

# news

- **Taxonomie Initiative**
- **Access and Benefit**
- **Höhlschnecken**
- **Museum in Berlin**
- **Natur & Kunst**
- **DNA Bank**
- **ceDAMar**
- **GfBS in Wien**
- **Ausblick**



*Organismen   Diversität   Evolution*

Seite 3	<b>Taxonomie</b>
5	<b>Access and Benefit</b>
7	<b>Höhlenschnecken</b>
11	<b>Museum in Berlin</b>
20	<b>Natur &amp; Kunst</b>
32	<b>DNA Bank</b>
42	<b>ceDAMar</b>
44	<b>GfBS in Wien</b>

Titelfoto: S. Hengherr  
Ei von *Macrobiotus sapiens*

**Herausgeber**

Gesellschaft für Biologische Systematik e.V.  
Geschäftsführer PD Dr. Uwe Fritz

Staatliche Naturhistorische Sammlungen  
Dresden, Museum für Tierkunde, A.-B.-  
Meyer-Bau, Königsbrücker Landstr.159,  
01109 Dresden, Telefon 0351 - 8926 326,  
www.gfbs-home.de

Junge Systematiker  
www.gfbs-home.de/ag-jusys.html

Kuratoren  
www.gfbs-home.de/kuratoren.html

Marketing für Taxonomen  
www.gfbs-home.de/marketing.html

**Redaktion/Anzeigen**

Dr. Ralph O. Schill, Universität Stuttgart,  
Biologisches Institut, Zoologie, Pfaffenwald-  
ring 57, 70569 Stuttgart, Telefon 0711 -  
585 69143, Telefax 0711 - 685 65096,  
ralph.schill@bio.uni-stuttgart.de

**Layout/Konzept**

luzia schneider presentationen  
info@presentationen.net

Für unverlangt eingesandte Manuskripte,  
Fotos, Dias, Bücher usw. wird nicht gehaftet.  
Der gesamte Newsletter einschließlich aller  
seiner Teile ist urheberrechtlich geschützt,  
soweit sich aus dem Urheberrechtsgesetz  
und sonstigen Vorschriften nichts anderes  
ergibt. Jede Verwertung ist ohne schriftliche  
Zustimmung der GfBS unzulässig. Dies gilt  
insbesondere für Vervielfältigungen, Über-  
setzungen, Mikroverfilmungen und die  
Einspeicherung und Verarbeitung in elektro-  
nischen Systemen. Copyright für Inhalt und  
Gestaltung – falls nicht ausdrücklich anders  
vermerkt – bei GfBS e. V. Der Newsletter  
ist das offizielle Mitteilungsorgan der Ge-  
sellschaft für Biologische Systematik e. V.  
Er erscheint zweimal jährlich und wird allen  
Mitgliedern im Rahmen der Mitgliedschaft  
geliefert. Die Zeitschrift ist im Mitgliedsbei-  
trag enthalten. Auflage 1.000 Stück.

Liebe GfBS-Mitglieder,  
der 1988 angesichts der Erderwärmung gegründe-  
te UN-Klimarat legte den dritten und letzten Teil des  
Weltklimaberichtes vor. Nachdem es in den beiden  
ersten Teilen um die zu  
erwartenden  
Folgen des  
Klimawandels  
geht, wird jetzt auf-  
gezeigt, dass  
Klimaschutz  
machbar und  
vor allem be-  
zahlbar ist.



Dennoch stimmt es mich nachdenklich, wenn man  
bedenkt das der Klimawandel schon 1992 auf der  
Konferenz von Rio de Janeiro ein großes Thema war  
und die Politik nun 15 Jahre gebraucht hat um dies  
zur Kenntnis zu nehmen. Auch in der Taxonomie wird  
seit Jahren immer wieder auf die Schwierigkeiten der  
Ausbildung und den Arbeitsmöglichkeiten aufmerksam  
gemacht. Vielleicht zu leise? Vielleicht zu unspektaku-  
lär? Taxonominen und Taxonome werden in den Na-  
turwissenschaften nur am Rande wahrgenommen und  
in der Politik nahezu überhaupt nicht. Das zeigt sich  
auch bei der neuen Taxonomie Initiative. Wir müssen  
noch mehr *networking* betreiben und unsere Anliegen  
in die Öffentlichkeit tragen. Beim Klimaschutz kann  
jeder Einzelnen von uns etwas tun und genauso kann  
jeder Einzelne von uns die Bedeutung der Taxonomie  
hervorheben. Besonders wichtig dabei ist, dass wir da-  
bei national und international festgelegten Vorgehens-  
und Verhaltensweisen einhalten, denn die Nutzung der  
Biodiversität ist ein Geben und Nehmen.

Ihr  
Ralph O. Schill, Stuttgart ■

## Die Taxonomie Initiative

Stand der Dinge

Diese gemeinsam mit dem VdBiol und mit Unterstützung zahlreicher Umweltverbände und Fachgesellschaften gegründete Initiative hat zunächst das Ziel, auf den drohenden Zusammenbruch von Forschung und Ausbildung an den Universitäten hinzuweisen.

Da das Problem in Fachkreisen bekannt ist und das Fehlen von Daten und Taxonomen vielerorts unübersehbar ist, ist es nicht schwierig, die verbale Unterstützung von WWF, NaFor, NABU, VdBiol, DZG, DBG und anderen zu bekommen. Klagen allein hilft aber nicht. Deshalb schlagen wir vor, beispielsweise Stiftungsprofessuren einzurichten.

Der Text des dazugehörigen Memorandums ist auf den Webseiten von VdBiol und GfBS abrufbar. Mehrere Universitäten haben das Memorandum wohl missverstanden: Man fragte bei mir nach, ob die Anträge auf Einrichtung einer Professur bei mir zu stellen seien, so als sei die Initiative schon finanziert. Immerhin: Das Interesse ist geweckt, die Taxonomie wird zu einem Thema, über das Fakultätsräte diskutieren.

Ich hatte kürzlich Gelegenheit, für VdBiol, GfBS und DZG die Initiative im Rahmen einer Anhörung von Verbänden bei Umweltminister S. Gabriel vorzustellen: Vor dem Hintergrund des globalen Klima- und Biodiversitätswandels wird die Taxonomie eine Wissenschaft von strategischer Bedeutung. Ohne Artenkenntnis ist das Monitoring der Veränderung von Lebensräumen und von Maßnahmen zur Erhaltung der Biodiversität nicht möglich. Durch den Abbruch der taxonomischen Expertise an den Hochschulen fällt nicht nur weitgehend Forschung (insbesondere auch Methodenentwicklung) aus, sondern auch die Sensibilisierung von Biologiestudenten im Grundstudium, die später in Wissenschaft, Wirtschaft



oder Politik als Entscheidungsträger aus Ahnungslosigkeit und Desinteresse Fehlentscheidungen treffen. Nun ist das Bundesministerium (BMU) primär nicht zuständig. Ausbildung ist Ländersache. Ein Wissenschafts- oder Innovationsministerium eines Bundeslandes wird jedoch feststellen: Wir haben die Hochschulen in die Autonomie entlassen, da greifen wir nicht ein. Die Suche nach Zuständigen endet also bei den kleinen Gremien, den Berufungskommissionen und



Schwimmkrabbe an der Küste Sansibars  
| Foto: Ralph O. Schill



*Coenobita* sp. auf Chumbe Island (Sansibar)  
| Foto: Ralph O. Schill

Fachräten, die natürlich nicht im Sinn haben, sich für strategische Fragen zu engagieren, die zwar von gesamtstaatlicher Bedeutung sind, aber (so stellt man es dar) nicht der lokalen Profilbildung dienen.

So steckt die Taxonomie in einer Sackgasse, und das seit mehreren Jahrzehnten. Dieses Problem wird jetzt vom BMU als real akzeptiert. Die Dringlichkeit ist analog zum Personalmangel im Bereich

Vertretern des BMBF (das die Mittel bereitstellen könnte) und Fachverbänden und –gesellschaften einzuberufen. Ich bin gespannt, wie es weitergeht.

Sponsoren haben sich übrigens noch nicht gemeldet; die Stiftungsprofessuren der VW-Stiftung sind stark nachgefragt und stehen (derzeit ?) nicht für Taxonomie zur Verfügung.

Wolfgang Wägele, Bonn ■

Kernkraft: Sollen Kraftwerke abgebaut werden, so müssen spezialisierte Ingenieure eingesetzt werden. Da diese nicht von den Hochschulen ausgebildet werden, muss zwangsläufig die Regierung eingreifen.

Diese Analogie leuchtet dem Umweltminister sofort ein, da das Problem Expertenmangel tatsächlich existiert. Da das BMU weder die Befugnis noch die finanziellen Mittel hat, Professuren einzurichten, hat der für Naturschutz zuständige Abteilungsleiter J. Flasbarth versprochen, in der 2. Jahreshälfte eine Beratungsrunde mit



## Access to Genetic Resources and Benefit Sharing

Zusammenarbeit statt Biopiraterie

Wer biologische Ressourcen oder damit zusammenhängendes, traditionelles Wissen aus anderen Ländern verwendet, muss international festgelegte Vorgehensweisen einhalten und für die Nutzung der Biodiversität eine materielle oder immaterielle Entschädigung mit dem Geberland vereinbaren. Die Akademie der Naturwissenschaften Schweiz (SCNAT) hat für die Hochschulforschung einen Leitfadens und eine Website publiziert.

Die Publikation «Access and Benefit Sharing (ABS) – Good Practice for Academic Research» und die dazugehörige Webseite richtet sich an alle Forschenden, welche Organismen oder Teile davon untersuchen, die aus dem Ausland stammen. Der Zugang zu diesen genetischen Ressourcen fällt seit der Konvention über die biologische Vielfalt (CBD) unter die eigens verabschiedeten Bonner Richtlinien. Der Staatvertrag legt fest, dass jede Nation Eigentümerin über alle Organismen und deren genetischen Informationen ist, die auf ihrem Territorium existieren – in Analogie zu Mineralölvorkommen. Daraus ergibt sich, dass vor dem Sammeln und Untersuchen von Tieren, Pflanzen und Mikroorganismen eine Erlaubnis eingeholt werden muss, sowie monetäre oder nicht-monetäre Vereinbarungen mit dem Ursprungsland getroffen werden müssen. Die Bestimmungen über den Zugang zu genetischen Ressourcen und der gerechte Vorteilsausgleich (ABS) sollen verhindern, dass die meist armen, aber biodiversitätsreichen Länder leer ausgehen, wenn beispielsweise Unternehmen aus Naturstoffen kommerzielle Produkte entwickeln und diese später gewinnbringend verkaufen, ohne das Ursprungsland am Gewinn teilhaben zu lassen. Dieses ausbeuterische Verhalten wird als Biopiraterie bezeichnet und solche Vorkommnisse haben in Entwicklungsländern grosses Misstrauen verursacht.

Die allgemeine Annahme, dass Hochschulforschung keine profitorientierten Ziele verfolgt und folglich kein Vorteilsausgleich mit den Geberländern stattzufinden braucht, trifft nicht zu. Denn auch Hochschulforschenden entstehen Vorteile, beispielsweise in Form von akademische Erfolg mit Publikationen, Karrieresprüngen und Forschungspreisen. Das von der Hochschulforschung generierte Wissen und die herangebildeten Nachwuchsforschenden sind in Entwick-



lungsländern sehr begehrt. Es ergeben sich verschiedene Möglichkeiten, wie sich Hochschulforschende engagieren können, um ihre Partner im Süden an der entstandenen Wissensvermehrung zu beteiligen. Partnerschaftliche Forschungszusammenarbeit, Doktorierendenprogramme, Wissens- und Technologietransfer (z.B. neuer Analysemethoden) oder Zugang zu wissenschaftlicher Information sind konkrete Beispiele.

Bevor biologisches Material für Forschungszwecke bezogen oder gesammelt werden kann, müssen über den nationalen «Access and Benefit Sharing»-Knotenpunkt ([www.biodiv.org/world/](http://www.biodiv.org/world/)) des Geberlandes das Einverständnis eingeholt und Vereinbarungen über das auszuführende Material sowie die gerechte Aufteilung der Vorteile getroffen werden.

Der Verwendungszweck wird genau festgelegt und Forschende verpflichten sich das gesammelte Material nicht an Dritte weiterzugeben ohne vorher das Einverständnis beim Geberland einzuholen. Spezifische Passagen in den

Bonner Richtlinien legen dar, dass die systematisch-taxonomische Forschung durch das Access and Benefit-System nicht behindert werden darf. Die Geberländer sind aufgefordert einen erleichterten Zugang zu ermöglichen und die Forschenden sollen alle Informationen über das gesammelte Material zur Verfügung stellen. Den Austausch von genetischem Material unter Botanischen Gärten regelt das International Plant Exchange Network (IPEN). Für den Zugang zu den weltweit bedeutendsten Nutzpflanzen existiert das International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture IT.

Die Akademie der Naturwissenschaften Schweiz befürwortet Forschung in gegenseitigem Vertrauen und möchte mit ihrer Publikation die WissenschaftlerInnen dazu anregen, die CBD Richtlinien anzuwenden. Die einfach verständliche Broschüre und Website zählt die notwendigen Planungsschritte auf, gibt praktische Tipps, verweist auf Fallstudien und erläutert spezifische Möglichkeiten des Benefit Sharings, die den Forschenden zur Verfügung stehen.

Access and Benefit Sharing – Good practice for academic research on genetic resources (2006). Akademie der Naturwissenschaften Schweiz SCNAT, Hrsg. 58 Seiten. Die Publikation ist in englischer Sprache erschienen.

Die Publikation lässt sich auf der Website herunterladen: <http://abs.scnat.ch>, Kontakt: [abs@scnat.ch](mailto:abs@scnat.ch)

Sylvia Martinez, Basel ■

## Brunnenschnecken in Karstwasserhöhlen

Erste Lebendbeobachtungen

Aus Baden-Württemberg sind bis heute 24 Taxa von Brunnenschnecken (Familie Hydrobiidae Troschel, 1857; Gattung *Bythiospeum* Bourguignat, 1882) in der Literatur erwähnt. Von diesen 24 Taxa haben 18 ihre Typuslokalität in Baden-Württemberg. Ein befriedigendes Artkonzept, das die reelle Diversität dieser Gattung in Baden-Württemberg aufzeigt, konnte bisher für die maximal 5 Millimeter großen Tiere nicht aufgestellt werden. Eine Arbeitsgruppe bestehend aus Wissenschaftlern und Tauchern am Staatlichen Museum für Naturkunde Stuttgart hat sich die Erforschung der süddeutschen Brunnenschnecken zum Ziel gesetzt.

Die Tiere leben im Grundwasser der Flussschotter und des Karsts. In den Anspülungen der Flüsse und Quellen lassen sich häufig Leerschalen finden, lebende Tiere sind sehr selten, Bilder von Tieren in ihrem Lebensraum waren bisher unbekannt. Zur Ermittlung erster molekulargenetischer Daten (s. a. Posterbeitrag von Brümmer et al. auf der 9. Jahrestagung der GfBS in Wien) sammelten Taucher der Arbeitsgemeinschaft Blautopf lebende Tiere aus der Wulfbachquellhöhle bei Mühlheim a. d. Donau (Kreis Tuttlingen) und aus dem Blautopf bei Blaubeuren (Kreis Ulm). Der Taucher Henning Mezger konnte die Lebensweise der Brunnenschnecken *in situ* in beiden Höhlen dokumentieren. Dabei wurden zwei unterschiedliche Lebensweisen der Brunnenschnecken in Karstwasserhöhlen festgestellt.

Karstwasserquellen zeigen jahreszeitlich stark wechselnde Schüttungen (Wulfbachquellhöhle 10 bis 200 Liter pro Sekunde; Blautopf im Mittel 2200 Liter pro Sekunde). Ihr Einzugsgebiet ist groß (Wulfbachquellhöhle 24 km<sup>2</sup>; Blautopf 160 km<sup>2</sup>) und das dahinter befindliche Höhlensystem liegt teils über und unter dem Karstwasserspiegel.



Lebendes *Bythiospeum* sp. aus dem Blautopf  
| Foto: A. Schullheiss



*Bythiospeum* sp. im Sediment  
| Foto: H. Mezger

Das Wasser ist ganzjährig ca. 9°C kalt. Im Falle der Wulfbachquellhöhle ist die Eingangspartie kleinräumig und ganzjährig wassererfüllt. Die Blauhöhle ist nur über ein Abtauchen in den 22 Meter tiefen, trichterförmigen Quelltopf zu erreichen. Um die dauernde Strömung zu überwinden, die an den Engstellen der Höhle eine beachtliche Geschwindigkeit erreichen kann, wird als Fortbewegungsmittel ein Unterwasser-Scooter eingesetzt.



Taucher der ARGE Blautopf beim Tauchgang im Blautopf  
| Foto: H. Mezger



Mit einer Saugflasche werden in der Blautopfhöhle Brun-  
nenschnecken eingesammelt | Foto: H. Mezger

Da es sich bei beiden Quellhöhlen um Naturdenkmale handelt, sind alle Tauchgänge genehmigungspflichtig.

Eine zielgerichtete Probenahme der winzigen Schnecken geschieht mittels Saugflaschen. Der Wasserinhalt mit den Tieren wird am Ende eines oft mehrere Stunden dauernden Tauchgangs in Probengefäße gespült und in Kühltaschen ins Labor transportiert.

den Höhlenwänden dienen. Die Tiere aus der Wulfbachquellhöhle, die sich in der Höhle als wahre Sedimentfresser zeigten, haben im Labor im Originalsediment eine Wegstrecke von 10 bis 20 Zentimeter pro Woche zurückgelegt. Es wird angenommen, dass sich die Tiere von den im Sediment enthaltenen Bakterien ernähren. Durch Herrn Dr. Jürgen Eberspächer von der Universität Hohenheim wurden im Originalsediment aus der Wulfbachquellhöhle bisher nach dem „api 20NE-Identifizierungssystem“ zwei Bakterien (*Pseudomonas stutzeri* und *Pseudomonas fluorescens*) identifiziert.

Hans-Jörg Niederhöfer, Stuttgart  
Rainer Straub, Filderstadt  
Franz Brümmer, Stuttgart ■

Im Labor in Stuttgart konnten Tiere gut gekühlt über zwei Jahre gehalten werden.

Während in der Wulfbachquellhöhle die Tiere häufig im feinen Kalkschlamm auf Steinen anzutreffen sind und hier ihre auffälligen Spuren hinterlassen, findet man Brunnen-  
schnecken im Blautopf überwiegend an den mit schwarzen Eisenmangankrusten überzogenen Höhlenwänden.

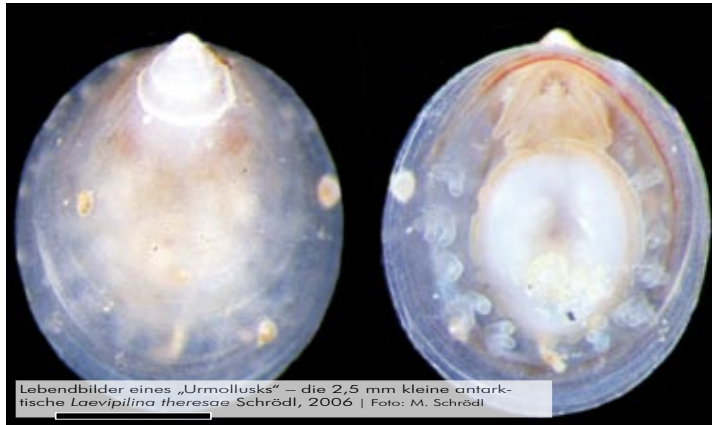
Im Labor zeigten die Tiere aus dem Blautopf eine verstärkte Produktion von Schleimfäden. Es wird angenommen, dass diese einer zusätzlichen Anheftung an



## Aufregende Monoplacophoren

Phylogenie der Mollusken

Den gemeinsamen Vorfahren der heute lebenden Weichtieren (Mollusca) stellte man sich lange Zeit schneckenähnlich mit einer Schale und paarigen Kiemen, Herzen und Exkretionsorganen vor. 1957 bejubelten die Zoologen H. Lemche's sensationelle Beschreibung lebender Vertreter der vorher nur fossil bekannten Monoplacophoren in *Nature*.



Lebendbilder eines „Urmollusks“ – die 2,5 mm kleine antarktische *Laevipilina theresae* Schrödl, 2006 | Foto: M. Schrödl

Während der dänischen Galathea-Tiefsee-Expedition 1952 hatten sich einige 3-4 cm große Exemplare von *Neopilina* gefunden, deren napfschneckenähnliche Kalkschale den ca. 400 Millionen Jahre alten fossilen Schalen von *Pilina* und Verwandten exakt glich. Auf besonderes Interesse stießen die vormals unbekannt Weichteile: *Neopilina* zeigte mehrere serielle Paare von Kiemen, Exkretionsorganen, Herzatrien und Schalenmuskeln. Ein „segmentierter Urmollusk“, das ideale Bindeglied („missing link“) zu den segmentierten Ringelwürmern (z.B. Regenwurm), schien gefunden.

In der allgemeinen Begeisterung wurden jedoch Unstimmigkeiten wie die zueinander asymmetrisch versetzten Organsysteme bei *Neopilina* anfänglich übersehen. Genauere histologische und elektronenmikroskopische Untersuchungen kleiner antarktischer Monoplacophoren-Arten von Prof. Gerhard Haszprunar (ZSM) und Kollegen sprachen bereits im letzten Jahrzehnt gegen jede Art von regenwurmgleicher Körpersegmentierung. Klärende Gensequenzanalysen der seltenen Tiefseetiere waren jedoch bisher aufgrund Materialmangels nicht möglich. Auf der im

Jahr 2005 von Frau Prof. Angelika Brandt (Hamburg) organisierten Antarktis-Tiefsee-Expedition ANDEEP III wurden vom deutschen Forschungsschiff „Polarstern“ aus Probenahmen in der Weddell-See durchgeführt.

Zu unserer Freude fand sich ein einzelnes, halbwegs gut erhaltenes, aber mit nur 1,7 mm Länge winziges Exemplar von *Laevipilina antarctica* in einer äthanolfixierten Weichbodenprobe des Epibenthoschlittens aus über 3.000 m Tiefe. Die Schale und die äußere Morphologie des abyssalen Tieres wurde dann umgehend analysiert (Schrödl, Linse & Schwabe, 2006). Eine Gewebeprobe



wurde von Prof. Gonzalo Giribet, Harvard University, molekulargenetisch untersucht. Trotz fortgeschrittenen Abbaus der DNS konnten über 1.000 Basenpaare des 28S rRNA Gens in zwei Teilstücken entschlüsselt werden. Die Sequenz wurde in den mit Abstand größten je für Mollusken zusammengestellten Datensatz integriert (d.h. 108 Taxa mit je bis zu 6,5 kb aus bis zu 5 Gen(stück)en, insgesamt über 450 Gensequenzen bestehend aus noch erheblich mehr zusammengesetzten Einzelfragmenten) und in einem „kleinen Cluster“ aus 50 Prozessoren an der Harvard Universität verrechnet. In den resultierenden Stammbäumen sind, wie so oft bei kambrischen Gruppen, basale Aufspaltungen kaum unterstützt und nicht durchgängig

wonach Monoplacophoren zusammen mit anderen beschalten Mollusken ein Monophylum „Conchifera“ bilden. Das Hauptargument dafür war und ist die „einheitliche“ (Bildung der) Schale, die jedoch schon bei Berücksichtigung der Muscheln nicht einheitlich ist. Säge man dagegen bevorzugt andere Organsysteme, z.B. Detailstrukturen der Buccalorgane, könnte man mit gutem Grund auch auf die direkte Verwandtschaft von Monoplacophoren und Chitonen schließen. Löst man sich von einzelnen Organen und den (regional durchaus unterschiedlichen) Paradigmen, erscheint vielmehr die gesamte frühe Phylogenie der Mollusken aus morphologischer Sicht ungeklärt, sie bedarf dringender Analyse (in Vorbereitung). Insbesondere versuchen wir noch mehr Monoplacophoren für molekulare Untersuchungen zu erhalten, und hoffen auf viele weitere spannende Erkenntnisse.

Michael Schrödl, München ■

Giribet, G., Okusu, A., Lindgren, A.R., Huff, S.W., Schrödl, M. & M.K. Nishiguchi. 2006. Evidence for a clade composed of molluscs with serially repeated structures: Monoplacophorans are related to chitons. PNAS USA 103: 7723-7728.

Schrödl, M., Linse, K. & Schwabe, E. 2006. Review on the distribution and biology of Antarctic Monoplacophora, with first abyssal record of *Laevipilina antarctica*. Polar Biology 29: 721-727.

schlüssig. Dies wurde erkannt und herausgestellt (Giribet et al., 2006). Die Monoplacophore gruppierte jedoch bei hoher statistischer Unterstützung mit den Käferschnecken (Polyplacophora).

Unsere neue Gruppe „Serialia“ widerspricht einer gängigen Lehrmeinung,

## Museen in Deutschland

Museum für Naturkunde der Humboldt-Universität zu Berlin

Das Museum für Naturkunde der Humboldt-Universität zu Berlin ist Außenstehenden vielleicht insbesondere durch seine Dinosaurier-Superlative bekannt – *Brachiosaurus brancai* ist und bleibt mit 13 Metern Höhe der größte je in einem Museum aufgestellte Dino, und das noch überwiegend mit Originalskelett. Auch das Berliner Exemplar des *Archaeopteryx*, von manchen als die Naturkundeversion der Mona Lisa bezeichnet, ist eine echte Trademark des Museums. Dieses Bild unseres Hauses wird derzeit wieder besonders durch die Erwartungshaltung der Medien und der Berliner Bevölkerung gezeichnet, schließlich werden am 13. Juli 2007, nach zweijähriger Abstinenz von den Dinos, die nun nach der Restaurierung noch prächtigere Saurierhalle sowie weitere restaurierter Räume mit einer neuen Dauerausstellung zur Evolution der Erde und des Lebens wieder eröffnet.

Andere kennen das Museum vielleicht auch als eine Bauruine. Tatsächlich sind viele Sammlungs- und Mitarbeiter Räume nach wie vor in katastrophalem Zustand und über 60 Jahre war der zerbombte Ostflügel als Ruine erhalten – inzwischen war sogar ein neues Pionierbiotop dort entstanden. Nun, die Ostflügelruine wird endlich Geschichte. 2009 soll sie mit einer Bausumme von 30 Millionen Euro wiederhergestellt sein, die Bauarbeiten hierzu haben schon begonnen. Insbesondere die gewaltige Nasssammlung des Museums – über 250.000 Gläser mit Tierobjekten in insgesamt 86.000 Liter Alkohol – werden dort nach modernsten Gesichtspunkten archiviert werden und teilweise sogar der Öffentlichkeit zugänglich sein. Zusammen mit der Renovierung von knapp 40 Prozent unserer Ausstellungssäle also durchaus ermutigende Zeichen.

Vielleicht weniger bekannt, aber kulturell und wissenschaftlich natürlich besonders bedeutend sind



andere Gesichtspunkte unseres Hauses. Das Museum wurde 1810 gemeinsam mit der damaligen Berliner Universität auf Verordnung von König Friedrich Wilhelm III gegründet – der Einfluss der beiden Brüder Wilhelm und Alexander von Humboldt ist unverkennbar: die Berliner Sammlungen gehen bis ins 16. Jahrhundert und weiter zurück, waren aber, wie auch andernorts üblich, verstreut. Ohne Zusammenfassung dieser Einzelsammlungen, darunter zählten Sammlungen



Urvogel *Archaeopteryx lithographica*  
| Foto: Museum f. Naturkunde Berlin



Originalschädel von *Brachiosaurus brancai*,  
Tendaguru-Expedition | Foto: Museum f. Naturkunde

aus der königlicher Kunstkammer, aus Wissenschafts- und Bergakademie sowie privater Sammlungen und ohne deren Eingliederung in die Universität, wäre es nicht zum modernen Ideal eines Humboldt'schen Universitätsverständnisses gekommen, denn die naturwissenschaftlichen Fächer der Berliner Universität (der heutigen Humboldt-Universität) sind Gründungen des Museums.

Das Museum für Naturkunde war vor dem 2. Weltkrieg ein *de facto*-Nationalmuseum, schließlich nahm es das Material aller großen nationalen Expeditionen auf, darunter etwa das der Schiffsexkursionen Tethys, Pola, Gazelle und Valdivia des 19. Jahrhunderts oder die 250 Tonnen Dinosaurierknochen der Tendaguru-Expedition ins heutige Tansania. Bald war ein Neubau fällig, so dass Kaiser Wilhelm II und Kaiserin Auguste Viktoria 1889 das heutige Gebäude in der Invalidenstraße einweihen konnten. Über die Kulturgeschichte des Hauses ließen sich ganze Bücher schreiben, spannend ist das Haus etwa als Dokumentationszentrum sowohl der Wissenschaften als auch der Geschichte Deutschlands während unterschiedlicher Staatsformen, während Kriegs- und Friedenszeiten. Faszinierend sind nicht nur die wissenschaftlichen, sondern auch die kulturellen Belegstücke: Beschreibungen neuer Fischarten des ersten wissenschaftlichen Ichthyologen, des Arztes Marcus Élieser Bloch (1723-99) wurden auch besonders geeignete Kochrezepte beigefügt; das Originalstück zur Entdeckung des Urans durch Klapproth ist genauso in den Ausstellungen zu sehen wie auch Schenkungen riesiger Edelsteine des Zaren Alexander II an Alexander von Humboldt. Nur Insidern bekannt sind andere Staatsgeschenke, etwa Fidel Castros Langusten oder die mandeläugige Seeschildkröte aus Vietnam, die Honnecker zum Staatsgeschenk gemacht wurden.

Wissenschaftliches Herzstück des Hauses ist natürlich die 30 Millionen Objekte umfassende zoologische, paläontologische und mineralogische Sammlung, die als wohl zumindest fünftgrößte naturkundliche Sammlung weltweit auf größtmögliche Breite angelegt ist und angelegt bleiben soll. Sie stellt damit eine riesige Forschungsinfrastruktur dar, welche durch Molekularlabore, histologisches Labor, Bioakustiklabor, Isotopenlabor, Mikrosonden, TEM und REM, Röntgendiffraktometrie, Raman-Spektrometer, und weitere Speziallabors unterstützt wird. Derzeit forschen ca. 90 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler (davon 51 fest angestellte) forschen mit der Sammlung und stellen sie als Serviceinstitution der wissenschaftlichen Gemeinschaft zur Verfügung. Einbindung in deutschland-, europa- und weltweite Netzwerke ist selbstverständlich, aber auch die Kooperation mit der Humboldt-Universität sowie dem Botanischen Garten und anderen Forschungsinstitutionen im Raum Berlin wird derzeit rasch ausgeweitet. Im Unterschied zur großen Breite der Serviceeinheit Sammlung finden sich die Forschungsprojekte derzeit zu Themenschwerpunkten zusammen (siehe nebenstehend), wobei die Kompetenz auch hinsichtlich angewandter Themen erweitert wird. Regionale Forschungsschwerpunkte sind Afrika südlich der Sahara, Südostasien und Australien.

Mit demnächst 7.000 qm Ausstellungsfläche, darunter zwei Sonderausstellungssälen, ist das Berliner Museum aber nicht nur ausstellungsmäßig das größte seiner Art in Deutschland, sondern kann wie kaum ein anderes Haus die eigenen Forschungsthemen in kompetenter und zunehmend modernisierter Weise einer breiten Öffentlichkeit vermitteln. Besuchen Sie uns, sei es, um unsere Sammlungen oder unsere Labore zu nutzen, sei es um sich die neuen Ausstellungen anzusehen, wir freuen uns auf Sie!

Reinhold Leinfelder, Berlin ■

Anzahl der festen Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter: 165, davon 56 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler; weitere Mitarbeiter innen und Mitarbeiter (Drittmittelprojekte, Praktika, Ehrenamt): rund 150. Größe der Sammlungen: über 30 Millionen; davon 527.276 in digitalen Katalogen erfasst. Größe der Ausstellungsflächen des öffentlichen Bereichs des Museums: ca. 7.000 qm.

Rahmenthemen bzw. Forschungsschwerpunkt: Evolutionsforschung; Biodiversitätsdynamik in Raum und Zeit; (Paläo-)Ökologie; Impaktforschung; Angewandte Forschung; Wissenschaftsgeschichte; Deutscher Projektträger (DE-TAF) von SYNTHESYS (gemeinsam mit dem Botanischen Garten/Botanischen Museum Berlin-Dahlem).

Mitgliedschaften in nationalen und internationalen Gremien: Direktorenkonferenz der naturwissenschaftlichen Forschungssammlungen Deutschlands (DNFS; derzeit Sprecherschaft), Geo-Union, Consortium of European Taxonomic Facilities (CETAF), Global Biodiversity Information Facility (GBIF), Synthesys; Diversitas, International Continental Scientific Drilling Program (ICDP), Deutscher Museumsbund (DMB) u.a.



## Die Saurier kommen zurück!

Das Museum für Naturkunde Berlin - eine moderne Arche in der Metropole



Ausstellungsbereiche und wenden sich an ein breites Publikum von Jung bis Alt. So wird die Ausstellung gestalterisch wie didaktisch höchsten Ansprüchen gerecht.

ART+COM ist verantwortlich für die Generalplanung der Ausstellung und der

Am 13. Juli öffnen im Museum für Naturkunde Berlin die fünf neu gestalteten und rekonstruierten Ausstellungssäle ihre Türen. Die Entwicklung des Weltalls, der Erde und die Evolution des Lebens werden spannend dargestellt. Dann lassen sich auch die riesigen Dinosaurier – unter anderem das größte aufgestellte Dinosaurierskelett der Welt - von den Besuchern wieder zum Leben er- wecken: so kann man eine mediale Zeitreise in die Vergangenheit unternehmen und die Saurier in ihrer ursprünglichen Umgebung sehen. Millionen Jahre alte Exponate werden dabei ergänzt durch neue Formen der Wissensvermittlung: wie ein roter Faden ziehen sich innovative, mediale Installationen durch die neuen

neuen Medien. Das Projekt entsteht in Kooperation mit der Schiel Projektgesellschaft mbH, den Ausstellungsgestaltern von Bertron & Schwarz, Delux Lichtdesign und dem Ausstellungsbüro Joerges. Finanziert wurde das Vorhaben mit Mitteln der Stiftung Deutsche Klassenlotterie Berlin, kofinanziert von der Europäischen Union, Europäischer Fonds für regionale Entwicklung.

Das Berliner Museum für Naturkunde ist eines der weltweit bedeutendsten naturwissenschaftlichen Museen. Über 30 Millionen Objekte befinden sich in seinen Sammlungen. Die Ausstellung präsentiert einmalige Schätze wie den Urvogel *Archaeopteryx*, das schwerste bekannte Stück Bernstein sowie Meteoriten vom Planeten Mars: mehr als 4 Milliarden Jahre Entwicklungsgeschichte von Erde, Leben und Weltall, versammelt im Herzen Berlins.

Gesine Steiner, Berlin ■

## Saurier - Erfolgsmodelle der Evolution

Große Landesausstellung Baden-Württemberg 2007

Die Saurier sind unter uns! Seit Jahren hat das Staatliche Museum für Naturkunde Stuttgart darauf hingearbeitet, am 31. März war es endlich soweit: Die Große Landesausstellung Baden-Württemberg 2007 im Museum am Löwentor öffnete ihre Pforten – nach dreißig Jahren Landesausstellungen die erste von einem Naturkundemuseum ausgerichtet. Entstanden ist eine Saurierschau, die ihresgleichen sucht.

Jurassic Park mit seinen inzwischen zur Genüge bekannten und allenthalben vermarkteten „Standardsauriern“ ist nicht das Vorbild. Es werden schwäbische Charakterköpfe gezeigt, wie Mastodonsaurus, der „Superfrosch“, Batrachotomus oder Liliensternus - ein Topräuber. Schließlich ist Südwestdeutschland das Fossilienland *par excellence*; die Sammlungen des Stuttgarter Naturkundemuseums genießen Weltruf.

Die besten Stücke aus diesen Sammlungen sind nun in der Ausstellung zu sehen. Viele davon werden hier erstmals präsentiert, darunter solche von einmaligem wissenschaftlichem und ästhetischem Wert, Meisterleistungen der Präparationskunst. Diese Fossilien werden nicht isoliert gezeigt, sondern sind eingebettet in eine Zeitreise, die die Besucher durch 100 Millionen Jahre Erdmittelalter mitnimmt. Sechs Stationen gibt es auf dieser Reise, jede Station ein naturgetreu gestalteter, großer, teilweise sogar begehbare Lebensraum der Vorzeit, jeder auf eine ganz konkrete Fundsituation in Baden-Württemberg zurückgehend: Im Buntsandstein fasziniert das nach über einem Jahrhundert erst kürzlich gelöste Rätsel des „Handtiers“ *Chirotherium*. Die Muschelkalkzeit versetzt uns unter Wasser, zwischen Rifftürme, Seeliliengärten

und Meeressaurier. Im Unteren Keuper lauert das größte Amphib der Erdgeschichte unter Wasser, während oberhalb Batrachotomus, der „Amphibienschlächter“, durch die Schachtelhalmsümpfe tragt. Die obere Keuperzeit bringt uns in die Zeit der ältesten Dinosaurier. Hier kann man das Wappentier des Museums, den „Schwäbische Lindwurm“ Plateosaurus, in völlig neuer wissenschaftlicher Rekonstruktion erleben.



Im Jurameer beeindruckten zunächst die gewaltigen Meeresechsen des Schwarzen Juras, dann die dramatische (und, wie Fossilien beweisen, erfolgreiche) Jagd des Riesenkrokodils Dakosaurus auf seinen kleinen Vetter Geosaurus über der lichtdurchfluteten, bunten Lagune von Nusplingen (Weißer Jura). „Wir sind das einzige Museum, das eine derartig umfangreiche Sammlung an Fossilfunden und die wissenschaftliche Kompetenz besitzt, um diese urzeitlichen Lebensräume fundiert nachzubauen, betont Dr. Rainer Schoch, Saurierforscher und Ausstellungsmacher.

Er freut sich besonders, „dass die Zeitreise zu einem außergewöhnlichen und authentischen Erlebnis für die Besucher geworden ist“ – die jahrelange Arbeit hat sich gelohnt.

Über 50 Modelle von Sauriern und anderen Wirbeltieren hat das Museum in den letzten Jahren gebaut. In vielen stecken mehrere Monate Arbeit. Vom acht Meter langen Gresslyosaurier, dem größten Stuttgarter aller Zeiten, bis

zu den nur eidechsen großen Hasenkrokodilen Lagosuchus reicht die Spanne, jedes einzelne Modell akribisch recherchiert und unter wissenschaftlicher Leitung entworfen. Noch viel größer ist die Zahl der Pflanzen und der Wirbellosen, ob Koralle, Seelilie oder Ammonit, die die Umwelt der Saurier prägten.

„Ohne wissenschaftliche Sammlungen und der Forschungsleistung unseres Museums wäre die Landesausstellung in dieser Art und Weise nicht möglich gewesen“, hebt Prof. Dr. Johanna Eder, die Direktorin des Naturkundemuseums in Stuttgart hervor. „Ich freue mich, dass wir die vielseitige wissenschaftliche Kompetenz und auch die herausragenden Fähigkeiten unserer Präparatoren, der Museumspädagogik und Öffentlichkeitsarbeit nutzen konnten, um unser Haus für die Zeit der Ausstellung und darüber hinaus für die Besucher attraktiver zu gestalten.“

Nicht nur die teils weltweit einmaligen Fossilien und die Dioramen der Ausstellung sind Highlights. Viele grundsätzliche Fragen werden in unserer Ausstellung beantwortet: Wie entdeckt man Saurier? Wie sieht eine Grabung im Gelände aus, wie wird dort gearbeitet? Wie präpariert man fossile Knochen? Wie kommt man vom ungeordneten und allzu oft nur bruchstückhaften und zerdrückten „Knochenhaufen“ zur Skelettmontage und in einem weiteren Schritt zu einem lebensechten Modell? Zur Saurier-Schau gehört auch ein Präparatorium, in dem man den Fachleuten bei der Arbeit über die Schulter schauen und alle Fragen stellen kann, die bis dahin noch offen geblieben sind. Im Rahmen verschiedener so genannter „Workshops“ können die Besucher sich Antworten aber auch selbst erarbeiten, rätselhafte Spuren entschlüsseln und Ihre eigenen Saurier rekonstruieren – erlebbare Paläontologie und ein Spaß für die ganze Familie. Besonders die kleinen Besucher kommen

auf ihre Kosten. Für die innovative und gelungene Ausstellungsgestaltung zeichnet das Stuttgarter Atelier Brückner verantwortlich.

Bleibt noch eine abschließende Titelklärung: Saurier – Erfolgsmodelle der Evolution? Mit dem Begriff Saurier verbindet man gemeinhin Aussagen wie „ausgestorben, weil nicht anpassungsfähig“ sowie „großer Körper, kleines Hirn“. Genau hier möchte die Ausstellung ein treffenderes Bild vermitteln, denn: Saurier waren die ersten Tiere, die den aufrechten zweibeinigen Gang perfektioniert haben; Saurier waren die ersten Wirbeltiere, die den Luftraum eroberten; die räuberischen Dinosaurier entwickelten auf dem Wege zu den Vögeln ein Federkleid, um sich vor Wärmeverlust zu schützen; verschiedenste Meeressaurier haben lange vor den Säugetieren bereits lebende Junge zur Welt gebracht. Kurz, Saurier sind ein Paradebeispiel für die Anpassungsfähigkeit des Lebens schlechthin und tatsächlich „Erfolgsmodelle der Evolution“. Immerhin 170 Millionen Jahre haben Dino- und andere Saurier die Erde besiedelt. Und entgegen landläufiger Meinung sind sie keineswegs ausgestorben. Sie haben überlebt! Ja, mehr noch, sie stellen auch heute noch die artenreichste Gruppe der Landwirbeltiere. Nur nennen wir sie heute anders, nämlich Vögel. Dieser verblüffenden Abstammungsgeschichte ist ein eigener Ausstellungsbereich gewidmet.

Zur Großen Landesausstellung Baden-Württemberg 2007 „Saurier – Erfolgsmodelle der Evolution“ bietet das Staatliche Museum für Naturkunde Stuttgart ein umfangreiches Begleitprogramm an, vor allem für Kinder. Bitte beachten Sie hierfür das regelmäßig erscheinende Monatsprogramm.

Naturkundemuseum Stuttgart, Stuttgart ■

Es ist ein Begleitbuch für 14,90 € erschienen, erhältlich im Museumsshop.

Öffnungszeiten:  
Di - Fr: 9-18 Uhr  
Mi: 9-20 Uhr  
Sa, So, Feiertags:  
10-19 Uhr  
Mo: geschlossen

Eintrittspreise:  
8 Euro normaler Eintritt  
5 Euro ermäßigt  
18 Euro Familien

Führungsbuchung unter  
Tel. : 0711-8936-134

Weitere Informationen unter:  
[www.saurier2007.de](http://www.saurier2007.de)

## Meine Lieblingspflanze

Das Mondbechermoss



*Lunularia cruciata* (L.) Lindb., männliche Pflanzen mit halbkreisförmigen Brutbechern und runden Brutkörpern | Foto: Martin Nebel

Bei den ersten Gängen in den Wäldern Hohenlohes war meine Lieblingspflanze der Türkenbund. Etwas später stand ich mit klopfendem Herzen vor meinem ersten Roten Waldvögelein, das in Ernst Jüngers „Marmorklippen“ seine mythische Verzauberung erfahren hat. Später hat die Buche im Wandel der Jahreszeiten, vom zarten Grün des Frühlings über das wogende Blättermeer des Sommers, das Gold des Herbstes mit den raschelnden Schritten im Laub, den Bucheckern und die silbrige Kahlheit sonniger Wintertage diesen Platz eingenommen.

Im Laufe der Zeit hat mich dann das Kleine, das Verborgene angezogen. Bei den Moosen war es die enge Verbindung von Ästhetik und

Funktion, die mich immer wieder überrascht und fasziniert hat.

Das Mondbechermoss gehört schon wegen seiner Größe und der zungenförmigen Gestalt, die nicht in Stängel und Blätter gegliedert ist, zu den auffälligen Lebermoosen.

Bei näherem Hinsehen fallen die halbmondförmigen Brutbecher ins Auge, die dem Moos auch seinen Namen gegeben haben. Hier liegen dicht an dicht die runden, wie Diskusscheiben abgeflachten Brutkörper, hellgelb und glänzend. Über diese ungeschlechtlich gebildeten Abschnürungen des Mooskörpers vermehrt sich das Moos, vergleichbar mit Stecklingen, sehr effektiv. Da in Mitteleuropa Sporenträger unbekannt sind, erfolgt die Ausbreitung praktisch nur über solche Brutkörper. Auf der Oberseite der Pflanzen kann man eine deutliche Felderung erkennen. In der Mitte dieser Felder sieht man kleine Erhebungen, so genannte Atemöffnungen, die in Kammern mit chlorophyllhaltigen Zellen führen. Im Prinzip funktionieren die Atemöffnungen wie die Spaltöffnungen höherer Pflanzen.

Das Mondbechermoss ist bei uns ursprünglich nicht heimisch. Es stammt aus dem Mittelmeergebiet und wurde über Erde oder Pflanzmaterial zunächst in Gewächshäuser eingeschleppt. Mit Gewächshauspflanzen ist die Art dann immer wieder ins Freiland gelangt. Die erste Beobachtung für Deutschland hat Alexander Braun im Botanischen Garten in Karlsruhe im März 1827 gemacht. Im Tübinger Botanischen Garten hat Friedrich Hegelmaier die Pflanze am Reformationstag des Jahres 1865 gesammelt.



Im Laufe der Zeit gab es immer wieder Funde der Art. Allerdings konnten sich die Pflanzen nie länger im Freiland halten, weil sie im Winter erfroren. Erst ab 1990 häufen sich die Funde, zuerst an größeren Flüssen, dann auch an kleineren Flüssen und Bächen. Die Ausbreitung geschieht wohl

über Wasservögel, in deren Gefieder die Brutkörper hängen bleiben. Besonders reiche Populationen wurden unterhalb von Kläranlagen beobachtet. Hier kommen den Pflanzen der hohe Nährstoffgehalt und die Wärme des gereinigten Abwassers zu Gute. Dies erklärt auch den Beginn der Ausbreitung entlang größerer Flüsse. Diese sind durch die Abwärme aus Abwässern sowie durch das Kühlwasser aus Kraftwerken und Industrieanlagen besonders stark aufgeheizt. Heute kann man die Art in vielen Gebieten unseres Landes finden. Die Ausbreitung des wärmebedürftigen und frostempfindlichen Moooses ist ein deutliches Zeichen für die Klimaerwärmung.

Normalerweise findet man in Mitteleuropa sterile Pflanzen mit Brutkörpern. Gelegentlich werden auch weibliche Pflanzen gefunden. Männliche Pflanzen wurden bisher nur im Botanischen Garten in Tübingen beobachtet. Das Foto zeigt gestreckt scheibenförmige Gebilde, die zahlreiche kleine Punkte tragen. Hier handelt es sich um die Öffnung der Antheridien, sackförmige Gebilde, in denen die begeißelten Schwärmer gebildet werden, die bei Reife im Wasser zu den Eizellen einer weiblichen Pflanze schwimmen. Männliche Pflanzen sind bei vielen Moosen empfindlicher als weibliche. Das Vorkommen von männlichen Pflanzen ist deshalb ein Indiz für eine



weitere Klimaveränderung. Die Erwärmung führt zu einer Minderung von Härte und Länge des Frostes. Im feucht-schattigen Kleinklima des Farntälchens hat diese Besonderheit deshalb schon einige Winter überstanden.

Das Mondbechermoos gehört zu den ursprünglichsten Lebermoosen. Lebermoose - wie von der Evolutionsforschung an Hand von Untersuchungen der Erbsubstanz nachgewiesen - sind die ältesten echten Landpflanzen. Reste von Vorfahren unserer Lebermoose wurden vor kurzem im Oman entdeckt. Die Ablagerungen dort sind 460 Mio. Jahre alt.

Martin Nebel, Stuttgart ■

## Biologie in Gold und Silber

Edler Schmuck nach Vorbildern der Natur

In jedem Naturwissenschaftler steckt auch ein Künstler. Welcher Biologe ist nicht fasziniert, wenn er zum ersten Mal in den "Kunstformen der Natur" von Ernst Haeckel blättert? In den Fußstapfen dieses Meisters bewegt sich auch Robert Kraus, ein promovierter Botaniker der sich ebenfalls zum Ziel gesetzt hat, Natur und Kunst in Einklang zu bringen. Als Schmuckkünstler fertigt er biologische, meist mikroskopische Motive in Gold und Silber.

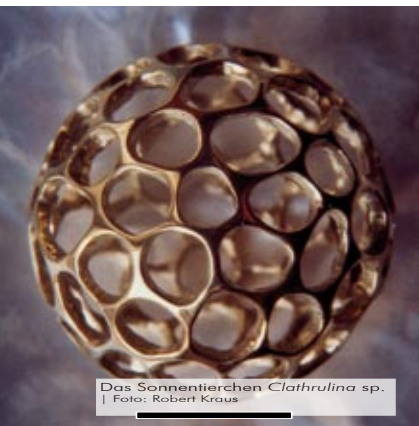
Die Idee war bereits in seinen ersten Jahren als Student geboren. Mit Begeisterung mikroskopierte er pflanzenanatomische Details und vor allem Grün- und

Zieralgen ließen ihn nicht mehr los. Nach seiner Promotion an der TU München ("Ökophysiologie chilenischer Kakteen") war Robert Kraus mehrere Jahre als Reiseleiter für Naturstudienreisen in Nord- und Südamerika unterwegs. Ein in Niederkalifornien gefundener Sanddollar gab den Ausschlag, die lange keimende Idee auch in die T Tat umzusetzen.

Die grundlegenden Techniken des Goldschmiedehandwerks erwarb er bei einer Goldschmiedemeisterin. Seit inzwischen 10 Jahren verfeinern und perfektionieren sich seine Arbeiten. Jedes seiner Stücke ist ein Unikat. Es gibt Anhänger, Broschen, Ohringe, Ringe und Krawattenhalter. Die ersten Stücke waren Sanddollars, Kakteen und Süßwasseralgen wie *Pediastrum* und *Micrasterias*, modelliert in Wachs, anschließend in Gold oder Silber gegossen und zuletzt mit "Accessoires" wie Zellkernen und Pyrenoiden versehen (dargestellt durch Goldkugelchen oder Edelsteine). Später kamen noch anatomische Details wie z. B. Querschnitte von Pflanzensprossen oder Seeigelstacheln dazu - und natürlich auch die makroskopische biologische Welt: Blätter, Blüten, Früchte, Seepferdchen, etc.

Schritt für Schritt wurden die Modelle immer filigraner. Inzwischen finden sich sogar dreidimensionale Kieselalgen- und Radiolarienmodelle in der Kollektion, in REM-getreuer Detaillierung. Das letzte "Meisterwerk": ein Vitrinenmodell des Fetzenfisches *Phycodurus eques* aus Silber, mit goldenen Flossen und einem Saphir als Auge. Robert Kraus hat ein Feld ohne Grenzen betreten: "Ich habe bereits so viele Ideen, daß mein Leben nie ausreichen wird, um alles zu verwirklichen."

Im September können Sie ihn und seine Werke bei der Botanikertagung in Hamburg, bei der Tagung der GfÖ in Marburg, der DZG in Köln und bei der DGL in



Das Sonnentierchen *Clathrulina* sp.  
| Foto: Robert Kraus

Münster, sowie auf der nächsten GfBS Jahrestagung persönlich begegnen. Unter [www.pretiosae.de](http://www.pretiosae.de) sind einige Motive zu sehen.

Ralph O. Schill, Stuttgart ■



Der Fetzenfisch (*Phycodurus eques*)  
| Foto: Robert Kraus



Mikroskopisch kleine Bärtierchen  
| Foto: Robert Kraus



Amöben als Schmuck  
| Foto: Robert Kraus

## Kompletter Stammbaum der Säugetiere

Datierung der Entstehung der moderner Arten

Es war eine der größten Naturkatastrophen, die unseren Planeten jemals erschütterte: ein mehrere Kilometer großer Meteorit stürzte vor etwa 65 Millionen Jahren nahe der Halbinsel Yucatán im Golf von Mexiko auf die Erde und löschte einen großen Teil des Lebens auf ihr aus. Nicht nur die Dinosaurier - die bis dahin die Erde beherrschten - sondern auch die meisten anderen Tier- und Pflanzenarten fielen der vom Einschlag verursachten Klimaänderung zum Opfer.

Für die überlebenden Arten brachten die drastisch geänderten Lebensbedingungen aber auch neue Möglichkeiten. „Bislang ging man davon aus, dass der Meteoriteneinschlag am Ende der Kreidezeit und zu Beginn des Tertiärs die ‚Geburtsstunde‘ der heutigen Säugetiere war“, sagt Olaf Bininda-Emonds von der Friedrich-Schiller-Universität Jena.

Doch der Evolutionsbiologe vom Institut für Spezielle Zoologie und Evolutionsbiologie konnte gemeinsam mit einem internationalen Forscherteam

zeigen, dass diese bisher gängige Annahme falsch ist. Seine Forschungsergebnisse dazu veröffentlicht das Team um Bininda-Emonds in *Nature* (2007).

Darin präsentieren die Forscher zum ersten Mal einen fast vollständigen Stammbaum aller heutigen Säugetierarten. Dieser „Supertree“ der Säuger umfasst 4.510 Arten - und damit 99 Prozent aller heute bekannten Spezies. Vier Jahre lang haben die Biologen alle verfügbaren Daten gesammelt und bereits bestehende Einzelstammbäume, etwa die der Raubtiere und der Primaten, zusammengefügt. „Anhand des Stammbaums lässt sich die unterschiedliche Größe der einzelnen Gruppen von Säugetieren ablesen, erläutert Bininda-Emonds und weist auf das kreisförmige Gebilde des „Supertrees“, das sich ausgehend von einem Ring in der Mitte nach außen immer feiner verästelt. „Die größte Gruppe der Säuger sind die Nagetiere“, so Bininda-Emonds weiter. „Sie stellen fast 2 000 Arten und damit fast die Hälfte aller Säuger.“ Andere Gruppen, etwa die „Schuppentiere“ bestehen aus lediglich sieben Vertretern.

Doch die Vollständigkeit allein macht den wissenschaftlichen Wert des Stammbaums der Säugetiere, den Bininda-Emonds und seine Kollegen aus den USA, Großbritannien, Australien und Kanada erstellt haben, noch nicht aus. „Aus einem herkömmlichen Stammbaum lässt sich nichts darüber ablesen, zu welchem Zeitpunkt in der Evolution die Verzweigungen - also die einzelnen Gruppen und Arten entstanden sind“, sagt Bininda-Emonds. Und genau diese Information konnte der Deutsch-Kanadier, der mit einem Heisenberg-Stipendium an der Universität Jena forscht, nun erstmals für alle Säugetiere bestimmen.

Anhand genetischer Information der rezenten Arten kalibriert durch Fossilien mit bekannter Abstammung und Verwandtschaft, konnten die Wissenschaftler die „Divergenzzeiten“, also die Zeiträume nach denen eine Verzweigung entsteht, abschätzen. Auf diese Weise entwickelten sie eine Zeitskala, an der sie nun ablesen können, wann es zu den Verzweigungen in der Evolution der Säugetiere gekommen ist.



„Wir wollten herausfinden, wann die Verästelung des Stammbaumes besonders stark war, also wann viele neue Abstammungen und Arten entstanden“, so Bininda-Emonds. Zur Überraschung der Forscher war das aber nicht die Zeit vor rund 65 Millionen Jahren als die Dinosaurier ausstarben. „Alle 18 Ordnungen der heutigen höheren Säugetiere (Plazentatiere) sind bereits viel älter“, so der Jenaer Evolutionsbiologe. Sie entstanden alle in - für evolutionäre Prozesse - kürzester Zeit: vor rund 100 bis 85 Millionen Jahren. Ein zweiter großer Entwicklungsschub der Säugetiere begann dann erst wieder vor etwa 40 bis 35 Millionen Jahren.

Damals entstanden ihre meisten heutigen Vertreter. Was die Entwicklung der heutigen Säugetiere bis zu dieser Zeit aufgehalten hat, ist bislang unklar. „Dass die Dinosaurier von der Erde verschwanden, hat die Entwicklung der Säugetiere jedenfalls nicht, wie bisher angenommen, beflügelt“.

Universität Jena, Jena ■



# news

## SYSTEMATICS 2008

It is a pleasure to invite you to the 10th annual meeting of the Gesellschaft für Biologische Systematik, in Göttingen, 7.-11. April 2008. "Systematics 2008" is a first joint meeting of the GfBS and the German Botanical Society (DBG), section Biodiversity and Evolutionary Biology. The conference will take place in the Central Lecture Hall Building (Zentrales Hörsaalgebäude) of the University of Göttingen, which is very conveniently located close to the city centre at 5-10 minutes walking distance from the train station.

The conference programme will be very broad, covering biological systematics in the widest sense and providing ample opportunities for oral and poster presentations on new advances in plant, animal and microbial systematics. Three plenary morning sessions with invited speakers will focus on „Progress in Deep Phylogeny“, „Speciation and Phylogeography“, and „New Trends in Biological Systematics“. Afternoon sessions will feature contributed talks and poster sessions. In addition, there will be ample room for workshops, business meetings, social gatherings, excursions, etc.

› conference language will be English.  
Deadline for abstract submission and early registration: 1. December 2007.  
For details see the congress homepage, [www.systematics2008.com](http://www.systematics2008.com)



## Bernhard-Rensch-Preis

Der Bernhard-Rensch-Preis der Gesellschaft für Biologische Systematik (GfBS) wird an eine(n) Nachwuchswissenschaftler(in) für eine herausragende Arbeit auf dem Gebiet der Biologischen Systematik vergeben. Die Auslobung des Preises geht auf die Initiative des kürzlich verstorbenen GfBS-Ehrenmitgliedes Prof. Dr. Ernst Mayr zurück, der mit einer großzügigen Spende das Grundkapital für eine alljährliche Vergabe des Preises gelegt hat.

Eingereicht werden können Dissertationsschriften und/oder andere wissenschaftliche Arbeiten aus allen Fachbereichen, die in der GfBS vertreten sind. Das heißt, botanische, paläontologische und zoologische Arbeiten sind gleichermaßen erwünscht. Die Arbeiten werden hinsichtlich ihrer wissenschaftlichen Exzellenz, Innovation und Kreativität beurteilt. Über die Preisvergabe entscheidet das Bernhard-Rensch-Gremium, dem Vorstandsmitglieder der GfBS und ein externes Jurymitglied angehören. Wichtig ist, dass Bewerber bei den eingereichten Arbeiten Haupt- oder alleiniger Autor sein müssen. Der Preis ist mit 1.000 € dotiert und wird von der GfBS überwiegend durch die Rendite einer von Ernst Mayr gestifteten Summe finanziert. Mit dem Bernhard-Rensch-Preis sollen auf Anregung des Preisstifters Ernst Mayr die Leistungen des Namenspatrons Rensch für die Synthetische Evolutionstheorie und die organismische Zoologie im Allgemeinen gewürdigt werden.

Der Preis wird zusammen mit der Bernhard-Rensch-Medaille bei der GfBS-Jahrestagung in einer Feierstunde verliehen. Die Preisträgerin bzw. der Preisträger stellt dabei die prämierte Arbeit als öffentlichen Vortrag vor. Verbunden mit dem Bernhard-Rensch-Preis ist eine einjährige kostenlose Mitgliedschaft in der GfBS.



Die GfBS übernimmt für die Tagung, auf der der Preis verliehen wird, Reise- und Übernachtungskosten für die Preisträgerin bzw. den Preisträger.

Hier kurz zusammengefasst die wichtigsten Bedingungen für eine Bewerbung für den Bernhard-Rensch-Preis:

Um den Preis können sich GfBS-Mitglieder und Nichtmitglieder bewerben. Die/der Antragsteller(in) muss alleinige(r) Autor(in) oder Hauptautor(in) der eingereichten Arbeit(en) sein. Eingereicht werden können englisch- oder deutschsprachige Arbeiten. Arbeiten aus den Bereichen Botanik, Paläontologie und Zoologie sind in gleichem Maße erwünscht.

Die Dissertation der Bewerber(in) darf nicht länger als drei Jahre zurückliegen. Die Bewerbungsunterlagen müssen in zwei (aus)gedruckten/kopierten Exemplaren eingereicht werden, eine kurze Schilderung des akademischen Werdegangs und weiteres erläuterndes Begleitmaterial ist willkommen.

Wenn Sie sich um den Preis bewerben wollen, schicken Sie mir Ihre Unterlagen bitte bis spätestens 30. November 2007 zu!

PD Dr. Uwe Fritz, Geschäftsführer der GfBS, Museum für Tierkunde, Staatliche Naturhistorische Sammlungen Dresden, A.-B.-Meyer-Bau / Königsbrücker Landstr. 159, D-01109 Dresden



## Sonderband Zootaxa

Die Expeditionen unter der Schirmherrschaft vom Census of Abyssal Marine Life "CeDAMar" resultieren in große Mengen von Informationen über Tiefseegebiete in den verschiedensten Teilen dieser Welt. Typisch für Tiefsee-Proben ist, dass die meisten der gefundenen Arten der Wissenschaft bislang unbekannt sind. Das Fehlen von Artbeschreibungen ist ein Hindernis für überregionale Vergleiche, wie beispielsweise biogeographische Analysen, Berechnungen der Artenumschlagsraten und die Analyse latitudinaler Diversitätsgradienten. CeDAMar erkannte dies und steckte sich die formelle Beschreibung von 500 neuen Tiefseearten bis zum Jahre 2010 als eines seiner ehrgeizigsten Ziele. Um dies auch zu erreichen, planen wir, eine Serie von Monographien über Tiefsee-Taxonomie und Systematik zu veröffentlichen.

Der erste Sonderband soll Anfang 2008 in Zootaxa erscheinen. Hierfür rufen wir zum Einreichen von Manuskripten zu den Bereichen Taxonomie, Systematik und Biogeographie von Tiefseeorganismen auf. Um den open access aller Beiträge zu gewährleisten, wird CeDAMar die Publikationskosten übernehmen. Interessenten beachten bitte folgende Deadlines:

Bis zum 15. Mai 2007: Vorläufigen Titel des Manuskripts an E-Mail: [skeller@senckenberg.de](mailto:skeller@senckenberg.de) schicken

Bis zum 1. August 2007: Manuskripte schicken an E-Mail: [skeller@senckenberg.de](mailto:skeller@senckenberg.de).

Beim Erstellen des Manuskriptes halten Sie sich bitte streng an die Anweisungen für Zootaxa-Autoren, zu finden unter: <http://www.mapress.com/zootaxa/support/author.html>

Hinweis für die Benutzung von *Endnote* oder ähnlichen Programmen: Zootaxa stellt im Internet eine Formatierungsvorlage zur Verfügung.  
Wir bedanken uns für Ihr Interesse und hoffen, zahlreiche Beiträge zu erhalten, die uns helfen werden, unser Wissen über Biodiversität der Tiefsee weiter zu verbessern!

Pedro Martinez Arbizu und Saskia Brix (Gasteditoren) ■

## Taxonomie in Ostafrika

Fabian Haas arbeitet zur Zeit in Nairobi, am ICIPE, dem ‚International Centre for Insect Physiology and Ecology‘. Dort ist er für die Bestimmung von Insekten zuständig. In der praktischen, taxonomischen Arbeit fehlt es jedoch häufig an den Grundlagen, so auch an Artikeln, die die Bestimmung einzelner Gruppen der Insekten ermöglichen. Er sucht taxonomische Literatur (keine Publikationen der angewandten Entomologie oder Physiologie), Bestimmungsschlüssel, Checklisten die geographisch Ostafrika behandeln, aber auch darüber hinausgehen.

Im Mittelpunkt sollen Insekten, Spinnen und Myriapoden stehen. Die Listen sollen dann im Rahmen eines ‚African Insect Taxonomy Toolkit‘, ganz ähnlich dem ‚European GTI-Toolkit‘ ([www.gti-kontaktstelle.de](http://www.gti-kontaktstelle.de)) im Internet veröffentlicht werden und somit einem großen Kreis von Nutzern zu Gute kommen.

Dr. Fabian Haas, c/o The International Centre of Insect Physiology and Ecology, Duvvile Campus, Kasarani P.O. Box 30772 - 00100, Nairobi, Kenya

E-Mail: [FabianHaas2@gmx.net](mailto:FabianHaas2@gmx.net), [fhaas@icipe.org](mailto:fhaas@icipe.org)  
Internet: [www.icipe.org](http://www.icipe.org)



## Das Virus und der Biotop

Eigentlich sollte ja jeder aufmerksame Zuhörer und Leser registriert haben, dass es bei Fach- und sonst wie halbwegs kompetenten Leuten bei den zahlreichen Diskussionsrunden in letzter Zeit, bei Vorträgen und in Berichten über Vogelgrippe, Aids und sonstige Viruskrankheiten immer „das“ Virus hieß. Und dann im letzten Heft der GfBS News gleich zweimal „der“ Virus!

Es ist nun mal nicht jeder lateinische –us-Begriff „automatisch“ maskulin, wie auch nicht jeder lateinische oder latinisierte, auf –a endende Begriff feminin ist. Es heißt so z.B. korrekt *Gracilacus peratica*, *Longidorus vineicola* und *Xiphinema americanum*. Und für Botaniker ist es selbstverständlich, dass z.B. wissenschaftliche Namen vieler Bäume feminin sind (*Alnus glutinosa*, *Fagus sylvatica*, *Pinus radiata*, *Populus nigra* etc.).

Also in Zweifelsfällen ein Lexikon zu Rate ziehen!

Und noch ein häufig selbst bei Biologen zu hörender oder zu lesender Fehler: Griechisch  $\acute{o} \tau\acute{o}πoς$  (ho topos) ist eindeutig maskulin, und es muss folglich korrekt „der“ Biotop heißen!

Selbst wenn es in neueren Duden-Ausgaben heißt: „auch“ der Virus und das Biotop, so zeugt doch solch eine Verwendung der Artikel meist von wenig Sach- und Fachkunde.

Dieter Sturhan, Münster ■

## Evolution, Ecology, and Systematic

Neuer Masterstudiengang an der LMU München

Die LMU München bietet ab WS 2007/2008 den neuen Masterstudiengang Evolution, Ecology, and Systematics, EESLMU, an. EESLMU ist ein zweijähriger internationaler Studiengang in Kooperation mit außeruniversitären Forschungsinstituten und den bayrischen Staatssammlungen. Die Unterrichtssprache ist Englisch. Das Ziel des Programms ist es, Studierenden einen umfassenden Einblick in das interdisziplinäre Forschungsgebiet der biologischen Evolution zu bieten und sie fuer eine Karriere innerhalb oder außerhalb der Wissenschaft vorzubereiten. Studierende können im Rahmen des Studiengangs ein sehr breites Spektrum wissenschaftlicher Methoden kennen lernen und praktisch anwenden, von modernen Labortechniken der

Molekularbiologie über die Arbeit im Feld oder in Sammlungen bis hin zu mathematischer Modellbildung und quantitativen Verfahren der Statistik. In intensiv und individuell betreuten Forschungspraktika



werden Studierende schon ab dem ersten Semester zu eigenständiger wissenschaftlicher Forschung angeregt und befähigt. Dies wird durch ein gezieltes Training von Schlüsselqualifikationen begleitet, wie z.B. wissenschaftliches Schreiben, mündliche Präsentation, oder statistische Datenauswertung. Ein Mentorenprogramm und ein Programm zur Förderung des internationalen Austauschs runden das Angebot ab.

Gerhard Haszprunar,  
München ■

Flyer download: [http://www.eeslmu.de/eeswiki/images/LMU\\_Flyer\\_EESMaster.pdf](http://www.eeslmu.de/eeswiki/images/LMU_Flyer_EESMaster.pdf)

**Wir liefern schnell, zuverlässig  
und in höchster Qualität:**

- ➔ **Präparierbestecke**
- ➔ **Sammlungsbedarf**
- ➔ **Entomologiebedarf**
- ➔ **Herbarzubehör**
- ➔ **allgemeine Laborartikel**
- ➔ **Fachliteratur**

Besuchen Sie unseren Internet-Shop oder fordern Sie unseren gedruckten Katalog an!

Dr. Hans-Jürgen Thorns  
Biologie-Bedarfs Handel

St.-Martini-Str. 7  
37073 Göttingen

Tel.: 0551-97107  
Fax: 0551-92744

E-Mail: [info@biologie-bedarf.de](mailto:info@biologie-bedarf.de)



**[www.biologie-bedarf.de](http://www.biologie-bedarf.de)**

**Ihr kompetenter Partner rund um die klassische Biologie.**

# [dʒi:nəʊmɪk sɜ:vəsəs]

(genomic services)

- High-throughput DNA sequencing
  - Single Read DNA sequencing
  - Primer Walking
  - Re-sequencing
  
- Library service
  - shotgun libraries
  - cDNA libraries (full-length, normalised or substracted)
  - cosmid / fosmid libraries
  
- Cloning and sequencing
  - Genotyping
  - Pharmacogenetic services
  - Identification of microorganisms
  - DNA fingerprints
  - Whole genome amplification

# [ɪ'kstrækʃən] &

(extraction)

# [pyʊrəfə'keɪʃən]

(purification)

- DNA / RNA extraction service
- Nucleic acid purification



**AGOWA**  
Competence in Genomics  
— a member of the LGC group

AGOWA GmbH  
Glienicke Weg 185 - 12489 Berlin - Germany  
Infoline: +49 (0)30 / 670 57 259  
Infowire: [service@agowa.de](mailto:service@agowa.de)  
Want more information? [www.agowa.de](http://www.agowa.de)

**AGOWA** has been successfully offering its services in molecular biology for almost 14 years. The company's efficiency and methodical flexibility are highly regarded, and thanks to a highly qualified and motivated staff as well as excellent technical equipment, our knowledge and experience the company has won recognition as a high-end service provider and trusted outsourcing expert.

Our efficient and flexible solutions are perfectly suited for you.

Take advantage of our services – we are looking forward to working with you!

A close-up photograph of a green aphid with long antennae and legs, perched on a bright red raspberry. The background is a soft-focus field of more raspberries.

**Flexibility?**

**Yes!**

Contact Sequencing Service:  
Sequencing Team  
seqservice@agowa.de  
+49 (0)30 6705 7259

Contact Extraction Service:  
Dr. Frank Schubert  
schubert@agowa.de  
+49 (0)30 6705 7257



## Aufbau eines DNA-Bank-Netzwerkes

Serviceeinrichtungen in Deutschland

Im Rahmen eines von der DFG bewilligten Projektes wird ab Mai 2007 der Aufbau eines DNA-Bank-Netzwerkes als Serviceeinrichtung für die naturwissenschaftliche Forschung in Deutschland gefördert.

Projektpartner und Standorte sind vier deutsche Forschungssammlungen mit sich ergänzender Fachexpertise: Botanischer Garten und Botanisches Museum Berlin-Dahlem (BGBM, Freie Universität Berlin), Zoologische Staatssammlung München (ZSM), Zoologisches Forschungsinstitut und Museum Alexander König in Bonn (ZFMK) sowie die Deutsche Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen in Braunschweig (DSMZ). Die beiden letztgenannten Einrichtungen sind Mitglieder der Leibniz Gemeinschaft.

Das durch den DFG-Förderbereich LIS (Wissenschaftliche Literaturversorgungs- und Informationssysteme) unterstützte Projekt umfasst die Ausstattung der Infrastruktur und die Personalmittel für das wissenschaftliche und

technische Personal sowie einen Bioinformatiker für zunächst zwei Jahre. Die beteiligten Trägerinstitutionen haben sich bereit erklärt, das DNA-Bank-Netzwerk auch langfristig zu unterhalten, eine Förderung unabhängig der begrenzten Haushaltsmittel der Forschungssammlungen wird jedoch angestrebt.

DNA-Banken sind technisch optimierte Serviceeinrichtungen zur dauerhaften Lagerung von DNA gut dokumentierter Herkünfte. Die Bedeutung von DNA-Banken besteht darin,

- (1) Wissenschaftlern den Zugang zu genetischen Ressourcen zu ermöglichen und zu vereinfachen,
- (2) die DNA als Informationsquelle zu Wiederholung, Vergleich, Erweiterung und Verifizierung von wissenschaftlichen Daten verfügbar zu machen und langfristig zu erhalten und
- (3) die DNA von ausgestorbenen oder vom Aussterben bedrohten Arten zu sichern.

Der Erfolg der DNA-Analysemethoden hat die biologische Forschung in den letzten Jahrzehnten revolutioniert. Trotzdem oder vielleicht gerade deshalb wurde die wissenschaftliche Sorgfaltspflicht bei der Hinterlegung der untersuchten Organismen mitunter vernachlässigt.

Um nachträglich auf Originalbelege zurückgreifen zu können, um diese zu verifizieren oder weiterführende Untersuchungen am gleichen Objekt durchführen zu können, muss man sich im Regelfall direkt an den Autor oder Bearbeiter wenden. Je länger die Bearbeitung eines Objektes zeitlich und institutionell zurückliegt, desto geringer die Wahrscheinlichkeit, dass man dabei erfolgreich ist. Die Möglichkeit bereits

erhobene Daten nachzuvollziehen, zu vergleichen und gegebenenfalls bestätigen oder revidieren zu können – also die Falsifizierbarkeit der Ergebnisse als wesentliche Voraussetzung guter wissenschaftlicher Praxis - ist so häufig nicht oder nicht im vollen Umfang gegeben. Dass eine Überprüfung erhobener Daten notwendig ist, ergibt sich auch aus der Tatsache, dass nach Aussagen einiger Veröffentlichungen bis zu 20% der Sequenzen in den öffentlichen Gen-Datenbanken fehlerhaft oder falsch annotiert sind.

Neben dieser Bedeutung für den wissenschaftlichen Arbeitsprozess wurde in den letzten Jahren auch die Bedeutung einer langfristigen Aufbewahrung und Erhaltung der DNA von Wildorganismen zunehmend erkannt. In einigen Ländern wurden bereits große Anstrengungen unternommen, den Mißstand zu korrigieren und DNA-Banken zu etablieren (Royal Botanic Gardens, Kew, Leslie Hill Molecular Systematics Laboratory at Kirstenbosch, Jardim Botânico Rio de Janeiro, San Francisco Zoo, Dallas Zoo, etc.). Weitere DNA-Banken befinden sich derzeit weltweit im Aufbau.

Aufgrund der dezentralen Struktur der deutschen Naturhistorischen Forschungsmuseen einerseits und der wegen hoher infrastruktureller Kosten zu bevorzugenden Zentralisierung andererseits wird zunächst ein Netzwerk von vier DNA-Banken mit sich ergänzenden Sammlungen und Fachexpertisen aufgebaut. Die Organisation des Netzwerks sowie die Betreuung der Organismengruppen erfolgt in Anlehnung an die bewährte Struktur des deutschen "GBIF"-Netzwerkes. Um die Langfristigkeit des Projektes zu gewährleisten, wurden Trägerinstitutionen ausgesucht, deren Aufgabe es ist, Sammlungen bereitzustellen und dauerhaft zu bewahren.



Das BGIBM in Berlin-Dahlem wird aufgrund seiner Kompetenz im Bereich Biodiversitätsinformatik, als Koordinator des GBIF- und des DNA-Bank-Knotens (Pflanzen, Algen und Protisten) unter der Leitung von Dr. B. Gemeinholzer und Prof. W. Berendsohn die Hauptkoordination beim Aufbau des Netzwerkes übernehmen und das Online-Portal entwickeln.

Seit Oktober 2004 wird dort bereits in einem Pilotprojekt erfolgreich eine DNA-Bank betrieben ([http://www.bgbm.org/bgbm/research/dna/default\\_d.htm](http://www.bgbm.org/bgbm/research/dna/default_d.htm)). Anfragen von Wissenschaftlern bzw. der Versand von Proben werden seitdem kontinuierlich bearbeitet.

Der DNA-Bank-Knoten für die Hinterlegung der Belege von Weichtieren und terrestrischen Arthropoden (Wirbellose Teil 1) sowie von Pilzen wird die Zoologische Staatssammlung München (ZSM) unter Leitung von Prof. G. Haszprunar sein. Das Forschungsmuseum König (ZFMK) unter Leitung von Prof. Wägele wird die Betreuung von allen übrigen Evertebraten (Wirbellose Teil 2) und von Wirbeltieren organisieren.

Der 4. DNA-Bank-Knoten wird an der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ) in Braunschweig unter Leitung von Prof. E. Stackebrandt angesiedelt sein, die bereits seit vielen Jahren DNA-Proben auf Anfrage bereitstellt. Das Projekt hat zum Ziel, eine in Deutschland bislang fehlende DNA-Sammlungsinstitution für die biologische Forschung aufzubauen. Weltweit einzigartig ist derzeit das Konzept, DNA-Banken mit sich ergänzendem Sammlungsschwerpunkt zu vernetzen und biowissenschaftlichen Nutzern über ein gemeinsames Online-Portal zugänglich zu machen.

Zum Aufgabengebiet gehören die DNA-Isolation und qualitativ hochwertige Aufreinigung, die Bestimmung der DNA-Konzentration und -Qualität, die Lagerung der Proben sowie der Versand auf Anfrage. Ferner wird darumgeworben, DNA-Proben anderer Wissenschaftler nach Beendigung ihrer Projekte bzw. nach Publikation ihrer Daten im Sinne guter wissenschaftlicher Praxis in den DNA-Banken einzulagern. Die Eingliederung von DNA-Proben der Haussammlungen der Forschungsmuseen, von Wissenschaftlern anderer oder angegliederter Universitäten und v.a. von pensionierten Wissenschaftlern wird große Sorgfalt erfordern und einen bedeutenden Zeitraum in der Etablierungsphase des Netzwerkes einnehmen.

Im Bereich Dokumentation werden die Herkünfte erfasst, digitalisierte Belege (Voucher) angefertigt und Informationen zur Hinterlegung des Originalmaterials aufgenommen. Die Entwicklung des zentralen Online-Netzwerk-Portals wird den physischen Zugang zu den Proben, die verknüpften Informationen und die Abwicklung der Bestellung stark vereinfachen. Europäische und internationale Bemühungen zur Standardisierung und Vereinheitlichung der verwendeten Verfahren werden durch das deutsche DNA-Bank-Netzwerk bereits heute aktiv unterstützt (z.B. SYNTHESYS, NA E "Developing Storage and Retrieval Systems for New Types of Collections").

Trotz der im Vergleich zur verbreiteten Laborpraxis hochqualitativen Lagerung und Zugänglichkeit der DNA-Proben in den DNA-Banken des Netzwerkes, sehen wir weiteren Forschungsbedarf im Bereich Optimierung der Lagerung von DNA. DNA-Strangbrüche und die Degradierung hochmolekularer DNA können stark vermindert werden durch Temperaturen von unter  $-60^{\circ}\text{C}$ , eine Lyophilisierung der DNA, die Verwendung geeigneter Kryotubes, den



Zusatz bestimmter zuckerartiger Polymere und die Vermeidung von Einfrier- und Auftauvorgängen. Mit Fokus auf neue und bessere DNA-Protektiva, eine Lagerung bei höheren Temperaturen, die Rehydrierung lyophilisierter DNA und einer Miniaturisierung der Lagerungsbehälter werden im Rahmen des Netzwerk-Projektes Versuchsreihen etabliert, die DNA-Lagerung qualitativ zu optimieren, und die spezifischen Lagerungskosten zu verringern. Ferner werden innovative Methoden zur Markierung der Tubes untersucht, zur Wiedererkennung, Monitorierung und Inventarisierung der DNA Proben über 2-D Barcode oder Rfids (Radio Frequent Identification) für die automatische Datenerfassung und kontaktlose Identifizierung, was vor allem für viele Proben mit geringem Volumen von Bedeutung ist. Innerhalb der nächsten zwei Jahre wollen die beteiligten Institutionen ein Symposium zu diesem Thema unter Beteiligung von Physikern, Biochemikern und Biobank-Betreibern durchführen.

Das Angebot des Netzwerkes ist für die Bezieher als auch die Spender von DNA-Proben gleichermaßen von Interesse. Kaum eine der uns bekannten deutschen Institutionen, in denen heute an Wildorganismen geforscht wird, dürfte in der Lage sein, über einen längeren Zeitraum eine vergleichbar hochqualitative und vor allem langfristige Lagerung und Dokumentation von DNA-Proben zu garantieren. Die wissenschaftliche Attraktivität einer DNA-Bank wird wesentlich durch die Anzahl an verfügbaren Proben bestimmt. Eine wichtige Aufgabe der Netzwerk-Partner besteht deshalb darin, externe Wissenschaftler zu überzeugen, dass ihre DNA-Proben hier sachgerecht aufgearbeitet und gelagert werden. Dabei spielt auch die online-Verfügbarkeit digitalisierter Bilddaten der Belege in hoher Qualität eine große Rolle. Die DNA-Banken werden auch Silica-Gel getrocknetes Material

oder in Alkohol gelagerte Proben übernehmen und langfristig bewahren. So können Belege sinnvoll weiterverwendet werden, die in früheren Untersuchungen teilweise ungenutzt blieben.

Nach den Schätzungen einer Machbarkeitsstudie werden in den ersten Jahren Investitionskosten für den Sammlungs- und Betriebsaufbau von ca. 500.000 € (ohne Personal) zu rechnen sein. Stimmende Qualität und Dokumentation der ausgelieferten DNA, wird angestrebt, den Nutzer der DNA-Bank bei Anfragen an den anfallenden Kosten in einem zumutbaren Rahmen zu beteiligen, die Einlagerung wird kostenlos möglich sein. Vor dem Hintergrund alternativer notwendiger Forschungsreisen halten wir einen Betrag hierfür als zumutbar, der jedoch in keiner Weise die laufenden Kosten decken wird. Selbstverständlich wird seitens der DNA Banken im Projekt zugesichert, dass ein kostenloser Zugang für selbst eingebrachte DNA-Proben weiterhin möglich sein wird (Kulanzregel). Zugangsbeschränkungen (etwa wie bei

EMBL) werden sicherstellen, dass Proben, an denen noch geforscht wird, von anderen Wissenschaftlern zeitlich befristet nicht bestellt werden können.

Es wird im Zusammenhang mit der Etablierung des DNA-Bank-Netzwerkes keine Beschränkung des traditionellen Zugangs zu den Sammlungen geben. Es handelt sich hier um ein zusätzliches Angebot zur Förderung der Forschung. Von großem Interesse dürfte sein, dass die DFG dieses Projekt ausdrücklich befürwortet. Neuanträge bei der DFG können also ab sofort den entsprechenden Kostenblock enthalten.

Qualität und Quantität des Sortiments sowie seine Dokumentation werden langfristig über die Akzeptanz, die Nutzung und damit den Erfolg des DNA-Bank-Netzwerkes entscheiden. Wir hoffen, dass dieser Beitrag das Projekt transparent gemacht hat und einen ersten Anstoß zur Bereitstellung von nicht mehr genutzten DNA-Proben oder bislang ungenutzten DNA-haltigen Materials gibt.

Die Autoren stehen gerne für weitere Auskünfte zur Verfügung.

Holger Zetzsche und Birgit Gemeinholzer, Berlin ■

## **Biodiversität des Himalaya**

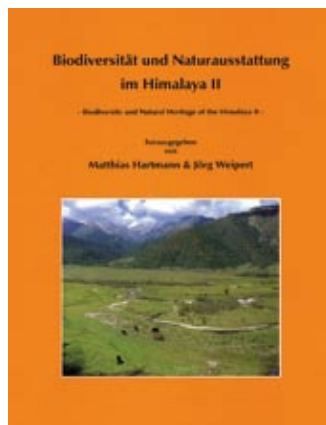
Neuer Kongressband

Nach der ersten internationalen Tagung zur „Biodiversität und Naturlandschaft im Himalaya“ im Dezember 2002 im Erfurter Naturkundemuseum fand ebenfalls in Erfurt 2005 die zweite Tagung statt, deren Ergebnisse nun in einem Kongressband vorliegen. Durch die Aktivität des dortigen Coleopterologen Matthias Hartmann hat sich am Erfurter Naturkundemuseum in den letzten Jahren ein Zentrum der Himalayaforschung entwickelt. Ein Zeichen dafür war auch die Teilnahme einiger Wissenschaftler aus den Himalaya-Staaten. Die 33 vorliegenden Originalarbeiten von ebenso vielen Autoren aus neun Ländern machen wiederum deutlich, daß wir es beim Himalaya mit einer der artenreichsten und sensibelsten Regionen der Erde zu tun haben. Deutlich werden aber ebenso die noch enormen Defizite unserer Kenntnis von Fauna und Flora. Das Spektrum der Arbeiten in beiden großformatigen Kongressbänden auch mit Farbtafeln umfasst Aspekte der Faunistik, kommentierte Artenlisten, ökologische Fragen, Themen des Biotop-, Natur- und Ressourcenschutzes sowie taxonomische und phylogenetische Analysen. Etwa 70 % der Arbeiten behandeln Insekten.

Nepal gilt als „Hot Spot“ der Evolution, das kleine Land im zentralen Teil des Himalaya beherbergt auf engstem Raum eine vergleichsweise ungewöhnlich hohe Zahl von Tier- und Pflanzenarten, die sonst auf unserer Erde nirgendwo vorkommen. Hauptursache

für diese jungen, dynamischen Artbildungsprozesse im Himalaya ist die enorme Vertikalerstreckung von fast 9 Kilometern (von denen etwa 6 Kilometer biologisch „besetzt“ sind), die Platz schafft für eine außergewöhnlich hohe Zahl unterschiedlicher ökologischer Nischen, die zudem durch tiefe Zertalungen voneinander isoliert sind. Die Vorfahren der heutigen Flora und Fauna sind aus verschiedensten Regionen (Südchina, Indochina, Tibet) in den erdgeschichtlich relativ jungen Himalaya eingewandert und haben sich während der Auffaltungsphase des Gebirges und den damit einhergehenden ökologischen Veränderungen oftmals vor Ort zu gewaltigen Artenschwärmen entwickelt. Ganz viele dieser jungen Arten, und das gilt insbesondere für die bodenlebende Kleintierfauna des Waldes, haben deshalb nur ganz kleine Verbreitungsareale in Nepal in vertikaler wie auch in horizontaler Ausdehnung, schon im nächsten Gebirgsstock oder in einer benachbarten Höhenstufe leben meist andere Arten.

Wenn ein solcher ursprünglicher Primärwald abgeholzt wird, haben die zahlreichen sich genau hier im Verlaufe der Evolution entwickelten und angepassten Bewohner keine Möglichkeit, sich in andere Gebiete zurückzuziehen, denn dort sind die entsprechenden ökologischen Nischen bereits von anderen Arten besetzt, ganz abgesehen von geringen Fähigkeiten der Migration (z.B. Flügellosigkeit) oder von geografischen Barrieren. Auch wenn für das menschliche Auge nicht auf den ersten Blick erkennbar – ein größeres Artensterben und nicht nur eine Artverdrängung ist im abgeholzten Gebiet die natürliche Folge. Was jedoch einmal ausgestorben ist, ist unwiderruflich verloren, es kann auch nicht mehr in einen wiederaufgeforsteten oder durch Wildwuchs entstandenen Sekundärwald einwandern. Natürlich hat auch ein solcher Sekundärwald seine biologische Bedeutung (z.B. Erosionsschutz, Wasserspeicher, Verminderung des



Holznutzungsdruckes auf den Primärwald), aber mit dem ursprünglich vorhandenen Primärwald und dem Schatz seiner zahlreichen einmaligen Bewohner ist er nicht vergleichbar – der Verlust an biologischer Diversität, an genetischer Vielfalt, ist endgültig und daher nicht wiederherstellbar.

Die ökologische Verletzlichkeit des nepalischen Himalaya, insbesondere die weitflächige Abholzung der ursprünglichen Wälder ist wissenschaftlich belegbare Tatsache. Auf die unbestreitbare Dynamik der Berge können Tiere und Pflanzen im Verlauf der Evolution selbstverständlich reagieren, sie ist sogar die „Evolutionpumpe“, die ihr

## Kein Virus in Sicht!

Ein Replik auf Wolfgang Wägele

Entstehen überhaupt ermöglicht hat. Aber wenn die natürliche Erosion durch den menschlichen Einfluss ihre Geschwindigkeit dermaßen vergrößert, wie es gerade in Nepal leider der Fall ist, ist die Gebirgsdynamik eher ein zerstörender Faktor und viele Tiere und Pflanzen haben dann keine Chance mehr. Und vielleicht gilt das auch für den Menschen.

Wolfgang Schawaller, Stuttgart ■

Hartmann, M. & Weipert, J. (2006): Biodiversität und Naturlandschaft im Himalaya II. – Verein der Freunde und Förderer des Naturkundemuseums Erfurt e.V., Erfurt, 548 S. – ISBN 3-00-019541-6.

Bezugsadresse: Verein der Freunde und Förderer des Naturkundemuseums Erfurt e.V., Große Arche 14, 99084 Erfurt. – Preis 89,- € (plus Versand), Sonderpreis auf Anfrage bei Abnahme auch des ersten Bandes.

Im letzten Newsletter (Nr. 17: 26-30) der GfBS kritisiert Wolfgang Wägele eine Reihe molekular-systematischer Artikel der vergangenen Jahre und meint eine „Seuche“, die eine andere Qualität hat als die tolerierbaren Irrtümer, und die anscheinend um sich greift...“ zu erkennen. Für diese „Seuche“ bzw. den „Virus“ verwendet Herr Wägele den Begriff „Giribetismus“, benannt nach dem Harvard Professor Gonzalo Giribet. Herr Wägele charakterisiert den „Giribetismus“ wie folgt: „Ich sehe handwerkliche Fehler, leichtsinnigen Umgang mit vorhandenem Hintergrundwissen, und eine Einstellung zur Wissenschaft, die durchaus unethisch genannt werden kann.“ Ich denke, der Beitrag von Herrn Wägele kann nicht unkommentiert gelassen werden.

Zunächst einmal muss ich feststellen, dass die Art und Weise wie Herr Wägele den Begriff „Giribetismus“ verwendet, einmalig und gänzlich unpassend ist. Die Personifizierung ist vollkommen überflüssig und ein solcher Umgang mit dem wissenschaftlichen Werk eines Kollegen hat mich sehr erschrocken. Ohnehin sollte es sich von selbst verbieten, vermeintliche „Viren“ oder „Seuchen“ in dieser Weise mit dem Namen eines Kollegen zu belegen.

Aber abgesehen davon ist Gonzalo Giribet in keiner Weise geeignet, das zu repräsentieren, was Wolfgang Wägele kritisiert. Herr Giribet hat ca. 100 Arbeiten publiziert, darunter z.B. Meilensteine zur Phylogenie der Chilopoda, denen „mangelndes Hintergrundwissen“ zu unterstellen, absurd wäre. Gonzalo Giribet hat zu einer Vielzahl von Taxa erste und wichtige molekular-systematische Beiträge geliefert, wie zu Gnathostomulida, Kinorhyncha, Loricifera u.v.a. Auch in diesen Arbeiten kann ich weder Ignoranz gegenüber bestehendem Wissen oder gar ein „un-ethisches“ wissenschaftliches Arbeiten erkennen. G. Giribet hat

aber auch taxonomische Arbeiten über Opiliones publiziert, die einen hohen Standard setzen, was Präzision und Qualität der Dokumentation betreffen. Viele andere Arbeiten könnten hier aufgezählt werden, die höchsten Ansprüchen gerecht werden. Natürlich gibt es auch in den Arbeiten G. Giribets Kritikwürdiges, aber da Herr Wägele das wissenschaftliche Werk G. Giribets so generell bewertet, ist es nicht akzeptabel, die genannten Arbeiten zu verschweigen. Dass Gonzalo Giribet Anfang dieses Jahres an der Harvard Universität „tenure“, also eine Lebenszeit-Professur an einer der weltweit führenden Universitäten erhalten hat, ist Ausdruck der hohen Wertschätzung, die er an seiner Universität und auch international genießt. Aus meiner persönlichen Einschätzung heraus teile ich diese hohe Wertschätzung! Ich bedauere daher sehr, dass Gonzalo Giribet aufgrund des Beitrages von Herrn Wägele aus dem Editorial Board von ODE ausgeschieden ist.

Natürlich verdient es der Beitrag von Herrn Wägele, sich mit den Details der inhaltlichen Kritik auseinanderzusetzen. Ich finde es sehr bedauerlich, dass durch die völlig unnötige Personifizierung eine Auseinandersetzung mit den Inhalten der Kritik Wägeles in den Hintergrund gelangen könnte. In einigen Punkten fällt es leicht, die Kritik von Herrn Wägele aufzunehmen. Kontaminationen, falsche Genbank-Zugangsdaten und falsche Artnamen sind ärgerlich und sind, zumindest wenn sie gehäuft auftreten, durchaus als Schlampereien zu benennen. Ich denke, es kann auch vermieden werden, den Eindruck zu erwecken, dass der Umfang der analysierten Daten größer ist als es tatsächlich der Fall ist. Hier wäre es vielleicht sinnvoll, nicht die maximale Länge eines bei verschiedenen Arten untersuchten Genabschnittes anzugeben, sondern einen Mittelwert. Natürlich sollte auch Hintergrundwissen in angemessener

Form dargestellt werden. Ob in jeder molekular-systematischen Arbeit allerdings eine Diskussion aller morphologischen und palä-ontologischen Befunde ihren Platz hat, möchte ich mit einem Fragezeichen versehen.

Unbestritten ist auch, dass Rohdaten anderen zur Verfügung gestellt werden müssen. Für die Sequenzen ist das ja auch allgemeine Praxis (z.B. in GenBank). Inwieweit Alignierungen Rohdaten darstellen, ist allerdings nicht eindeutig zu beantworten.

G. Giribet z.B. verwendet ganz überwiegend „Direct Optimization“ als Analyse-methode, bei der Alignierung und phylogenetische Analyse in einem Schritt vollzogen werden. Hier gibt es also gar kein Alignment im eigentlichen Sinne (also als Rohdaten).

Sequenzen und Analyseparameter, die selbstverständlich im Methodenteil der Publikationen genannt werden müssen, sollten also (zumindest theoretisch) genügen, um die Ergebnisse zu reproduzieren.

Ein weiterer Aspekt, den Herr Wägele kritisiert, ist die fehlende Diskussion bestimmter Analyseergebnisse, die offensichtlich unsinnig sind. Hier möchte ich nur ein Beispiel aufgreifen. Herr Wägele kritisiert: „ein Flohkrebs gesellt sich zu den Copepoden, Leptostraken arbeiten sich an die Spitze des Malakostraken-Stammbaums vor (Giribet et al. 2005), ohne das diskutiert wird, was der Leser davon akzeptieren soll und was nicht“. Da ich selbst an dieser Arbeit als Autor beteiligt war, fällt es mir leicht, darauf einzugehen. Zunächst einmal bestimmen die Rohdaten (= Sequenzen) und die jeweiligen Analyseparameter, welche Ergebnisse ich erhalte und nicht meine vorhandenen Vorstellungen über die Verwandtschaftsbeziehungen. Ich bin durchaus der Meinung, dass es auch zu einem „ethischen“ wissenschaftlichen Publizieren gehört, diese Probleme nicht zu unterschlagen (z.B. durch Weglassen bestimmter „nicht passender“ Sequenzen, ohne dass dies in der Publikation benannt wird). Sicherlich müssen aber die so erhaltenen Ergebnisse bewertet werden.

Für eine solche Bewertung gibt es jedoch ganz verschiedene Ansätze. In der genannten Arbeit war es eine „sensitivity analysis“, also die Verwendung einer Vielzahl von Analyseparametern, die Aussage über die Stabilität verschiedener Ergebnisse geliefert hat. Die genannten Verwandtschaftsbeziehungen fanden sich nicht in anderen Analysen bestätigt und wurden daher auch nicht diskutiert. Es wäre auch völlig unsinnig, jede in einem Dendrogramm auftretende Schwestergruppen-Hypothese zu diskutieren.

Möglicherweise gibt es hier auch ein Missverständnis, welches einer Auflösung bedarf. Die klassische phylogenetische Systematik (sehr gut nachzuvollziehen im Lehrbuch von Herrn Ax „Das System der Metazoa“ 1995-2001) bedient sich ja der Stammbaum- oder Kladogramm-Darstellungen, um tatsächlich die von dem Autor vertretenen Verwandtschaftsbeziehungen zu begründen. Dabei sind diese intersubjektiv nachvollziehbaren „Argumentationsschemata“ natürlich etwas ganz anderes als die intuitiven Darstellungen aus Vor-Hennigscher Zeit.

Bei computergestützten kladistischen Analysen morphologischer Merkmale sieht es anders aus. Das sparsamste Kladogramm stellt diejenige Verteilung vermeintlich homologer Merkmale mit der geringsten Anzahl von Widersprüchen dar. Ob das der Ansicht des Systematikers über die Verwandtschaftsbeziehungen entspricht, steht auf einem anderen Blatt. Darüber, ob das ein Vorteil oder ein Nachteil computergestützter kladistischer Analysen ist, ließe sich sicherlich streiten. Erst recht gilt das natürlich für molekular-systematische Analysen. Auch hier mag man das als Vorteil oder Nachteil sehen, es bedarf aber des genauen Lesens des publizierten Textes, um zu beurteilen, ob das dargestellte Dendrogramm tatsächlich der Ansicht der Autoren entspricht.



Vielleicht sind aber auch die nackten, unkommentierten Ergebnisse interessanter als die Ansichten der Autoren.

Zum Abschluss möchte ich das aufnehmen, was ich für den Kern von Wägeles Kritik halte. Herr Wägele unterstellt „Nicht der Fortschritt der Erkenntnis steht im Vordergrund, sondern die publizistische Wirksamkeit.“ Zuvor war ein Vergleich mit der Sensationspresse gezogen. Tatsächlich kann man bei manchen Artikeln (nicht nur molekular-systematischen) den Eindruck gewinnen, dass Herr Wägele recht hat. Durch die überflüssige und nicht zutreffende Personalisierung verschiebt aber Herr Wägele das Problem nach Übersee. Doch auch in Deutschland wird wohl manches Mal die „publizistische Wirksamkeit“ höher als die „Erkenntnis“ eingeschätzt. Dass dies in den USA und anderswo auch nicht viel anders ist, halte ich für zweitrangig. Ich wäre auch vorsichtiger als Herr Wägele, die Welt in die Autoren „publikumswirksamer“ Artikel auf der einen Seite und all jene, „die sich ernsthaft um Erkenntnisgewinn bemühen“ auf der anderen Seite einzuteilen. Jedem ist doch bewusst, dass in der Regel nach dem „Nature“ oder „Science“ Artikel gefragt wird und nicht nach der in diesem Artikel dargelegten Erkenntnis. Manche Mitglieder von Berufungskommissionen sagen doch ganz offen, dass sie die von den Bewerbern beigelegten Artikel nicht lesen, sondern auf Anzahl und Publikationsorgan schauen und sich im Übrigen auf die Gutachter verlassen. Und mir sind diverse Diskussionen in Erinnerung, gerade auch im Kreise der Systematiker, dass man zumindest den „jungen Leuten“ dringend empfehlen muss, in „hochrangigen“ Journals zu publizieren, um bessere Chancen auf eine Stelle zu erhalten. Was soll die ganze Diskussion um einen „Impact Factor für Systematiker“, wenn es doch ausschließlich um den Fortschritt der Erkenntnis geht? Ich stimme ausdrücklich zu, dass

dieses Grundprinzip der Wissenschaft wieder mehr Beachtung finden muss, dazu muss sich aber zuallererst etwas in der Einstellung hier bei uns ändern, denn die Gutachter für DFG Anträge und für Stellenbesetzungen sind weiterhin zuallererst in Deutschland selbst zu finden. Polemische Angriffe gegen erfolgreiche Kollegen aus Übersee lenken von diesem Problem nur ab!

Stefan Richter, Rostock ■

## Workshop on CeDAMar Isopoda



The main topics covered were standard methods, the use of computer software (DELTA, DDescriptive Language for TAXonomy), different microscopy methods such as scanning electron microscopy (SEM) and confocal laser scanning microscopy (CLSM) and molecular genetics, and how these can contribute to accuracy of species descriptions, accessibility and amount of information. A purpose was also to describe more new species out of the CeDAMar material (such as from ANDEEP and DIVA expeditions) contributing to a special volume of *Zootaxa* dedicated to Deep-

Within the framework of the Census of the Diversity of Abyssal Marine Life (CeDAMar) a workshop on deep-sea Isopoda was held at the German Centre of Marine Biodiversity Research (DZMB) in Wilhelmshaven, Germany during the last week of March 2007. A group of 23 international taxonomists exchanged knowledge and ideas about emerging techniques for species descriptions and systematics.

Sea Biodiversity, under the CeDAMar objective of describing 500 species by 2010. Talks were given covering topics like standard methods of species descriptions (Olga Golovan, Dr. Marina Maluytina), the use of DELTA in species description (Dr. Gary Poore) or how genetics can contribute to species descriptions (Karen Osborn).

Working groups were organized due to the different techniques, comprising the following methods: standard methods of species description, digital drawing using Adobe Illustrator, CLSM and DELTA.

### *Standard Methods of species descriptions*

Even though it is time consuming, illustrations should be as accurate and complete as possible. This will make

it easier for both taxonomists and “para-taxonomists”, to identify species, with an emphasis on sibling species. Accuracy is also needed for phylogenetic analysis and reduces the necessity for future redescrptions.

Due to the amount of undescribed deep-sea species, more than 80% of Southern Ocean deep-sea isopods are new to science (Brandt *et al.* in press), there is a need to make pencil sketches available for other scientists.

### CLSM

The CLSM has been mainly used in the Cell or Molecular Biology, but it appears to be ideal for viewing small scale structures useful for taxonomy and functional morphology, for example differentiating sibling species. A major advantage of using the CLSM is the view of the object from multiple perspectives. Using the CLSM makes it possible to use the objects for subsequent line drawings, in contrary to the SEM. The use of the CLSM, however, is limited due to size of object, which needs to be fairly small (< 1.5 mm).

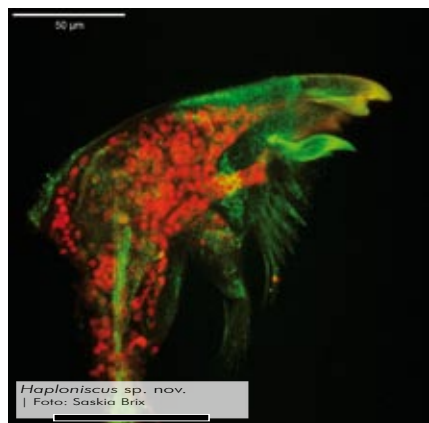
### Digital drawing

This method allows rapid illustrations with a high resolution, which can be arranged with ease for the final publication. An introduction to digital drawing is given by Coleman (2003).

### DELTA

This program is used to create a file which can be used for species descriptions, web-based Interactive Keys (INTKEY) (e.g. [www.biodiversity.uno.edu./delta/](http://www.biodiversity.uno.edu./delta/), [www.crustacea.net](http://www.crustacea.net)) and nexus files for phylogeny.

Gene sequences do not mirror morphological features but display additional characters. Genetic data can be a useful tool. It can provide additional characters to distinguish species or reconstruct phylogenies.



From what was discussed over the workshop week, there are a number of points we can conclude:

- imaging tools like the CLSM 3 D software will rapidly improve in quality and ease of use, and can help to describe species in even more detail
- a balance between the amount of detail in species descriptions and the number of species descriptions must be found regarding the extremely high number of new species sampled in deep-sea areas
- it is essential to embrace future technological advances to make the most effective use of these, e.g.

## 9. Jahrestagung der GfBS

Wien von seiner schönsten Seite

micro-chromatography, and combine those to provide a powerful tool for the use in science

- the future research on abyssal marine life is certain to yield many species new to science. Thus, embedding new methods into species descriptions is absolutely necessary, e.g. in INTKEY and data bases like molecular data in genbank.

Saskia Brix, Frankfurt ■

Brandt, A., Brix, S.I., Brökeland, W., Cedhagen, T., Choudhury, M., Cornelius, N., Danis, B., De Mesel, I., Diaz, R.J., Gillan, D.C., Hilbig, B., Howe, J., Janussen, D., Kaiser, S., Linse, K., Maljutina, M., Brandao, S., Pawlowski, J., Raupach, M., Gooday, A.J. (in press). The Southern Ocean deep sea: first insights into biodiversity and biogeography. *Nature*

Coleman, O. 2003. "Digital inking": How to make perfect line drawings on computers. *ODE 3, Electr. Suppl. 14*, 1-14.

Die 9. Jahrestagung der Gesellschaft für Biologische Systematik (GfBS) fand in diesem Jahr zum ersten Mal in Österreich, am Naturhistorischen Museum in Wien (NHM) statt. Organisiert wurde die Tagung vom NHM in Zusammenarbeit mit den Freunden des Naturhistorischen Museums und der Universität Wien.

Am Dienstag, vor Beginn der eigentlichen Tagung, fanden die Sitzung des Vorstandes der GfBS und das Treffen der AG Kuratoren, organisiert und geleitet von Marion Kotrba, statt. Im Vorfeld der Sitzung wurde für Interessierte eine Führung hinter die Kulissen des NHM angeboten: Verena Stagl gab einen historischen Überblick über Gebäude und Sammlungen, Heiner Schönmann führte in die Käfersammlung, Ernst Vitek durch die riesigen Herbarien, Ernst Mikschi durch die beeindruckende Fische Sammlung mit besonderer Berücksichtigung der Alkoholsammlung. Heinz Grillitsch und Franz Tiedemann zeigten die Bestände der herpetologischen Sammlung mit besonderer Berücksichtigung der Kompaktanlagen und des Tiefspeichers. Maria Teschler-Nicola erörterte die Probleme anthropologischer Sammlungen und Barbara Herzig demonstrierte die Säugetiersammlung samt Datenbanken.

Am Dienstagabend wurde mit dem Icebreaker und Begrüßungsworten von Generaldirektor Bernd Lötsch die 9. Jahrestagung der GfBS mit einer Weinverkostung offiziell eröffnet – eine Jahrestagung, an der insgesamt 262 Personen aus 11 verschiedenen Ländern teilnahmen.

Der Mittwoch begann mit Begrüßungsworten von Wolfgang Wägele (Präsident der GfBS) und Ulrike Aspöck (Tagungspräsidentin, NHM), die gleichzeitig die Gründung von NOBIS Austria (Network of

Biological Systematics Austria) bekannt gab. Darauf folgte der erste Block mit Plenarvorträgen: Walter Sudhaus "Artbegriff in der Zoologie – theoretisch und pragmatisch" und Susanne Renner "New developments in the implementation of phylogenetic naming". Dann mussten parallele Sektionen gestartet werden, um die insgesamt 77 Vorträge unterzubringen. Weiters wurden 75 Poster präsentiert.

In der Mittagspause tagten die JuSyS (Junge Systematiker) unter der engagierten Leitung von Anna Hundsdörfer.

Am Nachmittag folgten die nächsten Plenarvorträge: Martin Schlegel "The species concept and protist evolution" und Lutz Bachmann "Genetic variation in Holocene bowhead whales from Svalbard". Neben einer „Ancient-DNA“ Sektion war der Tag dem "Naming und Ranking" in Zoologie, Botanik und Protistologie gewidmet.

Am Abend standen anlässlich der Mitgliederversammlung der GfBS (siehe besonderer Bericht) die Wahlen des Vorstandes auf dem Programm und etliche

andere Punkte. Danach ging es gleich mit eigens für die Teilnehmer reservierten öffentlichen Bussen nach Neustift am Walde, zum Empfang des Bürgermeisters beim Traditionsheurigen





Aufmerksam lauschte das Publikum den Vorträgen  
| Foto: Ralph O. Schill

Weitere Sektionen waren „Freie Themen Zoologie“ und „Zoologie – Morphologie“. Am Nachmittag gab es ein weiteres Highlight mit dem Plenarvortrag von Jeff Schwartz “So many hominid fossils but so little systematic rigor”, der einen Block „Anthropologie“ und „Organellen DNA“ einleitete. Zwei große Vortragsblöcke zum Thema „Biogeographie“ rundeten das Programm ab.



Wissenschaftliche Kunstwerke waren bei der Postersession anzutreffen | Foto: Ralph O. Schill

Am Abend wurde der Bernhard-Rensch-Preis an Albrecht Manegold vergeben; nachdem dieser verhindert war, wurde sein Beitrag stattdessen von

„Fuhrgassl-Huber“. Dort empfing uns ein überwältigendes Buffet, welches nach kurzer Ansprache von Heinz Hufnagl (Landtagsabgeordneter) eröffnet wurde.

Walter Sudhaus vorgestellt. Weiters wurden die besten studentischen Beiträge prämiert.

Der Donnerstag begann mit den Plenarvorträgen: Jes Rust “Der Beitrag der Paläontologie zur modernen Systematik” und Horst Aspöck & Julia Walochnik “The parasites of humans in the light of co-evolution”.

Beste Vorträge:

■ Karen Meusemann: The Atelocerata: a vanishing hypothesis – molecular phylogeny of basal hexapods. und ■ Neela Enke: First insights into speciation processes in *Crepis* L. (Compositae)

Beste Poster:

■ Barbara Klee: Species boundaries in *Limax* (Gastropoda: Stylommatophora): extreme colour variations in and between species. und ■ Janine M. Ziermann: Identifying sequence heterochronies in *Lissamphibia*.



Am Freitagvormittag gab es noch einen Block über Datenbanken und abschließend wurde unter der Leitung von Ulrike Aspöck und Wolfgang Wägele die Thematik „Schaustellung versus Bewahrung“ eingehend diskutiert. Währenddessen präsentierte Gerhard Steiner seinen Workshop „Bayessche Methoden in der phylogenetischen Rekonstruktion“ im wegen des großen Interesses überfüllten Kurssaal des NHM. Um 13 Uhr wurde mit den Schlussworten von Wolfgang Wägele (Präsident der GfBS) die Tagung offiziell beendet. Einige Begeisterte führte Dominique Zimmermann danach noch zu den Insekten, auf das Dach und in die Stadt.

Im Namen der Organisatoren ein herzliches Dankeschön an alle Teilnehmer für Ihre großartigen Beiträge und die tolle Atmosphäre, an alle Helfer und Mitarbeiter, für die Unterstützung der GfBS und zu guter Letzt an die Sponsoren für deren finanzielles Hilfe.

Die äußerst positiven Reaktionen bestätigen unseren Eindruck einer gelungenen Veranstaltung – exemplarisch ein Kommentar eines Teilnehmers: „der absolute Hammer“!

Christoph Hörweg und Helmut Sattmann  
für die Organisatoren, Wien ■



## 9. Treffen der AG Kuratoren

auf der GfBS-Jahrestagung in Wien

Das Kuratorentreffen 2007 fand unter der Leitung von Marion Kotrba unmittelbar vor der GfBS Jahrestagung am 20. Februar 2007 mit insgesamt 47 Teilnehmern im Naturhistorischen Museum Wien statt. Für die Einladung nach Wien möchten wir uns herzlich bei den Kollegen Ulrike Aspöck und Helmut Sattmann bedanken.

Vorträge wurden von Robert Huxley (Museum of Natural History, London) zu einem Teilprojekt des EU Programms SYNTHESYS ([www.synthesys.info](http://www.synthesys.info)) gehalten, das sich mit Mindeststandards für Sammlungen und Sammlungsmanagement befasst, sowie von Daniel Burckhardt und Marion Kotrba (Naturhistorisches Museum Basel bzw. Zoologische Staatssammlung München) mit speziellen Ausführungen über die Alkoholkonservierung und die Alternativen, Vergällung, geeigneten Gläsern, Etiketten etc. Diesem Bericht folgte ein Vortrag über die Planung eines neuen Alkoholmagazins im wiederaufgebauten Ostflügel des Berliner Naturkundemuseums von Carsten Lüter (Museum für Naturkunde,

Berlin). Hier wurde Einblick in die Planungen gegeben und die Anforderungen erläutert. Markus Thiem (Fa. Anton Paar GmbH, Anton-Paar-Str. 20, A-8054 Graz, Tel. +43 (0)316 257 180, [markus.thiem@anton-paar.com](mailto:markus.thiem@anton-paar.com).) stellte das Dichtemessgerät DMA 35N zur Messung von Alkoholkonzentrationen vor, das auch in einer MEK resistenten Version angeboten wird.

Eindrücklich hat Ernst Vitek (Naturhistorisches Museum Wien) den erfolgreichen Einsatz vieler ehrenamtlicher Kräfte in der Botanischen Abteilung des Naturhistorischen Museums Wien aus der Praxis geschildert und zur Nachahmung empfohlen.

Für die Wahl des neuen Sprechers der AG Kuratoren (Marion Kotrba stand für diese Aufgabe nicht mehr zur Verfügung) kandidierte Peter Giere (Museum für Naturkunde, Berlin). Seine Wahl erfolgte mit 14 Stimmen bei keiner Gegenstimme und einer Enthaltung. Der Stellvertreter Michael Schmitt (Museum Alexander Koenig, Bonn) wurde in seinem Amt bestätigt. Marion Kotrba sei an dieser Stelle noch einmal herzlich für ihren großen und vielfältigen Einsatz für die Belange der Sammlungen und ihrer Betreuer innerhalb der GfBS gedankt.

Abschließend wurde von Marion Kotrba der Testzugang zur Neuen Website von ZEFOD ([www.genres.de/CF/zefod/index.cfm](http://www.genres.de/CF/zefod/index.cfm)) vorgestellt und in einem Vergleich mit der alten Struktur die Vorzüge des neuen Design hervorgehoben.

Ein ausführlicher Bericht zu dem Treffen der Kuratoren findet sich unter [www.gfbs-home.de/ag-kuratoren](http://www.gfbs-home.de/ag-kuratoren).

Peter Giere, Berlin ■

## 43 Poster und 23 Vorträge

Bewertungen der studentischen Beiträge auf der GfBS-Jahrestagung in Wien

Aus den Reihen der JuSys kam ja letztes Jahr der Wunsch nach einer objektiven Bewertung der Poster und Vorträge des Nachwuchses, die zusätzlich eine Rückmeldung an die Autoren beinhaltet. Im letzten „Newsletter“ bat ich um erfahrene Systematiker, die als Mitglieder einer Jury diese Beurteilung durchführen würden. Es meldeten sich auch genügend Bewertungswillige, damit die Aktion stattfinden konnte. Ich danke ganz herzlich Dr. Olaf Bininda-Emonds, Dr. Jutta Buschbom, Dr. Birgit Gemeinholzer, Dr. Daniela Guicking, Prof. Dr. G. Haszprunar, Dr. R. Jahn, Jun.-Prof. Dr. Annette Klussmann-Kolb, Prof. Dr. A. Preisfeld, Dr. Ira Richling, Dr. Ralph O. Schill, Prof. Dr. W. Sudhaus, Prof. Dr. W. Westheide und Dr. Martin Wiemers für Ihren Einsatz als Mitglieder der Jury zur Bewertung der studentischen Beiträge!

Insgesamt wurden 43 Poster und 23 Vorträge bewertet. Es wäre für nur jeweils eine einzige Poster- bzw. Vortrags-Jury zuviel gewesen, diese Menge an Beiträgen zu bewerten. Also wurden je zwei Jurys gebildet, die jeweils die Hälfte der Poster bzw. Vorträge bewerteten. Aufgrund dieser parallelen Begutachtung kam es allerdings dazu, dass je zwei Preise vergeben wurden: Zwei beste studentische Vorträge und zwei beste studentische Poster wurden ausgezeichnet. Ich danke dem Vorstand der GfBS (darin besonders Herrn Haszprunar für die Anregung) sehr, dass die Gesamtsumme des zur Verfügung stehenden Preisgelds wegen dieser Sondersituation ausnahmsweise von 300 € auf 400 € aufgestockt wurde, so dass jede(r) GewinnerIn mit je 100 € belohnt wurde. In Zukunft ist es natürlich erstrebenswert, alle Beiträge miteinander zu vergleichen und die Preisvergabe zu staffeln nach einem 1. und einem 2. Platz. In Wien fand 2007 aber zunächst die erste Testrunde statt, der Optimierungsbedarf kommt daher nicht überraschend.



Das gilt auch für die Kriterien nach denen die Beiträge bewertet wurden. Jana Hoffmann (Berlin) und ich haben nach Mohler (1996), Ebel & Bleifert (1994), Will (2006) und Briscoe (1996) zahlreiche Fragen herausgearbeitet, die die Mitglieder der Jury beantworten sollten (siehe Ende des Beitrags). Die Bereiche mit Optimierungsbedarf stellten sich rasch heraus, beispielsweise gab es gar keine mündliche Postervorstellung, wie Jana und ich erst gedacht hatten, und insgesamt hatten wir wohl den Schwerpunkt der Bewertung viel zu sehr auf den Stil gesetzt, anstatt mehr auf den Inhalt und die angewandte Methodik. Wir dachten die Beurteilung des Inhalts sei für Spezialisten anderer Arbeitsgebiete und -richtungen zu schwierig,

## Herzlichen Glückwunsch!

Die Preisträgerinnen stellen sich vor

aber die erfahrenen Jurymitglieder haben natürlich im Gegensatz zu uns schon oft in übergreifenden Thematiken geprüft und haben daher bereits viel Übung in der Beurteilung der Qualität wissenschaftlichen Inhalts im allgemeinen. Wertvolle Hinweise der Jury von 2007 haben also schon jetzt dazu geführt, dass der Bewertungsbogen stark modifiziert und dadurch verbessert wurde. Ich bin zuversichtlich, dass die Erfahrungen dieser ersten Testrunde im kommenden Jahr eine reifere Bewertung der studentischen Beiträge ermöglichen werden.

Anna Hundsdörfer, Dresden ■

Mohler, A. (1996) Die 100 Gesetze überzeugender Rhetorik. Verlag Ullstein, Frankfurt.

Ebel, H.F. & Bleifert, C. (1994) Vortragen in Naturwissenschaft, Technik und Medizin. VCH, Weinheim.

Will, H. (2006) Mini-Handbuch Vortrag und Präsentation. Beltz Verlag, Weinheim und Basel.

Briscoe, M.H. (1996) Preparing Scientific Illustrations. A Guide to Better Posters, Presentations and Publications. Springer Verlag, Berlin.

### Bester Vortrag 1

Frau Karen Meusemann arbeitet in einem Projekt, das ein Teilprojekt des SPP 1174 "Deep Metazoan Phylogeny – Stammesgeschichte der Großgruppen der Tiere" (DFG) ist. Aus diesem Projekt sollen molekulare Merkmale zu den basalen Stammgruppenvertretern der Hexapoden und Myriapoden beigesteuert werden. Molekulare Daten sollen helfen, die noch weitestgehend ungelösten Probleme der Arthropodenevolution zu rekonstruieren. Zusätzlich zum Beitrag am allgemeinen Metazoenstammbaum fokussieren sie sich auf drei Detailprobleme der Arthropodensystematik:

- Rekonstruktion der Verwandtschaftsverhältnisse der basalen (apterygoten) Hexapoda
- Phylogenie der Arthropoden in Koordination mit anderen Projekten innerhalb des Schwerpunktes
- Rekonstruktion eines rRNA basierten Stammbaums der Arthropoda und generell der Metazoa mit neuentwickelte Analysemethoden

Dabei werden Sequenzdaten aus den EST(expressed Sequence tags) Projekten und rRNA Daten in einer phylogenetischen Analyse integriert. Diese Strategie soll die Position von Schluesselarten in der Evolution der Hexapoden, etwa die entognathen Hexapoden, in einem Arthropodenstammbaum zuverlässig identifizieren.

zur Person: Dipl. Biol. Karen Meusemann, seit 2005 im Molekularlabor des Zoologischen Forschungsmuseums Alexander Koenig, Dissertantin in der Arbeitsgruppe B.Misof, Sektion Niedere Arthropoden. Ihr Studium absolvierte sie an der Uni Bonn, die Diplomarbeit wurde im Jahre 2003 ebenfalls am Museum Koenig abgeschlossen (Karyologische Untersuchungen an Subgenus *Agrodiaetus*, Lyce-nidae, Lepidoptera). [http://www.zfmk.de/web/ZFMK\\_Mitarbeiter/MeusemannKaren/Projekte/index.de.html](http://www.zfmk.de/web/ZFMK_Mitarbeiter/MeusemannKaren/Projekte/index.de.html)

## Bester Vortrag 2

In seiner Revision 1947 teilte Babcock die ca. 200 Arten der Gattung *Crepis* L. (Compositae) in 27 Sektionen aufgrund morphologischer und karyologischer Merkmale. Er formulierte Hypothesen zu Merkmalsevolution und Artbildung, die besagten, dass die Arten der Gattung *Crepis* hauptsächlich aufgrund von Veränderungen im Karyotyp (Chromosomenzahl und – morphologie) entstehen und nur sekundär durch Hybridisierung. Diese Hypothesen wurden von Frau Neela Enke durch eine molekulare Phylogenie (ITS) überprüft. Es gibt kaum Übereinstimmung zwischen den molekularen und den taxonomischen Gruppen, wie Babcock sie definierte, und die Chromosomenzahl variiert sehr stark innerhalb und zwischen den molekularen Gruppen. Beide Umstände weisen darauf hin, dass die Karyotypevolution nicht die treibende Kraft der Artbildung sein kann, sondern dass sich Hybridisierung und Introgression vermuten lassen.

zur Person: Dipl. Biol. Neela Enke hat an der Uni Marburg studiert und dort 2005 eine Diplomarbeit mit dem Titel „Morphologische und anatomische Untersuchungen an *Conopholis americana* (Orobanchaceae)“ bei Prof. Weber angefertigt. Seit Oktober 2005 ist sie am Botanischen Garten und Botanischen Museum Berlin-Dahlem und promoviert bei Dr. Gemeinholzer über die Merkmalsevolution der Gattung *Crepis* (Compositae).

## Bestes Poster 1

Die erstaunlich attraktiven und meist fungivoren Kielnacktschnecken (Schneigel) der Gattung *Limax* sind in Europa mit ca. 20-40 Arten vertreten, dazu kommen nach Recherchen der *Limax*-Arbeitsgruppe an der Zoologischen Staatssammlung München (ZSM) sogar eine ganze Reihe weiterer neuer Arten.



Die farbliche Variabilität lebender Tiere dieser Gattung führte regelmäßig zu Fehlbestimmungen im Feld und Unsicherheiten bezüglich Artgrenzen. In der aktuellen

Studie, die im Poster vorgestellt wird, haben wir Farbmorphen von zwei mitteleuropäisch weit verbreiteten Arten und einer neuen Art aus den Zentralalpen verglichen. Erste molekulare Daten (COI-Sequenzen) bestätigen den Artstatus aller drei Arten und ermöglichen eine eindeutige Zuordnung zweifelhafter Morphen zu einer der Arten.

zur Person: Basierend auf der laufenden Doktorarbeit von Barbara Klee (Phylogenie der Gattung *Limax*) an der Zoologischen Staatssammlung München, eines DFG-Projektes im Rahmen des SPP „Radiationen“ und einer Kooperationen Humboldt-Stiftung und DFG hat sich 2006 unter der Leitung von Prof. Haszprunar eine internationale *Limax*-Arbeitsgruppe, die „Task-Force *Limax*“ formiert. Weitere Informationen über unsere Aktivitäten auf [www.tf-limax.org](http://www.tf-limax.org) und <http://www.journal-malaco.fr/page-16.html>.

wicklungssequenzen Veränderungen erkannt, spricht man von Sequenzheterochronie. Als Teil einer laufenden Studie untersucht Frau Dipl. Biol. Janine M. Ziermann das zeitliche Auftreten der Kopfmuskeln larvaler Lissamphibia aus einer vergleichenden, phylogenetischen Perspektive. Ziel ist es unter anderem die potentielle Rolle von Sequenzheterochronien für die Evolution dieser Gruppe zu untersuchen.



zur Person: Dipl. Biol. Janine M. Ziermann interessierte sich bereits während des Studiums für die Embryologie, Entwicklungsbiologie und EvoDevo (evolutionäre Entwicklungsbiologie). Ihre Promotion zur „Evolutionären Entwicklung der Kopfmuskulatur von Lissamphibia“ fertigt sie derzeit in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. L. Olsson in Jena an.

## Bestes Poster 2

Bei der Untersuchung von Entwicklungssequenzen stellten unterschiedliche Wissenschaftler fest, dass es Ähnlichkeiten in der Entwicklung verschiedener Arten gibt, aber auch Unterschiede. Werden in der Reihenfolge von Ent-

## Die Jungen Systematiker JuSys

Aktuelle Aktivitäten

Dieses Jahr fing für die JuSys mit einem Workshop an: Im Januar lud Jutta Buschbom nach Großhansdorf (bei Hamburg) an das Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung ein, zu einer Einführung in DNA-basierte Techniken der systematischen Forschung. Über 20 Junge Systematiker kamen dafür sehr gerne in die Nähe von Hamburg. Es folgte die Mitgliederversammlung am 21.2.07 auf der GfBS-Tagung in Wien – ein unvergessliches Erlebnis dank



der Wiener Organisatoren! Die JuSys trafen sich, wie immer auf den Jahrestagungen, am Mittwoch zur Mittagszeit. Sonst gab es dabei normalerweise (und das darf auch in Zukunft weiter so sein!) belegte Brötchen, aber in Wien wurden wir nicht nur mit der im voraus angekündigten Gulaschsuppe verwöhnt, sondern zusätzlich noch mit einem reichen Buffet voller Köstlichkeiten. Das Ganze fand statt bei stimmungsvoll gedämpftem Licht und sanfter Hintergrundmusik im Mikrotheater des Naturhistorischen Museums. Unter der Decke hingen Modelle hübscher Einzeller, so dass der Bezug zur Biologie während dieses Gourmet-Erlebnisses nicht ganz in Vergessenheit geriet. Daher möchte ich mich im Namen aller Junger Systematiker nochmals ganz herzlich bei den Wiener Organisatoren für die großzügige Bewirtung bedanken, die uns die sprichwörtliche österreichische Gastfreundschaft erfahren ließ.

Auf der Mitgliederversammlung wurde ich dann als neue alte Sprecherin der JuSys wiedergewählt – vielen Dank für Euer Vertrauen, liebe JuSys!

Gemeinsam arbeiteten wir danach Interessensgebiete für künftige Workshops heraus. Dabei ergaben sich beispielsweise als mögliche Themen Morphometrie, REM, 3D-Rekonstruktion, Bildbearbeitung und evtl. Taxonomie - sowie Tips für den Weg zum ‚erfolgreichen Projektantrag‘ und zum ‚guten Poster/Vortrag‘. Die Bearbeitung der letzt genannten Thematik, pragmatische Arbeitshilfestellung bei Präsentationen, wurde auf der Tagung bereits begonnen, denn es hatte aus Reihen der JuSys Kritik an dem ‚Publikumspreis‘ der letzten Jahrestagungen für das beste studentische Poster gegeben – dieser Ansatz wurde als zu wenig objektiv empfunden. Daher wurde er jetzt ersetzt durch eine fachliche Beurteilung, die eine Rückmeldung über die Vor- und Nachteile der Präsentation an

die studentischen Autoren ermöglichte. Dafür hatten Jana Hoffmann (Berlin) und ich uns um die Formulierung entsprechender Kriterien bemüht, und mit dem im letzten NL zu lesenden Aufruf zur freiwilligen Tätigkeit als Mitglieder der bewertenden Jury geworben. Erfreulicherweise hatten sich 12 Beurteilungswillige gemeldet, mit deren Hilfe auf dieser Tagung die studentischen Poster und (zum ersten Mal) auch die studentischen Vorträge also von erfahrenen Systematikern bewertet wurden.

Außerdem erhielten wir während dieser Tagung erfreulicherweise von Martina Knapp (Wien) das Angebot künftig die Webseiten der JuSys aus einer Hand zu betreuen. Bisher war es so, dass ich die JuSys-internen, paßwortgeschützten Seiten zu pflegen versuchte, während Andreas Maas sich um die öffentlichen kümmerte. Sehr gerne wurde diese Bereitschaft zur Mitarbeit angenommen, so dass wir jetzt auf eine integrierte Webpräsenz hinarbeiten. Nochmals vielen Dank an Andreas Maas, der

bisher die Webseiten der JuSys von Anfang an gut betreut hat.

Auf der Tagung in Wien bekamen wir als Gruppe der Jungen Systematiker über 30 neue Mitglieder. Nochmals herzlich willkommen an Euch und ich freue mich auf Euer Mitwirken bei Aktivitäten von uns für uns! Momentan wird die Planung der Workshops in Angriff genommen und wir freuen uns über die Einladung zum Sommertreffen in Oldenburg.

Anna Hundsdörfer, Dresden ■

## **Molekulare Methoden** in der Evolutionsbiologie

Zum 27.1-28.1.2007 lud Jutta Buschbom vom Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft in Großhansdorf bei Hamburg ebendort in die alte Institutsvilla zum JuSys-Workshop „Molekulare Methoden in der

Evolutionbiologie“. Der Einladung folgte ein heterogenes Trüppchen aus gestandenen Doktoren, Doktoranden sowie Diplomanden aus verschiedensten Forschungsdisziplinen und allen Himmelsrichtungen der Republik.

Der erste Tag des Workshops stand ganz im Zeichen der Gensequenzierung und der Konstruktion phylogenetischer Bäume. Während der ersten Tageshälfte wurden mithilfe dreier Vorträge und einer Laborführung die theoretischen Grundlagen der Gewinnung von Gensequenzen erarbeitet. Holger Steinbrenner aus Düsseldorf begann mit einer flotten Einführung in die notwendigen molekularen Grundlagen samt historischem Abriss. Regina Jäckel aus Hamburg erklärte eingehend das praktische Vorgehen bei einer typischen Gensequenzierung. Wie das dann im Labor realisiert wird, zeigte Frau I. Schulze vom Insitut für Forstgenetik bei einer hochinteressanten Laborführung mittels der verschiedenen Stationen, beginnend mit der DNA-Extraktion, Amplifizierung mittels PCR und schließlich dem zuweilen exzentrischen aber eindrucksvollen MegaBace-Sequenzierer, zu dem aufgrund seines hohen Aufmerksamkeitsbedürfnisses offenbar eine besonders emotionale Beziehung zu bestehen scheint. Vor den praktischen Übungen berichtete die Gastgeberin über die Anwendung von DNA-Sequenzdaten in der Phylogenetik. Der Übungsteil zeigte dann den Weg vom Chromatogramm zum phylogenetischen Baum. Dabei wurden „echte“ Daten von Flechten mittels verschiedener Programme aufbereitet (SeqMan), aligniert (Mesquite/Clustal) und letztlich eine Phylogenie berechnet (PAUP, Tree-Puzzle). Bei jedem Schritt hatten die Teilnehmer ausreichend Zeit, um die verschiedenen Arbeitsschritte auszuprobieren und die zuweilen subtilen aber bedeutenden Probleme samt Lösungsansätze kennen zu lernen. Jutta Buschbom und Daniela Guicking aus

Kassel gaben jederzeit erfahrene Hilfestellung sowie zahlreiche wertvolle Tipps und Hinweise.

Am zweiten Workshop-Tag befassten wir uns mit Mikrosatelliten, deren Anwendung im Themenkomplex der Populationsgenetik in zwei Vorträgen erläutert wurde. Daniela Guicking gab zunächst eine kurze Einführung zu Mikrosatelliten und zeigte deren Anwendung anhand ihrer eigenen Arbeit mit den tropischen Pionierbäumen der Gattung *Macaranga*. Der Direktor des Instituts für Forstgenetik Bernd Degen referierte schließlich anhand aktueller Arbeiten am gastgebenden Institut über die Elternschaftsanalyse bei Bäumen mittels Mikrosatelliten. Die praktische Übung, wiederum fachlich vorbildlich begleitet von Jutta Buschbom und Daniela Guicking, zeigte den Weg vom Chromatogramm bis zur Vaterschaftsanalyse anhand molekularer Daten von *Quercus*-Individuen aus laufenden Forschungsprojekten. Mit dem Fragment Profiler und der Cervus-Software wurden schließlich potentielle Väter zu einer Auswahl von Eichenbäumen identifiziert. Auch bei dieser Übung zeigten sich zahlreiche Unwägbarkeiten, die jedoch unter fachfraulicher Anleitung problemlos umschifft werden konnten. Teilweise blieb die genaue Bedeutung einiger Programm-Parameter bei diesen recht komplexen Analysen etwas unscharf, so dass bei deren Einstellung die Expertise und Erfahrung der Gastgeber gefragt war.

Am frühen Nachmittag waren die Teilnehmer zum Ende des Workshops um viele Erkenntnisse und Einsichten reicher. Anhand von zwei sehr interessanten Themenkomplexen wurde ein guter Einblick in molekulare Arbeitsweisen in sehr angenehmer Atmosphäre vermittelt, der oftmals neue Impulse für die eigene Arbeit bedeutet. Ebenso gab es unter dem



Einfluss köstlicher Verpflegung reichlich Zeit für Gespräche und Ideenaustausch unter den Workshop-Teilnehmern. So kann abschließend resümiert werden, dass dieser Workshop sein Ziel voll und ganz erreicht hat.

Ben Hell, Alexander Kieneke,  
Ole Riemann, Oldenburg ■

### **Sommertreffen der JuSys** in Wilhelmshafen

Dieses Jahr, nach Dresden nun zum zweiten Mal im Sommerhalbjahr, lädt die Oldenburger Arbeitsgruppe Zoosystematik und Morphologie zum Jahrestreffen der Jungen Systematiker am 2. und 3. Juni 2007 ein. Stattfinden wird das Treffen in den Räumlichkeiten der Abteilung DZMB (Deutsches Zentrum für Marine

Biodiversitätsforschung) des Senckenberg Instituts in Wilhelmshaven direkt am Ufer der südlichen Jadebucht.

Wenn man journalistisch ein solches Treffen ankündigen wollte, würde man es vielleicht unter das Motto „Große Datenmatrices – Fluch oder Segen der Phylogeniesrekonstruktion?“ stellen. Wir möchten eine Thematik diskutieren, die – auch vor dem Hintergrund der großen Zahl molekularer Marker und immer leistungsfähigerer Rechner – die Frage aufwirft: Ist immer mehr auch immer besser? Gelingt es uns, unter Zuhilfenahme einer immer größeren Zahl morphologischer und molekularer Merkmale immer plausiblere, konsistentere und widerspruchsfreiere Verwandtschaftsverhältnisse zu postulieren oder erleben wir nicht gerade das Gegenteil und eine immer größere Widersprüchlichkeit und Beliebbarkeit in den publizierten Phylogenien?

Wir hoffen, durch die Wahl dieses Themas eine Diskussionsplattform zu schaffen, die

gleichmaßen Zoologen wie Botaniker, morphologisch als auch molekular arbeitende Systematiker und Taxonomen wie auch Bioinformatiker anspricht.

Der Samstag wird sich vollständig dem Tagungsthema widmen. Neben ausgewählten Vorträgen von „Praktikern für Praktiker“ wird ausreichend Raum für Diskussionen und gegenseitigen Erfahrungsaustausch vorhanden sein. Ein frühsummerliches Grillen mit Meerblick auf der Deichkrone wird den Tag beschließen und den Teilnehmern die Gelegenheit bieten, sich nicht nur als Fachkollegen kennen zu lernen.

Sonntags wird zuallererst das traditionelle gemeinsame Frühstück stattfinden. Anschließend treten die Jungsystematiker zur Mitgliederversammlung zusammen. Wer nach Ende des Treffens noch Lust und Zeithat, das maritime Flair Wilhelmshavens zu genießen, der sei eingeladen, noch ein wenig zu verweilen, am Wasser zu spazieren oder im Seewasseraquarium die Flora und Fauna der Nordsee kennen zu lernen. Wie jedes Jahr werden auch wir versuchen, einen Teil der Teilnehmer privat unterzubringen. Weiterhin stehen in Wilhelmshaven und Umgebung Jugendgästehäuser und Hostels zur Verfügung.

Ein ausführliches Programm des Treffens nebst genaueren Informationen zur Unterkunft wird in der nächsten Zeit über den Listenserver der JuSys verschickt. Anfragen bitte direkt per mail an E-Mail: [akieneke@senckenberg.de](mailto:akieneke@senckenberg.de).

Ben Hell, Alexander Kieneke, Ole Riemann ■

## Ausblick

Liebe KollegInnen,

die im Februar 2007 in Wien stattgefundenene 9. Jahrestagung der GfBS war mit 262 Teilnehmern bisher die größte unserer Jahrestagungen. Das phantastische Organisationsteam um Ulrike Aspöck, die vielfältigen Themen in Vorträgen und Postern sowie das großartige Ambiente des Wiener Naturhistorischen Museums haben einen unvergesslichen Eindruck hinterlassen! Obendrein konnten wir – wie bereits auf der vorigen Tagung in Basel – Zeuge der Gründung einer nationalen Gesellschaft sein: dem Network of Biological Systematics Austria: NOBIS Austria.

Diese Neugründung unterstützt die Aktivitäten des GfBS-Vorstandes, der sich seit Jahren um eine Europäisierung der Biologischen Systematik bemüht. Diese Initiative, von unserem „alten“ GfBS-Präsidenten Wolfgang Wägele ins Leben gerufen, hat nun zum einen die Gründung nationaler Gesellschaften zur Folge, um nationale Themen und Förderungen im nationalen Rahmen anzusprechen, und zum anderen die Kooperation aller europäischen biologisch-systematischen Gesellschaften. Ein Resultat dieser europäischen Kooperationswilligkeit ist das geplante 1st European BioSyst Meeting im August 2009, das auch gleichzeitig unsere 11. GfBS-Jahrestagung, die 7. Zweijahrestagung der Systematics Association, etc. sein wird. Wir haben inzwischen auch eine gemeinsame Website ([www.biosyst.eu](http://www.biosyst.eu)), die allerdings noch gestaltet und bereichert werden muss.

Die Vorstandswahlen in Wien haben einige personelle Veränderungen gebracht: So haben wir einen neuen



Schriftleiter, Ralph O. Schill (Universität Stuttgart), einen neuen Sprecher der Kuratoren, Peter Giere (Museum für Naturkunde, Humboldt Universität zu Berlin), sowie einen neuen Beisitzer für die Paläontologie, Thomas Martin (Universität Bonn). Wir danken dem scheidenden Schriftleiter, Dieter Waloßek, für sein jahrelanges Engagement für unseren Newsletter und ihm sowie Andreas Maas für die weitere Betreuung

unserer Website. Auch Marion Kotrba möchten wir unseren herzlichen Dank aussprechen; sie war viele Jahre als Beisitzerin, Sprecherin der Kuratoren sowie als Vizepräsidentin im Vorstand tätig. Wolfgang Wägele und ich haben die Ämter getauscht; ich bin dankbar, dass er unsere Vorstandsarbeit als Vizepräsident weiterhin unterstützt.

In den 10 Jahren ihres Bestehens hat die GfBS viel in Gang gebracht: Sie hat nicht nur zur Gründung der schweizerischen und österreichischen Schwestergesellschaften beigetragen, sondern auch unsere Zeitschrift *Organisms, Diversity and Evolution* ins Leben gerufen, die in kürzester Zeit einen erfreulich hohen Impact-Factor erreicht hat. Um den Impact-Factor weiter zu verbessern und den Manuskript-Stau abzubauen, wurde in diesem Jahr das elektronische Supplement ODES mit ODE vereinigt und sollen ab 2008 fünf Hefte pro Jahr produziert werden (dies und die allgemeine Kostensteigerung machen leider eine Mitglieds-

beitragerhöhung notwendig). Unsere neueste Aktion gemeinsam mit dem Verband Deutscher Biologen ist die „Initiative Taxonomie – Stiftungsprofessuren für Deutschland“ ([www.taxonomie-initiative.de](http://www.taxonomie-initiative.de)). Bitte helfen Sie mit, durch Ihre online-Unterschrift Druck auf die Entscheidungsträger auszuüben.

National wie international sind Taxonomie und Systematik dabei, endlich wieder salonfähig zu werden: EU-Projekte wie SYNTHESYS und EDIT (European Distributed Institute of Taxonomy), Organisationen wie GTI (Global Taxonomy Initiative) und GBIF (Global Biodiversity Information Facility) sowie Aktionen wie der GEO-Tag der Artenvielfalt zeigen, wie vielfältig die Kooperationen auf den unterschiedlichsten Ebenen inzwischen sind. Das Medieninteresse am neuesten UN-Klimabericht deutet darauf hin, dass das Problem des Klimawandels – und damit auch zwangsläufig das der Biodiversitätsveränderung – im Bewusstsein der Gesellschaft angekommen ist. Obwohl noch sehr viel zu erforschen ist, kann unsere facettenreiche Kenntnis der Organismen einiges zur Lösung der anstehenden Probleme beitragen. Machen wir uns die modernen Technologien zu Nutze, um Daten schneller zu erheben und zu vernetzen sowie Forschungsergebnisse leichter zugänglich zu machen. Unterstützen Sie uns dabei, Initiativen zu ergreifen und die GfBS in die verschiedensten Aktionen einzubringen!

Mit biologisch-systematischen Grüßen,  
Regine Jahn, Berlin ■





Special Interest – Selected Elsevier Journals in  
**Animal Science**


**Please contact:**

Elsevier GmbH –  
Urban & Fischer  
Löbdergraben 14a  
07743 Jena, Germany  
Phone:  
+49 (0)3641 626 444  
Fax:  
+49 (0)3641 626 443  
E-mail:  
k.ernst@elsevier.com

[www.elsevier.de](http://www.elsevier.de)

**Get scientific excellence right on your desktop:**

[www.sciencedirect.com](http://www.sciencedirect.com)

 **ScienceDirect**<sup>™</sup>  
makes sense.

**Zoologischer  
Anzeiger**

Volume 246, 4 Issues  
ISSN 0044-5231

**Organisms Diversity  
& Evolution**

Volume 7, 4 Issues  
ISSN 1439-6092

**Mammalian Biology**

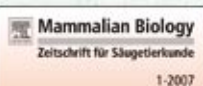
Zeitschrift für  
Säugetierkunde  
Volume 72, 6 Issues  
ISSN 1616-5047

**Zoology**

Volume 110, 5 Issues  
ISSN 0944-2006

**Basic and Applied  
Ecology**

Volume 8, 6 Issues  
ISSN 1439-1791

  
**Mammalian Biology**  
Zeitschrift für Säugetierkunde  
1-2007



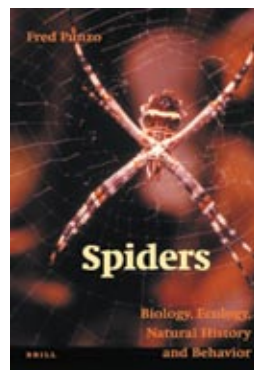
For subscription and information see  
[www.elsevier.de/journals](http://www.elsevier.de/journals)

**Building Insights. Breaking Boundaries. Elsevier.**

## Spiders:

Biology, Ecology, Natural History,  
and Behaviour

FRED PUNZO



This book covers many aspects of the biology of spiders including morphology, physiology, neurobiology, ecology, evolution, classification, natural history, and behavior. The physiology of all major systems are covered (integument, digestion, excretion and osmoregulation, neurophysiology, respiration and metabolism, circulation and hemolymph), as well as the biochemistry of spider silk and venom. Behavioral topics include, but are not limited to, foraging, dispersal, antipredator tactics, nest and web construction, communication, and social interactions. Topics on physiological ecology, habitat selection, diet composition, and community ecology are also addressed.

Additional topics include spider systematics and evolution, as well as the role of spiders in mythology and literature.

Readership: all those interested in any aspect of the biology, natural history, ecology or behavior of spiders, insects, and other arthropods. The book will be of value not only to professional biologists, undergraduate and graduate students, but also to a general readership interested in spiders.

FRED PUNZO, Ph.D. (1975) in Zoology, Iowa State University, is Dana Professor of Biology at the University of Tampa. He has published extensively on the behavior, physiology, ecotoxicology and behavior of arachnids and insects, amphibians, reptiles, and small mammals. Previous books include *The Biology of Camel-Spiders* (Kluwer Acad. Publ., Norwell, MA; 1998), and *Desert Arthropods: Life History Variations* (Spinger, 2000).

- March 2007
- ISBN 978 9004156 63 0
- Hardback (428 pp.)
- List price EUR 147.- / US\$ 198.-
- March 2007
- ISBN 978 9004156 64 7
- Paperback (428 pp.)
- List price EUR 72.- / US\$ 97.-

*For our Conditions of Sales please see [www.brill.nl](http://www.brill.nl)*

*To order and for more information e-mail [brill@turpin-distribution.com](mailto:brill@turpin-distribution.com) or [cs@brillusa.com](mailto:cs@brillusa.com) (for customers in the Americas).*



BRILL