

Taxonomie am Scheideweg?

[Taxonomy at the crossroads?]

von

J. Wolfgang WÄGELE⁽¹⁾, Jonas J. ASTRIN⁽¹⁾, Michael BALKE⁽²⁾,
Axel HAUSMANN⁽²⁾, Lars KROGMANN⁽³⁾, Lars HENDRICH⁽²⁾,
Stephanie PIETSCH⁽¹⁾, Michael RAUPACH⁽⁴⁾, Stefan SCHMIDT⁽²⁾,
Andreas H. SEGERER⁽²⁾ und Gerhard HASZPRUNAR⁽²⁾

Bonn⁽¹⁾ (Deutschland) München⁽²⁾ (Deutschland) Stuttgart⁽³⁾ (Deutschland) Wilhelmshaven⁽⁴⁾ (Deutschland)

Zusammenfassung Dr. M. JASCHHOF hat in dieser Zeitschrift (*Studia dipterologica* 17: 187–193) beklagt, dass die taxonomische Erfassung der Cecidomyiiden weltweit und auch in Deutschland noch lange nicht abgeschlossen ist. Der Beitrag erweckt den Eindruck, dass Investitionen in automatisierbare Bestimmungstechniken, wie dem DNA-Barcoding, wenig gewinnbringend seien und der Taxonomie schaden. Abgesehen davon, dass der technische Fortschritt international auch ohne die Beteiligung Deutschlands stattfindet, argumentieren wir, dass der Niedergang der Taxonomie vor allem an den Hochschulen nur aufzuhalten ist, wenn unser Fachgebiet attraktiver darstellbar wird und vor allem unser kollektives taxonomisches Wissen für Anwender besser verfügbar gemacht wird. Wir unterscheiden zwischen einer aufwändigen Entwicklungsphase neuer Technologien und der effizienten Anwendungsphase, die eine Entlastung der an Wissenschaft interessierten Spezialisten von der wissenschaftlich uninteressanten Bestimmung aus Massenproben ermöglicht. Der Abwärtstrend der Taxonomie an den Hochschulen lässt sich nicht dadurch beenden, dass man alles so weiter macht wie bisher, auch wenn der Taxonom exzellent und hoch produktiv ist. Wir sehen in Initiativen wie German Barcode of Life (www.bolgermany.de) und Barcoding Fauna Bavarica (www.faanabavarica.de) eine historische Chance, um eine symbiotische Verzahnung zwischen Taxonomie, Faunistik, Ökologie und angewandter Forschung herzustellen. Es sind hier wie in vielen weiteren Projekten, die von der DFG (Deutsche Forschungsgemeinschaft) oder dem BMBF (Bundesministerium für Bildung und Forschung) unterstützt werden, auch neue Finanzierungsquellen entstanden, die zum Wachstum und einer Aufwertung unserer entomologischen Sammlungen geführt haben. Wir laden alle Taxonomen ein, die Ergebnisse unserer Disziplin für den Ökologen, Naturschützer und für andere Nutzungen in aller Breite anwendbar zu machen.

Stichwörter Zukunft der Taxonomie, DNA-Barcoding, DNA-Taxonomie

Abstract Dr. M. JASCHHOF has complained in this journal (*Studia dipterologica* 17: 187–193) that taxonomic knowledge of cecidomyiids is far from complete even in Germany, let alone globally. He suggests that investments in new technologies that allow the automatization of species identification (such as DNA-barcoding) are not helpful and are even harmful for taxonomy as a discipline. Apart from the fact that this technical innovation is being developed internationally, and without German participation, we argue that the decline of taxonomy especially in universities can only be halted by a more attractive presentation of our discipline and above all by making our collective taxonomic knowledge more easily available to the community of users. We have to distinguish an expensive and laborious development phase of any new technology from a second phase, which is the period of efficient application. The latter will relieve taxonomists interested in research from the tedious and scientifically uninteresting identification of organisms in mass samples. The decline of taxonomy at universities will not end while the methodology and attitude of the taxonomist remain the same as in the past, even when the taxonomist is an outstanding and highly productive individual. From our point of view, initiatives like the German Barcode of Life (www.bolgermany.de) and Barcoding Fauna Bavarica (www.faanabavarica.de) offer a historic opportunity for a symbiotic link between taxonomy, faunistics, ecology, and applied research. As in several other projects supported by the DFG (German Science Foundation) and the BMBF (Federal Ministry for Education and Research), it has been possible to generate new opportunities for funding which have promoted the growth and evaluation of our entomological collections.

We invite all specialists to help us make taxonomy a science that can be widely used in ecological research, in nature conservation, and in many other applications.

Key words future of taxonomy, DNA-barcoding, DNA-taxonomy

Vorwort

Die Autoren dieses Textes, setzen sich seit Langem für die Förderung der Taxonomie ein. Wir haben u. a. die Gesellschaft für Biologische Systematik (GfBS) gegründet, damit überhaupt Lobbyarbeit geleistet werden kann, die in der Regel nicht von Einzelkämpfern organisiert werden kann (GfBS – <http://www.gfbs-home.de/>). Die GfBS kümmert sich um eine zeitgemäße Fortbildung junger Systematiker und um den internationalen Austausch im Rahmen von Tagungen der europäischen Systematiker. Wir haben zusammen mit dem VBIO (Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland) die Taxonomie-Initiative ins Leben gerufen (VBIO – <http://www.taxonomie-initiative.de>), uns an europäischen (EDIT – <http://www.e-taxonomy.eu/>) und globalen Netzwerken (GTI – <http://www.gti-kontaktstelle.de/>) zur Stärkung der Taxonomie beteiligt und mit Politikern und Hochschulwissenschaftlern diskutiert. Jede aussichtsreiche Maßnahme, die die Zukunft für Taxonomen verbessert, ist uns willkommen. Wir betonen dies alles, damit keine Missverständnisse entstehen: Man kann zugleich Taxonom sein und sich für die Nutzung neuer Techniken einsetzen.

Wir reagieren auf den von Herrn Dr. JASCHHOF veröffentlichten Text (JASCHHOF 2011), in dem er die Sinnhaftigkeit des Bayerischen Barcoding-Projektes anzweifelt, weil wir Sorge haben, dass unzureichend informierte Wissenschaftler davor zurückschrecken werden, sich mit jenen Techniken zu befassen, die doch die Akzeptanz für die taxonomische Arbeit verbessern können. Gerade für junge Wissenschaftler wäre das karriereschädigend.

Wir beklagen genau wie Herr JASCHHOF, dass es zu wenig Stellen für Taxonomen gibt und wünschen uns eine bessere Förderung. Um nicht auf der Stelle zu treten, schlagen wir aber vor, neue Wege zu gehen, ohne das bis heute erarbeitete Wissen als Ballast betrachten zu müssen, sondern unter Einbindung aller bisherigen Errungenschaften.

JASCHHOF's Argumentation

Herr Dr. JASCHHOF schildert, wie viel noch zu tun ist, um die Cecidomyiiden der Welt zu erfassen (JASCHHOF 2011). Es muss mühsam gesammelt, sortiert, präpariert und revidiert werden. Nur wenige Spezialisten mit viel Erfahrung (weltweit nur 6–7 Taxonomen) können dieses leisten. Ein Menschenleben reicht zweifellos nicht aus, um diese Arbeit zu bewältigen. Die Nutzung genetischer Marker als „Barcodes“ sei willkommen, um in Kombination mit der Vergleichenden Morphologie Arten besser abgrenzen zu können. Soweit stimmen wir zu.

Die folgenden Thesen finden sich, wenn auch anders formuliert oder zwischen den Zeilen, in JASCHHOF (2011) wieder.

Für Tiergruppen, die wenig untersucht sind, sei Barcoding nur sinnvoll, wenn genetische und morphologische Merkmale in Kombination eingesetzt werden.

Der Aussage stimmen wir mit Nachdruck zu, wenn es darum geht, Barcode-Datenbanken aufzubauen oder schwierige taxonomische Fragen zu klären. Die Methodenkombination nennen wir „integrative Taxonomie“ (z. B. DAYRAT 2005, BRÖKELAND & RAUPACH 2008, PADIAL et al. 2010, SCHLICK-STEINER et al. 2010).

Die entstehenden Barcode-Datenbanken verknüpfen genetische Information mit den Namen der LINNÉschen Klassifikation (falls verfügbar). Hierzu wird primär taxonomische Expertise benötigt. Wir sehen hier zunächst eine große Chance, die Bedeutung der taxonomischen Arbeit hervorzuheben und im allgemeinen Bewusstsein zu verankern. Wir können sowohl die existierenden Artenkenntnisse als auch die Wissenslücken (gerade bei extrem artenreichen Gruppen wie Gallmücken oder parasitischen Wespen) in einer Weise aufzeigen, die sie auch für Ökologen und angewandte Disziplinen deutlich erkennbar werden lässt. Anwender erhoffen sich, mit den neuen Techniken schneller verlässliche Biodiversitätsdaten zu bekommen. Für sehr viele, neu nachgewiesene „Barcode-Arten“ wird in den nächsten Jahren zunächst unklar bleiben, ob die erfasste Art schon formal beschrieben ist und welches, falls vorhanden, der gültige Name ist. Konsequenterweise wird die Nachfrage nach Artenkennern durch die Barcode-Kampagnen in derzeit 27 Ländern auch künftig weltweit ansteigen. Wir hoffen, durch die neuen Anwendungschancen (u. a. in der ökologischen Biodiversitätsforschung, im Naturschutz, im Ressourcenmanagement) die Bereitschaft zur Förderung von Taxonomie zu verbessern. Wenn bestimmte Arten nachgewiesen sind, will man meist auch wissen, welche Rolle sie in den Lebensräumen spielen.

Enthält eine Datenbank wie BOLD (<http://www.boldsystems.org/>) bereits substantielle Informationen, folgt ein weiterer Bedarf: Gute Taxonomen sind mehr als nur Determinationsexperten. Sie können ihr spezielles Fachwissen über die Morphologie, Ökologie, Ernährungsweise, Reproduktionsmodus und Lebenszyklus bestimmter Taxa einbringen. Auch die Probennahme im Feld erfordert den Einsatz eines versierten Artenkenners. Dieses Fachwissen und die meist jahrelange praktische Erfahrung mit bestimmten taxonomischen Gruppen machen den eigentlichen „Wert“ der guten Taxonomen aus und macht sie damit auch unersetzbar! Durch die schnellere Identifikation einer bisher unberücksichtigten Vielfalt im Rahmen ökologischer Forschung wird immer öfter die Frage nach der Rolle der nachgewiesenen Arten in den Lebensräumen entstehen. Dass das Wissen der Artenkenner künftig verstärkt nachgefragt werden wird, ist jetzt schon im Rahmen der von der DFG finanzierten Forschung in den „Exploratorien“ zu beobachten (<http://www.biodiversity-exploratories.de/>).

Die Beantragung der Förderung taxonomischer Projekte (wie ein Bayern-Gallmücken-Projekt) sei aussichtslos.

Die DFG hat in den vergangenen Jahren viele taxonomische Vorhaben finanziert. Es ist aber leider Fakt, dass reine taxonomische Projekte ohne weitergehende Fragestellungen tatsächlich nur geringe Chancen haben. Es fehlt den Gutachtern an Qualitätskriterien, die eine Reihung der Anträge nach ihrer Förderwürdigkeit ermöglichen könnten. Die Erfolgsaussichten steigen signifikant, wenn es gelingt, interessante weitergehende Fragestellungen einzubinden. Arbeitshypothesen können zum Beispiel aus den Bereichen Biogeographie, Phylogeographie, Phylogenetik oder Evolutionsbiologie (z. B. die Analyse von Koevolution, Speziationsforschung, Effekte der Eiszeiten auf die rezente Verbreitung) kommen.

Weiterhin ist auch forschungspolitische Arbeit durch Taxonomen notwendig, da nicht „die DFG“ entscheidet, sondern deren Fachgutachter (unsere Kolleginnen und Kollegen) und das gewählte Fachkollegium. Wer etwas ändern will, muss sich im Kreis der Biologen bemerkbar machen und sich u. a. auch darum kümmern, wer für das DFG-Fachkollegium Zoologie kandidiert und gewählt wird. Das Jammern hinter verschlossenen Türen nützt dagegen nichts. Oft kann man Taxonomie in weiter gefassten, biologischen Projekten unterbringen. Das ist uns zum Beispiel in der Polar- und Tiefseeforschung gelungen [Beschreibung vieler Crustaceenarten im Rahmen biogeographischer Analysen, wie z. B. WÄGELE (1984, 1988, 1991), BRANDT (2001), HILLE et al. (2002), BRANDT & MALYUTINA (2002), MALYUTINA & BRANDT (2004)], mit der Analyse von

Radiationsprozessen [z. B. der Orthopteren des Eastern Arcs in Tansania und Kenia in HEMP & HEMP (2003), HEMP et al. (2007, 2010)], in der Erforschung fernöstlicher Wasserkäfer oder afrikanischer Fische (verschiedene Arbeiten von BALKE, HENDRICH, SCHLIEWEN an der Zoologischen Staatssammlung München) oder im Verbund mit Ökologen, die Konzepte zur Rettung tropischer Wälder entwickeln [BIOTA-Projekt, z. B. HITA GARCIA et al. (2009)]. Gerade solche Projekte zeigen den Wert der Taxonomie sehr viel besser auf als reine Artbeschreibungen. Auch lassen sich jedoch diese Projekte viel besser vor einem breiteren Publikum mit einem interessanten Vortrag darstellen, wenn zu den taxonomischen Resultaten ein spannender Kontext existiert. Die Vielfalt an Erkenntnissen und weitergehenden Fragestellungen überzeugt sowohl Geldgeber als auch Gutachter. Einen Vortrag über Synonymien oder über die taxonomische Bedeutung von Borstenfeldern hört sich kaum jemand mit Genuss an. Diese Realität müssen wir akzeptieren und wir müssen vor allem perspektivisch arbeiten.

Darüberhinaus darf man nicht vergessen, daß viele jüngere Taxonomen keinesfalls dazu gezwungen wurden, „Umwege zum Fördertopf“ zu gehen. Vielmehr bringt die taxonomische Arbeit häufig mit sich, daß weiterführende Fragen aufkommen, welche der Artenkenner dann mit Hilfe neuer Methoden zu beantworten sucht. Typische Fragen sind: Warum sind die Arten gerade hier so häufig und nicht dort (Biogeographie und Ökologie)? Wie bringe ich „meine Arten“ in ein nachhaltiges System (Einsatz der molekularen Phylogenetik)? Wie sind Arten verteilt, wieviele kann man wohl noch entdecken und beschreiben? Welches sind spezifische morphologische Anpassungen? So haben Taxonomen bereits Einzug in internationale Spitzenjournale gehalten (z. B. TÄNZLER et al. 2012, VAN DE KAMP et al. 2011). Nicht alle Ergebnisse können oder müssen so publiziert werden, aber einzelne Wortmeldungen auf diesem Niveau tragen zum Ansehen der Disziplin bei.

Barcoding sei fragwürdig, weil viele Taxa nicht revidiert oder gar unbeschrieben sind.

HERR JASCHHOF hat Recht, wenn ältere Informationen über Verbreitung und Biologie einer Art deshalb nicht eindeutig zugeordnet und weiter verwendet werden können, weil falsche Bestimmungen oder unklare Synonymien vorliegen. Ohne die Expertise des Spezialisten lassen sich diese Probleme nicht lösen. Fehlbestimmungen, insbesondere durch Nichtspezialisten, werden in Zukunft jedoch deutlich seltener werden, wenn eindeutige molekulare Marker existieren.

LINNÉSche Namen sind in der Tat bisher der Schlüssel zur Nutzung bereits verfügbarer Information über Arten. Ein Barcode sagt für sich allein ebenfalls nichts über Morphologie, Verbreitung oder Lebenszyklen einer Art aus. Mehrere bis viele individuelle Sequenzen pro Art erlauben allerdings interessante Einblicke in deren genetische Variabilität. Objektiv betrachtet, ist aber ein binominaler LINNÉscher Artname auch nicht informativer als eine andere Kennzeichnung, wenn man von der erkennbaren Gattungszugehörigkeit absieht. Nützlich wird die Kennzeichnung eines Organismus nur, wenn damit ein eindeutiger Bezug zu weiteren Informationsquellen hergestellt werden kann. Das geht aber mit jeder Form der Kennzeichnung: Haben die Arten eines Lebensraums eine artspezifische Nummer und sind die Nummern gekoppelt an Information über die Verbreitung, kann ein Biogeograph oder Ökologe damit bereits arbeiten (z. B. THORMANN et al. 2011). Entscheidend ist die Eindeutigkeit der Verknüpfung. Bisher war dies der binominale Artname, der in der Literatur dokumentiert war. In Zukunft wird über Datenbanken jeder „globally unique identifier“, der in der Datenbank eindeutig zugeordnet ist (Registriernummern, Sequenzdaten, binominale Namen), diesen Zweck erfüllen können. Über die Datenbank bleibt die Verknüpfung mit etablierten LINNÉSchen Namen und den damit verbundenen Metadaten erhalten. Für die sprachliche Kommunikation ist es natürlich praktischer, aussprechbare (und oft bedeutungsvolle)

Namen zu haben, weshalb diese mit Sicherheit auch in Zukunft verwendet werden, wo immer sie verfügbar sind. Die Präsenz von Lebensformen lässt sich aber auch ohne Artnamen nachweisen. Die 1990 unter der vorläufigen Bezeichnung „SAR-11“ erwähnte marine Planktonart hat z. B. erst 2002 den Candidatus-Namen *Pelagibacter ubique* erhalten (RAPPE et al. 2002). Das hat die Wissenschaft jedoch nicht daran gehindert, Forschung mit diesem Organismus zu betreiben. Im Gegensatz zu Artnamen enthalten DNA-Barcodes Erkennungsmerkmale und lassen sich u. a. dazu verwenden, Arten zu bestimmen, phylogenetische Beziehungen (in Grenzen) zu ermitteln, und (in Kombination mit GPS-Koordinaten) biogeographische bzw. phylogeographische Zusammenhänge zu untersuchen.

Die hunderte neuer, unbeschriebener Arten, die Herr Dr. JASCHHOFF erwähnt, sind nicht die einzigen, die noch beschrieben werden müssen. Weltweit sind tatsächlich mehrere Millionen Arten neu zu beschreiben, und nicht nur diejenigen, die bereits in Alkohol lagern. Nach Schätzungen von MORA et al. (2011) wird es über 1000 Jahre dauern, bis diese Vielfalt mithilfe der Taxonomen erfasst sein wird. Angesichts der aktuellen globalen Biodiversitätskrise können wir solange nicht warten. Zur Rettung der Artenvielfalt braucht die Politik Daten und Beweise. Wie wichtig das ist, zeigt die kürzlich erfolgte Gründung des „Weltbiodiversitätsrates (IPBES = Intergovernmental Platform on Biodiversity and Ecosystem Services), dessen Sekretariat in Bonn eingerichtet wird. Ähnlich wie der Weltklimarat Klimadaten nutzt, braucht IPBES für die Politikberatung Daten zur Erarbeitung von Vorhersagen der globalen und regionalen Veränderung der Biodiversität. Die traditionelle Taxonomie wird diese auf aktuellen Inventarisierungen beruhenden Daten nur unzureichend liefern können.

Damit argumentieren wir nicht gegen die Notwendigkeit von Revisionen oder Beschreibungen. Kenntnisse der Morphologie bleiben weiterhin gefragt, z. B. um Anpassungen und Evolutionsprozesse zu verstehen oder um den Artstatus zu verifizieren. Revisionen schaffen Stabilität und Eindeutigkeit in der Benennung. Wie Herr Dr. JASCHHOFF aber selbst feststellt, ist diese Arbeit sehr zeitaufwändig und damit teuer. Ökologische Projekte werden aber immer nur für wenige Jahre finanziert. Dieses Problem hat in der Vergangenheit dazu geführt, dass viele Ökologen gänzlich darauf verzichteten, Artenvielfalt zu berücksichtigen und z. B. „Biomasseforschung“ betreiben (z. B. ANSARI 2000, GALÉRON et al. 2000, PIEPENBURG et al. 2002).

Da Ökologen nicht darauf warten können, bis Revisionen vollendet sind, suchen wir nach Alternativen. Dafür gibt es den Vorschlag, „reverse Taxonomie“ zu betreiben (MARKMANN & TAUTZ 2005) Damit wird es erstmalig möglich, die Biodiversität einer unbekannteren oder taxonomisch nicht erschlossenen Fauna quantitativ und mit kleiner Fehlerrate zu erfassen (THORMANN et al. 2011). Die Artnamen können für gut dokumentiertes und nachhaltig in Museen eingelagertes Material später nachgetragen werden. So kann die Arbeitsgeschwindigkeit der Ökologen von der der Taxonomen entkoppelt werden, ohne dass Schaden entsteht. Bei einigen Fischgruppen (z. B. Welse) ist dies seit vielen Jahren nur auf der Basis von Fotos in Verbindung mit einer Nummerierung erfolgreich betrieben worden, bei Zuckmücken (Chironomidae) existiert ein anerkanntes taxonomisches Nummernsystem, das auf der Unterscheidung von Puppenhäuten beruht.

Barcoding ist nicht preiswerter als die morphologische Bestimmung.

Herr Dr. JASCHHOFF hat hier Recht, zumindest solange wir uns noch in der Phase des Aufbaus der Barcode-Referenzbibliotheken befinden, die integrativ taxonomische Forschung erfordert. In dieser Phase fallen doppelte Kosten an: Die des Sammelns und Bestimmens, sowie die der molekulargenetischen Laborarbeit und Bioinformatik. Entwicklungsphasen sind immer kostspielig, wie man aus der Geschichte der Technikrevolutionen weiß. Entscheidend ist aber, dass

sich diese Investition lohnt. Verwiesen sei hier z. B. auf bakteriologische Routineanwendungen in Kliniken: Ohne DNA-Taxonomie wären die meisten Untersuchungen zu langwierig und oft (bei nicht kultivierbaren Bakterien) unmöglich (z. B. CLARRIDGE 2004, JANDA & ABBOTT 2010). Analog verhält es sich mit kaum bestimmbar Larven und Gelegen, oder mit schwierigen Taxa, für die aktuell vor Ort kein Spezialist verfügbar ist.

An dieser Stelle wird deutlich, dass die Anwendung der DNA-Barcodes als Zugriff auf bereits publiziertes artbezogenes Wissen nur Bestimmungsschlüssel ersetzen kann, nicht die vorhergehende taxonomische Forschung. Wie oben bereits erläutert, wird es aber auch möglich, die Präsenz von Arten in einer unbekannt Fauna nachzuweisen, für die es weder morphologische Informationen noch Bestimmungsschlüssel gibt, was eben doch wesentlich schneller und preiswerter ist als der bisher übliche Arbeitsfluß.

Keine andere Methode als die der vergleichenden Morphologie trägt effektiver zum Erkenntnisfortschritt der Biodiversitätsforschung bei.

Hier muss man fragen, was genau mit Biodiversitätsforschung gemeint ist. Viele Ökologen, die sich als Biodiversitätsforscher bezeichnen, würden den Vorwurf von sich weisen, nicht effektiv zum Erkenntnisfortschritt beizutragen. Ist das Wissen um morphologische Anpassungen an Biotope gemeint, stimmen wir ohne Vorbehalte zu. Geht es aber darum, auf der Grundlage existierender Datenbanken ein effektives Monitoring der Artenpräsenz unter Berücksichtigung möglichst vieler Taxa zu organisieren, wird künftig DNA-Barcoding das Mittel der Wahl sein. Über die Verknüpfung der Barcodes mit den LINNÉschen Artnamen, den dazugehörigen Metadaten (Fundorte, Ökologie etc.) und den Belegexemplaren in naturkundlichen Sammlungen wird diese Bio-Information einer breiten Weltöffentlichkeit frei und kostenlos verfügbar gemacht. Es steht dann die ganze Welt verfügbarer Information bereit, so dass der wissenschaftliche Gehalt von Analysen nicht leidet. An dieser Stelle muss dann auch daran erinnert werden, dass Spezialisten die eintönige Bestimmungsarbeit (die sogenannte „Routinearbeit“) von Material aus Umweltpollen (z. B. aus Malaisiefallen oder Planktonproben) in der Regel auch nicht mit Begeisterung betreiben. Gerade für diese Situationen sind die neuen Techniken willkommen und notwendig.

Damit sind wir der Ansicht, dass die Automatisierung für Routineaufgaben zu einer Effektivitäts- und Effizienzsteigerung der eigenen Bestimmungsarbeit führt und Wissenschaftler für spannendere Forschung entlastet. Morphologische Analysen kosten oft enorm viel Arbeits- und Lebenszeit. Die Nutzung einer etablierten Barcode-Referenzbibliothek (wie die im Aufbau befindliche Barcode-Datenbank BOLD), die die DNA-Marker des getesteten Individuums mit dem LINNÉschen Namen eindeutig verknüpft, schafft freie Kapazitäten für andere Forschungsarbeiten. Genitalpräparation kleiner Lepidoptera nach internationalem Gold-Standard ermöglicht die Herstellung von nur ca. 5 Präparaten pro Tag (ROBINSON 1976). Das ist für Routinebestimmungsarbeiten ungeeignet.

Grenzen und Möglichkeiten des DNA-Barcoding

Wir fassen hier zusammen, welches Potential DNA-Barcoding bietet und was das Verfahren nicht leisten kann.

- Ohne eine Barcode-Datenbank mit validierter Taxonomie fehlt der Bezug zwischen genetischen Markern und der in der Literatur dokumentierten artspezifischen Information. Daher ist für bereits erforschte Arten die Datenbank von großer Bedeutung.
- Die molekulare Artabgrenzung ohne Nutzung einer Barcode-Datenbank (also mit einfachen Distanz-Schwellenwerten oder durch Suche des Überganges Phylogenese – intraspezifische Genealogie) kann fehlerhaft sein. Nach unseren Erfahrungen können jedoch bei Insekten

zwischen 90 und 98 % der traditionell anerkannten Arten trotzdem sicher unterschieden werden (z. B. RAUPACH et al. 2010; HAUSMANN et al. 2011a, 2011b), was für ökologische Studien und Umweltbewertungen völlig ausreicht. Es gibt aber auch Fälle, in denen der Erfolg bei sehr nah verwandten Arten deutlich niedriger liegt, wenn die Analyse automatisiert und ohne Bezug zur Datenbank durchgeführt wird (ASTRIN et al. 2012). Problemfälle werden im Verlauf großer Projekte wie GBOL identifiziert, gekennzeichnet, und es werden gegebenenfalls Alternativen erarbeitet.

- Die intraspezifische Variation wird nur erfasst, wenn entsprechende Populationen beprobt und miteinander verglichen wurden. Das trifft auf morphologische und molekulare Studien gleichermaßen zu.
- Da konkrete Anwendungen vor allem für die Analyse lokaler Faunen und Floren relevant sind, kann in den meisten Fällen die globale Variabilität einer Art ignoriert werden, was die Trennschärfe für die Unterscheidung der Arten erhöht.
- Barcodes ersetzen nur Bestimmungsschlüssel. Ebenso wie letztere erklären sie keine Anpassungen und liefern keine Information zur Biologie der Arten, wohl aber Informationen zur Ausbreitungsgeschichte.
- Barcodes können aber sehr wohl genutzt werden, um zusätzliche Informationen zu erhalten. In ökologischen Analysen können beispielsweise Habitatpräferenzen der nachgewiesenen Lebensformen dokumentiert werden.
- Barcodes ersetzen nicht die Expertise des Taxonomen im Feld, der weiß, wann, wo, und wie Proben genommen werden müssen.
- Mit den Barcodes wird es aber erstmalig möglich, in größerem Umfang Inventare der Artenvielfalt für die ökologische Forschung durchzuführen. Bisher haben Ökologen in vielen „Biodiversitätsprojekten“ die Artenvielfalt weitgehend ignoriert, auch wenn Proben vorlagen.
- Da es keine „Zeigerarten“ für Artenvielfalt gibt, erwarten wir durch genauere Inventare vieler Taxa ein besseres Verständnis des Einflusses von Eingriffen in die Landschaft auf die Biodiversität.
- Genetische Marker erlauben die eindeutige Zuordnung aller Entwicklungsstadien, die Analyse von Mageninhalten (welche Pflanzenarten hat ein Blattkäfer gefressen?), die Identifikation von Endoparasiten und sogar intrazellulärer Symbionten, sowie allgemein von DNA-haltigen Proben beliebiger Form.
- Genetische Marker ermöglichen die Massenanalyse von Umweltproben (z. B. CREER et al. 2010, YU et al. 2012), wobei auf das Sortieren verzichtet werden kann. In Deutschland fehlen noch Erfahrungen dazu.
- Mit den derzeit verfügbaren Methoden lassen sich noch keine Abundanzen direkt aus Massenproben bestimmen. Hier muss man sich mit Statistik helfen (Präsenz der Arten in Unterproben als Indiz für deren Häufigkeit). Sobald PCR-unabhängige Sequenziermethoden marktreif sind, wird es möglich sein, die Häufigkeit von artspezifischen Genen zu bestimmen. Um daraus Abundanzen zu schätzen, wird ein Korrekturfaktor nötig sein, der die unterschiedliche Biomasse der Arten berücksichtigt. Ob die Genauigkeit dann ausreicht, bleibt abzuwarten.
- Molekulare Information kann dazu beitragen, taxonomische Probleme zu lösen, Ökomorphen zu identifizieren und übersehene Arten zu entdecken (z. B. HAUSMANN et al. 2009, HENRICH et al. 2010, STRUTZENBERGER et al. 2010), auch in Deutschland (SEGERER et al. 2011a, 2011b; RITT et al. 2011).

- Barcodes sind jedoch für weiterführende phylogenetische Analysen nicht geeignet (z. B. auf der Ebene von Gattungen und Familien), da die genutzten Genbereiche zu schnell evolvieren. Für die Phylogenetik sind andere Gene zu wählen.
- Neue Methoden werden es bald ermöglichen, relativ preiswert ganze Genome zu sequenzieren. Damit entsteht eine Datenflut, die bereits jetzt mit modernsten Großrechnern kaum zu bewältigen ist. Die Rechenzeiten und Kosten für Strom und Speicherkapazität sind jetzt schon höher als die der Sequenzierarbeit. Die kurzen Barcode-Sequenzen werden daher auch in Zukunft das effizientere Mittel sein. Sie werden vor allem auch dazu dienen, unbekannte Genome den bekannten Arten zuzuordnen.

Es bleibt die zentrale Frage, was zum Erhalt taxonomischer Expertise getan werden kann.

„Business as usual“ als Zukunftskonzept?

Im Verlauf der letzten 50 Jahre hat sich die Forschung und Lehre im Fach Biologie an den Hochschulen grundlegend gewandelt. Die „molekulare Dampfwalze“, moderne Neurowissenschaften, Biomedizin, neuere Fächer wie Biophysik und molekulare Entwicklungsbiologie haben sehr viele Lehrstühle der organismischen Biologie verdrängt. Die Morphologen, Systematiker und Taxonomen waren offensichtlich dieser Konkurrenz nicht gewachsen. Dieser Prozess war weltweit zu beobachten. Die Lehre, die daraus gezogen werden muss, ist die Notwendigkeit, neue Anpassungsstrategien für die heutige Forschungsumgebung zu entwickeln. Das oft autistisch anmutende Verhalten von Spezialisten, die hinter sich die Tür schließen, um ungestört arbeiten zu können, ist verständlich, im Ergebnis aber für das Fachgebiet schädlich, was die Entwicklung der vergangenen Jahrzehnte beweist. Ein „einfach weiter so“ wird logischerweise die negative Entwicklung nur fortsetzen. Wir brauchen aber eine Umkehr des jahrzehntelangen Trends, also die erneute Eingliederung taxonomischer Lehre an den Hochschulen und eine neue Motivation.

Wir möchten daher vor Verhaltensweisen warnen, die, obwohl oft gut gemeint, den Untergang der Taxonomie nur beschleunigen. Dazu gehören:

- Die Weigerung, Doktoranden zu betreuen, weil das zu viel Zeit kostet. Langjähriges Wissen wird dadurch nicht tradiert und geht verloren, das Heranziehen einer nächsten Generation von Spezialisten entfällt.
- Die Weigerung, Daten zu digitalisieren und über das Internet verfügbar zu machen. Dadurch bleibt die geleistete Arbeit wenig genutzt, es mangelt an Nachhaltigkeit, kaum jemand profitiert von den Leistungen (siehe unten).
- Klagen über die Misere, ohne selbst realistische Vorschläge für eine Verbesserung der Wahrnehmung der Forschung zu bieten. Diese Klagen will kein Wissenschaftspolitiker hören. Erfolge vorzuweisen, neue Aussichten zu melden, und neue Konzepte (durchaus verzahnt mit den bewährten Ansätzen) vorzustellen, ist die bessere Strategie.
- Die Verweigerung der Mitarbeit in Anwendungsprojekten: Wenn die Taxonomie nicht genutzt werden kann, braucht sie niemand. Ein Ausweg ist, den Nutzern brauchbare, verifizierte Werkzeuge an die Hand zu geben.
- Desinteresse an der Erforschung von Lebensweisen, Verbreitung, Phylogenie der Arten. Fehlt diese Komponente, ähnelt der Taxonom eher einem reinen Raritätensammler und nimmt sich damit selbst die Chance, auf fesselnde Weise berichten zu können.

- Die Aussage von Taxonomen, dass zunächst umfangreiche und langwierige Sammel- und Revisionsarbeiten notwendig seien, bevor eine ökonomisch oder anderweitig relevante Organismengruppe berücksichtigt werden kann (z. B. in der biologischen Schädlingsbekämpfung). So etwas schreckt potentielle Geldgeber sofort ab.

Ein verbreitetes Missverständnis: Die Unterscheidung von Grundlagenforschung und Anwendung

Die Aussage, die neuen Techniken seien teuer, betrifft die Grundlagenforschung, also die Entwicklung von Laborverfahren und Datenbanken. Die bereits existierende Technik der Sequenzierung von Massenproben wird dagegen durch den hohen Probendurchsatz gerade für die Anwendungen im Bereich Umweltmonitoring um ein Vielfaches preiswerter (wenige Cents pro Sequenz). Dasselbe gilt für den Zeitaufwand: Die Entwicklungsphase kann nicht schneller sein als die traditionelle Bestimmungsarbeit, da diese mit eingebunden wird. Künftige Anwendungen dagegen werden innerhalb weniger Tage Daten liefern, die bisher nur nach mehreren Personennjahren verfügbar waren, wenn man das ganze Spektrum der Taxa bei einer Inventarisierung berücksichtigen will. Noch stehen wir am Anfang der Massenanalysen, die Laborchemie und ein Teil der dafür nötigen Informatik existieren jedoch schon. Wenn wir in Deutschland an der Entwicklung nicht mitarbeiten, werden wir die Expertisen und Techniken bald aus dem Ausland einkaufen müssen. Immerhin kann man in Bayern schon knapp ein Drittel aller nachgewiesenen Tierarten (und damit die allermeisten der Individuen in Monitoring-Projekten) molekular und zuverlässig re-identifizieren (vergleiche HAUSMANN et al. 2011a, 2011b; SPELDA et al. 2011; www.faanabavarica.de), und das gilt nicht nur für die vergleichsweise gut bekannten Schmetterlinge und Wirbeltiere.

Spezialisten sind unverzichtbar. Wir brauchen realistische Konzepte zum Erhalt der taxonomischen Expertise

Das Klagen über den Rückgang taxonomischer Expertise hat *de facto* bisher keinen Geldgeber motiviert. Wir müssen also anders vorgehen. Ob es uns gefällt oder nicht: Die Frage nach dem Nutzen von Investitionen wird immer häufiger gestellt, und wir brauchen dafür überzeugende Antworten.

Die Erfahrung zeigt, dass es nicht ausreicht, darauf zu verweisen, dass alle Arbeitszeit benötigt wird, um Synonymien zu klären, um Abbildungen artspezifischer Merkmale zu erstellen und Neotypen zu hinterlegen. Wenn es so einfach wäre, gäbe es keine Krise der Taxonomie. Andere Wissenschaften wollen marine Sedimente analysieren, Sterne zählen, die chemische Struktur von Farbpigmenten beschreiben: Grundlagenforschung ist endlos. Ob wir das neu Entdeckte heute wissen oder erst in 200 Jahren – macht das einen Unterschied? Darauf müssen wir Antworten bieten.

Unsere Argumente müssen differenziert ausfallen, je nach Adressat. Der Naturliebhaber ist leicht zu überzeugen, ist aber in der Regel leider kein Geldgeber. Wer Taxonomie finanziert, hat in der Regel auch eine Erwartungshaltung. Wir müssen uns an die realen Forschungsförderungsbedingungen anpassen, wo wir sie nicht ändern können, um zu überleben.

- Taxonomische Forschung muss nachhaltig sein. Das bedeutet heute: Daten digital in leicht nutzbarer, und standardisierter Form hinterlegen. Unsere Forschungsmuseen helfen gerne, die dafür geeignete Plattform verfügbar zu machen. Und: Natürlich müssen auch Belegexemplare

mit den dazu gehörenden Daten gut dokumentiert hinterlegt sein. Auch hierfür können die Forschungsmuseen bewährte Konzepte anbieten.

- Taxonomische Ergebnisse müssen nützlich sein. Ein wesentliches Ergebnis taxonomischer Arbeit ist die Abgrenzung von Arten und die Feststellung diagnostischer Merkmale, gegebenenfalls in Form von Bestimmungsschlüsseln. Je leichter das Ergebnis auch für Nichtfachleute anwendbar ist, desto größer die Akzeptanz. Hier bieten automatisierbare Verfahren (digitale Bilderkennung; akustische Identifikation, z. B. von Vögeln, Fledermäusen, Fröschen, Orthopteren etc.) und genetische Marker neue technische Lösungen.
- Taxonomen sollten bereit sein, an Anwendungsprojekten mitzuarbeiten. Wenn es sich dabei nur um die Identifikation gut beschriebener Arten handelt, ist diese Aufgabe wenig interessant. Für solche Routineaufgaben wird der Taxonom in Zukunft die genannten automatisierbaren Verfahren anbieten oder auf sie verweisen und sich spannenderen Fragen zuwenden.
- Taxonomen sollten offen für neue Technologien und weitergehende Fragestellungen sein. Es ist nicht zu leugnen: Das Image der Taxonomen ist vor allem im Kollegenkreis des Faches Biologie angestaubt. Dagegen ist offensiv vorzugehen. Kollegen lassen sich durchaus begeistern, wenn wir spannende Berichte vorstellen können. Dazu muss man aber etwas zusätzlich zur reinen Taxonomie tun. Weiterhin sind unsere Zeitgenossen technikorientiert. Dieser Eigenart können wir Rechnung tragen: Es gibt z. B. viele Möglichkeiten der hochtechnisierten Morphologie (z. B. Anwendung der Mikrotomographie, Laserscanning, digitale Bildanalyse, 3D-Visualisierung und 3D-Morphometrie). Viele Taxonomen stehen auch den molekularen Techniken, wie dem DNA-Barcoding offen gegenüber, da sie erkannt haben, dass diese Methodik der Taxonomie nicht schadet, sondern diese Disziplin im Gegenteil verlässlicher, effizienter und anwendbar macht.

Um taxonomische Expertise zu erhalten, müssen wir uns um den wissenschaftlichen Nachwuchs kümmern und diesen so ausbilden, dass die Berufschancen besser sind. Dafür ist methodische Vielfalt unerlässlich, da damit mehr Anwendungsmöglichkeiten entstehen, und es muss eine Brücke geschlagen werden zwischen Taxonomie und Anwendung der Artenkenntnis. Neue Lehrstühle für Taxonomie sind denkbar, wenn diese Forschungsziele haben, die auch für Außenstehende wichtig sind. Dazu gehören Methodenentwicklung auf verschiedenen Gebieten, wie die Entwicklung von Expertensystemen, die Nutzung digitalisierter Information für taxonomische und ökologische Grundlagenforschung und für den Naturschutz, die Integration von Populationsgenetik und Taxonomie. Ohne derartige Ideen, die auch Drittmittel anziehen, sind die Fakultäten offensichtlich nicht bereit, sich Lehrstühle für unsere Fachrichtung zu leisten.

Ziel des vorliegenden Beitrages ist es unter anderem, die in vielen Aspekten gemeinsame Sicht und die gemeinsamen Ziele der Förderung der Taxonomie in den Vordergrund zu stellen. Initiativen wie die Projekte GBOL (www.bolgermany.de) und Barcoding Fauna Bavarica (www.faanabavarica.de) sind geeignet, eine symbiotische Verzahnung zwischen Taxonomie, Faunistik, Ökologie und angewandten Aspekten herzustellen. Viele Taxonomen sind schon beteiligt. Alle, die unser Fachwissen im Zeitalter der anthropogenen Biodiversitätskrise für Anwendungen im Bereich Natur- und Artenschutz verfügbar machen wollen, sind herzlich eingeladen, sich aktiv an der Forschung zu beteiligen. Es bleibt das gemeinsame Ziel, die Berücksichtigung möglichst vieler Taxa in ökologischen Projekten zu ermöglichen, nicht zuletzt auch die bayerischen Gallmücken.

Literatur

- ANSARI, Z. A. (2000): Distribution of deep-sea benthos in the proposed mining area of the Central Indian Basin. – *Marine Georesources & Geotechnology* **18**: 201–207.
- ASTRIN, J. J.; STÜBEN, P. E.; MISOF, B.; WÄGELE, J. W.; GIMNICH, F.; RAUPACH, M. J. & AHRENS, D. (2012): Exploring diversity in cryptorhynchine weevils (Coleoptera) using distance-, character- and tree-based species delineation. – *Molecular Phylogenetics and Evolution* **63**: 1–14.
- BARCODING FAUNA BAVARICA (2012): Barcoding Fauna Bavarica, <http://www.faunabavarica.de/> [Download 12.11.2012].
- BRANDT, A. (2001): *Acanthaspidia namibia* n. sp. (Isopoda, Acanthaspidiidae) from the Deep Angola Basin. – *Beaufortia* **51**: 91–101.
- BRANDT, A. & MALYUTINA, M. (2002): *Storothyngura kussakini* sp. nov. from the Southern Ocean. – *Mitteilungen aus dem Museum für Naturkunde in Berlin, Zoologische Reihe* **78**: 97–107.
- BRÖKELAND, W. & RAUPACH, M. J. (2008): A species complex within the isopod genus *Haploniscus* (Crustacea: Malacostraca: Peracarida) from the Southern Ocean deep sea: a morphological and molecular approach. – *Zoological Journal of the Linnean Society* **152**: 655–706.
- CLARRIDGE, J. E. (2004): Impact of 16S rRNA gene sequence analysis for identification of bacteria on clinical microbiology and infectious diseases. – *Clinical Microbiology Reviews* **17**: 840–862.
- CREER, S.; FONSECA, V. G.; PORAZINSKA, D. L.; GIBLIN-DAVIS, R. M.; SUNG, W.; POWERS, D. M.; PACKER, M.; CARVALHO, G. R.; BLAXTER, M.; LAMBSHEAD, P. J. D. & THOMAS, W. K. (2010): Ultrasequencing of the meiofaunal biosphere: practice, pitfalls and promises. – *Molecular Ecology* **19**: 4–20.
- DAYRAT, B. (2005): Towards integrative taxonomy. – *Biological Journal of the Linnean Society* **85**: 407–415.
- EDIT (2012): European Distributed Institute of Taxonomy, <http://www.e-taxonomy.eu/> [Download 09.11.2012].
- GALÉRON, J.; SIBUET, M.; MAHAUT, M. L. & DINET, A. (2000): Variation in structure and biomasse of the benthic communities at three contrasting sites in the tropical Northeast Atlantic. – *Marine Ecology Progress Series* **197**: 121–137.
- GBOL (2012): German Barcode of Life, <http://www.bolgermany.de/> [Download 12.11.2012].
- GfBS (2012): Gesellschaft für Biologische Systematik, <http://www.gfbs-home.de/> [Download 12.11.2012].
- GTI (2012): Global Taxonomy Initiative, <http://www.gti-kontaktstelle.de/> [Download 12.11.2012].
- HAUSMANN, A.; HEBERT, P.; MITCHELL, A.; ROUGERIE, R.; SOMMERER, M. & YOUNG, C. J. (2009): Revision of the Australian *Oenochroma vinaria* GUENÉE, 1858 species-complex (Lepidoptera, Geometridae, Oenochrominae): DNA barcoding reveals cryptic diversity and assesses status of type specimen without dissection. – *Zootaxa* **2239**: 1–21.
- HAUSMANN, A.; HASZPRUNAR, G.; SEGERER, A. H.; SPEIDEL, W.; BEHOUNEK, G. & HEBERT, P. D. N. (2011a): Now DNA-barcoded: the butterflies and larger moths of Germany (Lepidoptera: Rhopalocera, Macroheterocera). – *Spixiana* **34**(1): 47–58.
- HAUSMANN, A.; HASZPRUNAR, G. & HEBERT, P. D. N. (2011b): DNA Barcoding the geometrid fauna of Bavaria (Lepidoptera): Successes, Surprises, and Questions. – *PLoS One* **6**(2): 1–9 (e17134). doi:10.1371/journal.pone.0017134.
- HAWLITSCHKE, O.; HENDRICH, L. & BALKE, M. (2011a): Molecular phylogeny of the squeak beetles, a family with disjunct Palearctic – Australian range. – *Molecular Phylogenetics and Evolution* **62**: 550–554.
- HAWLITSCHKE, O.; PORCH, N.; HENDRICH, L. & BALKE, M. (2011b): Ecological niche modelling and nDNA sequencing support a new, morphologically cryptic beetle species unveiled by DNA Barcoding. – *PLoS One* **6**(2): 1–14 (e16662). doi:10.1371/journal.pone.0016662.
- HEMP, C.; HELLER, K.-G.; KEHL, S.; WARCHALOWSKA-SLIWA, E.; WÄGELE, J. W. & HEMP, A. (2010): The *Phlesirtes* complex (Orthoptera, Tettigoniidae, Conocephalinae, Conocephalini) reviewed: integrating morphological, molecular, chromosomal and bioacoustic data. – *Systematic Entomology* **35**: 554–580.
- HEMP, C. & HEMP, A. (2003): *Saltatoria* coenoses of high-altitude grasslands on Mt. Kilimanjaro, Tanzania (Orthoptera: Saltatoria). – *Ecotropica* **9**: 71–97.
- HEMP, C.; SCHULTZ, O.; HEMP, A. & WÄGELE, J. W. (2007): New Lentulidae species from East Africa (Orthoptera: Saltatoria). – *Journal of Orthoptera Research* **16**(1): 85–96.
- HENDRICH, L.; PONS, J.; RIBERA, I. & BALKE, M. (2010): Mitochondrial *cox1* sequence data reliably uncover patterns of insect diversity but suffer from high lineage-idiosyncratic error rates. – *PLoS One* **5**(12): 1–13 (e14448). doi:10.1371/journal.pone.0014448.
- HILLE, N.; HELD, C. & WÄGELE, J. W. (2002): *Chaetarcturus cryophilus* n. sp., a new deep-sea isopod from the Weddell Sea (Crustacea, Isopoda, Valvifera). – *Mitteilungen aus dem Museum für Naturkunde in Berlin, Zoologische Reihe* **78**: 109–119.
- HITA GARCIA, F.; FISCHER, G.; PETERS, M. K.; SNELLING, R. R. & WÄGELE, J. W. (2009): A preliminary checklist of the ants (Hymenoptera: Formicidae) of Kakamega Forest (Kenya). – *Journal of East African Natural History* **98**(2): 147–165.

- JANDA, J. M. & ABBOTT, S. L. (2010): The genus *Aeromonas*: taxonomy, pathogenicity, and infection. – *Clinical Microbiology Reviews* **23**: 35–73.
- JASCHHOF, M. (2011): Barcoding Fauna Bavarica aus der Sicht eines Galmücken-Taxonomien. – *Studia dipterologica* **17** (2010): 187–193.
- MALYUTINA, M. & BRANDT, A. (2004): New records of *Storothyngura* (Crustacea, Isopoda, Asellota) from the Antarctic deep sea with descriptions of two new species. – *Mitteilungen aus dem Museum für Naturkunde in Berlin, Zoologische Reihe* **1**: 3–32.
- MARKMANN, M. & TAUTZ, D. (2005): Reverse taxonomy: an approach towards determining the diversity of meiobenthic organisms based on ribosomal RNA signature sequences. – *Philosophical Transactions of the Royal Society B* **360**: 1917–1924.
- MORA, C., TITTENSOR, D. P., ADL, S., SIMPSON, A. G. B. & WORM, B. (2011): How many species are there on Earth and in the ocean? – *PLoS Biology* **9**(8): 1–8 (e1001127. doi:10.1371/journal.pbio.1001127).
- PADIAL, J. M., MIRALLES, A., DE LA RIVA, I. & VENCES, M. (2010): The integrative future of taxonomy. – *Frontiers in Zoology* **7**(16): 1–14 (doi:10.1186/1742-9994-7-16).
- PIEPENBURG, D., SCHMID, M. K. & GERDES, D. (2002): The benthos off King George Island (South Shetland Islands, Antarctica): further evidence for a lack of a latitudinal biomass cline in the Southern Ocean. – *Polar Biology* **25**: 146–158.
- RAPPÉ, M. S., CONNON, S. A., VERGIN, K. L. & GIOVANNONI, S. J. (2002): Cultivation of the ubiquitous SAR11 marine bacterioplankton clade. – *Nature* **418**(6898): 630–633.
- RAUPACH, M. J., ASTRIN, J. J., HANNING, K., PETERS, M. K., STOECKLE, N. M. Y. & WÄGELE, J. W. (2010): Molecular species identification of central European ground beetles (Coleoptera: Carabidae) using nuclear rDNA expansion segments and DNA barcodes. – *Frontiers in Zoology* **7**(26): 1–15 (doi:10.1186/1742-9994-7-26).
- RIEDEL, A., DAAWIA, D. & BALKE, M. (2010): Deep *cox1* divergence and hyperdiversity of *Trigonopterus* weevils in a New Guinea mountain range (Coleoptera, Curculionidae). – *Zoologica Scripta* **39**: 63–74.
- RITT, R., KRATOCHWILL, M., SEGERER, A. H. & HAUSMANN, A. (2011): Nachweis einer neuen Spannerart für Deutschland durch DNA-Barcoding: *Lomaspilis opis* (BUTLER, 1878) (Insecta: Lepidoptera: Geometridae). – *Beiträge zur bayerischen Entomofaunistik* **11**: 25–29.
- ROBINSON, G. S. (1976): The preparation of slides of Lepidoptera genitalia with special reference to the Microlepidoptera. – *Entomologist's Gazette* **27**: 127–132.
- SCHLICK-STEINER, B. C., STEINER, F. M., SEIFERT, B., STAUFFER, C., CHRISTIAN, E. & CROZIER, R. H. (2010): Integrative taxonomy: a multisource approach to exploring biodiversity. – *Annual Review of Entomology* **55**: 421–438.
- SEGERER, A. H., GRÜNEWALD, T. & HASLBERGER, A. (2011a): Entdeckung zweier unerwarteter Schmetterlingsarten in Bayern mit Hilfe von „DNA Barcoding“ (Lepidoptera: Eriocraniidae, Tortricidae). – *Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen* **60**(1–2): 35–38.
- SEGERER, A. H., HASLBERGER, A. & GRÜNEWALD, T. (2011b): Occurrence of *Olethreutes subtilana* (FALKOVITSH, 1959) in Central Europe uncovered by DNA barcoding (Tortricidae: Olethreutinae). – *Nota lepidopterologica* **33**(2): 209–218.
- SIHVONEN P., MUTANEN, M., KAILA, L., BREHM, G., HAUSMANN, A. & STAUDE, H. (2011): Comprehensive molecular sampling yields a robust phylogeny for geometrid moths (Lepidoptera: Geometridae). – *PLoS One* **6**: 1–11 (doi:10.1371/journal.pone.0020356).
- SPELDA, J., REIP, H. S., OLIVEIRA BIENER, U. & MELZER, R. R. (2011): Barcoding Fauna Bavarica: Myriapoda – a contribution to DNA sequence-based identifications of centipedes and millipedes (Chilopoda, Diplopoda). – *ZooKeys* **115**: 123–139.
- TÄNZLER, R., SAGATA, K., SURBAKTI, S., BALKE, M. & RIEDEL, A. (2012): DNA barcoding for community ecology – how to tackle a hyperdiverse, mostly undescribed Melanesian fauna. – *PLoS ONE* **7**: 1–11 (doi:10.1371/journal.pone.0028832).
- TAXONOMIE-INITIATIVE (2012): Taxonomie – Initiative des VBIO, <http://www.taxonomie-initiative.de> [Download 12.11.2012].
- THORMANN, B., RAUPACH, M. J., WAGNER, T., WÄGELE, J. W. & PETERS, M. K. (2011): Testing a short nuclear marker for inferring staphylinid beetle diversity in an African tropical rain forest. – *PLoS One* **6**(3): 1–10 (doi:10.1371/journal.pone.0018101).
- VAN DE KAMP, T., VAGOVIC, P., BAUMBACH, T. & RIEDEL, A. (2011): A biological screw in a beetle's leg. – *Science* **333**: 52.
- WÄGELE, J. W. (1984): Studies on Antarctic Crustacea Isopoda. 1. Anthuridea of the Weddell Sea. – *Polar Biology* **3**: 99–117.
- WÄGELE, J. W. (1988): Note on the Arcturidae from the Weddell Sea and description of *Antarcturus hempeli* sp. n. (Crustacea, Isopoda, Valvifera). – *Zoologica Scripta* **17**: 195–211.
- WÄGELE, J. W. (1991): Antarctic Isopoda Valvifera. Synopses of the Antarctic Benthos. 213 S.; Koenigstein: Koeltz Scientific Books.
- WEWALKA, G., BALKE, M. & HENDRICH, L. (2010): Dytiscidae: Copelatinae (Coleoptera). – S. 45–128. – In: JÄCH, M. A. & BALKE, M. (Hrsg.): Water beetles of New Caledonia (part 1). – *Monographs on Coleoptera* **3**: iv + 449 S.; Vienna [Wien]: Wiener Coleopterologenverein.

YU, D. W.; JI, Y.; EMERSON, B. C.; WANG, X.; YE, C.; YANG, C. & DING, Z. (2012): Biodiversity soup: metabarcoding of arthropods for rapid biodiversity assessment and biomonitoring. – *Methods in Ecology and Evolution* 3: 613–623.

Adressen der Autoren

Prof. Dr. J. Wolfgang WÄGELE

Dr. Jonas J. ASTRIN

Dr. Stephanie PIETSCH

Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig

Adenauerallee 160

53113 Bonn

Deutschland

E-mails: w.waegle.zfmk@uni-bonn.de; j.astrin.zfmk@uni-bonn.de;

s.pietsch.gbol@googlemail.com

Dr. Michael BALKE

Dr. Axel HAUSMANN

Dr. Lars HENDRICH

Dr. Stefan SCHMIDT

Dr. Andreas H. SEGERER

Prof. Dr. Gerhard HASZPRUNAR

Zoologische Staatssammlung München

Münchhausenstraße 21

81247 München

Deutschland

E-mails: Coleoptera-ZSM@zsm.mwn.de; Axel.Hausmann@zsm.mwn.de; hendrich@zsm.mwn.de;

Stefan.Schmidt@zsm.mwn.de; Andreas.Segerer@zsm.mwn.de; haszi@zsm.mwn.de

Dr. Lars KROGMANN

Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart

Rosenstein 1

70191 Stuttgart

Deutschland

E-mail: lars.krogmann@smns-bw.de

Dr. Michael RAUPACH

Deutsches Zentrum für Marine Biodiversitätsforschung

Senckenberg am Meer

Südstrand 44

26382 Wilhelmshaven

Deutschland

E-mail: mraupach@senckenberg.de

Der Beitrag wurde am 14. November 2012 angenommen.

Editum: 20. Dezember 2012.