frühsommer 2011 konnte in weniger als zwei Wochen nach Erkennung des Ausbruchs die komplette Genomsequenz des verantwortlichen Ausbruchstammes ermittelt werden. Im Fall des Choleraausbruchs in Haiti nach dem verheerenden Erdbeben im Jahr 2010 ergaben vergleichende Genomsequenzierungen sehr starke Hinweise darauf, dass der verantwortliche Stamm ungewollt durch UN-Personal aus Südasien nach Haiti importiert wurde.<sup>51</sup>

Auch die Erforschung des menschlichen Mikrobioms hat sich in den letzten zehn Jahren zu einem besonders aktiven Bereich der medizinischen Forschung entwickelt. Ein enormes translationales Potenzial wird im Bereich der Gesundheitsforschung gerade für den Schutz und die gezielte Beeinflussung des humanen Mikrobioms – besonders im Darm – gesehen. Diese Fortschritte haben das Interesse der Medizin an der Biodiversität von Bakterien stark belebt. Über die Erforschung der Zusammensetzung des Mikrobioms verschiedener Körperregionen hinaus wird versucht, das Stoffwechselrepertoire der Gesamtheit der Bakterien zu verstehen. Die Mikrobiomforschung erstellt aber auch Hypothesen über die Rolle einzelner Bakterienarten für wichtige Funktionen des menschlichen Körpers. So deuten beispielsweise tierexperimentelle Hinweise an, dass bestimmte Darmbakterien eine zentrale Rolle im menschlichen Immunsystem spielen.<sup>52</sup>

Auch für die Suche nach neuen Wirkstoffen gegen Krankheiten ist taxonomische Arbeit unerlässlich. Der kombinierte Einsatz verschiedener *OMICS*-Technologien eröffnet auch hier neue Perspektiven. So können beispielsweise Stoffwechselprodukte charakterisiert werden, für die im Genom der Organismen zwar Biosynthesewege vorhanden sind, die jedoch unter bestimmten Bedingungen gar nicht exprimiert werden, die also mit anderen Methoden nicht auffindbar sind.

Nicht nur Bakterien sind medizinisch relevant. Mit den zuvor genannten Technologien lassen sich auch Parasiten, wie die Erreger von Malaria, Chagas, Schlafkrankheit und Bilharziose, schnell und eindeutig identifizieren. Dies gilt auch für Krankheitsüberträger, wie blutsaugen-

<sup>51</sup> Chin CS, Sorenson J, Harris JB, Robins WP et al. 2011. The origin of the Haitian cholera outbreak strain. *N Engl J Med* 364:33-42.

<sup>52</sup> Kamada N, Kim YG, Sham HP, Vallance BA et al. 2012. Regulated virulence controls the ability of a pathogen to compete with the gut microbiota. *Science* 336:1325-1329.

de Wanzen, Mücken und Bremsen, von denen viele schwer unterscheidbar sind.

### Landwirtschaft, Gartenbau und Agrarforschung

Die Landwirtschaft bildet die Grundlage für die Ernährung der stetig wachsenden Weltbevölkerung. Gerade mit ihrer zunehmenden Intensivierung ist sie jedoch anfällig für Störungen. Der Klimawandel wird zu Veränderungen bei den Kulturpflanzen führen, manche Schädlinge werden ihr Verbreitungsgebiet verändern, und auch das Schädlings-Nützlingsgefüge wird sich verschieben. Vor diesem Hintergrund analysiert die Agrarforschung momentan weltweit beispielsweise die Genome von Reis. Besonders von Interesse sind hier alte Wildsorten<sup>53</sup>, die in ihrer Erbinformation natürliche Resistenzen gegen Schädlinge oder Trockenheit tragen und mit deren Hilfe Kultursorten durch Züchtung optimiert werden können. Aber auch in der Agrarforschung ist es notwendig, Schädlinge sicher zu identifizieren. Im Zuge der Globalisierung verbreiten sich Schadinsekten, wie Minierfliegen und Miniermotten, Pilzkrankheiten und Fadenwürmer, die Kulturpflanzen schädigen. Sind in Datenbanken die genetischen Marker dieser Organismen registriert, lassen sich diese schwer bestimmbar Arten eindeutig zuordnen.

Ein großes Potential zur Ertragssteigerung in der Landwirtschaft wird im gezielten Einsatz bestimmter Bakterien und Bodenorganismen, wie etwa stickstofffixierender Rhizobien oder pflanzenwachstumsregulierender Bakterien gesehen. In einem Gramm Boden kommen viele Millionen Mikroorganismen vor, die Tausenden verschiedener Arten angehören.<sup>54</sup> Weniger als ein Prozent dieser Bodenor-

ganismen sind kultivierbar. Nur die taxonomische *OMICS*-Forschung macht hier eine Identifizierung und Charakterisierung für einen gezielten Einsatz möglich.

Für eine Beurteilung der Fruchtbarkeit und der nachhaltigen Nutzung von Böden wird die integrative Taxonomie wichtige Beiträge liefern. Eine Erforschung des „Bodenfaktors“, also der Ursachen für das bessere Wachstum bestimmter Kulturpflanzen in bestimmten Böden, wird in Zukunft durch die offene Zugänglichkeit von taxonomischem Wissen und die automatisierte Inventarisierung aller Bodenmikroorganismen verbessert.<sup>55</sup>

### Bio- und Lebensmitteltechnologie

Bakterien und Pilze produzieren zahlreiche bioaktive Substanzen, die für unsere Gesundheit von Bedeutung sind. Schimmelpilze stellen beispielsweise das Antibiotikum Penicillin her,<sup>56</sup> aber auch ein Immunsuppressivum, wie Cyclosporin A. Die steigende Anzahl entschlüsselter Genome hat gezeigt, dass wir die Mehrzahl aller Sekundärmetabolite und ihrer Wirkungen nicht kennen. Ein enormes Potential an bisher unbekannt Genen für weitere Sekundärmetabolite in Bakterien und Pilzen kann in Zukunft mit den Methoden der integrativen Taxonomie kombiniert, mit synthetischer Biologie erschlossen und auf ihre Bioaktivität hin überprüft werden.

Bereits seit langem werden Bakterien, Hefen und Schimmelpilze vom Menschen zur Lebensmittelherstellung verwendet, z. B. zur Herstellung von Käse, Joghurt, Sauerkraut, Rohwurst und alkoholischen Getränken. Gärungsprozesse werden durch verschiedenste Organismen initiiert. Allerdings können Mikroorga-

53 Sakai H, Lee SS, Tanaka T, Numa H et al. 2013. Rice Annotation Project Database (RAP-DB): An integrative and interactive database for rice genomics. *Plant Cell Physiol* 54(2):e6(1–11).

54 Delmont TO, Robe P, Cecillon S, Clark IM et al. 2011. Accessing the soil metagenome for studies of microbial diversity. *Appl Environ Microb* 77:1315–1324.

55 Bulgarelli D, Rott M, Schlaeppi K, van Themaat EVL et al. 2012. Revealing structure and assembly cues for *Arabidopsis* root-inhabiting bacterial microbiota. *Nature* 488:91–95.

56 Fleming A. 1929. On the antibacterial action of cultures of a *Penicillium* with special reference to their use in the insolation of *B. influenzae*. *Br J Exp Path* 10:216–226.

nismen auch Nahrungsmittel verderben und zu Lebensmittelvergiftungen führen. Deshalb ist es wichtig, die verwendeten Bakterien und Pilze genau zu kennen. In der Qualitätskontrolle von Lebensmitteln werden *OMICS*-Technologien vermehrt eingesetzt, um z. B. eine Schimmelpilzbelastung zu erkennen und Mikroorganismenstämme zu identifizieren (siehe Beispiel Rohwurstherstellung, S. 32).

Komplexe Gemeinschaften von Mikroorganismen werden beispielsweise in Kläranlagen zur Abwasserreinigung und in Biogasanlagen zur Erzeugung von Methan genutzt. Damit dies optimal funktioniert, muss die Zusammensetzung der Lebensgemeinschaften stimmen. Entsprechende Analysen sind nur durch die Methoden der integrativen Taxonomie möglich. Konkrete Ziele sind hier eine höhere Prozessstabilität und ein kausales Verständnis des Auftretens von störenden Organismen.<sup>57</sup>

### Naturschutzforschung

Dieses Thema ist eng verwandt mit der Analyse des globalen Wandels (siehe 2.3). Die Entwicklung effektiver Schutz- und Managementstrategien erfordert ein möglichst umfassendes Wissen über die vorhandenen Arten, ihrer Eigenschaften, ihrer Lebensraumanforderungen und ihres ursprünglichen Verbreitungsgebietes. Insbesondere in einer Kulturlandschaft bedarf es klarer Prioritäten im Naturschutz, sowohl aus Gründen der Kompromissfindung zwischen unterschiedlichen Interessen als auch aus finanziellen Gründen. Der Schutz einer Art, die nur in einem kleinen Gebiet verbreitet ist, hat aufgrund ihrer natürlichen Seltenheit und ihres erhöhten Verlustpotentials generell eine hohe Priorität.<sup>58</sup> Die Naturschutzfor-

schung und der praktische Naturschutz sind also in besonderer Weise auf korrekte taxonomische Daten angewiesen. Die Anwendung molekularer Methoden hat in den letzten Jahren zu einer Entdeckung vieler neuer Arten geführt, was letztlich auch für die Prioritätensetzung im Naturschutz von Bedeutung ist. So waren beispielsweise einige morphologisch und anatomisch ähnliche Arten südamerikanischer Frösche ursprünglich einer Art zugerechnet worden, wodurch sich das Verbreitungsgebiet entsprechend vergrößerte. Eine grundlegende Revision der Familie dieser Frösche führte zu einer Neuinterpretation der Verbreitungsdaten vieler Arten.<sup>59</sup> Eine solche kleinräumigere Darstellung der tatsächlichen Vorkommen von Arten kann anschließend direkt zur Einrichtung neuer Schutzgebiete führen, wie das Beispiel der Amphibienfauna Madagaskars zeigt (siehe Beispiel Taxonomie für Naturreservate, S. 33).

<sup>57</sup> Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina. 2012. Bioenergie – Möglichkeiten und Grenzen. Halle/Saale, 118 S.

<sup>58</sup> Steinicke H, Henle K, Gruttke H. 2002. Bewertung der Verantwortlichkeit Deutschlands für die Erhaltung von Amphibien- und Reptilienarten. Bundesamt für Naturschutz, Bonn-Bad Godesberg, 96 S.

<sup>59</sup> Faivovich J, Haddad CFB, Garcia PCA, Frost DR et al. 2005. Systematic review of the frog family Hylidae, with special reference to Hylinae: Phylogenetic analysis and taxonomic revision. *B Am Mus Nat Hist* 294:1-240.

### Wenn es um die Wurst geht, ist Taxonomie gefragt



**Abbildung 10:** Einige Staphylokokken-Stämme können schwere Darmerkrankungen auslösen. *Staphylococcus carnosus* hingegen ist ein harmloser Stamm, der häufig zur Rohwurstherstellung (z. B. Salami) eingesetzt wird. Bild: © Fotolia.com – Igor Normann

Neben Milchsäurebakterien (Laktobazillen) sind auch gram-positive Kokken am Reifeprozess einer Rohwurst (z. B. Salami) beteiligt. Sie werden häufig als sogenannte Starterkulturen dem Ausgangsmaterial zugesetzt. Allein die für Rohwurstherstellung wichtigen Kokken werden von deutschen Firmen tonnenweise produziert und lange Zeit als *Micrococcus varians* bezeichnet. Mit Hilfe der integrativen Taxonomie konnte jedoch gezeigt werden, dass es sich hier nicht um einen Vertreter der Gattung *Micrococcus*, sondern um Staphylokokken (*Staphylococcus carnosus*)<sup>60</sup> handelt, die morphologisch zwar sehr ähnlich wie Mikrokokken aussehen, aber genotypisch sehr verschieden sind. Im Unterschied zu den Mikrokokken, bei denen es sich durchweg um harmlose Bakterien handelt, können

einige Staphylokokken Lebensmittelvergiftungen verursachen. Als eine deutsche Firma kurz nach der Umbenennung ihres Produktionsstammes von *M. varians* in *S. carnosus* die Zulassung als Starterkultur in den USA beantragte, wurde ihr die Zulassung verweigert, da Staphylokokken potenziell pathogen seien und ihre Ungefährlichkeit vor einer Zulassung erwiesen sein müsse. Ein Hinweis, dass derselbe Produktionsstamm in Deutschland schon jahrzehntelang als Starterkultur verwendet wurde, war für die Behörde nicht ausreichend. Wäre der Stamm dagegen unter dem ursprünglichen Namen *M. varians* angemeldet worden, hätte es keinerlei Schwierigkeiten bei der Zulassung gegeben. Die korrekte Benennung einer Bakterienart spielt nicht nur bei Zulassungs-, sondern auch bei Patentanmeldungen eine wichtige Rolle.

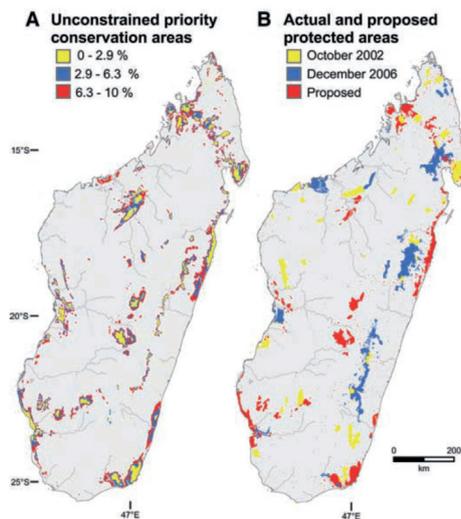
<sup>60</sup> Schleifer KH, Fischer U. 1982. Description of a new species of the genus *Staphylococcus*: *Staphylococcus carnosus*. Int J Syst Bacteriol 32:153–156.

### Beschleunigte Taxonomie als Grundlage für die Ausweisung von Naturreservaten



**Abbildung 11:** Neuentdeckte Arten von Amphibien, Reptilien und Primaten in Madagaskar. Über 400 neue Arten wurden in den letzten 20 Jahren in Madagaskar entdeckt. Bilder: Vences, TU Braunschweig; Glaw, Zoologische Staatssammlung München; Radespiel, TiHo Hannover.

Lemuren, Plattschwanzgeckos, Frösche und Mini-Chamäleons: Madagaskar ist berühmt für die Einzigartigkeit seiner spektakulären Tier- und Pflanzenwelt. Bekannt ist aber auch die extrem hohe Entwaldungsrate, meist im Rahmen von Subsistenz-Landwirtschaft der lokalen Bevölkerung. Die viertgrößte Insel der Welt ist ein Naturparadies, aber auch eines der ärmsten Länder der Welt und Strategien für nachhaltige Landnutzung setzen sich nur langsam durch. Eine Bewahrung der Artenvielfalt dieses Naturparadieses ist daher nur bei schneller Priorisierung von Naturschutzbelangen auf klar definierte Naturräume möglich. Hierfür sind genaue Kenntnisse über die Taxonomie der betroffenen Organismen und ihrer Verbreitungsgebiete notwendig.



**Abbildung 12:** Die Karten zeigen eine detaillierte Priorisierung von Gebieten für neue Schutzgebiete anhand der Verbreitungsgebiete der bekannten und neu entdeckten Arten. Viele dieser Gebiete wurden mittlerweile unter Schutz gestellt. Karten aus 62.

Mehr als in vielen anderen tropischen Regionen ist Madagaskars Tier- und Pflanzenwelt in den vergangenen 20 Jahren der Gegenstand intensiver taxonomischer Forschung gewesen, und insbesondere die Etablierung von systematischen Arbeitsroutinen mit integrierter molekularer, morphologischer und verhaltensbiologischer Forschung unter Beteiligung deutscher Arbeitsgruppen hat zu einzigartig schnellen Fortschritten bei der Erforschung der madagassischen Biodiversität geführt.<sup>61</sup> Die nur scheinbar paradoxe Situation: Eine enorme Anzahl von Kandidaten-Arten wurde bislang nur vorläufig identifiziert und wartet noch auf die formale Beschreibung. Gleichzeitig ist aber der Kenntnisstand über die (beschriebenen und unbeschriebenen) Arten insgesamt besser als in vielen anderen Biodiversitäts-Hotspots. Bei den Amphibien konnte die Zahl der bekannten Arten durch die stringente Anwendung moderner Methoden von ca. 130 Arten in 1994 auf derzeit über 500 Arten mehr als verdreifacht werden. Die Verbreitungsdaten sowohl der beschriebenen als auch der unbeschriebenen Arten wurden in Modellierungs-Analysen verwendet, um Prioritäts-Regionen für den Naturschutz zu definieren.<sup>62</sup> Auf dieser Basis wurden und werden in Madagaskar eine große Zahl neuer Naturschutzgebiete ausgewiesen.

61 Vieites DR, Wollenberg KC, Andreone F, Köhler J et al. 2009. Vast underestimation of Madagascar's biodiversity evidenced by an integrative amphibian inventory. *Proc Natl Acad Sci USA* 106:8267-8272.

62 Kremen C, Cameron A, Moilanen A, Phillips SJ et al. 2008. Aligning conservation priorities across taxa in Madagascar with high-resolution planning tools. *Science* 320:222-226.

### 3 Neue Organisationsformen für die integrative Taxonomie

Die Umsetzung der vorgeschlagenen Forschungsprioritäten erfordert eine optimal darauf zugeschnittene Forschungsinfrastruktur und neue Organisationsformen. Die Erforschung der vier genannten Schwerpunktthemen wird nur durch interdisziplinäre Kooperationen leistbar sein.

Taxonomische Forschung findet in Deutschland, wie auch international, hauptsächlich an außeruniversitären Forschungseinrichtungen statt. Eine intensivierte Verzahnung dieser taxonomisch arbeitenden Institute mit dem Erneuerungs- und Ausbildungspotential der Universitäten sichert nicht nur die Zukunft der großen deutschen Expertise in diesem Feld, sie führt auch zu enormen Synergien. Essentiell ist hierbei, dass die taxonomische Expertise, einschließlich des vollen Zugangs zur kooperativen Forschungsinfrastruktur, zu beiderseitigem Nutzen in die Lehr- und Forschungsprogramme der Universitäten einfließt.

Besondere Chancen ergeben sich an den Standorten mit taxonomisch forschenden Instituten, wie den großen Naturkundemuseen und Staatssammlungen. Hier sollten die Expertinnen und Experten, die in der modernen integrativen Taxonomie auf internationalem Niveau forschen, noch mehr als bisher Lehrveranstaltungen übernehmen. Dies gewährleistet, dass die jeweils aktuellen und akzeptierten Methoden und Standards in die Forschung und Lehre eingehen. Auch Forschungssammlungen und Universitäten an anderen Orten würden von diesen Taxonomie-Schwerpunktstandorten profitieren und könnten auf diese Weise

zeitgemäße taxonomische Forschung und Lehre ermöglichen.

Andererseits trifft dies aktuell auf zahlreiche organisatorische Schwierigkeiten. Wenn außeruniversitäre Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler freiwillig unterrichten und damit die Verpflichtungen der Universitäten erfüllen, führt dies zu Berechnungsschwierigkeiten dahingehend, dass die Hochschullehrerinnen und Hochschullehrer ihr Lehrpensum nicht erfüllen können oder die Studierendenkontingente erhöht werden müssen. Daher sollte die Einbindung des außeruniversitären Lehrkörpers berechnungsneutral bleiben.

Die Leibniz-Gemeinschaft (WGL) verfügt über besonders viele leistungsstarke Institute im Bereich der Taxonomie.<sup>63</sup> Möglich sind aber auch Kooperationen zwischen Universitäten und mehreren außeruniversitären Instituten. Derartige Kooperationen gibt es bereits in anderen Bereichen, wie etwa der Biodiversitätsforschung, wo beispielsweise an den Standorten Leipzig, Halle und Jena außeruniversitäre Einrichtungen der Helmholtz-Gemeinschaft und der Max-Planck-Gesellschaft erfolgreich mit drei Universitäten unter maßgeblicher Finanzierung der Deutschen Forschungsgemeinschaft kooperieren (iDiv<sup>64</sup>). Im Bereich der Infektionsforschung existiert

<sup>63</sup> Die wichtigsten Vertreter sind das Museum für Naturkunde in Berlin, das Museum Alexander Koenig in Bonn die Senckenberg-Gesellschaft für Naturforschung mit seinen verschiedenen Standorten und die Deutsche Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen in Braunschweig.

<sup>64</sup> iDiv: Deutsches Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig; <http://www.idiv-biodiversity.de>.

tiert eine ähnliche Kooperation im Raum Hannover und Braunschweig, in der die Helmholtz-Gemeinschaft und die Leibniz-Gemeinschaft mit der Technischen Universität Braunschweig und der Medizinischen Hochschule Hannover zusammenarbeiten.

Ein wichtiges Ziel dieser Kooperationen ist es, die grundständige Taxonomielehre zu modernisieren bzw. wiederzubeleben und für die Studierenden attraktiv zu machen. Es gilt zu vermitteln, dass Taxonomie im 21. Jahrhundert eine moderne und zukunftssträchtige Disziplin ist. Ihre Bedeutung wird jedoch oft erst später im Studium erkannt. Dazu gilt es, die Bachelor-Biologie-Curricula einschließlich der Lehrerinnen- und Lehrerausbildung durch die Modernisierung der entsprechenden Module qualitativ an den heutigen Stand der Forschung anzupassen, ohne dass eine quantitative Erweiterung notwendig wird. Hierbei geht es nicht um die Vermittlung einer bestimmten Systematik oder von Artenlisten, sondern um die Lehre der Methoden und Konzepte integrativer Taxonomie und ihre Bedeutung.

Das vorgeschlagene Konzept sieht die Schaffung zukunftsweisender Forschungs- und Lehrkonzepte an den Schwerpunktstandorten vor. Zugleich wird die Funktion dieser Standorte als taxonomische Kompetenzzentren nationaler wie internationaler Relevanz gestärkt. Diese Aspekte werden im Folgenden unter den Bezeichnungen „Schools of Taxonomy“ und „Kompetenznetzwerk für Taxonomie“ skizziert. Als praktische Umsetzung einer Förderung integrativ-taxonomischer Forschung wird die Einrichtung von Infrastrukturen vorgeschlagen, die sich der Beschleunigung der Artbeschreibung und deren möglicher Standardisierung widmen – der vielleicht größten Herausforderung für die moderne Taxonomie.

### 3.1 „Schools of Taxonomy“

Aufgrund des hohen Grades der Spezialisierung in der Biologie und der zunehmenden Profilbildung der Universitäten wird Taxonomie an vielen Standorten nur oberflächlich und in abnehmendem Maß vermittelt. Meist werden nur traditionelle Teilbereiche der Taxonomie, wie etwa die Identifizierung von Pflanzen und Tieren durch Bestimmungsübungen, im Rahmen von Bachelor-Studiengängen unterrichtet. Damit Studierende frühzeitig Einblicke in zeitgemäße taxonomische Forschungsmethoden und ein flächendeckendes Basiswissen über integrative Taxonomie erhalten, ist eine Anpassung der Curricula notwendig.

An ausgewählten Standorten sollten „Schools of Taxonomy“ etabliert werden, die eigene Master-/Promotionsstudiengänge anbieten. Ziel ist es, die vertiefte taxonomische Forschung und Lehre an international ausstrahlenden Standorten zu bündeln. Eine Voraussetzung dafür ist die Erhaltung einer flächendeckenden, grundständigen Lehre in Taxonomie und Systematik an allen Universitätsstandorten. Zu den Lehrinhalten der „Schools of Taxonomy“ gehören neben breiter Artenkenntnis und traditionellen taxonomischen Methoden insbesondere das Arbeiten mit *OMICS*-Technologien, Bioinformatik und Datenbanken. Dafür ist eine enge Kooperation zwischen Universitäten und außeruniversitären Forschungseinrichtungen notwendig. An den Staatssammlungen und Forschungsmuseen existiert bereits ein breites Methodenspektrum an *OMICS*-Forschung und eine hervorragende taxonomische Expertise bei ihrem Personal. Für die umfassende Ausbildung moderner Taxonomen ist die Ansiedlung dieser „Schools of Taxonomy“ an den Universitäten notwendig, da nur hier eine Verschneidung mit anderen relevanten Disziplinen, wie Ingenieurwissenschaften, Informatik, Rechtswissenschaften, Philosophie und Soziologie erfolgen kann.

### Die „Schools of Taxonomy“ beinhalten folgende Komponenten:

1. An mehreren Universitätsstandorten werden Graduiertenschulen für integrative Taxonomie etabliert, denen ein Master of Science (MSc) in Taxonomie vorgeschaltet sein sollte. Diese integrierten Master-/Promotionsstudiengänge erhalten eine stark internationale Ausrichtung mit englischsprachiger Lehre. Die Lehre erstreckt sich über alle Organismengruppen und eine große Bandbreite relevanter Methoden, von klassischen Sammlungstechniken bis zu OMICS-Forschung. Der Arbeitsmarkt für die Absolventen ist ein globaler, sowohl im akademischen Bereich als auch in der Industrie oder NGOs und Behörden. Über Alumni-Netzwerke wird versucht, den Aspekt des lebenslangen Lernens spezifisch zu fördern.
2. Im Rahmen der „Schools of Taxonomy“ werden auch Konzepte für die technisch orientierten Laufbahnen mit Taxonomiebezug entwickelt („*School of Collections Science*“). Diese beinhalten die Weiterentwicklung bzw. Etablierung von Berufsbildern wie dem des Sammlungsmanagers („*Natural History Collection Manager*“) als akademische Ausbildungsberufe mit einem Bachelor bzw. Master-Abschluss, wie es im angelsächsischen Bereich bereits üblich ist, und gleichzeitig auch die Verzahnung mit technischen Ausbildungsberufen, wie beispielsweise dem des Präparators.
3. Attraktive und innovative Lehre an den Schwerpunktstandorten beinhaltet neben Artenkenntnis auch die Lehre der Biodiversitäts- und Evolutionsforschung, einschließlich genomischer Aspekte, musterbasierter Behandlungen komplexer Systeme, sowie Datenbank-basierter Forschungsansätze. Letztere werden dazu dienen, verstärkt Sammlungsinformationen als Grundlage für Metaanalysen und Modellierungen globaler Umweltveränderungen zu nutzen.

4. Summer-Schools und andere Fortbildungsmöglichkeiten führen zur Ausweitung der interessierten Zielgruppe und der Weitergabe moderner taxonomischer Lehr- und Forschungskonzepte. Hierzu gehören beispielsweise Kurse zum Sammeln von Proben für die Forschung, zur Erweiterung von Taxonomiekenntnissen, vor allem aber auch zur Anwendung von Methoden aus der OMICS-Forschung. Fortbildungsangebote soll es sowohl spezifisch für Deutsche als auch internationale Teilnehmer ergeben. Zielgruppen sind u. a. Studierende und Lehrende anderer Universitäten, Forschende anderer Wissenschaftsdisziplinen ebenso wie freiberufliche Biologinnen und Biologen sowie Lehrerinnen und Lehrer – letztere wieder im Sinne lebenslangen Lernens.

### 3.2 Kompetenznetzwerk für Taxonomie

Die vorgeschlagene Stärkung moderner taxonomischer Forschungs- und Lehrkonzepte an Schwerpunktstandorten führt zu einer Bündelung der deutschen taxonomischen Kompetenz an diesen Standorten. Um diese Kompetenz noch effizienter nutzen und Synergieeffekte voll ausschöpfen zu können, sollten diese Standorte zu einem „Kompetenznetzwerk für Taxonomie“ verknüpft werden. Das Netzwerk umfasst darüber hinaus weitere universitäre Institute, Forschungssammlungen und Forschungseinrichtungen. Es übernimmt koordinierende Aufgaben bei der Langzeitarchivierung taxonomischer Daten, bei Informationsportalen für Taxonomie, bei der Begleitung internationaler Standardisierungsprozesse im taxonomischen Bereich und bei der Qualitätssicherung in der Taxonomie. Keine dieser zentralen Aufgaben kann von einer einzelnen Institution in Deutschland erfüllt werden.

### 3.2.1 Datenlangzeitspeicherung, -archivierung und -zugänglichkeit

Nur zum Teil ist in den deutschen taxonomisch arbeitenden Instituten eine hinreichende Kompetenz im Bereich Datensicherung sowie nationaler und internationaler Datenbank-Vernetzung vorhanden. Die naturkundlichen Sammlungen stellen sich zurzeit der Mammutaufgabe, die digitale Zugänglichkeit von Sammlungsinformationen und dazugehörenden Forschungsdaten zu verbessern. Neben der weiterhin bestehenden klassischen Aufgabe, die physischen Objekte und die papiergebundenen Informationsträger (Feldbücher, Exkursionsberichte etc.) zu erhalten, müssen hierfür die nicht-digitalen Sammlungsinformationen zunächst digital erfasst werden. Dazu kommt die Archivierung neuer, „nativ digitaler“ Belege, die aus mobiler Felderfassung, Bildern, Ton- oder Videodokumenten sowie aus der molekularen und spektroskopischen Analyse hervorgehen.<sup>65</sup> Dies eröffnet die Chance, diese Datenbanken mit den spezifischen Datenbanken der *OMICS*-Forschung zu vernetzen, die meist auf internationalen Datenstandards (TDWG, Darwin Core, GenOMICS Standards Consortium etc.) beruhen und damit das Potential zu einer solchen virtuellen Vernetzbarkeit haben.

Entscheidend ist hierbei, die Langzeitfinanzierung der Infrastrukturen zur digitalen Erfassung und Datenspeicherung in naturkundlichen Sammlungen einschließlich des entsprechend qualifizierten Personals sicherzustellen. Gleichzeitig sollte weiterhin die Kustodie für die physischen Belege der naturhistorischen Sammlungen auf hohem Niveau gewährleistet werden.

Im Bereich der *OMICS*-Forschung ist bereits heute oft die Datenerzeugung kostengünstiger als die Datenspeicherung. Daraus ergeben sich massive Verän-

derung in der Planung und Durchführung von Sequenzierungsprojekten, die heute nicht mehr durch die Datenproduktion limitiert sind, sondern durch die Datenspeicherung und -verarbeitung.

Die Etablierung eines Datenservicezentrums für taxonomische Informationen könnte als Dachstruktur die bisher existierenden dezentralen Dateninfrastrukturen stützen und virtuell zusammenführen, ihre Vernetzung und Interoperabilität optimieren und für die internationale Kompatibilität sorgen.

Das Zentrum könnte zwei wichtige Funktionen erfüllen:

- (1) eine Service-Funktion in der Vernetzung bestehender Infrastruktur und
- (2) eine stärkere Zentralisierung dezentraler Speicherinfrastruktur.

Die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) leistet eine Anschubfinanzierung zur Etablierung eines nationalen Datenservicecenters für biologische Daten in Form eines „Data-Warehouse“ mit hoch-integrierter Datenbasis,<sup>66</sup> sodass die Daten zum Beispiel mit Infrastrukturen ökologischer, taxonomischer und medizinischer Bereiche vernetzbar werden. Der Service und die Forschung umfassen zudem die aktive Datenpflege durch Kuratoren, umfangreiche Zugriffs- und Analysefunktionen, eine Einbindung in das semantische Web sowie die Bereitstellung wissenschaftlicher Werkzeuge und Softwaretools zur Meta-Analyse und Synthese. Zur Langfristfinanzierung bedarf es jedoch anderer und weiterer Förderinstrumente, z. B. über die Leibniz-Gemeinschaft, zu der bereits diverse naturhistorische Forschungsmuseen Deutschlands gehören. Eine solche Initiative wäre komplementär zu dem Pangaea World Data Center von Helmholtz-Gemeinschaft und MARUM für die Geowissenschaften.

<sup>65</sup> siehe beispielsweise Specify 6.0: <http://specifysoftware.org/content/welcome-specify-6>

<sup>66</sup> German Federation for the Curation of Biological Data (GFBIO)

### 3.2.2 Open Access für taxonomische Daten

Das Kompetenznetzwerk erfüllt eine zentrale Aufgabe in der Öffnung des Zugangs zu jedweder Art taxonomischer Information im Rahmen der Gesetze zum Schutz geistigen Eigentums und der Urheberrechte. Die digitale Erschließung von taxonomischen Daten und ihre Langzeitspeicherung erfolgt, um sie allen Nutzern international über existierende Online-Informationsportale frei verfügbar zu machen. Konkret schlägt die Akademie vor, in folgenden Bereichen aktiv zu werden.

1. Bestehende Beschreibungen, insbesondere der in Deutschland vorkommenden Arten, sollten im gesetzlichen Rahmen digital erfasst und Neubeschreibungen in Open Access Zeitschriften verfügbar gemacht werden.<sup>67</sup> Der überwiegende Teil der existierenden Artbeschreibungen ist derzeit nicht frei verfügbar. Artbeschreibungen können in kaum zugänglichen Zeitschriften publiziert sein, was zu Redundanz und Informationsverlusten führt. Die Mikrobiologie bildet hier eine Ausnahme, da hier eine kuratierte Liste der beschriebenen Arten existiert. Da Open-Access-Zeitschriften häufig mit Kosten für die Autoren verbunden sind, im Bereich der Taxonomie aber ehrenamtliche Expertinnen und Experten eine wichtige Rolle spielen, sollte das Kompetenznetzwerk für Taxonomie kostengünstige oder kostenfreie Open-Access-Artbeschreibungen für alle Arten Deutschlands ermöglichen. Dafür ist es notwendig, die an den Schwerpunktstandorten vorhandenen komplementären Publikationsorgane in den Open-Access-Standard zu überführen.
2. Es gilt einen vergleichbaren Wissensstand über die bereits beschriebene und in Sammlungen konservierte Artenvielfalt zu erreichen. Hierzu sollten die in den deutschen Sammlungen vorhande-
- nen Objekte möglichst vollständig digital erfasst und so einem internationalen Vergleich Objekt-basierter taxonomischer Daten zugänglich gemacht werden. Dies ermöglicht es Expertinnen und Experten weltweit, an und mit dem Material in deutschen Sammlungen zu arbeiten und so deren Wert zu erhöhen. Daten zu Sammlungsbeständen in digitaler Form schaffen auch die Grundlage für Metaanalysen und Modellierungen von Veränderungen der biologischen Vielfalt und Verbreitungsmustern. Erst anhand von Verbreitungsmodellen exakt bestimmter Arten können zu erwartende Veränderungen der Biodiversität durch den Klimawandel oder sozioökonomische Veränderungen vorhergesagt werden.
3. Zentrale Aufgabe des Kompetenznetzwerkes ist es, die Kompatibilität neuer taxonomischer Daten zu erhöhen. Hierfür stellt es Open-Access-Protokolle und Best-Practice-Richtlinien zur Verfügung, die ein standardisiertes Sammeln von Objekten durch die unterschiedlichen Fachdisziplinen und auch Ehrenamtliche („*Citizen Scientists*“<sup>68</sup>) ermöglichen. Dies könnte auch, soweit möglich, zur Vereinheitlichung von Sammlungsstrategien und -methoden sowie deren Dokumentation beitragen. Umgekehrt ist wichtig, dass laufende und zukünftige OMICS-Projekte mit Taxonomie-Bezug auch Belegexemplare in öffentlich zugänglichen Sammlungen hinterlegen. Hier ist es auch notwendig, sich auf Protokolle für die Archivierung von biologischen Umweltproben zu einigen, wie sie heute in zunehmendem Maße in Metagenomprojekten analysiert werden. Dabei handelt es sich um ganze Lebensgemeinschaften ebenso wie um Nukleinsäure- und Proteingemische.
4. Online-Informationsplattformen stellen taxonomische Lehrinhalte für die Ausbildung an Schulen und Universitä-

<sup>67</sup> richtungsweisend sind hier u.a. Zeitschriften von Pensoft Publishers: <http://www.pensoft.net/journals/>

<sup>68</sup> Bürger schaffen Wissen. Die Citizen Science Plattform: <http://www.buergerschaffenwissen.de/>

ten, aber ebenso für interessierte Laien und Citizen Scientists zur Verfügung, denn Basiswissen und taxonomische Lehrinhalte sollen deutschlandweit korrekt und innovativ vermittelt werden. Beispielsweise könnten Vorlesungen und Kursunterlagen einzelner Akteure des Kompetenznetzwerkes öffentlich zugänglich gemacht werden.

### 3.2.3 Standardisierungsprozesse

Für viele internationale Abkommen bilden taxonomische Daten eine wichtige und verbindliche Grundlage. Dies betrifft beispielsweise das Washingtoner Artenschutzabkommen, die Biodiversitätskonvention CBD<sup>69</sup>, das Nagoya-Abkommen von 2010<sup>70</sup> sowie den Weltbiodiversitätsrat IPBES<sup>71</sup>. Weiterhin werden Anstrengungen unternommen, die Regelwerke (Codes) zur Benennung von Organismen zu vereinheitlichen und die Registrierung von neuen Namen verpflichtend zu machen. Zudem müssen gruppenspezifische Standards für Artbeschreibungen erarbeitet bzw. weiterentwickelt werden, vor allem wenn molekulargenetische Daten einbezogen und Datenbanken automatisch vernetzt werden („*Cybertaxonomy*“). Dies dient auch der Beschleunigung der Arterfassung und -beschreibung.

### 3.2.4 Qualitätssicherung für Gutachten und weitere Serviceleistungen der Taxonomie

In der Diagnostik von Krankheitserregern ist die Ausbildung des ärztlichen und technischen Personals<sup>72</sup> durch staatliche

und standesrechtliche Vorgaben geregelt. Laboratorien, die auf dem Gebiet der Diagnostik von Krankheitserregern arbeiten, sind in den meisten Fällen nach den jeweils gültigen Normwerken, z. B. bei der Deutschen Akkreditierungsstelle (DAkkS) akkreditiert und müssen sich regelmäßigen Überwachungsbegutachtungen unterziehen. In vergleichbarer Weise werden Laboratorien zur Überwachung von Lebensmitteln, Arzneimitteln oder Medizinprodukten kontrolliert. Für die Akkreditierung diagnostischer Laboratorien ist die regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an externen Qualitätssicherungsmaßnahmen (Ringversuche) Voraussetzung, die von ihrerseits akkreditierten Ringversuchsinstitutionen (z. B. INSTAND e.V. in Düsseldorf) angeboten werden.

Die biologische Sicherheitsbewertung und der Schutz von Arbeitnehmerinnen und Arbeitnehmern vor biologischen Arbeitsstoffen, aber auch der Schutz der Bevölkerung vor Infektionen und Vergiftungen basiert wesentlich auf taxonomischer Expertise und entsprechenden Qualitätssicherungsmaßnahmen. Das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) betreibt hierfür zusammen mit der Weltgesundheitsorganisation (WHO) beispielsweise Monitoring- und Forschungsprogramme. Hierbei bestimmen verschiedene Referenzlaboratorien mit Hilfe moderner molekularbiologischer Methoden Mikroorganismen und deren besonderen Eigenschaften sowie deren gebildeten Gifte,<sup>73</sup> teilen sie in Risikogruppen ein und legen Schutzmaßnahmen fest.

Moderne Technologien zusammen mit taxonomischen Kenntnissen unterstützen aber auch die Einhaltung internationaler Abkommen, wie z. B. der

69 United Nations. 1992. Convention on Biological Diversity (Biodiversitätskonvention). Abrufbar unter: <http://www.cbd.int/doc/legal/cbd-en.pdf>, abgerufen am 10.05.2013.

70 Secretariat of the Convention on Biological Diversity. 2010. Nagoya protocol on access to genetic resources and the fair and equitable sharing of benefits arising from their utilization to the Convention on Biological Diversity. Verfügbar unter: <http://www.cbd.int/abs/doc/protocol/nagoya-protocol-en.pdf>, aufgerufen am: 10.05.2013.

71 IPBES – Intergovernmental Platform on Biodiversity and Ecosystem Services. Informationen abrufbar unter: <http://www.ipbes.net>, abgerufen am 10.05.2013.

72 Dies beinhaltet Fachärzte für Mikrobiologie, Virologie und Infektionsepidemiologie und Fachärzte für Laboratoriumsmedizin sowie medizinisch-technische Laboratoriumsassistenten, MTAL.

73 Lebensmittelsicherheit, Mikrobielle Risiken von Lebensmitteln, Biologische Sicherheit. Bundesinstitut für Risikobewertung BfR. Abrufbar unter: [http://www.bfr.bund.de/de/biologische\\_sicherheit-3981.html](http://www.bfr.bund.de/de/biologische_sicherheit-3981.html), abgerufen am: 10.05.2013.

Biowaffenkonvention.<sup>74</sup> Diese verpflichtet Vertragsparteien, unter keinen Umständen Waffen auf der Basis von Mikroorganismen sowie anderer biologischer Substanzen oder Toxinen zu entwickeln, herzustellen, zu lagern oder zu erwerben.

Der Aufbau einer Qualitätssicherung über diese Bereiche hinaus, auch auf dem Gebiet naturschutzfachlicher Gutachten, wäre wünschenswert. Auf Basis solcher Gutachten werden sowohl wirtschaftlich als auch juristisch wichtige Entscheidungen getroffen, die eine entsprechende Expertise der Gutachter erfordern. Das Kompetenznetzwerk kann Wissen beispielsweise über den internationalen, grenzübergreifenden Umgang mit Organismen für die Forschung (z. B. im Rahmen der Regelung zum gerechten Vorteilsausgleich bei der Nutzung genetischer Ressourcen durch die CBD) oder die Artenkenntnis für die Erstellung von Umweltgutachten in Form von Prüfungen und Tests verfügbar machen. Dies ermöglicht es Expertinnen und Experten von Gutachter- und Umweltbüros oder in Behörden, wie beispielsweise Umweltämtern, ihr Wissen in spezifischen Referenzgebieten durch anerkannte Prozesse abzusichern.

### 3.3 Artbeschreibung im Hochdurchsatz

Eines der grundlegendsten Ziele, gleichzeitig aber auch eine der größten Herausforderungen für die Taxonomie, ist die möglichst umfassende Beschreibung der globalen Artenvielfalt. Um den Einfluss des globalen Wandels auf die Artenvielfalt und somit auf die Lebensgrundlage des Menschen abschätzen oder gar vorhersagen zu können, bedarf es einer möglichst vollständigen Kenntnis der vorhandenen

Ökosysteme. Schon heute ist jedoch die Rate des Verlustes von Biodiversität so hoch wie die Beschreibungsrate neuer Arten oder sogar höher als diese.<sup>75</sup> Die Beschleunigung der Artbeschreibung sollte demnach eines der dringlichsten Ziele der integrativen Taxonomie sein.

Hierfür bedarf es neben methodisch qualifiziertem Personal auch der Nutzung und Weiterentwicklung der technischen Möglichkeiten. Ein wichtiger Schritt hin zu einer beschleunigten Artbeschreibung liegt in der Automatisierung möglichst aller zugrunde liegenden Methoden und verlangt die Verbindung wissenschaftlicher Ansätze mit industriellen Lösungen. Derartige Verknüpfungen naturwissenschaftlicher, ingenieurwissenschaftlicher und industrieller Standards und Ansätze sind in anderen Bereichen bereits erfolgreich erprobt, für das Feld der biologischen Grundlagenforschung im Allgemeinen und der Taxonomie im Besonderen aber wäre sie eine erfolgversprechende Innovation, die international ihres Gleichen sucht.

Derartige Einrichtungen dienen der Integration funktioneller wie molekularbiologischer methodischer Ansätze mit dem Ziel, die Entdeckung und Beschreibung von neuen Arten noch weiter zu beschleunigen und bekanntes Wissen über die beschriebenen Arten verfügbar zu machen. Kernaufgabe ist es hierbei, das Konzept des Hochdurchsatzes von der molekularen auf andere Ebenen auszuweiten, beispielsweise durch die Einbindung automatisierter bildgebender Verfahren zur Erfassung des Phänotyps. Bei einer stärker automatisierten Artbeschreibung ist jedoch unbedingt die Sicherung qualitativer Standards notwendig, was eine enge Einbindung in die „Schools of Taxonomy“ der Schwerpunktstandorte erfordert.

<sup>74</sup> Übereinkommen über das Verbot der Entwicklung, Herstellung und Lagerung bakteriologischer (biologischer) Waffen und von Toxinwaffen sowie über die Vernichtung solcher Waffen. Verfügbar unter: <http://www.auswaertiges-amt.de/cae/servlet/contentblob/349374/publicationFile/4147/BWUE.pdf>, abgerufen am 10.05.2013.

<sup>75</sup> Wheeler QD, Knapp S, Stevenson DW, Stevenson J et al. 2012. Mapping the biosphere: exploring species to understand the origin, organization and sustainability of biodiversity. *Syst Biodivers* 10 (1):1-20.

Kooperationen des öffentlichen und des privatwirtschaftlichen Sektors („*Public-Private-Partnership*“) bieten die Möglichkeit, die notwendigen, nicht unerheblichen Investitionen für die unterschiedlichen Ressourcen und deren langfristige Sicherung auf verschiedene Akteure zu verteilen. Die Einrichtung einer oder mehrerer solcher Beschreibungszentren sollte an den Schwerpunktstandorten der integrativen Taxonomie erfolgen, jedoch offen gestaltet sein. Sie sollte also sowohl für kleinere Institutionen als auch für die Öffentlichkeit zugänglich gemacht werden. Durch die Einbindung von ehrenamtlich tätigen Artexpertinnen und -experten („*Citizen-Science*“) wird hier auch ein Forum für Bürger geschaffen, das als „*think tank*“ für Interaktionen zwischen Bürgern und der Wissenschaft fungieren kann.

Für die integrative Taxonomie bietet sich hier die Möglichkeit einer Institutionalisierung. Die Einrichtung dient also nicht nur der Beschleunigung der Beschreibung neuer Arten, sondern auch als Kristallisationspunkt des Kompetenznetzwerkes. Sie könnte so eine Schlüsselfunktion für die Entwicklung und Implementierung von Standards, für die Selbstorganisation des Netzwerkes und für eine grundsätzliche Effizienzsteigerung in der Taxonomie spielen. Um die genannten Funktionen erfüllen zu können, ist es notwendig, verschiedene Bereiche einzubeziehen, hierzu zählen:

1. die Sequenzierung aller bereits benannter Organismen – am besten der Typusexemplare,
2. die Fortführung von gezielten Neusammlungen sowie die Verfügbarmachung inklusive der DNA-Sequenzierung von bereits in wissenschaftlichen Sammlungen enthaltenen Objekten,
3. die Datengenerierung durch industrielles Screening von Proben (v. a. DNA, Proteine, biochemische Inhaltsstoffe) und durch automatische Bild- und Musteranalysen,

4. die Datenanalyse durch eine automatische Charakterisierung und Identifizierung der Organismen bzw. eine halbautomatische morphologische Beschreibung und bildliche Dokumentation,
5. das Datenmanagement (in enger Zusammenarbeit mit dem Datenservicezentrum) durch eine automatische Einspeisung gewonnener Erkenntnisse bei internationalen Datenbanken (Genbank, CoL, EOL, GBIF, ZooBank etc.),
6. die Publikation der Ergebnisse und die Öffentlichkeitsarbeit,
7. die Einbeziehung der Öffentlichkeit („*Citizen Science*“) und
8. die Ausbildung von Fachkräften.

Diese Bereiche physisch zu verknüpfen ist jedoch nur ein zentraler Baustein beschleunigter Artbeschreibung. Das volle Innovationspotenzial der Idee „Artbeschreibungsfabrik“ kann letztlich nur durch eine umfassende Einbindung in das Kompetenznetzwerk für Taxonomie ausgeschöpft werden. Dies würde eine solche Einrichtung dann allerdings zu einem einzigartigen, im internationalen Maßstab hochattraktiven Modellprojekt machen.

## 4 Dynamische Weiterentwicklung der Klassifizierung und Benennung von Organismen

Der methodische Quantensprung in der Taxonomie durch *OMICS* führt mehrere voneinander getrennte biologische Teildisziplinen zusammen. Botanik, Zoologie und die eu- und prokaryotische Mikrobiologie verwenden zunehmend ähnliche taxonomische Methoden und Merkmale. Die Dynamik der Vernetzung dieser Disziplinen lässt sich an der Analyse von Metagenomdaten verdeutlichen. Diese enormen Datensätze, beispielsweise aus Umweltproben, können Gensequenzen ganz unterschiedlicher Organismengruppen enthalten. Die für die Analyse notwendige taxonomische Expertise kann nur durch enge Zusammenarbeit der genannten Teilbereiche abgerufen werden.

Dies hat auch Konsequenzen für praktische Prozeduren wie die Nomenklatur, also auf die Regeln, nach denen Organismen benannt werden. Die Nomenklatur wird zurzeit durch fünf internationale Regelwerke (Codes) gesteuert, die zwischen Botanik (Algen, Pilze und Pflanzen), Zoologie, Prokaryoten, Viren und kultivierten Pflanzen unterscheiden. Eine engere Zusammenarbeit der Teildisziplinen kann dazu führen, dass bewährte Methoden und Konzepte aus den Nomenklatur-Regeln anderer Bereiche übernommen werden, was die Benennung und Beschreibung von Organismen insgesamt vereinfachen und gleichzeitig die Qualität und Quantität der resultierenden Artbeschreibungen erhöhen würde.

Die Reform der Nomenklatur-Codes soll unterstützt werden. Die Möglichkeit der Publikation neuer Arten in Online-Zeitschriften ist seit kurzer Zeit möglich, botanische Artbeschreibungen

benötigen keine Diagnose oder Beschreibung in lateinischer Sprache mehr<sup>76</sup> und ein erster Rahmen für einen einheitlichen „Biocode“ für alle Organismengruppen existiert bereits ebenfalls.<sup>77</sup> Trotz ihrer z. T. langen Entstehungsgeschichte sind die Nomenklatur-Codes in vielen Aspekten flexibel genug, um durch Harmonisierung von Begriffen<sup>78</sup> und Neuinterpretationen spezifischer Regeln weiterhin als Grundlage der Namensgebung von Organismen dienen zu können. Beispielsweise ist es in den Zoologie- und Botanik-Codes keineswegs festgelegt, welche Merkmale zur Diagnose und Definition einer Art herangezogen werden – molekulare Daten sind somit nicht ausgeschlossen.

1. Namen sind grundsätzlich definiert anhand von Referenzexemplaren, die in spezialisierten Sammlungen hinterlegt sind. Daten dieser Typusexemplare und Typusstämme sind häufig unzureichend, so dass in der laufenden Forschung viele Gensequenzen aufgrund fehlender Vergleichsdaten nicht taxonomisch zugeordnet werden können. Die genomische Charakterisierung von Typenmaterial kann hier neue Maßstäbe schaffen. Falls dies bei historischem Typenmaterial methodisch nicht möglich oder zu fehlerträchtig erscheint, können meist geeignete Referenzexem-

<sup>76</sup> Knapp S, McNeill J, Turland NJ. 2011. Changes to publication requirements made at the XVIII International Botanical Congress in Melbourne – what does e-publication mean for you? *PhytoKeys* 6:5-11.

<sup>77</sup> Greuter W, Garrity G, Hawksworth DL, Jahn R et al. 2011. Principles and rules regulating the naming of organisms. *Bionomina* 3:26-44.

<sup>78</sup> David J, Garrity GM, Greuter W, Hawksworth DL et al. 2012. Biological nomenclature terms for facilitating communication in the naming of organisms. *ZooKeys* 192:67-72.

plare vom gleichen oder einem nahegelegenen Standort gefunden werden und als zusätzliches Exemplar („Epityp“ im Botanischen Code) hinterlegt werden.

2. Bei genetischen oder phänotypischen Untersuchungen nicht-identifizierter Organismen sowie im Rahmen großer Projekte der Sequenzierung von Umwelt-DNA werden oft zahlreiche wertvolle Daten erhoben, die zurzeit taxonomisch nicht einheitlich erfassbar sind. Hier wird die Verwendung eines vorläufigen Status für partiell charakterisierte Arten (Candidatus-Status bei den Prokaryoten, MOTUs bei den Pilzen, OTUs bei Pflanzen und Algen, Candidate species in der Zoologie) der Taxonomie erlauben, mit der beschleunigten Erfassung von Lebensformen Schritt zu halten, ohne die Qualität der formalen Artbeschreibungen zu reduzieren.
3. In den erwähnten fünf Nomenklatur-Codes ist die Notwendigkeit der Registrierung aller neu beschriebenen Taxa und die Validierung der Beschreibungen unterschiedlich geregelt. Eine verpflichtende und automatische Datenbankregistrierung aller Artbeschreibungen sowie der dazugehörigen Merkmalssätze und Metadaten würde die Verfügbarkeit nomenklatorischer und taxonomischer Daten enorm verbessern. Eine Einigung auf bestimmte Validierungsvoraussetzungen, wie beispielsweise eine Veröffentlichung neuer Arten allein in *peer-reviewed* Fachzeitschriften, wird einen wichtigen Beitrag zur Sicherung von Qualitätsstandards der Taxonomie leisten.

#### 4.1 Integrative Standards für Artbeschreibungen

Die Taxonomie des 21. Jahrhunderts ist integrativ. In den vergangenen zehn Jahren hat es sich durchgesetzt sowohl Merkmale der Gestalt und der Physiologie als auch genotypische Merkmale in der Taxonomie

zu berücksichtigen. Dieser konzeptionelle Standard gilt in Zoologie und Botanik wie auch in der Mikrobiologie. Generell sollten Artbeschreibungen möglichst informative Merkmalssätze umfassen. Die Entwicklung neuer Standards auf diesem Gebiet bietet attraktive Gestaltungsspielräume bei der Beschreibung von Arten. So können neue, zukunftssträchtige Merkmalssätze entwickelt werden, wohingegen auf sehr zeitaufwändige Merkmale für bestimmte Organismengruppen verzichtet werden könnte, falls diese keinen wesentlichen Erkenntnisfortschritt bringen. Solche Schritte sind notwendig, um den Vorgang der Artbeschreibung wesentlich zu beschleunigen. Dazu tragen nicht nur die Fortschritte der Molekulargenetik bei, sondern auch die moderne IT-Technologie, die Robotik und die Entwicklung bildgebender Verfahren (Scanner, 3D-Darstellungen).

Generell sollten die zu integrierenden Datensätze möglichst optimal (1) durch Hochdurchsatzverfahren zu erheben sein sowie (2) eine evolutionsbiologisch optimierte Artabgrenzung und (3) eine möglichst schnelle und akkurate Identifizierung der Arten ermöglichen.

1. Hochdurchsatzmethoden bei der Erfassung unterschiedlichster Merkmale eröffnen neue Perspektiven für eine beschleunigte und qualitativ verbesserte Identifizierung und Beschreibung der Artenvielfalt. Dies ist für genotypische Merkmale angesichts der explodierenden DNA-Sequenzierungs-Kapazitäten offensichtlich, aber auch die Erfassung des Phänotyps befindet sich im Umbruch. Eine wichtige Rolle dabei spielen automatische Bilderfassung und Mustererkennung sowie aus der Proteomik/Metabolomik abgeleitete Verfahren (z. B. MALDI-TOF Massenspektrometrie, near IR-Spektroskopie<sup>79</sup>), die die in

<sup>79</sup> Rodríguez-Fernández JI, de Carvalho CJB, Pasquini C, de Lima KMG et al. 2011. Barcoding without DNA? Species identification using near infrared spectroscopy. *Zootaxa* 2933:46-54.

einem Organismus enthaltenen Proteine, beispielsweise spektrometrisch erfassen und als Fingerabdruck des Proteoms dienen.<sup>80</sup> Vielversprechend sind in diesem Zusammenhang insbesondere neue Verfahren, die verschiedene OMICS-Technologien kombinieren (z. B. PCR-ESI-MS).<sup>81</sup>

2. Konzeptionell ist durch integrative Taxonomie eine stärker evolutionsbiologisch fundierte und besser nachvollziehbare Abgrenzung von Arten möglich geworden. Der integrative Ansatz erlaubt eine Identifizierung von Artunterschieden. Zum einen wird die allgemeine genetische Differenzierung erfassbar. Zum anderen erlauben in manchen Fällen sowohl genotypische als auch phänotypische Daten Rückschlüsse auf Anpassungsvorgänge an die Umwelt, die sowohl zur Artabgrenzung als auch für diverse Endbenutzer taxonomischer Metadaten von höchstem Interesse sind.
3. Die in einer Artbeschreibung enthaltenen Merkmale haben direkten Einfluss auf die später einsetzbaren Methoden bei der Routine-Identifizierung. Obwohl Genotyp-basierte Identifizierungsmethoden die größten Potenziale bieten (DNA-Barcoding), ist die Dokumentation des Phänotyps, beispielsweise durch Hochdurchsatz-Bilderfassung sowie spektroskopische als auch spektrometrische Verfahren (wie z. B. digitale Elektronenmikroskopie, Konfokal-Mikroskopie, Computer-Tomographie ( $\mu$ CT), 3D-Verfahren), in vielen Fällen sehr hilfreich und für die taxonomische Kontinuität entscheidend. Bei Pflanzen, Algen, Großpilzen und Tieren ist eine Erkennung über Merkmale des äußeren Erscheinungsbildes

für viele Endnutzer weiter unerlässlich und kann möglicherweise in Zukunft durch digitale Mustererkennungs-Software (z. B. Apps) unterstützt werden.

Kontinuierliche Weiterentwicklungen werden auch die molekulargenetischen Identifizierungsmöglichkeiten durch DNA-Barcoding weiter verbessern. Hier ist die volle Bandbreite möglicher Entwicklungen noch nicht absehbar.

#### 4.2 Genomische Marker – Parameter für die Beschreibung von Arten

Die integrative Taxonomie profitiert von genomischen Daten durch (1) eine einfache effiziente Speicherung der standardisierbaren Daten in öffentlich zugänglichen Datenbanken, durch (2) die reichhaltige, formal lesbare Information in diesen Daten zu Fragen unterschiedlicher taxonomischer Ebenen und durch (3) verschiedene Informationsebenen in diesen Daten, wie zum Beispiel einen Vergleich der durchschnittlichen Nukleotididentität (*Average Nucleotide Identity*, kurz ANI), der durchschnittlichen Oligonukleotid-Ähnlichkeiten, phylogenetischen Rekonstruktionen oder auch nur des G+C-Gehalts<sup>82</sup>.

Die Taxonomie von Mikroorganismen nutzt seit vielen Jahren genombasierte Vergleiche, um Artabgrenzungen vornehmen zu können. Ausgehend von ersten Anfängen in den 1960er Jahren haben sich Genom-Vergleiche daher als die Standardtechnik in der Mikrobiologie durchgesetzt. Generell war aber bis vor kurzem in der taxonomischen Forschung eine Routinesequenzierung vollständiger Genome aus Kostengründen nicht möglich. Mit der Entwicklung der „Next Generation Sequencing“-Technologien (NGS) eröffnen

<sup>80</sup> Laakmann S, Gerdts G, Erler R, Knebelberger T et al. 2012. Comparison of molecular species identification for North Sea calanoid copepods (Crustacea) using proteome fingerprints and DNA sequences. *Mol Ecol Resour* 13:862-876.

<sup>81</sup> Massire C, Buelow DR, Zhang SX, Lovari R et al. 2013. PCR followed by electrospray ionization mass spectrometry for broad-range identification of fungal pathogens. *J Clin Microbiol* 51:959-966.

<sup>82</sup> G+C Gehalt: Prozentsatz an Guanin und Cytosin (G+C) in der DNA

sich für die Taxonomie völlig neue Perspektiven. Diese Techniken werden inzwischen genauso für Tiere, Pflanzen, Algen und Pilze eingesetzt. Mittlerweile ist es möglich, für rund 1 000 Euro ein menschliches Genom zu sequenzieren, vollständige Bakteriengenome kosten nur noch wenige Hundert Euro. Die Analyse der so erzeugten Datenmengen wird aber zeit- und kostenintensiv bleiben. Trotzdem ist zu erwarten, dass in zunehmendem Maß auch in der Taxonomie die Genomsequenzierung oder zumindest bestimmte Abschnitte davon zum Standard werden. Die Genomforschung und die integrative Taxonomie werden sich gegenseitig fördern.

Paarweise Genom-Vergleiche, um durchschnittliche Ähnlichkeiten von Nukleotidsequenzen (ANI) zu ermitteln, wurden als Standard in der Artabgrenzung von Mikroorganismen vorgeschlagen.<sup>83</sup> Als eine Ergänzung und letztendlich als Weiterentwicklung der zurzeit routinemäßig sequenzierten Einzelgenommarker, der so genannten Barcodes, kann der in der Mikrobiologie vorgeschlagene ANI-Standard auch auf höhere Lebewesen übertragen werden. Dies würde zu einer Vereinheitlichung taxonomischer Werkzeuge über alle Organismengruppen beitragen. Erste Schritte wurden in diesem Zusammenhang durch die internationale *Barcode of Life*-Initiative unternommen, die es sich zur Aufgabe gesetzt hat, für alle bekannten Arten standardisierte DNA Barcodes zu erstellen. Für die anderen, größeren Organismen bietet die Gestalt (Phänotyp) zusätzliche Informationen, mit denen die Artabgrenzung abgesichert werden kann. Die Analyse genetischer Marker bietet jedoch den Vorteil der einfacheren Automatisierbarkeit.

Die Taxonomie hat in den letzten zehn Jahren durch die Übernahme molekularer Methoden Fortschritte in Richtung

einer Standardisierung unternommen. Hier sind besonders die DNA-Barcoding-Ansätze zu erwähnen. Die absehbare Entwicklung routinemäßiger Sequenzierung von zumindest partiellen Genomen oder umfangreichen Sets an Genen für viele Arten wird sich für die Entwicklung der integrativen Taxonomie und Genomik förderlich auswirken, ohne die bisher geleistete morphologische und molekulare Arbeit in der taxonomischen Forschung irrelevant werden zu lassen.

<sup>83</sup> Richter M, Rossello-Mora R. 2009. Shifting the genomic gold standard for the prokaryotic species definition. *Proc Natl Acad Sci USA* 106:19126-19131.

## 5 Glossar

### Archaea

eine Gruppe von prokaryotischen Mikroorganismen, die neben den Bacteria und den Eukaryoten eine der drei Domänen bilden, in die alle zellulären Organismen eingeteilt werden

### bioaktive Substanzen

Inhaltsstoffe in Lebensmitteln, die eine gesundheitsfördernde Wirkung besitzen, aber keinen Nährstoffcharakter haben

### Biobanken

Verbindung einer (oder mehrerer) geordneten stofflichen Sammlung(en) von z. B. Körperflüssigkeiten oder Gewebeproben mit den zugehörigen, in Datenbanken verwalteten Meta-Daten

### Bodenfaktoren

Eigenschaften eines Bodens, wie Grundgestein, Wasserhaushalt, Korngröße, Nährstoffversorgung und Bodenorganismen, welche einen Einfluss auf die Zusammensetzung der Pflanzengesellschaften haben

### Candidatus-Status

Für die gültige Beschreibung einer Bakterienart ist es notwendig, diese Art von anderen zu isolieren und zu kultivieren. Den Candidatus-Status erhält eine Mikrobenart, die zwar gut charakterisiert ist, sich aber nicht unter Laborbedingungen isolieren und dauerhaft kultivieren lässt.

### CBD

= Convention on Biological Diversity: Internationales Übereinkommen über den Schutz der biologischen Vielfalt

### CITES

= Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora: Washingtoner Artenschutzabkommen

### CoL

= Catalogue of Life: ein internationales Projekt zur Erfassung aller bekannten Arten von Organismen auf der Erde

### Cybertaxonomy

eine durch die Nutzung von Cyberinfrastruktur und digitaler Technologien unterstützte und dadurch effizientere Taxonomie

### Darwin Core

ein Standard zur Vereinfachung des Informationsaustauschs objektbezogener Metadaten naturkundlicher Sammlungen

### Data-Warehouse

eine Datenbank, in der Daten aus unterschiedlichen Quellen in einem einheitlichen Format zusammengefasst werden

### DNA-Barcoding

eine Methode zur Artenbestimmung, basierend auf der DNA-Sequenz eines definierten Markergens (DNA Barcode)

### enterohämorrhagisch

zu starken Darmblutungen neigend/führend

### EOL

= Encyclopedia of Life: eine von Spezialisten bearbeitete Online-Enzyklopädie, die Informationen zu sämtlichen bekannten Organismen umfassen soll

### eukaryotische Organismen (auch Eukaryoten)

umfassen alle Lebewesen, deren Zellen einen Zellkern besitzen

**GBIF**

= Global Biodiversity Information Facility: ein internationales Netzwerk mit der Aufgabe, Informationen zur weltweiten Artenvielfalt digitaler Form aus zahlreichen Datenbanken in einem zentralen Internetportal zusammenzufassen und frei und dauerhaft verfügbar zu machen

**Genbank**

eine der drei großen DNA-Sequenzdatenbanken und Teil des National Institutes of Health der Vereinigten Staaten von Amerika

**Genom**

Gesamtheit der Erbinformation in einer Zelle bzw. eines Gewebes oder Organismus

**GenOMICS**

Erfassung der gesamten genetischen Information einer Zelle bzw. eines Gewebes oder Organismus mittels molekularbiologischer Hochdurchsatzsequenziermethoden

**Genomics Standards Consortium**

internationale Initiative zur Standardisierung der Beschreibung von Genomen und dem Austausch und der Integration genomischer Daten

**Genotyp**

das Erbbild eines Organismus, das seine vollständige genetische Ausstattung repräsentiert, auf dessen Basis die Ausbildung des Phänotyps erfolgt

**genotypisch**

siehe Genotyp

**Immunsuppressivum**

ein Medikament, das die Funktionen des Immunsystems herabsetzt

**Integrative Taxonomie**

eine auf mehreren voneinander unabhängigen Merkmalsystemen fußende Taxonomie

**invasive Arten**

bezeichnet im Naturschutz gebietsfremde Arten (Neobiota), die negative Auswirkungen auf andere Arten, Lebensgemeinschaften oder Biotope haben

**IPBES**

= Intergovernmental Platform on Biodiversity and Ecosystem Services: UN-Weltbiodiversitätsrat

**kryptische Art**

ein Art ohne erkennbare morphologische Merkmalsausprägung, die durch molekulare Methoden identifiziert wird

**Kustodie**

die für die Betreuung und Sicherung einer Sammlung zuständige Position innerhalb eines Museums

**MALDI-TOF Massenspektrometrie**

ein Verfahren zur Massenanalyse von chemischen Verbindungen

**Metabolom**

Gesamtheit aller charakteristischen Stoffwechselprodukte einer Zelle bzw. eines Gewebes oder Organismus

**MetabolOMICS**

Erfassung der vorliegenden Stoffwechselprodukte einer Zelle, eines Gewebes oder sogar eines Organismus mittels molekularbiologischer Hochdurchsatzmethoden

**Metagenomik**

untersucht die Gesamtheit der genomischen Information aller Organismen einer bestimmten Lebensgemeinschaft oder eines Biotops

**Mikrobiom**

die Gesamtheit der Genome aller einen Menschen, eines Tieres oder einer Pflanze besiedelnden Mikroorganismen

**MOTUs**

= Molecular Operational Taxonomic Units: siehe OTUs

**NBS**

Nationale Biodiversitätsstrategie

**near IR-Spektroskopie**

eine physikalische Analysetechnik auf Basis der Spektroskopie im Bereich des kurzwelligen Infrarotlichts

**Neobiota**

Arten, die sich eigenständig oder durch menschliche Einflussnahme in einem Gebiet etabliert haben, in dem sie zuvor nicht heimisch waren

**Next Generation Sequencing**

moderne Hochdurchsatzsequenzierung von Nucleinsäuren

**Nomenklatur**

Bezeichnet in der Biologie die Disziplin der wissenschaftlichen Benennung von Organismen. Sie bildet die Grundlage für eine international verständliche und nachprüfbar Kommunikation über Organismen. Aufgrund der eminenten Bedeutung ist sie daher an strenge Regelwerke gebunden, den so genannten Nomenklatur-Codes oder -Regeln.

**Nomenklatur-Code  
(auch Nomenklatur-Regeln)**

Regelwerk zur wissenschaftlichen Benennung von Organismen

**Nucleinsäuren**

aus Nucleotiden aufgebaute Makromoleküle (DNA und RNA); bilden neben den Proteinen, Kohlenhydraten und Lipiden die vierte große Gruppe der Biomoleküle

**Nucleotid**

Grundbaustein von Nucleinsäuren

**Oligonucleotid**

aus wenigen Nucleotiden aufgebaute DNA- oder RNA-Molekül (Oligomere)

**OMICS-Technologien**

Hochdurchsatzmethoden zur vollständigen Erfassung molekularbiologischer Informationen

**Open-Access**

freier Zugang zu wissenschaftlicher Literatur und anderen Materialien im Internet

**OTUs**

= Operational Taxonomic Units: durch DNA barcoding abgegrenzte taxonomische Einheiten

**Paläarktis**

bezeichnet in der Biogeographie ein Areal, das Europa, Nordafrika (bis zum Südrand der Sahara) und Teile Asiens (südlich bis zum Himalaya) sowie die vor diesen Gebieten liegenden Inseln umfasst

**PaläoOMICS**

Hochdurchsatzanalyse von „alter“, meist fragmentierter DNA aus Museumsmaterial, oft jahrhundertealten Proben oder sogar aus Fossilien

**Pathogen**

= Krankheitserreger: Stoffe oder Organismen, die in anderen Organismen gesundheitsschädigende Abläufe verursachen

**PCR-ESI-MS**

Polymerase-Kettenreaktion (PCR) – Elektrosprayionisation (ESI) – Massenspektrometrie (MS)

**Peer-Review**

ein Verfahren im Wissenschaftsbetrieb zur Begutachtung wissenschaftlicher Arbeiten durch Kollegen, insbesondere von Publikationen

**Phänotyp**

= Erscheinungsbild: Menge aller Merkmale eines Organismus

**phänotypisch**

siehe Phänotyp

**Phylogenie**

stammesgeschichtliche Entwicklung von Organismen

**prokaryotische Organismen**

Prokaryoten sind zelluläre Lebewesen, die keinen Zellkern besitzen.

**Proteom**

Gesamtheit der Eiweiße (Proteine) in einer Zelle bzw. eines Gewebes oder Organismus

**ProteOMICS**

Erfassung der Gesamtheit der in einer Zelle bzw. eines Gewebes oder Organismus vorhandenen Proteine mittels molekularbiologischer Hochdurchsatzmethoden

**Rhizobien**

Knöllchenbakterien, etwa in Wurzelverdickungen von Schmetterlingsblütlern (Leguminosen), die Luftstickstoff binden können

**Sekundärmetabolit**

eine von Organismen synthetisierte chemische Verbindung, die im Gegensatz zu einem Primärmetabolit (Zucker, Aminosäure, etc.) für den produzierenden Organismus nicht lebensnotwendig ist

**semantisches Web**

Daten im World Wide Web werden durch Metadaten und Anwendungen so miteinander verknüpft, dass sie für intelligente Systeme (wie z. B. Internetportale, Suchmaschinen) auffindbar sind. Eine korrekte Semantik (also die eindeutige Beschreibung der Bedeutung der Daten) ist hierfür ebenso wie eine einheitliche Ontologie (Beziehungen, Relationen oder strukturelle Zusammenhänge von Daten zueinander) von Bedeutung. Im semantischen Web lassen Daten sich beliebig kombinieren und auffinden, egal aus welchen Quellen sie stammen.

**Subsistenz-Landwirtschaft**

eine primär der Eigenversorgung dienende Landwirtschaft, deren Erträge größtenteils außerhalb der Marktkreisläufe bleiben

**synthetische Biologie**

eine interdisziplinäre Forschungsrichtung, die sich im Grenzbereich von u. a. Biologie, Biotechnologie, Chemie, Physik, Ingenieurwissenschaften und Informationstechnik entwickelt hat mit dem Ziel, biologische Systeme oder Organismen mit neuen, definierten Eigenschaften zu entwickeln, die in der Natur nicht vorkommen

**Taxonomie**

Bereich biosystematischer Forschung, der sich mit der Nomenklatur (Benennung), Identifikation und Klassifikation (Einordnung in ein hierarchisches System) von Organismen befasst

**TDWG**

Taxonomic Database Working Group

**Transkriptom**

Gesamtheit aller in einer Zelle bzw. eines Gewebes oder Organismus hergestellten RNA-Moleküle (Transkripte)

**TranscriptOMICS**

Erfassung der Gesamtheit der vorliegenden RNA-Moleküle einer Zelle bzw. eines Gewebes oder Organismus mittels molekularbiologischer Hochdurchsatzmethoden

**translational**

beschreibt in der Medizin die Schnittstelle von der Grundlagenforschung zur Anwendung in der klinischen Praxis

**Typus(-Exemplar)**

ausgewähltes Individuum (ausgewählte Art), das (die) die Grundlage zur Definition und Benennung eines Taxons bildet

**Typusstamm**

ein Bakterienstamm, der als Grundlage zur Beschreibung einer Art verwendet wurde

**ZooBank**

offizielle Registratur für die zoologische Nomenklatur

## 6 Methodik

### 6.1 Anlass, Mandat und Entstehung der Stellungnahme

Die Anwendung molekularer Methoden hat zu wegweisenden Veränderungen in den Biowissenschaften und der Medizin geführt. Diese Veränderungen machen es notwendig, Strukturen in Forschung und Lehre und die methodischen Konzepte zu überdenken und anzupassen. Auf Empfehlung der Wissenschaftlichen Kommission Lebenswissenschaften der Leopoldina beschloss das Präsidium der Akademie am 26. Oktober 2011, eine Arbeitsgruppe unter der Leitung von Professor Dr. Rudolf Amann ML zu diesem Thema einzurichten.

Im Rahmen des 5. Max-Planck-Symposiums „Biodiversity“ konstituierte sich die Gruppe in einem ersten Treffen am 7. März 2012 in Berlin, bei dem wei-

tere Mitglieder benannt und die Vorgehensweise der Arbeitsgruppe definiert wurden. In drei thematischen Workshops wurden anschließend die Entwicklungen in der Taxonomie in unterschiedlichen Forschungsbereichen unter Einbindung externer Expertise beleuchtet:

1. Taxonomie in der Botanik (21./22. Juni 2012 in Halle/Saale)
2. Taxonomie in der Mikrobiologie, medizinischen Mikrobiologie und der Mykologie (10./11. September 2012 in Bremen)
3. Taxonomie in der Zoologie (13./14. Dezember 2012 in Berlin)

Im Anhang sind die Teilnehmer der Workshops und die Titel ihrer Vorträge gelistet. Die Textbeiträge der Referenten sind, sofern vorhanden, als Supplement abrufbar unter: [www.leopoldina.org/de/TaxonomieSupplement](http://www.leopoldina.org/de/TaxonomieSupplement)

## 6.2 Mitwirkende der Arbeitsgruppe

### Koordinator

Prof. Dr. Rudolf Amann ML                      Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie Bremen,  
Abteilung Molekulare Ökologie

---

### Autoren

Prof. Dr. Gerhard Braus	Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Biologie und Psychologie, Abteilung Molekulare Mikrobiologie und Genetik
PD Dr. Birgit Gemeinholzer	Justus-Liebig-Universität Gießen, AG Spezielle Botanik
Dr. Christoph Häuser	Museum für Naturkunde Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung Berlin
Dr. Regine Jahn	Botanischer Garten und Botanisches Museum Berlin-Dahlem, Freie Universität Berlin
Dipl.-Biol. Volker Lohrmann	Übersee-Museum Bremen, Abteilung Naturkunde; Museum für Naturkunde Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung Berlin
PD Dr. Carsten Lüter	Museum für Naturkunde Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung Berlin
Prof. Dr. Axel Meyer ML	Universität Konstanz, Fakultät Biologie, Lehrstuhl für Zoologie/Evolutionsbiologie
Prof. Dr. Bernhard Misof	Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig, Bonn, Abteilung Molekulare Biodiversitätsforschung
Dr. Michael J. Raupach	Senckenberg am Meer Wilhelmshaven, Abteilung Deutsches Zentrum für Marine Biodiversitätsforschung, Molekulare Taxonomie mariner Organismen
Prof. Dr. Susanne S. Renner ML	Ludwig-Maximilians-Universität München, Fakultät für Biologie, Systematische Botanik und Mykologie; Botanische Staatssammlung und Botanischer Garten München
PD Dr. Christian Roos	Deutsches Primatenzentrum – Leibniz-Institut für Primatenforschung, Abteilung Primatengenetik
Dr. Ramon Rossello-Mora	Mediterranean Institute for Advanced Studies IMEDEA, Esporles, Spanien, Arbeitsgruppe Marine Mikrobiologie
Prof. Dr. Karl-Heinz Schleifer	Technische Universität München, Wissenschaftszentrum Weißenstephan für Ernährung, Landnutzung und Umwelt
Dr. Henning Steinicke	Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina, Abteilung Wissenschaft – Politik – Gesellschaft
Prof. Dr. Sebastian Suerbaum ML	Medizinische Hochschule Hannover, Institut für Medizinische Mikrobiologie und Krankenhaushygiene
Prof. Dr. Miguel Vences	Technische Universität Braunschweig, Zoologisches Institut
Prof. Johannes Vogel, PhD	Museum für Naturkunde Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung Berlin
Prof. Dr. Wolfgang Wägele	Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig, Bonn

### 6.3 Zu Einzelaspekten gehörte Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler

Dr. Frank Blattner	Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben
Dr. Christoph Bleidorn	AG Molekulare Evolution und Systematik der Tiere, Institut für Biologie, Universität Leipzig
Prof. Dr. Axel A. Brakhage ML	Abteilung Molekulare und Angewandte Mikrobiologie, Leibniz-Institut für Naturstoff-Forschung und Infektionsbiologie (HKI)
Prof. Dr. Helge Bruehlheide	Geobotanik und Botanischer Garten, Institut für Biologie, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg Deutsches Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig
Prof. Dr. Michael Hofreiter	Department of Biology, University of York, United Kingdom
Prof. Dr. Dr.-Ing. Peter Kämpfer	Institut für Angewandte Mikrobiologie, Justus-Liebig-Universität Gießen
Prof. Dr. Ulrich Kück	Lehrstuhl für Allgemeine und Molekulare Botanik, Fakultät für Biologie und Biotechnologie, Ruhr-Universität Bochum
Prof. Dr. Edward Moore	Department of Clinical Bacteriology, Culture Collection, University of Göteborg, Sweden
Prof. Dr. Jörg Overmann	Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen Braunschweig
Prof. Dr. Bärbel Stecher	Lehrstuhl für Bakteriologie, Max von Pettenkofer Institut, Ludwig-Maximilians-Universität München
Prof. Dr. Thorsten Stoeck	Department für Ökologie, Fachbereich Biologie, Technische Universität Kaiserslautern
Dr. Eva H. Stukenbrock	Max-Planck-Institut für terrestrische Mikrobiologie, Marburg
Dr. Ronald P. de Vries	CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, The Netherlands
Prof. Dr. Wolfram Weckwerth	Department für Molekulare Systembiologie, Universität Wien, Österreich
Prof. Dr. Quentin D. Wheeler	International Institute for Species Exploration, School of Sustainability, Arizona State University, Tempe, USA

### 6.4 Gutachter dieser Stellungnahme

Prof. Dr. Erwin Beck	Lehrstuhl für Pflanzenphysiologie, Universität Bayreuth
Prof. Dr. Gerhard Haszprunar	Staatliche Naturwissenschaftliche Sammlungen Bayerns, München
Prof. Dr. Volker Mosbrugger ML	Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum, Frankfurt am Main
Prof. Dr. Jörg Ott	Department für Meeresbiologie, Universität Wien, Österreich
Prof. Dr. Erko Stackebrandt	Leibniz-Institut DSMZ - Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig
Prof. Dr. Margret Wintermantel	DAAD – Deutscher Akademischer Austausch Dienst, Bonn

### 6.5 Danksagung

Die Akademie dankt den Gutachtern für ihre Hinweise, die nach eingehender Diskussion der Arbeitsgruppe und des Prä-

sidiums zum größten Teil Eingang in das vorliegende Papier gefunden haben.

Für die Erstellung von Abbildungen, Kommentierung einzelner Textbei-

träge oder das zur Verfügung stellen von Fotos danken die Akademie und insbesondere die Mitglieder der Arbeitsgruppe folgenden Personen: Dr. Gregor Hagedorn, Museum für Naturkunde Berlin, Dr. André Hilger, Helmholtz-Zentrum Berlin, Dr. Britta Horstmann, Museum für Naturkunde Berlin (aktuell: Leibniz-Gemeinschaft Berlin), Sonja Kreft, Museum für Naturkunde Berlin, Susanne Krüger, Max-Planck-Institut Bremen, Dr. Cristina Moraru, Center for Astrobiology Madrid, Spanien, PD Dr. Michael Ohl, Museum für Naturkunde Berlin, Dr. Christiane Quaiser, Museum für Naturkunde Berlin, Thomas Schmid-Dankward, Museum für Naturkunde Berlin und Dr. Florian Witzmann, Museum für Naturkunde Berlin.

## 6.6 Vorträge der Themenworkshops

### Taxonomie in der Botanik (21./22. Juni 2012 in Halle/Saale)

Regine Jahn, Berlin	Ist der botanische Nomenklatur-Code fit für die Zukunft der taxonomischen Forschung?
Wolfram Weckwerth, Wien	Genomweite Analyse von Inhaltsstoffen und Proteinen für Metaproteogenomik, Annotation von Genomen und Taxonomie
Frank Blattner, Gatersleben	Nutzpflanzentaxonomie, genetische Ressourcen, Genomics und Phenomics
Birgit Gemeinholzer, Giessen	Datenspeicherung und Vernetzung – Taxonomie und <i>OMICS</i>
Susanne Renner ML, München	Molekulare und morphologische Typifizierung und naturhistorische Sammlungen im Zeitalter der – <i>OMICS</i> -Forschung
Volker Lohrmann, Berlin	TAXON- <i>OMICS</i> – Taxonomie in Deutschland im Zeitalter der „- <i>OMICS</i> -Forschung“
Helge Bruelheide, Halle/Saale	Herausforderungen für die Taxonomie in der Biodiversitätsforschung

### Taxonomie in der Mikrobiologie, medizinischen Mikrobiologie und der Mykologie (10./11. September 2012 in Bremen)

Ulrich Kück, Bochum	Fungal development, fungal biotechnology-teleomorphs and anamorphs in the fungal kingdom
Axel A. Brakhage ML, Jena	Fungal genomics and its impact on secondary metabolite discovery and elucidation of pathogenicity
Ronald de Vries, Utrecht	Fungal biodiversity with respect to carbon utilisation: taxonomic relationships versus parallel evolution
Sebastian Suerbaum ML, Hannover	(Gen-) <i>OMICS</i> and bacterial pathogens: Impact and Potential
Bärbel Stecher, München	The intestinal microbiome: role in interaction with human pathogens
Eva H. Stukenbrock, Marburg	A population genomics perspective on speciation and evolution of fungal plant pathogens
Ramon Rossello-Mora, Esporles	Past, present, and future of microbial taxonomy
Rudolf Amann ML, Bremen	Microbiomes and metagenomes in need of professional classification
Jörg Overmann, Braunschweig	Diversification in nonpathogenic bacteria - implications for taxonomy, bioinformatics and data repositories
Hans-Peter Klenk, Braunschweig	The encyclopedia of microbial genome sequences
Peter Kämpfer, Gießen	The polyphasic approach in the <i>OMICS</i> era – up to date, or out of date?
Edward Moore, Göteborg	Typing and identification of microorganisms at sub-species levels: considerations for biodiversity, biotechnological, clinical and epidemiological studies

**Taxonomie in der Zoologie (13./14. Dezember 2012 in Berlin)**

Miguel Vences, Braunschweig	Integrative taxonomy
Christian Roos, Göttingen	Natural Hybridization in Primates
Michael Hofreiter, York	Ancient DNA – retrospective sequencing of types
Wolfgang Wägele, Bonn	GBOL: Overcoming the taxonomic impediment with DNA-Barcoding
Michael Raupach, Wilhelmshaven	The use of DNA sequences in animal identification and classification
Christoph Bleidorn, Leipzig	<i>Wolbachia</i> and molecular barcoding - conceptions and misconceptions
Axel Meyer ML, Konstanz	Next generation DNA sequencing methods now permit the genetic delimitation of extremely young (cichlid fish) species and populations
Bernhard Misof, Bonn	1KITE – 1K Insect Transcriptome Evolution
Thorsten Stoeck, Kaiserslautern	Barcoding microbial eukaryotes
Quentin Wheeler, Tempe	The Age of Taxonomy





## Weitere Veröffentlichungen

---

Bioenergie: Möglichkeiten und Grenzen

---

Die Zukunftsfähigkeit des deutschen Wissenschaftssystems

---

Antibiotika-Forschung: Probleme und Perspektiven

**Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina e.V.**  
**– Nationale Akademie der Wissenschaften –**

Jägerberg 1  
06108 Halle (Saale)  
Tel.: (0345) 472 39-600  
Fax: (0345) 472 39-919  
E-Mail: [leopoldina@leopoldina.org](mailto:leopoldina@leopoldina.org)

**Berliner Büro:**

Reinhardtstraße 14  
10117 Berlin

Die Leopoldina ist eine der ältesten Wissenschaftsakademien der Welt. 1652 gegründet, ist sie der freien Wissenschaft zum Wohle der Menschen und der Gestaltung der Zukunft verpflichtet. Mit ihren rund 1500 Mitgliedern versammelt die Leopoldina hervorragende Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus Deutschland, Österreich, der Schweiz und zahlreichen weiteren Ländern.

Als Nationale Akademie Deutschlands vertritt die Leopoldina seit 2008 die deutsche Wissenschaft in internationalen Gremien und nimmt zu wissenschaftlichen Grundlagen politischer und gesellschaftlicher Fragen unabhängig Stellung. In interdisziplinären Expertengruppen erarbeitet die Leopoldina, auch gemeinsam mit anderen deutschen, europäischen und internationalen Akademien, öffentliche Stellungnahmen zu aktuellen Themen. Die Leopoldina fördert die wissenschaftliche und öffentliche Diskussion, sie unterstützt wissenschaftlichen Nachwuchs, verleiht Auszeichnungen, führt Forschungsprojekte durch und setzt sich für die Wahrung der Menschenrechte verfolgter Wissenschaftler ein.