

# Taxonomie und Systematik – Ordnung dynamischer Vielfalt

von Wolfgang Fischer

## 1. Einleitung

Klassifizieren ist die grundlegendste Methode des Menschen überhaupt, um die äußere Welt um ihn herum greifbar zu machen, um die unendliche Masse lebender, lebloser oder abstrakter Objekte um ihn, in seinen Gedanken zu formen, verständlich zu machen und zu begreifen. Das Interesse des Menschen an seiner natürlichen Umgebung hat früh angefangen, galt es doch beispielsweise zu wissen, warum und auf welche Weise gerade dieses Heilkraut für ihn gut sei oder warum es richtig sei, gerade unter dieser Pflanze nach Wurzelstöcken zu graben. Bereits damit hat etwa der Steinzeitmensch Organismen in Verwertbare und Nicht-Verwertbare eingeteilt.

Heute müßte das Interesse des Menschen als integraler Bestandteil eines ökologischen Gesamtsystems an seiner natürlichen Umgebung eigentlich sehr groß sein; umgibt den Menschen zur Zeit doch noch eine Mannigfaltigkeit von etwa einer halben Million Pflanzen- und zwei Millionen Tierarten. Als Voraussetzung, die Zusammenhänge und Verknüpfungen jener Organismen erfahren und verstehen zu lernen, liegt als Basis die Kenntnis und das Verständnis im Einzelnen und im Gesamten zugrunde. Zum Beispiel erblicken wir eine Echte Primel, können wir im Einzelnen erfahren, wie sie sich wohlriechend der Frühjahrs-sonne auf ihrem Standort Magerrasen zwischen Veilchen und Frühlingssegge entgegenstreckt, gehen wir ein Stück weiter in eine Bachaue, stellen wir fest, daß es hier nicht mehr die Echte Primel ist, die hier weitgehend ohne Geruch im feucht-schattigen Gebüsch neben Buschwindröschen und Sumpfdotterblume blüht, sondern die Hohe Primel. Diese wichtige Vielzahl an Einzelerkenntnissen muß durch höhere Systeme repräsentiert werden, um in Dimensionen beobachten, charakterisieren und analysieren zu können, um Bezugspunkte zu haben, um einer stammesgeschichtlichen Entfaltung näherzukommen und nicht zuletzt um eine bessere Arbeits- und Diskussionsgrundlage zu haben. Dies zu erreichen, dazu dient die Ordnungslehre oder Taxonomie als "Wissenschaft vom Vergleich der Organisationsgruppen" als Grundlage der Systematik.

"Die Aufgaben der Systematik innerhalb der Biologie reichen damit weit über die Möglichkeiten einer bloßen Ordnungslehre hinaus" (WEBERLING).

## 2. Grundlagen

### 2.1. Der Artbegriff

Ob ein Wachholderbestand auf einem Alb-Magerrasen, eine überall in Fettwiesen verbreitete Art wie der Wiesenpippau oder ein Bergsand-

glöckchen in einer norddeutschen Dünenlandschaft: Sie unterliegen alle demselben natürlichen Prinzip: Beispielsweise Wind und Insekten sorgen für fortwährenden Genaustausch, durch Rekombination werden immer neue Gentyphen geschaffen, Mutationen schaffen eine große Genmannigfaltigkeit. So wird genetisch ein Bergsandglöckchen dem anderen nie gleichen, obwohl vielleicht die zwei Pflanzen, die wir gerade betrachten, uns identisch (phänotypisch gleich) erscheinen, es sei denn, Ausnahmen bilden Organismen, die sich ungeschlechtlich vermehren können, wie z.B. eine ausläufertreibende Sandsegge, dann sind die Pflanzen auch genetisch völlig gleich (Klone).

Mit der Zeit werden in einem sich im Genaustausch befindlichen Bestand, der sog. Population, die Gene bei jeder geschlechtlichen Vermehrung neu kombiniert. Die Population kann sehr klein sein, vielleicht nur einige Einzelexemplare ausmachen, sie kann aber auch riesige Ausmaße annehmen.

Liegt ein Albmagerrasen eventuell sehr isoliert, weil zum Beispiel der Mensch im weiten Umkreis mit Fichtenmonokulturen aufgeforstet hat, so daß die Wachholder nur unter sich die Gene austauschen können, oder einige Bergsandglöckchen durch Insellage isoliert sind, sind es Teilpopulationen einer eventuell viel größeren Population. Der Nachweis, daß zwei ähnlich aussehende Pflanzen- oder Tierpopulationen zusammengehören zeigt sich, wenn sie zusammengebracht werden:

Kreuzen sie sich und weisen sie hohe phänotypische Ähnlichkeit auf, ist es eine Art (spezies) (FROHNE/JENSEN). Es ist jetzt verständlich, wenn wir alle Angehörigen einer Art z.B. alle Wachholder oder Bergsandglöckchen der Erde, als hochgradig verwandt ansehen. Auch dann, "wenn wir die Entstehung der Art in eine lang verfllossene Zeit zurückverlegen müssen" (FROHNE/JENSEN):

Können sich zwei für uns eigentlich phänotypisch gleiche oder ähnliche Arten nicht reproduzieren oder sind ihre Nachkommen unfruchtbar, sind es zwei Arten. Durch Isolation und Mutation in einer Teilpopulation in der Vergangenheit sind die Einzelindividuen genetisch so unterschiedlich geworden, daß sie sich nicht mehr kreuzen können. Dahinter steht die Vorstellung, daß "Sippen als Abstammungsgemeinschaften im Zuge der Stammesgeschichte (Phylogenie = Phylogenese) immer stärker divergieren. Schließlich werden die Kreuzungsbarrieren unüberbrückbar, die Bindeglieder sterben aus: Diskontinuität entsteht" (EHRENDORFER in STRASBURGER).

## 2.2. Taxonomie und Systematik

Unsere festgestellte Art ist Grundeinheit der Taxonomie. Nach bestimmten Richtlinien wird sie genau beschrieben und benannt. International gebräuchlich ist die sog. "binäre Nomenklatur", die sich aus Gattungs- und Artnamen zusammensetzt, dahinter folgt der Name des Beschreibers (bzw. sein Kürzel) anschließend das Beschreibungsjahr.

So heißt nun der Wachholder *Juniperus communis* L. 1753.

Also hat Linne' ihn erstmals 1753 als "Art" erkannt und beschrieben.

Der Artnamen *communis* definiert die Art genau, der Gattungsname *Juniperus* bezeichnet eine Gruppe sehr ähnlicher Organismen (hier Arten) wie z.B. den Sadebaum *Juniperus sabina* L. und der Zwergwachholder *Juniperus sibirica* C. LODRIGES. Sie alle werden also zur Gattung (genus) *Juniperus* gerechnet.

Gattungen werden wiederum in Familien (familia), Familien zu Ordnungen (ordo), Ordnungen zu Klassen (classis), Klassen zu Stämmen (phyllum)

und Stämme zu Reichen (regnum) zusammengefaßt. Alle diese Kategorien werden Sippen (=Taxa) genannt. Die Taxonomie beschreibt und klassifiziert sie (FROHNE/JENSEN).

Die voneinander unterschiedenen und ihrer Kategorie nach bestimmten Sippen (Einzahl Taxon) müssen durch eindeutige lateinische Namen bestimmt werden. Arfstellung und Gebrauch dieser Namen sind durch internationale Nomenklatur eindeutig festgelegt (WEBERLING/SCHWANTES) Taxonomie beschäftigt sich so mit der Klassifikation einschließlich ihrer Grundlagen (Morphologie, Anatomie, Cytogenetik, Biochemie, Embryologie,...), Prinzipien, Verfahren und Regeln.

Unter Berücksichtigung möglichst vieler, verschiedener Merkmale stellt nun die Systematik die Taxa in einen mutmaßlichen Verwandtschaftszusammenhang.

Die Taxonomie liefert somit durch ihr analytisch beschreibendes Verfahren im Einzelfall Material zum Studium der Mannigfaltigkeit und Differenzierung sowie der verwandtschaftlichen Beziehungen.

### 3. Klassifikation der Taxonomie

Gruppen können in der Taxonomie durch Klassifizierung gebildet werden. Die entstehende hierarchische Gliederung ist die Klassifikation.

Je mehr Merkmale von Organismen in die Analyse mit einbezogen werden, desto genauer ist das Ergebnis. HEYWOOD gibt 1971 die Zahl der zur Klassifizierung notwendigen Einzelmerkmale mit 50 an, FROHNE/JENSEN fordern für fundierte Untersuchungen das Zehnfache. (In den folgenden Beispielen sind es wesentlich weniger Einzelmerkmale)

Im Folgenden sind drei Klassifikationssysteme dargestellt, Phenetik, Cladistik und ein phylogenetischer Ansatz.

#### 3.1. Phenetik

##### 3.1.1. Beschreibung der Phenetik

Phenetik zielt auf ein Abmessen der gesamten - meist der morphologisch-anatomischen - Ähnlichkeiten der beteiligten Organismen ab. Zunächst wird wo viel wie möglich an Informationen über die beteiligten Arten als Grundlage zum Vergleich gesammelt. Evolutionäre Aspekte werden nicht berücksichtigt.

Auf diese Weise kann es in der Phenetischen Klassifikation passieren, daß Gruppen nicht durch bestimmte Merkmale definiert sind, sondern Organismen lediglich durch den Vergleich vieler Merkmale zum Mitglied der Gruppe werden.

Die Phenetik beschreibt eine Klassifikation auf Basis maximaler Ähnlichkeit. Allerhöchstens in zweiter Linie kann sie Beziehungen zwischen Arten beschreiben. Sie ist ein künstliches, eindimensionales Abstraktionssystem.

##### 3.1.2. Methode der Phenetik

a.) Feststellung und Identifizierung von Merkmalen der zu vergleichenden Arten, z.B. Ähre und Ährenrispe (Bsp. 2 Tab. 1)

b.) Auflistung der Artenmerkmale und Arten in einer Tabelle (Tab. 1)

c.) Errechnung von Ähnlichkeiten: Zusammenzählen der als übereinstimmend bewerteten Merkmale; z.B. in Bsp. 1, Tab. 2: Apfel zu Birne weist 7 Übereinstimmungen auf: 3 mal zutreffende, 4 mal nicht

zutreffende Merkmale. Rechts sind die sich ergebenden Zahlenwerte der Tabelle zur besseren Übersicht im Baumdiagramm (Abb. 1) vereinfacht.

d.) Sortieren in Gruppen: Die Ähnlichkeitentabelle (z.B. Tab. 2 rechts) kann als Baumdiagramm mit den beteiligten Organismen dargestellt werden. Sie sind auf den verschiedenen Ähnlichkeitsebenen miteinander verbunden (vergleiche z.B. Abb. 1).

e.) Erstellen einer formalen Klassifikation (vergleiche z.B. Abb. 2).

Das Diagramm wird dann aufgeteilt und Gruppen/Sippen (Taxa) werden geformt.

### 3.1.3. Beispiel 1: Ähnlichkeit von Früchten

Tab. 1: Identifizierung und Sammlung von Merkmalen

| Merkmale/Arten                 | a     | b     | c       | d        | e      | f      |
|--------------------------------|-------|-------|---------|----------|--------|--------|
|                                | Apfel | Birne | Pflaume | Pfirsich | Orange | Banane |
| runde Frucht                   | +     | -     | -       | +        | +      | -      |
| Kerngehäuse                    | +     | +     | -       | -        | -      | -      |
| zufällige Verteilung der Samen | -     | -     | -       | -        | +      | +      |
| Steinfrucht                    | -     | -     | +       | +        | -      | -      |
| dicke äußere Wachsschicht      | -     | -     | -       | -        | +      | -      |
| dicke äußere Schale            | -     | -     | -       | -        | +      | +      |
| Blütenreste                    | +     | +     | -       | -        | +      | -      |
| leicht saurer Geschmack        | +     | +     | +       | +        | +      | -      |

Tab. 2 u. 3: Errechnen der Ähnlichkeiten (zusammengestellt, rechts vereinfacht):

| x | a | b | c | d | e | f |
|---|---|---|---|---|---|---|
| a | + | - | - | - | - | - |
| b | 7 | + | - | - | - | - |
| c | 5 | 4 | + | - | - | - |
| d | 4 | 5 | 6 | + | - | - |
| e | 3 | 3 | 3 | 4 | + | - |
| f | 2 | 3 | 3 | 4 | 4 | + |

| x | a | b | c | d | e | f |
|---|---|---|---|---|---|---|
| a | + | - | - | - | - | - |
| b | 7 | + | - | - | - | - |
| c | 5 | 5 | + | - | - | - |
| d | 5 | 5 | 6 | + | - | - |
| e | 3 | 3 | 3 | 3 | + | - |
| f | 3 | 3 | 3 | 3 | 4 | + |

Abb. 1: Sortieren in Gruppen (Baumdiagramm)

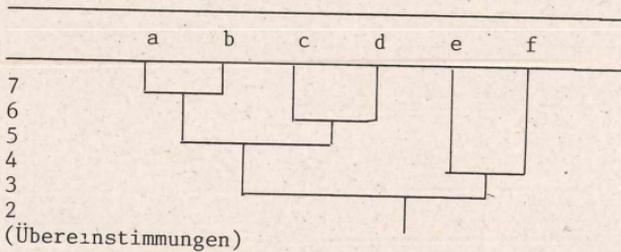
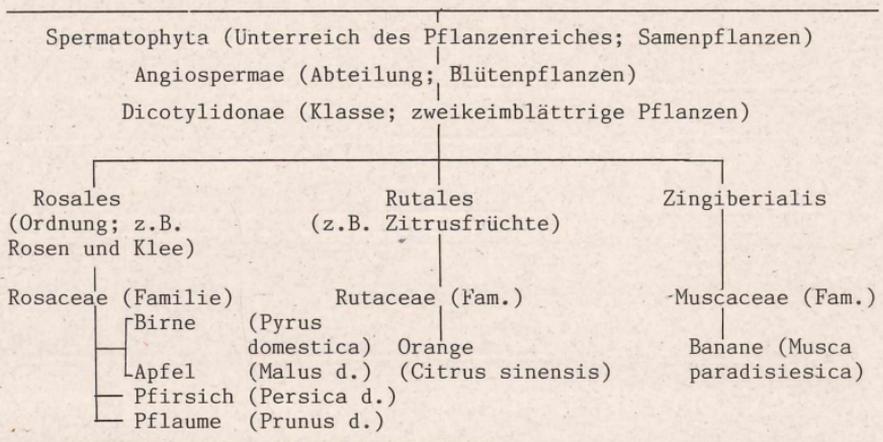


Abb. 2: Erstellen einer formalen Klassifikation



## 3.1.4. Beispiel 2: Übereinstimmungen bei dicotylen Blütenpflanzen

Tab. 4: Identifizierung und Sammlung von Merkmalen

| Merkmale/Arten                      | a            | b                  | c           | d          | e          | f                  |
|-------------------------------------|--------------|--------------------|-------------|------------|------------|--------------------|
|                                     | Wiesenpippau | Wiesenflockenblume | Kohldiestel | Schafgarbe | Tobinambur | Scharfer Hahnenfuß |
| nur Röhrenblüten                    | -            | +                  | +           | -          | -          | -                  |
| nur Zungenblüten                    | +            | -                  | -           | -          | -          | -                  |
| Zungen- und Röhrenblüten            | -            | -                  | -           | +          | +          | -                  |
| Blütentraube/zusammengesetzte Blüte | +            | +                  | +           | +          | +          | -                  |
| 5 Blütenblätter                     | -            | -                  | -           | -          | -          | +                  |
| 5 Kelchblätter                      | -            | -                  | -           | -          | -          | +                  |

Tab. 5: Errechnen der Ähnlichkeiten

| x | a | b | c | d | e | f |
|---|---|---|---|---|---|---|
| a | + | - | - | - | - | - |
| b | 5 | + | - | - | - | - |
| c | 5 | 7 | + | - | - | - |
| d | 5 | 5 | 5 | + | - | - |
| e | 5 | 5 | 5 | 7 | + | - |
| f | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | + |

Abb. 3: Sortieren in Gruppen (Baumdiagramm)

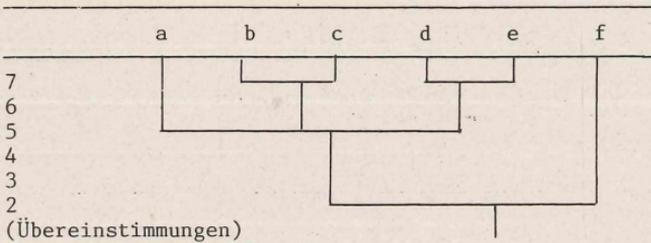
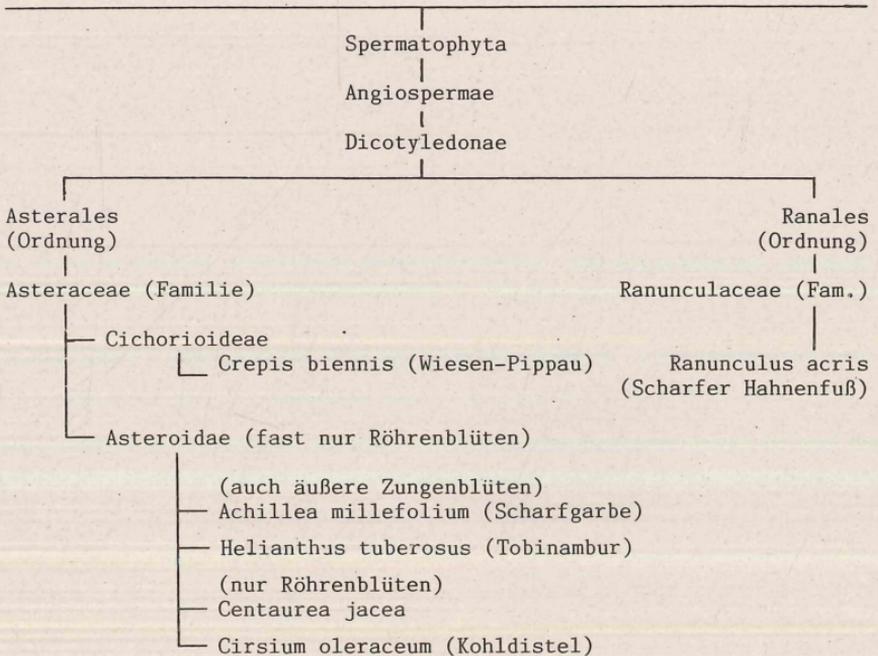


Abb. 4: Erstellen einer formalen Klassifikation



### 3.1.5. Beispiel 3: Übereinstimmungen bei monocotylen (einkeimblättrigen) Blütenpflanzen

Tab. 6: Identifizierung und Sammlung von Merkmalen

| Merkmale/Arten                                   | a<br>Weidel-<br>gras | b<br>Wiesen-<br>Liesch-<br>gras | c<br>Gold-<br>hafer | d<br>Wiesen-<br>schwin-<br>gel | e<br>Hänge-<br>Segge | f<br>Flutter-<br>binse |
|--|----------------------|---------------------------------|---------------------|--------------------------------|----------------------|------------------------|
| Ähre   | +                    | -                               | -                   | -                              | +                    | -                      |
| Ährenrispe                                       | -                    | +                               | -                   | -                              | -                    | -                      |
| Rispe<br>runder und gewöhnlich<br>hohler Stengel | -                    | -                               | +                   | +                              | -                    | +                      |
| dreieckiger Stengel                              | +                    | +                               | +                   | +                              | -                    | +                      |
| schmale lange Blätter                            | -                    | -                               | -                   | -                              | +                    | +                      |
| sechs Blütenhüll-<br>blätter                     | +                    | +                               | +                   | +                              | +                    | +                      |
|  | -                    | -                               | -                   | -                              | -                    | +                      |

Tab. 7 und 8: Errechnen der Ähnlichkeiten  
(zusammengestellt, rechts vereinfacht)

| x | a | b | c | d | e | f |
|---|---|---|---|---|---|---|
| a | + | - | - | - | - | - |
| b | 5 | - | - | - | - | - |
| c | 5 | 5 | + | - | - | - |
| d | 5 | 5 | 7 | + | - | - |
| e | 4 | 2 | 2 | 2 | + | - |
| f | 3 | 3 | 5 | 5 | 2 | + |

| x | a | b | c | d | e | f |
|---|---|---|---|---|---|---|
| a | + | - | - | - | - | - |
| b | 7 | + | - | - | - | - |
| c | 5 | 5 | + | - | - | - |
| d | 5 | 5 | 5 | + | - | - |
| e | / | / | / | / | + | - |
| f | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | + |

Abb. 5: Sortieren in Gruppen (Baumdiagramm)

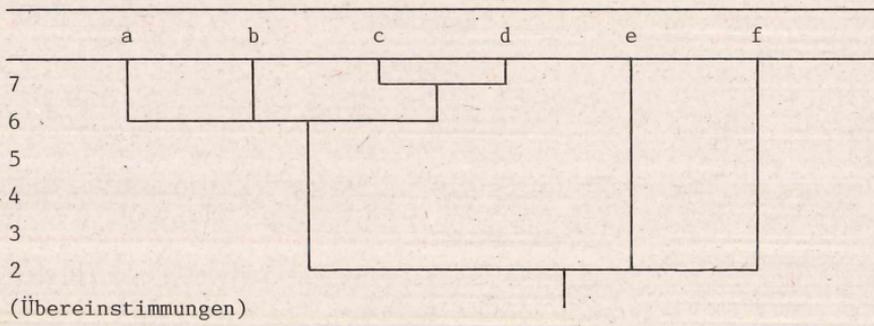
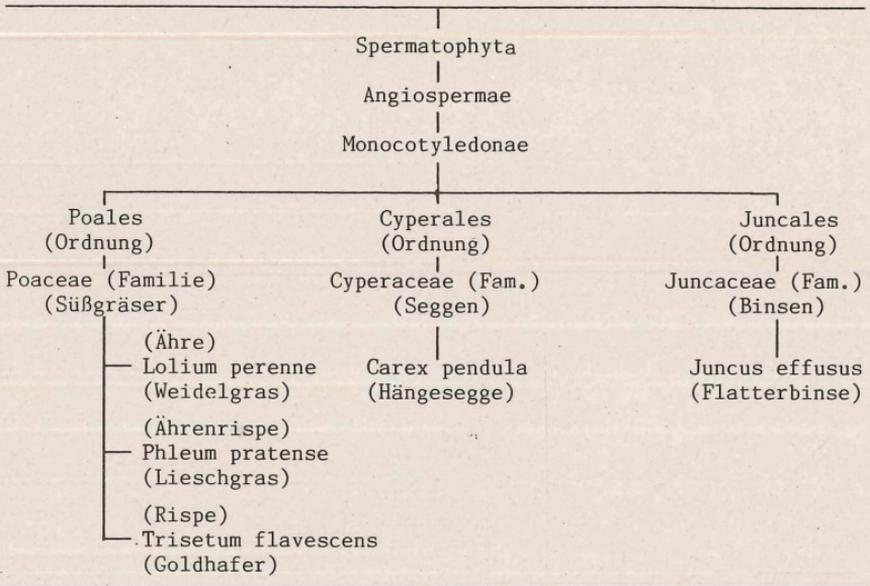


Abb. 6: Erstellung einer formalen Klassifikation

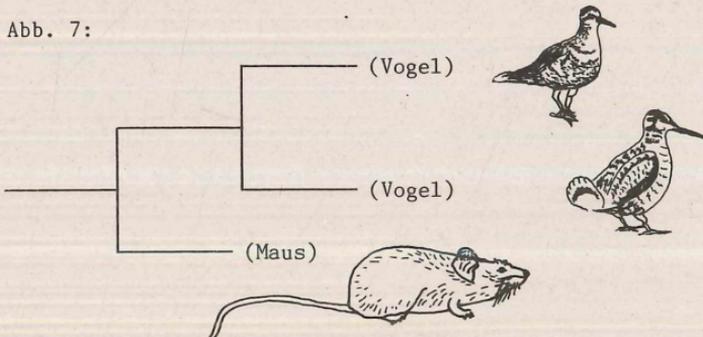


### 3.2. Cladistik

#### 3.2.1. Beschreibung der Cladistik

Cladistik ist ein System der Klassifikation, in dem Gruppen anhand von Merkmalen, die die Mitglieder der Gruppe besitzen, definiert werden und diese Merkmale sie von allen anderen Organismen unterscheiden. Die Fehlangezeige eines Merkmals wird niemals dazu benutzt, eine Gruppe zu definieren. Cladistik vermag oder kann auch nicht die Evolutionsgeschichte und Abstammungslehre mit einzubeziehen. Entstandene Gruppenformen, engl. clades genannt, können als Baumdiagramm (Cladogramm) dargestellt werden. Ein jeder Ast repräsentiert Merkmale (homolog), die die Gruppenform (clade) bezeichnen. Diese Gruppenformen oder clades können, wenn sich die Sippe in der Analyse bestätigt auch als Taxa angesprochen werden.

Abb. 7:



### 3.2.2 Cladistik-Methode (einschließlich eines Beispiels)

- Identifizierung und Sammlung von Merkmalen
- Sortieren in Gruppen
- Wählen eines Cladogramms

In unserem Beispiel sind die meisten Merkmale in 2 von 15 Cladogrammen am besten repräsentiert. Welches werden wir wählen?

Abb. 8: A

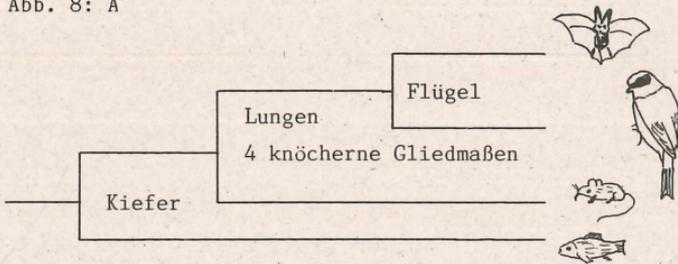
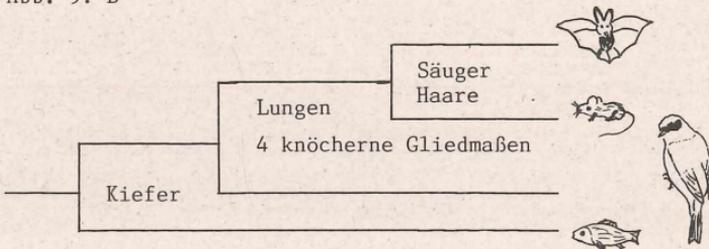


Abb. 9: B



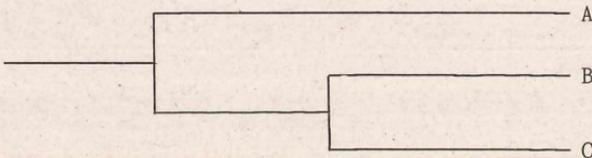
Wir wählen Cladogramm B, weil es durch 5 Merkmale gestützt wird, Cladogramm a dagegen nur von 4 Merkmalen.

#### d.) Interpretation von Cladogrammen

Viele Leute sehen solche Cladogramme als eine Art Evolutionsbaum an, die die Entwicklung der Arten in der Evolutionsgeschichte wiedergeben.

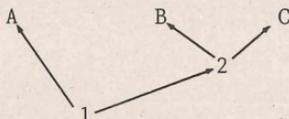
Jeder Ast des Cladogrammes könnte als hypothetischer Ahne gesehen werden. Zum Beispiel:

Abb. 10:



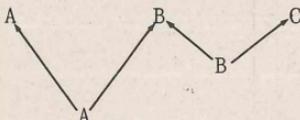
Die Evolutionsgeschichte von Art A, B und C könnte folgendermaßen gewesen sein:

Abb. 11:



Vermuten wir aber, daß eine oder mehrere Arten selbst Ahnen sind, dann ist die Evolutionsgeschichte sicherlich anders verlaufen. Zum Beispiel wenn A und B beide Ahnen sind, würde ihre Evolution so aussehen haben:

Abb. 12:



In der Tat ist es sehr schwierig abzuschätzen, inwieweit eine Art Ahne von anderen Arten ist. Das führt zur Tatsache, daß immer viele Interpretationen der Evolutionsgeschichte über dasselbe Cladogramm angestellt werden können.

Ein Grund, warum sich viele WissenschaftlerInnen enthalten, mit solchen Cladogrammen Spekulationen über die Evolutionsgeschichte anzustellen. Sie sehen in solchen Cladogrammen nicht mehr als eine Verteilung von Merkmalen unter beteiligten Organismen.

e.) Erstellen einer formalen Klassifikation

Welchen Weg auch immer die Interpretation eines solchen Cladogrammes nimmt, der nächste Schritt ist die Aufteilung zur Benennung. Nur Gruppenformen (clades) bekommen Namen, weil sie die einzigen Gruppen sind, die eindeutig bezeichnet werden können.

Jeder Cladogrammast repräsentiert eine Gruppenform (clade). Ein komplexes Cladogramm mit vielen verschiedenen Organismen zieht nach sich, daß viele Äste auf verschiedenen Ebenen entstehen. In solchen Fällen kann es unnützlich sein eine konventionelle formale Klassifikation zu entwerfen, weil einfach nicht genügend Verbindungen im Linnéischen System vorhanden sind.

### 3.3. Phylogenetischer Ansatz

#### 3.3.1. Überblick über die phylogenetische Klassifikationsmethodik

Bei dieser Klassifikation werden Organismen auf der Basis von Merkmalen gruppiert, die die Stammesgeschichte (Phylogenie) der Lebewesen wiederzuspiegeln scheinen. Dazu gehören neben möglichst vielen Informationen über die rezenten Organismen auch die Belege fossiler Organismen, die zur Klassifikation herangezogen werden müssen.

Ohne Probleme kann heute die phylogenetische Systematik ein sehr wirklichkeitsnahes Bild liefern, wenn zum Beispiel das Ordnen und Interpretieren von Tausenden rezenten Meeresschnecken mit vielen Fossilfunden vorausgeht.

### 3.3.2. Methodik und Beispiel der phylogenetischen Klassifikation

#### a.) Identifizieren und Sammeln von Merkmalen

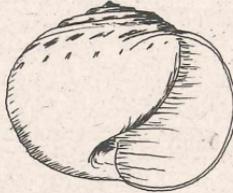
Zu allererst werden die beteiligten Organismen auf ihre kennzeichnenden Merkmale hin untersucht und fachlich beschrieben.

#### b.) Erstellen von Gruppen

Erste Gruppe: Turmschnecken (Turitellidae)

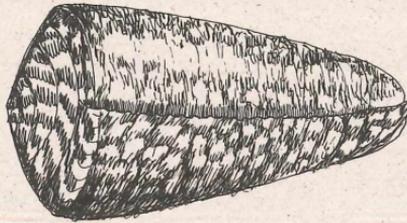


Zweite Gruppe: Nabelschnecken (Naticidae)



Dritte Gruppe: Kegelschnecken (Conidae)

Lange schmale Öffnung ohne Nabel, zwei  
Zähne je Reihe



#### c.) Gruppen innerhalb der Gruppen

Die Gruppen selbst können wieder innerhalb einer Hierarchie, die wiederum die Evolutionsgeschichte der beteiligten Organismen verdeutlicht, arrangiert werden. Die Hierarchie kann durch hinzugefügte Beweisstücke lebender und ausgestorbener Organismen erstellt und verdeutlicht werden. Diese Vorgehensweise zieht evolutionäre Tendenzen in Betracht unter der Berücksichtigung, welche der Merkmale "primitiv" und welche "fortschrittlich" sind.

#### d.) Erstellen einer formalen Klassifikation

Das Diagramm wird aufgeteilt und die Gruppen werden benannt. In der Regel sollte jede Gruppe einen Ursprung haben, so daß die Evolutions-

geschichte wiedergegeben werden kann. Dennoch können Gruppen, die wichtig aufgrund ihrer Größe, Verschiedenheit oder Vielfältigkeit erscheinen, separat von ihrem eventuellen Ursprung klassifiziert werden. Die gewählten Namen folgen dem Linnéischen System und werden nach der Wichtigkeit der mit einbezogenen Gruppen geordnet.

#### 4. Überblick über die genannten Klassifikationen

Phenetik ist ein Klassifikationssystem basierend auf dem Maß sämtlicher Ähnlichkeiten zwischen den Organismen. Es nimmt keine Rücksicht auf evolutionäre Hintergründe, beschreibt aber die Beziehungen unter den Lebewesen durch Ermittlung der maximalen Ähnlichkeiten anhand gesammelter Merkmale.

Cladistik ist ein System der Klassifikation, bei dem jede Gruppe durch bestimmte Merkmale der zu untersuchenden Organismen definiert wird und so Lebewesen ohne diese Merkmale als Mitglied ausgeschlossen werden, die sich von dieser Gruppe unterscheiden und andere Gruppen bilden. Cladistik kann, muß aber nicht die evolutionären Hintergründe mitberücksichtigen.

Phylogenetische Klassifikation zielt darauf ab, die Organismen mit dem Aufzeigen ihrer Abstammung und Evolutionsgeschichte wiederzuspiegeln. Soviel wie möglich Information muß über die Organismen enthalten sein. Gruppen werden durch Merkmale, die ihre Mitglieder auszeichnen, gebildet und in eine Systematik benannt.

Die Reihenfolge dieser Systeme stellt gleichzeitig in etwa die geschichtliche Dimension taxonomischer Forschung dar. Wurde in der Vergangenheit nach rein morphologisch-geographischer Methodik gearbeitet (künstliches System, später nach Verbesserungen das formale System), brachte Darwins Evolutionstheorie Ende des 19. Jahrhunderts eine erste phylogenetische Diskussion in Gang (phylogenetische Systeme), doch erst durch die cyto-genetisch-biosystematisch-biochemischen Neuerungen des 20. Jahrhunderts konnten umfangreiche Erkenntnisse und Merkmale eingebracht werden. Sie können heute unter Zuhilfenahme schneller Computer multidimensional analysiert werden.

Es kann nicht darum gehen, eine künstliche der Natur entfremdete Systematik mit einfacher Phenetik oder Cladistik zu entwerfen, sondern Erkenntnisse aus solchen Klassifikationen tragen allerhöchstens komplementär zu einem neuen auf dem phylogenetischen System basierenden "synthetischen System" (EHRENDORFER) bei. Der wichtigste Wesenszug in der Taxonomie bleibt aber immer noch der, daß alle Neuerungen ergänzen, nie wird eine der benutzten Merkmalsklassen überholt sein. Gleichzeitig wird die Systematik an Aussagekraft zunehmen.

#### 5. Zusammenfassung

Von der Definition des Artbegriffs über die Abgrenzung der Taxonomie (= Ordnungslehre) von der Systematik befaßt sich die Arbeit vor allem mit anschaulichen Klassifikationsbeispielen der Taxonomie. Dargestellt wird der Sinn der Phylogenie (= Abstammungslehre) und mehrdimensionalen Analyse in ein synthetisches System. Eine solche Systematik gewinnt viel an Aussagekraft.

## 6. Literaturverzeichnis

EHRENDORFER, F. (1983): Evolution und Systematik. In: STRASBURGER, E.: Lehrbuch der Botanik. G. Fischer Stuttgart-New York, 484-545.

FROHNE, D. / JENSEN, U. (1979): Systematik des Pflanzenreiches unter besonderer Berücksichtigung chemischer Merkmale und pflanzlicher Drogen. G. Fischer, Stuttgart-New York, 1-308.

HEYWOOD, V.H. (1971): Taxonomie der Pflanzen. G. Fischer Stuttgart, 1-112.

WEBERLING, F. (1984): Systematik. In Biologie. Springer-Verlag Berlin-Heidelberg-New York-Tokyo, 879-902.

WEBERLING, F. / SCHWANTES, H.O. (1987): Pflanzensystematik. UTB 62, Ulmer Stuttgart, 1-412.

Anschrift des Aurors: Wolfgang Fischer  
Meisenweg 3  
7159 Auenwald 2



...und das macht er alles nur für seinen Herrgott!!

# ZOBODAT - [www.zobodat.at](http://www.zobodat.at)

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Naturkundliche Beiträge des DJN](#)

Jahr/Year: 1991

Band/Volume: [23](#)

Autor(en)/Author(s): Fischer Wolfgang

Artikel/Article: [Taxonomie und Systematik- Ordnung dynamischer Vielfalt 55-67](#)