



GfBS

News

Informationen für Mitglieder der Gesellschaft

TOP-Thema

**Barcoding –
Werkzeug des
modernen Taxonomen
oder Teufelszeug?**

**Quick'n Easy oder
Quick'n Dirty?**



*Newsletter der Gesellschaft
für Biologische Systematik* **15/2005**



Seit vielen Jahren schon werden in den meisten phylogenetisch-systematisch arbeitenden Laboratorien neben den bewährten morphologischen Techniken auch molekulare genutzt. Es ist gar kein Diskussionspunkt mehr, ob DNA-Sequenzen nützlich sind. Sie sind es in vielen Fällen, besonders wenn es um die Rekonstruktion jüngerer Prozesse geht, da dann die Sequenzen nicht durch multiple Substitutionen verrauscht sind. Sie sind es vor allem dann, wenn die Morphologie nicht genügend Merkmale liefert.

Es sind aber auch viele Fehlerquellen bekannt: Die Tage der naiven Begeisterung sind vorbei, Pragmatismus herrscht vor, auch wenn immer noch eine kritische Bewertung des Informationsgehaltes von Alinierungen ein Problem ist. Aus der Erfahrung der letzten Jahre ergibt sich, dass die Zusammenschau aller bekannter Informationen die sichersten Schlüsse über Evolutionsprozesse und Verwandtschaft zulassen. Soweit gibt es kaum Bedenken unter den Systematikern.

Es ist inzwischen unbestreitbar: Geht es nur um die Klassifikation von Organismen (Clusterbildung ohne Rücksicht auf das Biologische Artkonzept und ohne Blick auf evolutionäre Prozesse), ließe sich diese Aufgabe ausschließlich mit DNA-Sequenzen bewältigen und damit erheblich beschleunigen. Daraus kann sich die extreme Schlussfolgerung ergeben, dass Taxonomen nicht mehr benötigt werden, Typenmaterial durch DNA-Extrakte ersetzbar sind, ein Artname könnte dann heißen „18S: AGGTCCTTCCA“, ein Gattungsname „28S: GTTTCCTAACG“. Über diesen Unsinn muss man nicht lange diskutieren. Es ergibt sich aber noch eine andere Konsequenz: Es gibt in der Tat im Genom der Organismen Signaturen, die zur Wiedererkennung nützlich sind. Das beginnt beim Erkennen von Individuen („Vaterschaftstest“) und funktioniert auch für Arten, Gattungen, größere Gruppen von Taxa. Die benötigten Autapomorphien lassen sich mit phylogenetischen Analysen identifizieren, einmali-

ge Signaturen findet man aber auch ohne Stammbaumrekonstruktion.

Diese Tatsache kann man nutzen, um mit automatisierbaren Verfahren die Zugehörigkeit zu Populationen, Arten, und supraspezifischen Gruppen zu bestimmen. Damit wird dem Taxonomen die Servicearbeit erleichtert, es geht schneller und auch für Taxa, für die gerade kein Spezialist zur Hand ist.

Für die Entwicklung dieser neuen Anwendungen, die eine neue Qualität in der Biodiversitätsforschung ermöglicht, sind jedoch neue Ressourcen nötig. Angesprochen sind vor allem die Naturhistorischen Sammlungen, die jetzt schon personell und finanziell völlig unzureichend ausgestattet sind. Um auf diese Problematik aufmerksam zu machen, haben die Fachgesellschaften GfBS, DZG und DBG ein Memorandum ausgearbeitet, das viel Aufregung verursacht hat. Besorgt und zum Teil unnötig aggressiv reagierten vor allem jene Taxonomen, die ungenügend informiert waren. Aus diesem Grund erscheint es sinnvoll, wichtige Ängste und Argumente an dieser Stelle aufzuzählen:

Signatursequenzen enthalten keine Information und seien daher unbrauchbar: Die Information besteht in einer Art Namensschild, mehr nicht. Aus diesem Grund besteht auch nicht die Gefahr, dass automatisierte Systeme („DNA-Barcode“) den Experten, der die Organismen und die Literatur kennt, verdrängen. Der Experte wird benötigt, um Informationen über die





identifizierten Arten bereitzustellen. Es wäre aber auch für den Experten eine Erleichterung, wenn es Spezies-Datenbanken gäbe, mit denen auch diese zusätzliche Information verwaltet werden könnte.

Hybridisierungen können dazu führen, dass Artnamen falsch zugeordnet werden: Aus diesem Grund kann man nicht jedes Taxon mit mitochondrialen Genen bearbeiten. Grundlagenforschung, an der der spezialisierte Taxonom beteiligt sein muss, ist nötig, um geeignete Signatursequenzen zu finden.

An dieser Stelle ist zu erinnern, dass die immer **aufwändige Entwicklung von Bestimmungshilfen** (hier Signaturen) nicht dasselbe ist wie die schnelle **Anwendung**

Lokale Populationen können sich in einzelnen Substitutionen unterscheiden: Das ist kein Problem, da die intraspezifische Variabilität (von Taxon zu Taxon durchaus anders!) einer Erkennungssequenz in jedem Fall begrenzt ist und berücksichtigt wird.

Die molekularen Analysen sind kostspielig: Dieses Argument betrifft die Entwicklung, nicht die Anwendung. Rechnet man die Personalkosten mit ein, ist der Unterschied zur klassischen Vorgehensweise nicht groß. Die Zahl der in Genbanken verfügbaren Sequenzen steigt exponentiell, während die Kosten immer noch sinken.

COI-Sequenzen sind nicht geeignet, sehr nah verwandte Arten zu unterscheiden: Es gibt kein Gesetz, das die Verwendung von COI-Sequenzen erzwingt. Zur Zeit werden auch nukleäre Marker und Plastidengene auf ihre Eignung geprüft.

Die Bestimmung per Signatursequenzen ist nicht sicher: Die Qualität der Signatursequenzen kann sehr verschieden sein. Eine hohe Qualität ist nur zu erreichen, wenn bei der Entwicklung erfahrene Taxonomen mitwirken. Der Erfolg würde aber schon bei einer Fehlerquote von 10% wesentlich höher sein als z. B. bei den Bestimmungen

von Insekten und Spinnen, wie sie derzeit im Rahmen von Umweltgutachten stattfinden.

Barcodes setzen einen „genetischen Artbegriff“ voraus: Die Identifizierung einer Art setzt voraus, dass ein Artkonzept vorliegt. Über Letzteres kann endlos diskutiert werden. Welches Artkonzept man bevorzugt, ist aber nicht ausschlaggebend für die Methode, mit der Bestimmungen durchgeführt werden.

Speziationen in jungen Radiationen sind schwer nachweisbar: Im Übergangsfeld der Artbildung sind, solange noch Genfluss zwischen divergierenden Populationen existiert, streng genommen überhaupt keine Artgrenzen vorhanden. Weder die vergleichende Morphologie noch die DNA-Taxonomie können dieses Faktum ändern. Also ist auch kein Barcode für die Arten zu entwickeln, wohl aber kann man einzelne Populationen charakterisieren.

Die Gewinnung von DNA aus Typenmaterial zerstört die Typen: So wie der Morphologe auch kein Typenmaterial verwenden sollte, um z. B. Präparate für die Elektronenmikroskopie herzustellen, so sollte auch für die DNA-Taxonomie kein Typenmaterial verbraucht werden.

Das „DNA-Barcoding“ ist noch nicht technisch ausgereift: Den mobilen „DNA-Barcoder“ gibt es noch nicht. Die Laborchemie ist aber bewährt, ebenso die Technik der Datenanalyse. Für die Weiterent-

Bald auch für jede Pflanze und jedes Tier im Lande?





wicklung miniaturisierter Geräte ist Grundlagenforschung nötig, die aber vor allem Techniker, weniger Biologen betrifft. Derzeit ist noch unklar, ob künftig die Chip-Technologie oder Alternativen wie die physikalische Sequenzierung sich durchsetzen werden. Die Anwendung mit den vorhandenen größeren Laborgeräten ist aber jetzt schon nützlich.

Unbekannte Arten werden übersehen: Wenn mit universellen Primern Sequenzbereiche amplifiziert werden, können auch unbekannte Arten detektiert werden. Das geschieht schon länger, ohne dass die Studien „Barcoding“ genannt wurden. Wird mit Signaturmolekülen gearbeitet (Microarray-Technologie), kann durch Einsatz hierarchischer Marker (z. B. Marker, die ein größeres Monophylum charakterisieren) eine bisher nicht berücksichtigte Art erkannt werden.

Der Spezialist erkennt die Arten viel schneller: Es ist richtig, dass ein trainierter Spezialist für z. B. Tanzfliegen einer Region die Tiere auf einen Blick erkennen kann. Wieviele derartige Kenner gibt es aber? Steht deren Fähigkeit jedem zur Verfügung, der Arten identifizieren will oder muss? Der Ökologe möchte auch noch weitere Taxa identifizieren. In der Regel wird er nicht alle Experten dazu bewegen können, für ihn zu arbeiten, da man mit Service keinen Blumentopf gewinnen kann.

Die Identifikation von Schädlingen und Nützlingen ist nicht möglich: Es gibt bereits jetzt Signatursequenzen, die spezifisch für die Identifikation von Pilzen und von Bockkäferlarven in Holz zusammengestellt wurden, genauso wie es Signaturen für Humanpathogene gibt. Selbstverständlich definiert der Land- oder Forstwirt, was jeweils als Schädling oder Nützlich angesehen wird. Ähnliches gilt für Organismen, für die sich die pharmazeutische Industrie oder die Lebensmittelindustrie interessiert.

Biologen werden ihr Wissen über Pflanzen und Tiere einbüßen: Die Gefahr droht

nur, wenn sich niemand für Lebensweisen, Evolutionsprozesse, die Funktion von Ökosystemen interessiert. Barcoding ist eine Technik wie die Nutzung von Satelliten für Kartierungszwecke. Die Geographen haben durch Einführung der Satellitentechnik auch nicht ihr Wissen verloren.

„DNA-Barcoding“ vernichtet Arbeitsplätze: Die Service-Bestimmung für Andere ist sicher nicht der Traumjob eines Biologen. Nur hier kann Barcoding kommerziell eingesetzt werden. Der dramatische Verlust von Stellen an den Hochschulen hat lange vor Einführung der molekularen Techniken begonnen. Um der organismischen Systematik zu helfen, müssen einerseits alle Mittel genutzt werden, um die Effizienz der Bestimmungsmethoden zu steigern, und andererseits ist mehr Bewusstsein für die Präsenz der Artenvielfalt erforderlich, um die Nachfrage nach Expertenwissen zu steigern. Hier könnten die schnellen Bestimmungsmethoden helfen. Die DNA-Techniken werden moderne Arbeitsplätze im Bereich Forschung, Entwicklung und Dienstleistung schaffen.

Eine scharfe Abgrenzung von „DNA-Taxonomie“ und „Barcoding“ ist nicht sinnvoll. Der Gebrauch der Worte zeigt, dass mit „DNA-Taxonomie“ ein Repertoire von Methoden gemeint ist, mit denen Gruppen von Sequenzen Taxonnamen zugeordnet werden. Das setzt zwar keine vollständige phylogenetische Analyse voraus, wohl aber die klare Abgrenzung von Cluster. Daher wird DNA-Taxonomie gebraucht, um die „Barcodes“ zu entwickeln.

Das Thema wurde in Basel im Rahmen des „Barcoding Symposiums“ und in der Podiumsdiskussion ausführlich behandelt. Die Diskussionen waren außerordentlich hilfreich, um die Missverständnisse zu beseitigen und Verständnis für die große Chance zu wecken, die die neuen Technologien für die Anwendung taxonspezifischer Informationen bieten.

W. Wägele, Bonn