

GfBS news 22 ■ 2009

GfBS
newsletter |

www.gfbs-home.de

news



GfBS

Gesellschaft für
Biologische Systematik

Organismen Diversität Evolution



SYSTEMATICS

First meeting of BioSyst EU 2009
Seventh Biennial Conference of the Systematics Association
11. GfBS-Jahrestagung
10-14 August 2009

National Herbarium of the Netherlands and
National Museum of Natural History Naturalis, Leiden

www.biosyst.eu



naturalis



NOBIS



**SWISS
SYSTEMATICS
SOCIETY**



Inhalt
Seite

4	DNA Bank Network
8	DIVA3
13	Biologische Vielfalt
15	Biogeografie
17	11. Treffen JuSys
27	Neue JuSys Sprecherin
29	Berufschancen

Umschlagsfoto: *Platymantis pelewensis*
Ralph Schill

Herausgeber

Gesellschaft für Biologische Systematik e.V.
Geschäftsführer Prof. Dr. Uwe Fritz
Staatliche Naturhistorische Sammlungen
Dresden, Museum für Tierkunde, A.-B.-
Meyer-Bau, Königsbrücker Landstr. 159,
01109 Dresden, www.gfbs-home.de

Schriftleiter & Redaktion

Dr. Ralph O. Schill, Universität Stuttgart,
Biologisches Institut, Zoologie, Pfaffen-
waldring 57, 70569 Stuttgart,
e-mail: ralph.schill@bio.uni-stuttgart.de

Layout & Konzept

luzia schneider presentationen
e-mail: 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, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeicherung und Verarbeitung in elektronischen Systemen. Copyright für Inhalt und Gestaltung – falls nicht ausdrücklich anders vermerkt – bei GfBS e. V. Der Newsletter ist das offizielle Mitteilungsorgan der Gesellschaft für Biologische Systematik e. V. Er erscheint zweimal jährlich und wird allen Mitgliedern im Rahmen der Mitgliedschaft geliefert. Die Zeitschrift ist im Mitgliedsbeitrag enthalten. Auflage 1.000 Stück. ISSN 1867-6766 (Printausgabe) ISSN 1867-6774 (Internetausgabe)

editorial

Liebe GfBS-Mitglieder, die UNESO hat 1972 das internationale „Übereinkommen zum Schutz des Kultur- und Naturerbes der Welt“ beschlossen, welches von 167 Staaten, darunter auch Deutschland, unterzeichnet wurde.

Im November 2005 haben sich auf der Wattenmeerkonferenz die Wattenmeeranrainer Niederlande und Deutschland entschlossen, das Wattenmeer als Weltnaturerbe anerkennen zu lassen, da es mit 13.000 km² zusammenhängender Wattfläche eines der größten Feuchtgebiete der Welt darstellt und ein einzigartiger Lebensraum für eine Vielzahl von Organismen ist.

Vor wenigen Wochen fiel die Entscheidung; neben den weltbekannten Attraktionen wie dem Grand Canyon und dem Great Barrier Reef gehört nun auch das Wattenmeer zu den besonders schützens- und erhaltenswerten Lebensräumen. Jetzt sind die betreffenden Staaten zu fortdauernden Schutz- und Erhaltungsmaßnahmen verpflichtet, und es bleibt spannend, wie sie im Laufe der nächsten Jahre Ihre Verantwortung wahrnehmen.

Über die Ernennung des Wattenmeers als Weltnaturerbe hätte sich sicherlich auch Bernhard Grzimek gefreut, der am 24. April dieses Jahres 100 Jahre alt geworden wäre - nicht zuletzt, weil er sich schon für die Einrichtung von Nationalparks einsetzte, als der Naturschutz in Deutschland noch in den Kinderschuhen steckte.

Ihr Ralph O. Schill



DNA Bank Network – Webkatalog und Referenzdatenbank

für organismische DNA

DNA Bank Network - In DNA only we trust?

DNA-Sequenzen werden in der Regel in einer der großen Sequenz-Datenbanken wie GenBank, EMBL oder DDBJ veröffentlicht. Der sequenzierte Locus kann dabei über die Verwendung der PCR-Primer meist klar definiert und benannt werden. Die korrekte Bestimmung des wissenschaftlichen Namens des untersuchten Organismus ist vor dem Hintergrund von Millionen verschiedener und des sehr großen Anteils noch nicht beschriebener Arten aber kritisch. Zudem werden Belege der untersuchten Individuen nur im besten Fall in Forschungssammlungen hinterlegt, der Zugang zur physischen DNA ist nur bedingt möglich.

Die Überprüfung der Ergebnisse phylogenetischer Publikationen, von den DNA-Sequenzen zurück zur physischen DNA bis hin zu den Belegindividuen und deren Taxonnamen ist deshalb zeitlich extrem aufwändig oder häufig gar nicht mehr möglich. Entsprechend werden die Ergebnisse nur im Ausnahmefall verifiziert. Dies wäre aber dringend notwendig, basierend auf der Tatsache, dass über 20% der Sequenzen in den großen Sequenz-Datenbanken fehlerhaft sind, eine falsche taxonomische Bezeichnung haben oder falsch annotiert sind.

Eine Möglichkeit, die Überprüfbarkeit der Ergebnisse zu gewährleisten, wäre gegeben, wenn neben den DNA-Sequenzen und dem wissenschaftlichen Namen auch die vollständigen Beleginformationen eines untersuchten Organismus als Referenz konsequent in Specimen-Datenbanken (z.B. BIODAT, SPECIFY) hinterlegt

und via Internet (z.B. GBIF, BioCASE, DNA Bank Network) öffentlich abrufbar sind. Die DNA untersuchter Organismen könnte in DNA-Banken aufbewahrt und zugänglich gemacht werden.

Genau darin besteht das Konzept des DNA-Bank-Netzwerkes. Seit 2007 bilden die DNA-Banken von vier großen deutschen Forschungssammlungen das DNA-Bank-Netzwerk. Die Projektpartner, die Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen in Braunschweig, das Zoologische Forschungsmuseum Alexander Koenig in Bonn, die Zoologische Staatssammlung in München sowie Botanischer Garten und Botanisches Museum Berlin-Dahlem, ergänzen sich dabei in ihren Sammlungsschwerpunkten. Das DNA-Bank-Netzwerk wird durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) seit 2007 finanziell gefördert und wurde unter Beteiligung von GBIF-Deutschland initiiert.

Dokumentation vom Beleg über die DNA bis zur DNA-Sequenz

Alle Proben des DNA-Bank-Netzwerkes werden wie folgt dokumentiert. Im Zentrum steht jeweils der Beleg eines untersuchten Organismus, der in einer wissenschaftlichen Sammlung aufbewahrt wird. Zu jedem Beleg gehören die Specimen-Informationen (z.B. Taxonname,



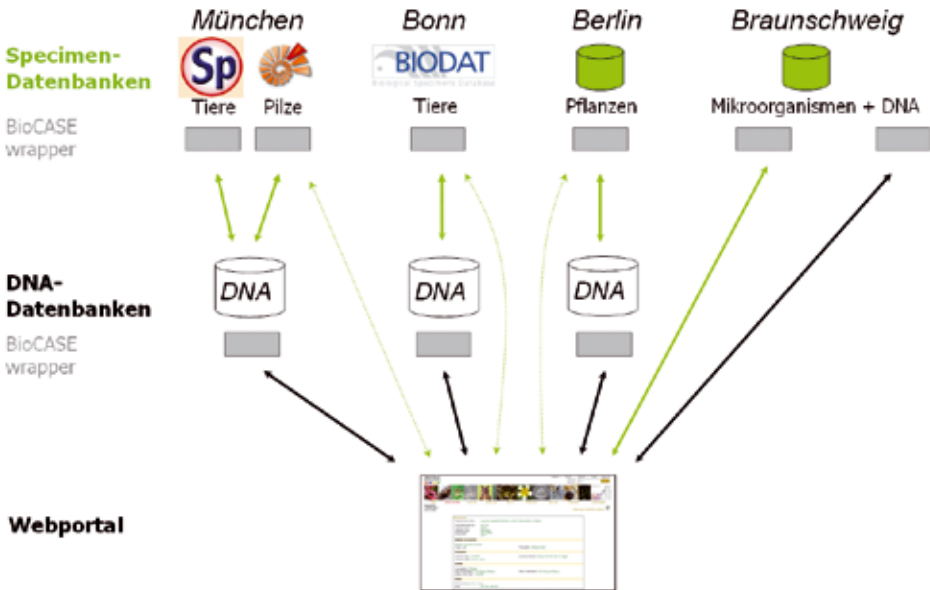


Abbildung 1. Datenflüsse im DNA-Bank-Netzwerk. Specimendaten (grüne Linien) werden via Wrapper (graue Boxen) zu den DNA-Datenbanken sowie direkt zum Webportal übertragen. Die DNA-Daten (schwarze Linien) werden über einen zweiten BioCASE-Wrapper zum Webportal gesendet.

Fundort, Standort, Sammler, Fixierung und Aufbewahrungsort des Beleges), die in einer Specimen-Datenbank gespeichert werden. Wird aus dem Organismus DNA gewonnen, wird diese in einer DNA-Bank langfristig gelagert. Die dazugehörigen Informationen z.B. Angaben zur Extraktionsmethode, der DNA-Qualität, zu PCR-Amplifikationen, Links zu DNA-Sequenzen, etc. werden in einer DNA-Datenbank verwaltet. Vorhandene Specimen- und DNA-Daten werden jeweils miteinander vernetzt. Zudem werden weitere Informationen wie z.B. digitalisierte Belegfotos (Voucher), GenBank-Akzessionen, Publikationen angebunden.

Datenarchitektur des Netzwerkes

Die Ansprüche des DNA-Bank-Netzwerkes erfordern eine komplexe Datenarchitektur, die zudem offen für weitere Netzwerkpartner und deren Datenbank-Lösungen ist. Ihre Umsetzung orientierte sich an der Struktur von GBIF. Das GBIF-Webportal ermöglicht den Zugriff auf über 120 Mio. Beleg- und Beobachtungsdaten von über 150 Institutionen weltweit, unter anderem auf die Specimen-Datenbanken der vier Projektpartner.

Die Grundidee bei GBIF ist, dass alle Datensätze nur einmal erfasst und lokal in separaten Datenbanken hinterlegt werden müssen. Auf die Datensätze kann

via Internet dann als Referenz verwiesen oder zugegriffen werden. Um die Specimen-Daten aller Partner im gemeinsamen GBIF-Portal anzeigen zu können, werden sogenannte Wrapper (BioCASE Provider Software , DiGIR) genutzt. Diese wird auch im DNA-Bank-Netzwerk eingesetzt. Die Datenarchitektur des Netzwerkes besteht aus drei Ebenen: den Specimen-Datenbanken, den DNA-Datenbanken sowie dem Webportal (vgl. Abb. 1). Die Informationen zu den Sammlungsbelegen werden bei den Projektpartnern in Specimen-Datenbanken jeweils lokal verwaltet. Das gilt in gleichem Maße für die DNA-Daten, die lokal in den DNA-Datenbanken gespeichert werden. D.h. eine Sammlung und ihre dazugehörige Datenbank bilden immer eine Einheit. Separate Datenbanken werden getrennt verwaltet und können aber aufeinander verweisen.

Um die DNA-Daten eindeutig mit den dazugehörigen Specimen-Informationen zu verknüpfen, werden die Specimendaten eines Beleges via Wrapper in die lokale DNA-Datenbank übertragen, in der die dazugehörige DNA-Probe verwaltet wird. Die Belege, aus denen DNA gewonnen wurde, werden in der Regel in derselben Institution aufbewahrt wie die DNA-Probe selbst. Durch den Einsatz der Wrapper ist es allerdings möglich, die DNA-Probe mit den Daten eines Beleges zu verknüpfen, der in einer anderen Institution aufbewahrt wird, als die DNA selbst.

Die Wrapper-Technik wird zusätzlich auch für die Übertragung der DNA-Daten an das Webportal eingesetzt. In Abbildung 1 sind die Datenflüsse des DNA-Bank-Netzwerkes veranschaulicht.

Im Webportal des DNA-Bank-Netzwerkes (www.dnabank-network.org) werden nun alle zu einer DNA-Probe gespeicherten Informationen (DNA-Daten, Specimen-Daten, Voucher) sowie die Referenzen zu weiteren, molekularen Daten (z.B. DNA-Sequenzen in GenBank) gebündelt und in Form eines Webkatalogs zusammengestellt. Alle Informationen einer einzelnen DNA-Probe werden bei der Suchabfrage auf einem Datenblatt gemeinsam angezeigt.

Mit der Bestellfunktion des Webportals kann jeder Biowissenschaftler zudem DNA von taxonomisch sicher bestimmten Wildorganismen für seine Untersuchungen z.B. in der Phylogenie, Populationsgenetik, bzw. Biogeographie oder für angewandte Analysen z.B. in der Naturschutzgenetik bestellen.

Nutzung und Zukunft des Netzwerkes und seines Webportals

Das Datenbanksystem des Webportals wurde im April 2009 mit 9.239 DNA-Proben und 5.243 Taxa online gestellt. Nachdem die Mitteilung vom Onlinegang im Internet Anfang April publik gemacht wurde, gab es einen starken Anstieg von 2775 Besuchen im März auf 7347 Besuche im April.

Gesucht wird DNA von Taxa aus dem gesamten Organismenreich, von Bakterien, Diatomeen und Gefäßpflanzen bis zu Insekten, Mollusken und Primaten. Das Probensortiment wird kontinuierlich ausgebaut. Im Fokus stehen derzeit die Flora und Fauna Deutschlands und des Mittelmeergebietes sowie die Mikroorganismen

der Lebensammlung (vorwiegend Typusmaterial) an der DSMZ in Braunschweig.

Das Konzept des Netzwerkes wurde durch zahlreiche Wissenschaftler interessiert aufgenommen. Einige Kollegen haben konkret zugesichert, ihre DNA-Proben und Belege, deren Analyse bereits abgeschlossen ist, bei den Netzwerkpartnern als Referenz zu hinterlegen.

Zudem werden gerade nicht molekular arbeitende Systematiker und Taxonomen angesprochen, sicher bestimmte und für die DNA-Extraktion fixierte Belege zu sammeln, und den DNA-Banken des Netzwerkes zur Aufbereitung zu überlassen. Da die gewonnene DNA mit höherer Wahrscheinlichkeit für molekulare Studien verwendet wird als die von herkömmlich hinterlegten Belegen, sollte das auch im Interesse der Sammler liegen. Ihre Belege und morphologisch-systematischen Arbeiten werden entsprechend häufiger zitiert werden.

Die Besonderheit des DNA-Bank-Netzwerkes besteht darin, alle DNA-Proben der beteiligten Partner also Organismenübergreifend über ein zentrales Webportal zugänglich zu machen. Die Struktur des DNA-Bank-Netzwerkes und insbesondere die Architektur des vorgestellten Datenbank-Systems ist flexibel genug, in Zukunft weitere GBIF-kompatible Specimen- und DNA-Datenbanken als Datenquelle nutzen zu können. Das Webportal birgt somit das Potenzial, eine internationale Plattform für biologische DNA-Banken zu werden, ähnlich dem GBIF-Portal, das das führende internationale Webportal für biologische Beleg- und Beobachtungsdaten ist.

Mit seinem Webportal verwirklicht das DNA-Bank-Netzwerk darüber hinaus das informatische missing link zwischen den untersuchten Organismen und ihren DNA-Sequenzdaten. Es ist damit wesentlich einfacher, wissenschaftliche Ergebnisse von der DNA-Sequenz und der DNA, über den wissenschaftlichen Namen bis zum biologischen Beleg zurückzuverfolgen und prüfen zu können. Zwar ist es noch ein weiter Weg bis eine vollständige Dokumentation molekularbiologisch untersuchter Organismen wissenschaftliche Praxis ist, mit dem Angebot des DNA-Bank-Netzwerkes existiert aber ein Angebot zur Lösung des Problems.

Der Webkatalog und die Suchabfrage des Netzwerkes sind unter www.dnabank-network.org zu erreichen.

Holger Zetsche, Gabriele Dröge
& Birgit Gemeinholzer, Berlin ■

Botanischer Garten and Botanisches Museum Berlin-Dahlem, Freie Universität Berlin, Königin-Luise-Str. 6-8, 14195 Berlin; Email: h.zetsche@bgbm.org; g.droege@bgbm.org; b.gemeinholzer@bgbm.org

¹GBIF, Global Biodiversity Information Facility, www.gbif.org; ²BioCASE, Biological Collection Access Service for Europe, www.biocase.org; ³DNA Bank Network, software, http://www.biocase.org/products/provider_software; ⁵DiGIR, Distributed Generic Information Retrieval, <http://digir.sourceforge.net>

Die Erfassung der Bodenfauna des Atlantik

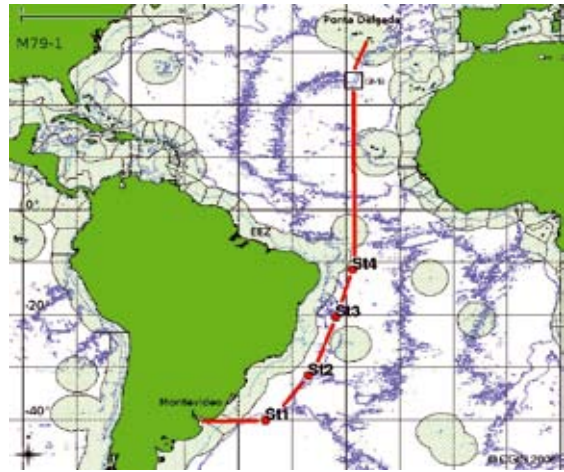
Das Projekt DIVA geht in die dritte Runde

Mit der Expedition DIVA 1 begann im Sommer 2000 eines der ambitioniertesten internationalen Tiefseeprojekte unter deutscher Leitung: die systematische Erfassung des Benthos im gesamten Atlantik.

Dass die Tiefsee den weltweit größten Lebensraum auf unserem Planeten darstellt, ist heute ebenso geläufig wie der Umstand, dass wir von diesem Lebensraum weniger wissen als von der Rückseite des Mondes. Hatte sich in der Mitte des 19. Jahrhunderts die von Edward Forbes formulierte Lehrmeinung durchgesetzt, dass unterhalb von ca. 500m kein Leben mehr möglich sei, so wissen wir heute, dass die Tiefsee nicht nur Leben schlechthin, sondern darüber hinaus sogar eine außerordentliche Fülle und Vielfalt an Organismen beherbergt. Es waren wohl vor allem die beeindruckenden Untersuchungen von Howard L. Sanders und anderen Kollegen in der Mitte des 20. Jahrhunderts, die das wissenschaftliche Interesse an der biologischen Erforschung der Tiefsee neu entfachten. Tiefseeforschung ist allerdings mit einer Reihe von Schwierigkeiten verbunden; vor allem anderen mit dem Umstand, dass man die Probenahmegebiete nicht unmittelbar erreichen kann. So sind allgemeinere Artenschätzungen auf Ergebnisse vereinzelter und verstreuter Probenahmen angewiesen, die zumeist in den unterschiedlichsten Regionen und mit verschiedensten Geräten durchgeführt werden. Derartige Schätzungen sind im Wesentlichen Extrapolationen und erreichen aufsehenerregende Zahlen von 10.000.000 Arten und mehr, was einerseits die Begeisterung an der Tiefsee zwar massiv erhöhte, andererseits den entsprechenden Forschern aber durchaus auch



Logo der DIVA 3-Expedition



Geplanter Fahrtverlauf der DIVA 3-Reise: Auslaufen am 10.07.2009 in Montevideo (Uruguay), Probenahmen an vier Stationen (S11 - S14) im Argentinien- und Brasilienbecken, evtl. zusätzliche Probenahmen an der Großen Meteorbank (GMB), Einlaufen am 23.08.2009 in Ponta Delgada (Azoren).

Chauliodus sloanei (Osteichthyes, Stomiiformes, Chauliodontidae), ein Vipernfisch von den Philippinen | Foto: L.Y.C. Liao



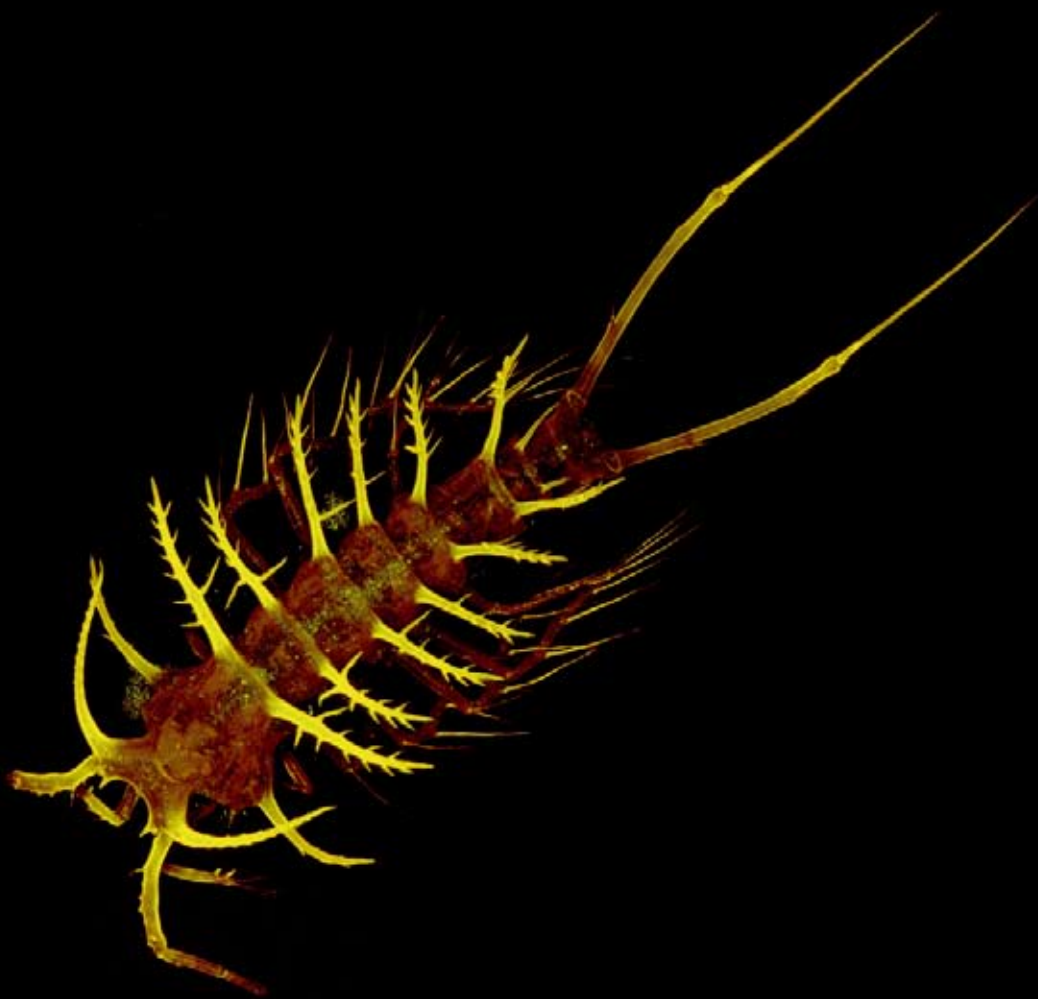
den Vorwurf der sensationsheischenden statistischen Taschenspielererei einbrachte. Um Artenschätzungen aus der Tiefsee auf ein etwas solideres Fundament zu stellen, wurde vor fast genau zehn Jahren im Rahmen von CeDAMar, dem „Census of the Diversity of Abyssal Marine Life“, von einer Reihe deutscher Zoologen ein Forschungsprojekt aus der Taufe gehoben: „Latitudinal Gradients of Deep-Sea Biodiversity in the Atlantic Ocean“, kurz DIVA. Das Projekt ist auf mehrere Jahre angelegt und soll im Verlauf einer ganzen Serie von Forschungsreisen das Tiefseebenthos des ganzen Atlantik quantitativ erfassen. Die erste dieser Reisen, DIVA 1, erfolgte im Jahr 2000 und untersuchte einen Teil des Angolabeckens vor der Küste Namibias. Während DIVA 2 (2005) konnte mit der Beprobung von Angola-, Kap- und Guineabecken der ganze östliche Atlantik südlich des Äquators erfasst werden. Ergebnisse dieser Reisen wurden in den vergangenen Jahren in einer Vielzahl von Publikationen sowie auf Tagungen und Workshops präsentiert. Und die Ergebnisse können sich sehen lassen: Allein die Auswertung zweier quantitativ beprobter Stationen des Angolabeckens erbrachte die Zahl von 683 Ruderfußkrebs-Arten - das ist fast das Doppelte von dem, was davor für die gesamte Südhemisphäre bekannt war! Dass 676 der Arten (99%) auch noch wissenschaftlich neu waren, erstaunte dabei niemanden mehr.

DIVA 3 wird es den 29 Teilnehmerinnen und Teilnehmern aus Deutschland, Kanada, der Schweiz und Spanien ermöglichen, die beiden großen südwestlichen Atlantik-Tiefseebecken zu beproben: das Argentinien- und das Brasilienbecken.

Hauptziel der Probenahmen bildet die Erfassung der Bodenfauna, vom Micro-/Nanobenthos über das Meio- und Makrobenthos bis hin zu den Vertretern des Megabenthos. Zu diesem Zweck wird eine Reihe verschiedener Schlepp- und Greifgeräte an jeder der vier geplanten Station mehrfach eingesetzt. Im Gegensatz zu den beiden vorherigen Expeditionen soll auf DIVA 3 zusätzlich auch das Plankton erfasst werden. Es gilt, die Fauna auf Artebene morphologisch und genetisch anzusprechen. Ferner sollen die Gemeinschaften beider Becken faunistisch miteinander sowie mit den Ergebnissen der vorherigen Fahrten verglichen werden; dadurch lassen sich Hypothesen zur Verbreitung von Arten, zum genetischen Austausch in diesen Tiefen sowie zur Struktur von Gemeinschaften formulieren bzw. prüfen. Untersuchungen des Sediments werden die Einbeziehung biotischer und abiotischer Variablen erlauben, um ökologische Fragestellungen (Nährstoff- und Nahrungsverfügbarkeit, Produktivität) angehen zu können.

Ceratonotus steiningeri (Copepoda, Harpacticoida, Ancorabolidae), ein Ruderfußkrebs aus dem Angolabecken (Südost-Atlantik) | Foto: J. Michels

100 μm



DIVA 3 wird mit FS „Meteor“ am 10. Juli 2009 in Montevideo (Uruguay) beginnen und am 23. August, also sieben Wochen später, im Hafen von Ponta Delgada auf den Azoren ihr Ende finden.

Die Vorbereitungen sind derzeit in vollem Gange; die Anschaffung des benötigten Materials, Abwicklung der Formalitäten (Gefahrgut, Zoll, Verschiffung usw.), das Packen der Container und die Buchung der Flüge und Hotelunterkünfte verlangen von den zuständigen Wissenschaftlern und Technikern ein hohes Maß an planerischer, organisatorischer und logistischer Professionalität. Am 03. Juni werden die beiden Container das DZMB in Wilhelmshaven verlassen, um den Hafen von Montevideo rechtzeitig zum Fahrtantritt zu erreichen. Wer Interesse hat, die Reise „hautnah“ zu begleiten, sei auf die Webseite www.deepsea-research.org verwiesen; dort wird während der Fahrt regelmäßig über ihren Verlauf berichtet werden.

Kai Horst George, Senckenberg am Meer
Wilhelmshaven ■

Forschung an der biologischen Vielfalt in Deutschland

Neues Projekt zur Vernetzung und Einbindung in die öffentliche Diskussion

Nach mehrjähriger Vorbereitung ist im April das vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderte Projekt „Aufbau eines Netzwerkes und eines Forums zur Biodiversitätsforschung in Deutschland“ gestartet. Das Projekt zur Unterstützung der Weiterentwicklung der deutschen Biodiversitätsforschung hat zwei zentrale Instrumente:

Das Instrument NETZWERK dient der besseren Verbindung und Kooperation verschiedener Disziplinen innerhalb der Forschung und insbesondere der stärkeren Einbeziehung gesellschaftlich relevanter Fragestellungen und Probleme in die wissenschaftliche Arbeit. Hier steht ferner die Schaffung eines Überblicks über bestehende Expertise in Deutschland im Vordergrund – an Forschungseinrichtungen ebenso wie bei Fachgesellschaften und anderen Institutionen.

Das Instrument FORUM fördert den gezielten Dialog der Forschung mit Politik, Anwendung und Öffentlichkeit. Ein zentrales Element des FORUMs liegt im Aufbau eines Service-Zentrums Biodiversitätsforschung als Science-Policy-Schnittstelle für Biodiversitätswissen zum aktiven Wissenstransfer zu Politik, Administration und Anwendung. Es dient dabei als koordinative Schnittstelle zur Betreuung von Anfragen an die Forschung einerseits, andererseits zur aktiven Kommunikation von Biodiversitätswissen in Politik und Öffentlichkeit, etwa durch die Erstellung von Studien zu aktuellen Themen und die Entwicklung von Presseangeboten.

Struktur und Einbindung der Forschungscommunity

Das Projekt unterstützt die Arbeit von DIVERSITAS-Deutschland, welches seit einigen Jahren die verschiedenen Bereiche der Biodiversitätsforschung zusammenführt (www.diversitas-deutschland.de). Durchgeführt wird das Projekt durch das Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung – UFZ, das Museum für Naturkunde Berlin und die Universität Potsdam, zusammen mit weiteren Partnern.

Der gesamte Prozess von NETZWERK und FORUM ist auf Offenheit und Transparenz ausgelegt: Einerseits sollen der Forschung und Wissenschaft eine Unterstützung durch ein breites Informationsangebot geboten werden, u.a. durch die Weiterentwicklung der Angebote der GTI-Kontaktstelle. Mit der Wissenschaft und potenziellen Nutzen und Interessenten des FORUMs wird der bereits etablierte Dialog über Schwerpunkte und Ausrichtung der Aktivitäten weiterentwickelt, um eine möglichst große Komplementarität mit bestehenden Aktivitäten sicherzustellen.

Erste Aktivitäten

Erste Aktivität des Projektes war die Durchführung eines Kick-off Meetings, das mit 90 Teilnehmerinnen und Teilnehmern Ende April in Berlin stattfand. Kernziel der Veranstaltung war zum einen die Bekanntmachung des Projektes in der Forschung, sowie bei Behörden, NGOs, und anderen relevanten Playern im Biodiversitätsbereich. Zum zweiten wurde das Meeting genutzt, um Ideen und Anregungen zu sammeln, welchen

thematischen Schwerpunkten sich Netzwerk und Forum mit Ihren Modulen zuwenden sollten.

Hierfür wurden zum einen in kurzen Workshops über die Vernetzung mit Fachgesellschaften, das Thema Monitoring in Deutschland sowie den Beitrag der Wissenschaft zur Formulierung von Biodiversitätszielen nach 2010 diskutiert. Im einem Wissenscafé wurden dann Ideen und Anregungen gesammelt, welche Herausforderungen thematischer Art gesehen werden. Für das NETZWERK wurde über zukünftige integrative Themen im Rahmen der DIVERSITAS-Kernprojekte gesprochen. Für das FORUM wurde versucht zu identifizieren, in welchem Themenfeldern der Biodiversitätspolitik zukünftig mehr Expertise aus der Forschung benötigt wird. Die Ergebnis-Dokumentation des Meetings werden in Kürze zur Verfügung stehen.

Für das Projekt stehen nun die Entwicklung der Webseite mit einem breiten Informationsangebot für die Forschung im Mittelpunkt. Ferner wird das Netzwerk die Vernetzung der Fachgesellschaften wie der GfBS unterstützen und einen ersten Workshop zu Infrastrukturen/Datenmanagement durchführen. Beim Forum steht der Aufbau Service-Stelle zur Biodiv-Forschung für Politik und Behörden im Vordergrund, ferner sollen erste Presseangebote im Hinblick auf das internationale Jahr der Biodiversität 2010 vorbereitet werden.

Klaus Henle und Carsten Nesshöver, Leipzig ■

Weitere Informationen:
carsten.nesshoever@ufz.de, Tel. 0341/235-164

Biogeografie

Bericht über den Workshop in Mainz, vom 16.03-17.03.2009

Aufgrund einer großzügigen Geldspende der Deutschen Botanischen Gesellschaft, der Deutschen Zoologischen Gesellschaft und der Gesellschaft für Biologische Systematik, konnte an der Johannes Gutenberg Universität in Mainz vom 16.03-17.03.2009 ein Workshop zum Thema „Biogeografie“ stattfinden.

Es referierten im Rahmen von jeweils zwei unterschiedlichen Kurstagen die international anerkannten Wissenschaftler I. Sanmartín (Real Jardín Botánico, CSIC, Madrid, Spanien) und R. Ree (Field Museum of Natural History, Chicago, USA) über die von ihnen neuentwickelten Methoden und Ansätze im Bereich biogeografischer Analysen („event-based-methods“).

Darüber hinaus präsentierten I. Sanmartín und R. Ree ihre Arbeiten an jeweils einem Abend der zweitägigen Veranstaltung im Rahmen eines Vortrags auch der Öffentlichkeit.

Aufgefordert sich zu dem Workshop anzumelden, waren bundesweit alle Nachwuchswissenschaftler, die sich im Rahmen ihrer wissenschaftlichen Arbeit mit Fragestellungen der Biogeografie auseinandersetzen.

Nachdem zahlreiche Anmeldungen bei den Organisatoren in Mainz eingegangen waren, konnte eine relativ große Gruppe von 24 Personen, darunter Diplomanden, vor allem Doktoranden, aber auch Postdoktoranden aus ganz Deutschland nach Mainz eingeladen werden. Dank des Engagements der Jungen Systematiker in Mainz konnten die Nachwuchswissenschaftler privat untergebracht werden.

Die Teilnehmer des Workshops wurden in zwei Gruppen eingeteilt, die an jeweils einem Kurstag die Möglichkeit bekamen mit R. Ree oder I. Sanmartín in

einer überschaubaren Runde, in netter Atmosphäre zu interagieren und anhand von Modellen, welche die Referenten zur Verfügung stellten, neu entwickelte Computerprogramme zu testen.

Richard Ree stellte das auf Likelihood basierende Programm Lagrange vor, welches der parametrischen Rekonstruktion ancestraler Areale dient. Dieses neue Programm ermöglicht die Berücksichtigung der Astlängen (divergence time) in Phylogenien. Eine Verbesserung zu älteren Methoden; es werden hierbei mehr Parameter berücksichtigt als z.B. in dem auf Parsimony basierenden Programm DIVA.

Isabel Sanmartín stellte uns die Programme TreeFitter und MrBayes 4 vor. TreeFitter ist ein Programm, welches Phylogenien und dazugehörige geographische Areale miteinander kombiniert, um ein sogenanntes „Area Taxon Cladogram“ zu erstellen. Ziel dieser Methode ist die Analyse unterschiedlicher Phylogenien von Organismen eines bestimmten Gebietes, das weiter gefasst sein kann (z.B. Neuseeland-Antarktis-Südamerika), um ein „General Area Cladogram“ zu erstellen, welches wiederum allgemeine biogeografische Muster aufzeigen kann.

MrBayes 4 ist die neueste Version der Bayesian Analysen, welches im Gegensatz zu älteren Versionen nicht nur zur Erstellung von Phylogenien verwendet werden kann, sondern auch in der Lage ist biogeografische Analysen durchzuführen. Das Programm setzt die sogenannte „geographic range evolution“ mit dem „Markovian Stochastic Process“ gleich, in dem „dispersal-Ereignisse“ die Verbreitung von Organismen modifizieren. MrBayes 4 zeigt somit, genau wie TreeFitter, allgemeine biogeografische Muster zwischen



Teilnehmerinnen und Teilnehmer der Workshops „Biogeographie“ und „Populationsgenetik“ mit den Referenten Richard Ree und Isabel Sanmartin (ganz vorne links), Peter Comes (letzte Reihe, 3. von links) und Erik Westberg (2. Reihe von hinten, rechts außen) | Foto: Thomas Schubert

unterschiedlichen Arealen auf.

Der Workshop für Biogeografie ist als äußerst erfolgreich anzusehen, insbesondere in Anbetracht der Tatsache, dass in erster Linie junge Wissenschaftler teilnehmen konnten, die über kein großes Budget verfügen; es sich also normalerweise nicht leisten können, so eng auf internationaler Ebene mit Wissenschaftlern zu interagieren, z.B. im Rahmen von Workshops mit hohen Teilnahmegebühren.

Die Rückmeldungen der Teilnehmer sind durchweg positiv, wobei es auch zahlreiche Verbesserungsvorschläge gibt. Fast einstimmig kam zum Ausdruck, dass die schnelle Einführung in die Komplexität der Programme zwar hilfreich war, jedoch viele Fragen offen geblieben sind – mehr Zeit also besser gewesen wäre.

Es wurde auch klar, wo praktisch und theoretisch die Grenzen der neuen Methoden liegen. Die vorgestellten Programme eignen sich also durchaus nicht für alle Arbeiten auf dem Gebiet der Systematik und Biogeografie; nichts desto trotz eröffnen sich für viele Arbeiten durch I. Sanmartín und R. Ree neue Perspektiven. Der Workshop hat somit sicherlich zur Exzellenz von wissenschaftlichen Arbeiten junger Biologen in der Bundesrepublik beigetragen.

Die hervorragende Organisation der Veranstaltung verdanken wir den engagierten „Jungen Systematikern“ des Instituts für Spezielle Botanik an der Johannes Gutenberg Universität in Mainz.

11. Jahrestreffen der Jungen Systematiker

an der Johannes Gutenberg-Universität Mainz vom 14.-15. März 2009

Zum diesjährigen Frühjahrstreffen hatten Markus Jerominek, Simone Steffen, Patrick Teege, Sabine von Mering und Maria Will die JuSys an die Johannes Gutenberg-Universität Mainz eingeladen. Das Treffen, das vom 14. bis 15. März 2009 stattfand, wurde erstmals von Botanikern innerhalb der JuSys organisiert, und unter dem Motto „Arten in Zeit und Raum“ konnten Zoologen und Botaniker gemeinsam über Fragen der Populationsgenetik, Phylogeographie und Biogeographie diskutieren.

Bereits am Freitagabend trafen sich die aus dem gesamten Bundesgebiet und einigen Nachbarländern angereisten JuSys, um sich bei einem Kneipenabend kennenzulernen und alte Bekanntschaften aufzufrischen. Offiziell begann die Veranstaltung dann am Samstagmorgen mit der herzlichen Begrüßung durch das Organisationsteam und durch Jochen Martens vom Fachbereich Biologie der Universität Mainz. Die Sprecherin der JuSys, Anna Hundsdörfer, konnte leider nicht persönlich anwesend sein, schickte aber eine Videobotschaft als Gruß. Das Programm startete dann mit zwei biogeographischen Beiträgen. Annika Hillers sprach über die „Rekonstruktion der Waldgeschichte Westafrikas anhand von Laubstreuanalysen“ und Natalia Tkach berichtete über „Diversität und biogeographische Muster der arktischen Flora“. An beide Vorträge schlossen sich dann rege Diskussionen an.

Nach der Mittagspause begrüßte der Leiter des Instituts für Spezielle Botanik und Botanischer Garten, Joachim Kadereit, die etwa 35 Teilnehmer.



Ceratonotus steingeri (Copepoda, Harpacticoida, Ancorabolidae), ein Ruderfußkrebs aus dem Angola-Becken (Südost-Atlantik) | Foto: J. Michels

Teilnehmer des 11. JuSys-Treffens an der Johannes Gutenberg-Universität Mainz | Foto: Kester Bull





Im Anschluss referierte er, passend zum Darwin-Jahr 2009, über „Charles Darwin und die Entstehung der Evolutions- theorie“. Nach diesem interessanten Rückblick auf die Anfänge der Evolutions- biologie ging es auf dem JuSys-Treffen mit aktuellen Fragestellungen weiter. So sprach Axel Schönhofer „Von alten Arten und vielen Wegen – kryptische Diversität und Biogeographie am Beispiel europäischer Weberknechte“, wobei sein Vortrag zeigte, wie wichtig die Verbindung von klassischer Taxonomie mit modernen molekularen und biogeographischen Methoden ist. Den Ansatz, über eine Kombination von Populationsgenetik und Modellierung Aussagen über Artbildung machen zu können, präsentierte Gertrud Schorr anhand der „Diversifikation alpiner Primeln – Synthese aus Populations- genetik und modellierten Eiszeitrefugien“. Abschließend gewährte Sebastian Meyer den JuSys einen Einblick in ökologische Grundlagenforschung. Er sprach über „Ökosystemingenieure in fragmentierten Wäldern: Effekte von hyperabundanten Blattschneiderameisen auf Waldstruktur, -mikroklima und -regeneration“. Dieser Vortrag stieß auf sehr großes Interesse und anhand der intensiven Diskussion wurde deutlich, wie wichtig interdisziplinäre Zusammenarbeit auch für Systematiker und Taxonomen ist.

Der Sonntag begann dann mit dem traditionellen Frühstück der JuSys. Währenddessen konnten die etwa 30 Teilnehmer, einschließlich einiger neuer Mitglieder, den letzten Tag Revue passieren lassen und sich auf die Mitgliederversammlung mit der Wahl der neuen Sprecherin einstimmen. Zunächst berichtete Jana Hoff-

mann von der letzten Vorstandssitzung, an der sie als Vertretung der Sprecherin Anna Hundsдorfer teilgenommen hatte. Außerdem wurden einige Punkte wie die Gestaltung des GfBS-Newsletters, die Öffentlichkeitsarbeit und der Internet-Auftritt der JuSys, die Bewertung der studentischen Beiträge bei der Systematics Tagung in Leiden sowie die Umfrage zu Berufsaussichten von Systematikern diskutiert. Im Anschluss legte Anna Hundsдorfer ihr Amt als Sprecherin der JuSys nieder und Jana Hoffmann wurde einstimmig zur neuen Sprecherin gewählt. Näheres dazu findet sich im Protokoll der Mitgliederversammlung.

Anschließend an die Mitgliederversammlung hielt Annegret Werner von der Abteilung Internationales der Universität Mainz einen sehr interessanten Vortrag über die Organisation und Finanzierung von Kongress- und Auslandsreisen für Jungwissenschaftler. Nachdem Frau Werner dann die vielen Fragen beantwortet hatte, stand bereits der nächste spannende Punkt auf der Tagesordnung. So wurde eine Führung durch den Botanischen Garten mit Simone Steffen angeboten, wo ausführlich auf die tropische Pflanzengattung *Myrmecodia* eingegangen wurde, die mit Ameisen in Symbiose lebt. Spinnenfreunde konnten mit Axel Schönhofer die Weberknechtsammlung bestaunen, und Vogelliebhaber konnten das einmalige Archiv von Vogelstimmen mit Jochen Martens erkunden. Ein weiterer Höhepunkt war die Demonstration der 3D-Rekonstruktion im zoologischen Präparatorium. Hier zeigten Ulrich Meissner und Detlev Gregorczyk nicht nur einen Monitor, der 3D-Abbildungen darstellen

kann, sondern auch einen Drucker, der dreidimensionale Strukturen wiedergeben kann. Ein echtes Highlight für alle Technikbegeisterten!

Im Anschluss an das Frühjahrstreffen fanden zwei Workshops statt, die sich inhaltlich an das Motto des Treffens anlehnten: „Biogeographie – neue Methoden und Ansätze“ und „Populationsgenetik“. Hohen Zuspruch fanden die Workshops nicht nur wegen des praxisorientierten Aufbaus, sondern auch, weil die Anmeldung kostenlos war. Insgesamt wurde das Mainzer JuSys-Treffen von vielen Seiten unterstützt, unter anderem von den Firmen GENTERprise Genomics und Bionade, sowie dem Freundeskreis des Botanischen Gartens und der Johannes-Gutenberg-Universität. Zudem haben die GfBS, die Deutsche Botanische Gesellschaft und die Deutsche Zoologische Gesellschaft zum ersten Mal gemeinsam den Nachwuchs unterstützt und so die Durchführung des Biogeographie-Workshops ermöglicht. Sowohl das Treffen als auch die Workshops waren ein großartiger Erfolg, der nicht zuletzt auf die hervorragende Organisation der Mainzer Doktoranden zurückzuführen ist. Um die Reisekosten der teilnehmenden JuSys so gering wie möglich zu halten, versuchten sie neben der eigentlichen Organisation des Treffens und der Workshops jeden Teilnehmer privat aufzunehmen und ein Bett für die Nacht anzubieten. Jeder junge Systematiker, der privat unterkam, wurde mit großer Gastfreundschaft aufgenommen, weswegen den Gastgebern großer Dank gilt. Außerdem sorgten die Mainzer mit Hilfe der von ihnen organisierten Vorträge, Führungen, Workshops, Posterses-



Demonstration des 3D-Druckers im zoologischen Präparatorium der Universität Mainz | Foto: Maria Will

sion, den unzähligen E-Mails und vielem mehr für arbeitsintensive und sehr produktive Tage. Also ein rundherum gelungenes Paket, von dem noch lange gesprochen werden wird!

Ulrike Fohgrub & Simone Steffen ■

Workshop Populationsgenetik

Der Workshop „Populationsgenetik“ fand im Anschluss an das diesjährige JuSys-Treffen in Mainz statt. In äußerst angenehmer und freundlicher Atmosphäre gaben Peter Comes (Universität Salzburg) und Erik Westberg (Universität Mainz) den aus ganz Deutschland und Österreich angereisten Jungsystematikern einen Einblick in populationsgenetische Methoden, die bei der Auswertung genotypischer Marker zum Einsatz kommen können.

Hierzu bereiteten sie die theoretischen Grundlagen anschaulich und ausführlich auf; zu nennen wären hier als Wichtigste die Überprüfung von Hypothesen mittels Statistik (Resampling, Simulationen, Modellvergleiche), die Quantifizierung genetischer Diversität (Heterozygotität, Hardy-Weinberg-Gleichgewicht), die Erfassung genetischer Differenzierung (F-Statistik, Varianzanalyse) und der genetischen Struktur von Populationen (Distanzmaße, Mixtureanalyse), sowie die Einbeziehung von Faktoren, die diese Größen beeinflussen (Genfluss, isolation by distance). Außerdem wurde die Implementierung der genannten Methoden in drei gängige Computerprogramme (Arlequin, BAPS, TFGA) vorgestellt, und die Teilnehmer mit der Anwendung der Software anhand eines geeigneten Beispieldatensatzes vertraut gemacht. Die Bedeutung eines wohlüberlegten Samplings zur Vermeidung eines experimentell verursachten bias wurde hierbei verdeutlicht.

Da in der biologischen Systematik zunehmend auf Populationsniveau gearbeitet wird, steigen die Ambitionen bezüglich einer sinnvollen Auswertung entsprechender Daten. Daher stellte der Workshop einen äußerst wertvollen Beitrag für eine fachbezogene Weiterbildung der 14 Teilnehmer dar.

Florian Turini, München ■

Biodiversity Heritage Library for Europe

Auf dem Weg zu einer globalen Bibliothek des Lebens

Ein wichtiges Hindernis bei der Umsetzung der Biodiversitäts-Konvention der Vereinten Nationen (CBD) ist der fehlende Zugang zu taxonomischem Wissen. Dieses taxonomische Wissen ist überwiegend in den wissenschaftlichen Publikationen der vergangenen Jahrhunderte gebündelt. Der Besuch zahlreicher Bibliotheken ist im Moment die einzige Möglichkeit, diese Publikationen einzusehen und taxonomische Grundlagenforschung auf ein breites Fundament zu stellen. Mit der Initiierung des Projektes „Biodiversity Heritage Library“ (BHL) wird dieses Problem nun systematisch gelöst. BHL digitalisiert die Bestände der Partnerbibliotheken und stellt die Digitalisate offen ins Netz. Der Fokus liegt dabei momentan auf alter Literatur (publiziert vor 1923). Im April 2009 sind fast 13.000.000 Seiten aus über 11.000 Werken online verfügbar.

Bisher hat sich dieses Projekt auf die USA und den englischen Sprachraum konzentriert. Europa hat aber auch in der Vergangenheit ein umfangreiches taxonomisches Wissen erarbeitet, dass in vielen Sprachen publiziert und auf viele Bibliotheken verteilt ist. Mittlerweile laufen in vielen europäischen Ländern Initiativen zur Digitalisierung dieser Literatur.

Unter Federführung des Museums für Naturkunde – Leibniz Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung an der Humboldt-Universität zu Berlin - wurde am 1. Mai 2009 ein Projekt zur Koordination und Zusammenführung bestehender Digitalisierungsinitiativen gestartet: Biodiversity Heritage Library for Europe (BHL-Europe).



Die Projektleitung hat Dr. Henning Scholz (Projektbüro: bhl-europe@mf-n-berlin.de). Das Projekt wird von der EU im Rahmen des eContentplus Programms unterstützt und hat eine Laufzeit von 36 Monaten. Das Konsortium des Projekts umfasst derzeit 28 Partner. Viele wichtige Naturkundemuseen und Botanische Gärten Europas beteiligen sich bereits an dem Projekt. Ergänzt wird das Konsortium durch IT-Unternehmen und einige große Bibliotheken und Universitäten. Zwei amerikanische Institutionen sichern die Anbindung von BHL-Europe an BHL. Außerdem konnten wir Wiley als Partner gewinnen. Schließlich ist die European Digital Library Foundation als Partner integriert, um die Anbindung von BHL-Europe an die europäische digitale Bibliothek Europeana herzustellen.

BHL-Europe ist ein Best Practice Network. Der Fokus des Projekts liegt also nicht auf der eigentlichen Forschungs- und Entwicklungsarbeit, sondern in der Nutzung, Anpassung und Kombination bereits entwickelter Bausteine sowie der Markteinführung einer technischen Lösung für eine digitale Bibliothek dieser Größenordnung. Das Konsortium wird unter Nutzung der Erfahrungen der Partner gemeinsam nach Lösungen suchen, um die bestehenden Repositorien interoperabel zu machen und einen Konsens der Methoden und Standards zu erreichen. Wir werden bestehen-

de Standards, Spezifikationen, Workflows und Methoden für digitale Bibliotheken prüfen, revidieren, anpassen, implementieren und für andere Projekte verfügbar machen. Wir werden in Zusammenarbeit mit den Kollegen in den USA das bereits bestehende BHL-Portal (<http://www.biodiversitylibrary.org/>) in ein zentrales multilinguales Portal umwandeln, über das der Zugang zu den weltweit erstellten Digitalisaten ermöglicht wird.

Dieses Portal wird mit einer speziellen Suchfunktionalität ausgestattet sein, die v.a. taxonomische Informationen dem Nutzer in einfacher Form zugänglich macht. BHL-Europe ist außerdem ein Aggregator für Europeana und macht die Inhalte v.a. über Europeana der breiten Öffentlichkeit zugänglich. Ein weiteres wichtiges Ziel von BHL-Europe ist die Entwicklung von Methoden und Strategien zur nachhaltigen Sicherung der Digitalisate. Schließlich werden wir verstärkt mit Verlagen und den Inhabern von Urheberrechten in Verhandlung treten, um gegenwärtig durch Urheberrechte geschützte Inhalte über BHL anbieten zu können. Wir sind natürlich sehr daran interessiert, unser Konsortium zu erweitern, um weitere Repositorien an BHL anzubinden.

Ziel von BHL-Europe ist es nicht, die eigentliche Digitalisierung von Literatur vorzunehmen. Eine Massendigitalisierung nach amerikanischem Vorbild wird von der EU im Rahmen dieses Projekts nicht unterstützt, sondern liegt in der Verantwortung der beteiligten Länder. BHL-Europe kann aber auf strategischer Ebene bei der Etablierung und Implementierung von Digitalisierungsprojekten behilflich

sein. Wir hoffen sehr, dass die durch BHL-Europe zu schaffenden Rahmenbedingungen die Möglichkeiten für die Finanzierung der Literaturdigitalisierung im europäischen Maßstab erheblich verbessern werden.

Organisms Diversity and Evolution (ODE) evolving

With its debut in 2000, *Organisms Diversity and Evolution* (ODE) was one of the first journals to focus on the growing wave of biodiversity research and the renaissance of taxonomy. Now entering its tenth year of publication, ODE has a well-deserved reputation as one of the leading journals publishing papers about biodiversity, taxonomy, and evolution. For that, the entire editorial team, and Prof. Dr. Gerhard Haszprunar in particular, are to be congratulated.

But changes are coming to keep ODE competitive in an increasingly crowded field. Since the year 2000, numerous journals with overlapping interests have also appeared: *Frontiers in Zoology*, *Systematics and Biodiversity*, and *Zootaxa* (to name but a few).

The largest change is that ODE will be switching publishers, moving from Elsevier to Springer. Springer is fully committed to ODE and I am confident that they will provide ODE with the support it needs to raise its impact and profile even further. Among the positive developments that this change will bring are:

- the use of Springer's online submission and review system, Editorial Manager, to streamline and expedite the entire review process;
- immediate online publishing of accepted and formatted articles as part of OnlineFirst; these articles will be fully citable, thereby effectively reducing the time to publication;
- Open Choice, an option enabling authors to make their article freely available to the entire scientific community (at a price, of course);
- free colour figures in the online versions of the articles (colour illustrations in the printed version will still incur page charges such that it will be possible to print them in grey-scale there);



- colour pictures on the cover of ODE (see figure);
- a free PDF of the final version for the corresponding author;
- no page charges (apart from the options for colour figures or making the article open access); and
- the rolling of the ODE Supplement directly into the main journal such that the content of all papers will appear in one place only (online appendices will still be available, however).

Most of these features are now standard practice for scientific publishing and the move to Springer will mean that ODE will enjoy the benefits of them as well.

The second change is a restructuring of the editorial team, where I will be taking over from Prof. Dr. Haszprunar as the Editor-in-Chief. The remaining Chief Editors will now be expanded in number and renamed as Associate Editors, reflecting the organizational structure that is already effectively in place at ODE. The Associate Editors, of which I will also act as one, will divide their duties largely according to their taxonomic expertise.

Additionally, ODE will now also have a dedicated Managing Editor, Dr. Julia Gockel, to help oversee and troubleshoot all aspects of the review and pre-production processes. I am also delighted that Martin Spies will continue his excellent copy-editing work for the journal, ensuring the continued high quality of both the English and taxonomic conventions in all articles.

Finally, there will also be an expansion in the content and types of papers that ODE will be publishing. The journal will retain its organismal focus, but will place a stronger emphasis on integrative papers that merge the themes listed in the journal's title: organisms, diversity, and evolution. Two new categories of papers will also now be explicitly recognized and invited. The first are short, more methodological papers introducing important new methods, databases or bioinformatic tools that will aid the readers of ODE in performing their organismal research. The second are (invited) review papers examining both important themes and issues in the scope of the journal as well as short taxonomic reviews for selected groups of organisms.

Together, I am confident that these changes will help strengthen ODE and the reputation that it has garnered in the past 10 years.

Olaf R.P. Bininda-Emonds, Oldenburg ■

As of this writing, Editorial Manager is still being configured for ODE and is therefore not yet online. Therefore, all new submissions or enquiries about potential submissions should be directed to me (preferably via e-mail) at:

Prof. Dr. Olaf R.P. Bininda-Emonds, AG Systematik und Evolutionsbiologie, IBU - Fakultät V, Carl von Ossietzky Universität Oldenburg, 26111 Oldenburg, Germany, Phone: +49 441 798 3965, Fax: +49 441 798 193965, e-mail: olaf.bininda@uni-oldenburg.de

Aktuelles der AG Junge Systematikerinnen

und die neue Sprecherin

Die Jungen Systematiker haben auf dem diesjährigen JuSys-Treffen in Mainz (Bericht in diesem Heft) eine neue Sprecherin gewählt.

Mein Name ist Jana Hoffmann. Ich habe 2006 mein Biologiestudium (Diplom) an der Humboldt-Universität zu Berlin abgeschlossen. Durch einen glücklichen Zufall bekam ich bereits in den ersten Semesterferien meines Studiums einen Praktikumsplatz am Museum für Naturkunde (heute: Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung) bei Dr. Oliver Coleman in der Kustodie Crustacea. Dieses Praktikum war wegweisend und ich entschloss mich, sowohl meine Studienjahresarbeit, als auch meine Diplomarbeit über die Morphologie und Taxonomie von Amphipoden (Flohkrebse) zu verfassen. Die stete Förderung durch Oliver, die vielen anderen Kustoden und wissenschaftlichen Angestellten im Museum verdanke ich einen tiefen Einblick in die museale Arbeit und natürlich die Taxonomie und Systematik selbst. Im Jahr 2003 legte ich einen kleinen Zwischenstopp anlässlich der Geburt meines Sohnes ein. Direkt nach Abschluss meiner Diplomarbeit wechselte ich die Tiergruppe und seitdem beschäftige ich mich in einem von der DFG geförderten Projekt mit den marinen Brachiopoden (Armfüßer), eine seltene aber ungemein faszinierende Gruppe. In meiner Doktorarbeit befasse ich mich mit der Phylogenie der rezenten Thecideen, einer Teilgruppe der Brachiopoden, die in tropischen und subtropischen Gewässern vorkommt. Ich arbeite sowohl rein morphologisch, taxonomisch als auch mit molekularen Methoden. Betreut wird diese Arbeit von Dr. Carsten Lüter (Kustodie



Neue Sprecherin Jana Hoffmann | Foto: privat

Marine Wirbellose, Museum für Naturkunde) und Prof. Gerhardt Scholtz (Humboldt-Universität). Derzeit bin ich mit dem Abschluss meiner Dissertation beschäftigt und bin im Projektbüro von BHL-Europe am Museum für Naturkunde tätig. (siehe auch <http://www.naturkundemuseum-berlin.de/mitarbeiter/mfn.asp>)

Mitglied der Jusys und GfBS bin ich seit der GfBS Jahrestagung 2006 in Basel, dem Beginn der Amtszeit von meiner Vorgängerin Anna Hundsdoerfer, der ich an dieser Stelle für ihre langjährige engagierte Arbeit von ganzem Herzen danken möchte.

Während meines ersten Herbsttreffens der JuSys in Dresden lernte ich viele spannende und enthusiastische Nachwuchswissenschaftler kennen. 2007 organisierte ich dann zusammen mit Annette Klusmann-Kolb den Workshop „Moderne Methoden in der Systematik“ für die JuSys in Frankfurt/ Main über „Digitales Zeichnen“. Seit 2007 habe ich zusammen mit Anna Hundsdoerfer die Evaluation der studentischen Beiträge bei den jährlichen Tagungen der GfBS (Wien und Göttingen) vorbereitet, koordiniert und mit zahlreichen fleißigen Helfern durchgeführt. Im letzten Herbst luden wir dann in Berlin zur Festveranstaltung zum 10 jährigen Jubiläum der JuSys ein und gestalteten das anschließende jährliche JuSys-Treffen zum Thema „Taxonomie und Systematik im 21. Jahrhundert“ mit insgesamt drei Workshops.

Ich freue mich sehr auf meine neue Aufgabe als Sprecherin und möchte mich bei allen, die mich gewählt haben, nochmals für das entgegengebracht Vertrauen bedanken!

Ich möchte auch nicht versäumen alle herzlich einzuladen sich mit zukünftigen Anregungen, Hinweisen und Ideen für Projekte im Hinblick auf die Jungen Systematiker an mich zu wenden.

Seit dem letzten JuSys-Treffen und den Workshops in Mainz hat sich auch schon wieder einiges getan. Sicherlich ist niemandem die von den JuSys Michael Braun und Alexander Gruhl erstellte Umfrage zu den Berufschancen der Systematiker entgangen. Eine erste Auswertung der Ergebnisse findet sich bereits in diesem Heft. Weiterhin arbeiten ich derzeit mit Martina Knapp und Valerie Klatte-Asselmeyer an

einer Neugestaltung und Strukturierung der Homepage der JuSys. Valerie hat zudem auf Anregungen während des letzten JuSys-Treffens ein Poster und neue Flyer für die JuSys entworfen, die wir u.a. auf der nächsten GfBS Tagung, der SYSTEMATICS, in Leiden/ Niederlande präsentieren wollen. Auch dieses Jahr wird es während der SYSTEMATICS eine Evaluation aller eingereichten studentischen Beiträge geben. Die Organisation liegt in unseren Händen und wir suchen auch in diesem Jahr wieder fleißige Helfer für die Auswertung und natürlich engagierte Juroren. Die JuSys-Mitgliederversammlung auf der SYSTEMATICS wird sich mit zukünftigen Workshops und vor allem dem nächsten JuSys-Treffen 2010 befassen. Ich hoffe daher auf zahlreiches Erscheinen aller bei der Tagung anwesenden JuSys. In diesem Sinne: Bis Bald!

Jana Hoffmann, Berlin ■

Professorin oder Taxifahrerin?

Berufsumfrage für organismische Biologinnen und Biologen

Wer kennt sich denn heute noch mit Pflanzen oder Tieren aus? Nicht nur unsere Artenvielfalt auf dem Planeten ist bedroht, auch die Menschen, die sich damit beschäftigen werden immer weniger. Aber wie steht es um die Zukunftsaussichten für Biologen? Um einen aktuellen Überblick zu bekommen, wie viele Biologen nach ihrem Studium tatsächlich weiter an ihren Pflanzen und Tieren forschen, haben die Jungen Systematiker (JuSys) – die Nachwuchswissenschaftler der „Gesellschaft für Biologische Systematik“ (GfBS) eine Umfrage gestartet. Die Umfrage dauert nur 3 Minuten und richtet sich an Biologen, die ihr Studium nach 1990 abgeschlossen haben. Sie finden sie unter dem Link:

www.berufschancenbio.de

An der Umfrage haben sich bislang 194 Personen beteiligt, davon insgesamt 116 männliche und 78 weibliche Teilnehmer. Der größte Anteil der Befragten (78%) ist derzeit auch in der organismischen Biologie tätig und als Post-doc (32%), Doktorand (29%) oder fest angestellter Wissenschaftler (23%) beschäftigt, seltener sind die Freiberufler (9%), Volontäre (5%) oder Studenten (2%). Über die Hälfte der Befragten befinden sich demnach in ihrer wissenschaftlichen Qualifikationsphase und haben keine feste Stelle. Ernüchternd ist, dass weniger als ein Drittel, der noch in der Systematik und Taxonomie tätigen Biologen, die ihr Studium nach 1990 abgeschlossen haben, bereits eine feste Anstellung haben.

Überraschend ist die sehr frühe Entscheidung der Teilnehmer, sich mit der Biologie von Pflanzen und Tiere zu be-

schäftigen: 43,4% der Biologen entschieden sich schon vor dem Studium für diese Laufbahn, nur 0,5% entschieden sich während der Promotion für die organismische Biologie. Um einem noch stärkeren Fachkräftemangel vorzubeugen sollten auf jeden Fall schon Kinder und Jugendliche an den Schulen in Belange der Biodiversität einbezogen werden. 57 verschiedene Studienorte für Grund- und Hauptstudium sowie Promotion wurden von den Teilnehmern angegeben, sowohl innerhalb als auch außerhalb Deutschlands. Berlin bietet gleich mehrere Institutionen wie die Freie Universität, die Humboldt-Universität und das Museum für Naturkunde, und hat als Ausbildungsort für das Grundstudium mit 7,7% der Teilnehmer im deutschsprachigen Raum die Nase vorn. Gefolgt wird Berlin von Wien (7,1%), Bielefeld (6,6%), Göttingen (6,6%), Ulm (6,6%) und Tübingen (5,6%). Für Promotionen sieht die Situation etwas anders aus. Berlin führt zwar immer noch mit 9,7% der Teilnehmer, wird aber gefolgt von Ulm (8,2%), Wien (6,6%), Göttingen (4,6%), Bonn (4,6%) und Hamburg (3,6%). Bielefeld fällt hier von Platz 3 auf 22 zurück (nur 1% der Promotionen), bietet also gute Startbedingungen aber bislang noch nicht ausreichend Weiterbildungspotenzial. Während in Heidelberg immerhin noch 2% der Teilnehmer promovierten, absolvierten hier ihr Grundstudium lediglich 0,5% - offenbar eine Organismikerwüste in der Ausbildung trotz Exzellenzinitiative und großer Forschungseinrichtungen im Biologischen Bereich (Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ), European Molecular Biology Laboratory (EMBL), Zentrum für Molekulare Biologie der Universität Heidelberg (ZMBH)).

Die Prognosen für die Zukunftsaussichten in der systematischen Biologie sind ernüchternd. Nach Schulnoten (1-6) bewerteten Männer die Zukunft ihres eigenen Fachgebietes mit 3,8, Frauen gar mit 4,0. Etwas besser wurden die Berufs-Chancen in Sparten außerhalb des eigenen Fachgebietes gesehen, wobei Männer die Note 3,2, die Frauen 3,0 vergaben.

Insgesamt 37 aller Befragten (20%) haben der systematischen Biologie allerdings bereits den Rücken gekehrt. Doch wann haben Sie sich zu diesem Schritt entschieden? Der überwiegende Anteil dieser Befragten entschied sich entweder nach dem Diplom (35%) oder nach der Promotion (35%) für eine andere Tätigkeit. Das sind offensichtlich die „Knackpunkte“ in der wissenschaftlichen Laufbahn, an denen sich in diesem Fall bereits gut ausgebildete Biologen von der systematischen Biologie abwenden. Doch was sind die Gründe für diese folgenschwere Entscheidung? In den meisten Fällen wird die harte Realität, in der sich die Systematik und Taxonomie im deutschsprachigen Raum befindet, mehr als deutlich. Die fehlenden oder schlechten Berufsperspektiven im Hinblick auf feste und gut bezahlte Jobs werden fast einhellig von den Befragten als Ausstiegsgründe genannt, seltener eine schlechte Betreuung, Interessenwechsel und schlechte Publikationsmöglichkeiten.

Doch wie viele Biologen wurden tatsächlich zu Taxifahrern oder Wurstbudenbesitzern? Die „neuen“ Arbeitsfelder der Aussteiger aus der systematischen Biologie sind überaus divers und reichen vom Wechsel in ein anderes Fachgebiet der

Biologie, bis hin zu einer Anstellung im Call-Center.

Interessant ist, dass sich die Arbeitsfelder zwischen männlichen und weiblichen Befragten deutlich unterscheiden. Die meisten der männlichen befragten Aussteiger entschieden sich für den Wechsel in ein anderes Fachgebiet der Biologie, z.B. Molekulargenetik, Neuro- und Verhaltenswissenschaften oder sie entschieden sich für eine Karriere als Lehrer oder eine Tätigkeit in der IT- Branche. Die Mehrzahl der weiblichen befragten Aussteiger entschied sich zwar ebenfalls für eine Zukunft in einem andere biologischen Fachgebiet, z.B. Mikrobiologie, Bioinformatik, Physiologie, Verhaltensforschung, oder aber für eine Tätigkeit im Wissenschaftsmanagement, in der Öffentlichkeitsarbeit; auch familiäre Gründe (Kinder) führten zum Ausstieg aus der Biologie.

Auffallend ist, dass wir einen Großteil der systematisch interessierten Biologen tatsächlich an andere Fachgebiete der Biologie selbst verlieren, weil dort die Berufsaussichten offensichtlich besser eingeschätzt werden.

Diese vorläufigen Ergebnisse geben bereits einen spannenden, aber ernüchternden Einblick in die Situation des Nachwuchses in der systematischen Biologie im deutschsprachigen Raum und verdeutlichen, dass der Mangel an festen Anstellungen bzw. die schlechte Berufsperspektive in der Systematik und Taxonomie zum Verlust von hoch qualifiziertem Nachwuchs führt, entweder an andere biologische Disziplinen oder aber die Wirtschaft.

Michael Braun und Jana Hoffmann, Berlin ■

Wir hoffen auf weitere Teilnehmer, um die Befragung noch repräsentativer zu gestalten können. Hier noch einige Reaktionen auf die Umfrage:

„Bei uns erobert die anwendungsnahe medizinisch-orientierte Forschung immer mehr Zoologiestellen ... auf Kosten der breiten, alle Tierarten berücksichtigenden Zoologie. Wir sind jetzt so etwas wie eine vorklinische Zoologie. Hier gibt es fast nur noch Maus und Ratte, als Modell für den Menschen.“

„Glaubt ihr tatsächlich neue Erkenntnisse gewinnen zu können, oder soll die Politik auf der Grundlage des Umfrageergebnisses der Einsicht geführt werden, man müsse mehr in den taxonomischen Nachwuchs investieren? – Hört auf zu träumen! – Die Taxonomie wird doch von außen als verschrobene eingestaubte Betätigung angesehen – der Status der Wissenschaft ist ihr längst aberkannt. ... Und dann die jungen Taxonomen selbst, blind vor Motivation und Ehrgeiz. Sie bewerben sich auch noch auf volontariate Anwärtergehälter, obwohl sie längst auf anderes Anspruch hätten, nur um im Geschäft zu bleiben. Am Ende sind sie bereit auch ohne Vergütung zu arbeiten, nur wenn jemand ihnen einen Tisch und ein Bino hinstellt. Das verdirbt die Preise! ...“

„In den USA hat man den Mangel an organismisch arbeitenden Biologen bereits anerkannt und greift auf ausländische Forscher zurück. Diese erfahren in den USA eine Wertschätzung und Förderungsmöglichkeiten, die man im eigenen Land selten erfährt.“

„Meine Spezialgruppe ... scheint etwas

exzentrisch, aber gerade dadurch habe ich immer wieder faunistische und taxonomisch orientierte Projekte durchgeführt. Diese „Laufbahn“ ist natürlich keine Garantie für junge Wissenschaftler, aber man kann durchaus auch so ein interessantes Leben mit eigenen Interessen gestalten, und die pekuniäre Problematik sollte letztlich niemanden abschrecken.“

„Das ist eine sehr wichtige Umfrage! Nach meinem Studium habe ich in der Paläontologie Diplom- und Doktorarbeit geschrieben und auch hier ist das Problem, dass gute Taxonomen immer seltener werden. Auch hier geht es immer mehr in die Richtung angewandte Forschung.“

„Als Mann würde ich meine beruflichen Chancen für die Zukunft im eigenen Fachgebiet besser einschätzen.“

„Es muss darauf fokussiert werden, dass man moderne Methoden durchaus nutzen soll, jedoch die Grundlage eine Kenntnis der Organismen und ihrer Biologie sein muss – nur dadurch können wir die Methoden überhaupt sinnvoll einsetzen.“

„Freut mich, dass Sie diese Problematik anpacken. Viel Erfolg!“

Der Mann, der die Tiere liebte

Bernhard Grzimek - Biografie

Die abenteuerlichen Afrikareisen seit Beginn der 1950er Jahre, der Kinofilm Serengeti darf nicht sterben, bei dessen Dreharbeiten sein Sohn Michael starb, die Sendereihe Ein Platz für Tiere, die zahllosen Bücher und das beharrliche Werben für den Naturschutz – der Name Bernhard Grzimek weckt auch heute noch zahlreiche Erinnerungen.

Bernhard Grzimek war Abenteurer und Visionär, erster Bundesbeauftragter für den Naturschutz, disziplinierter Arbeiter, Frauenheld. Er traf Diktatoren, wenn es seiner Sache dienlich war, und liebte Scherzartikel. Er führte ein öffentliches Leben und starb doch einsam während einer Zirkusvorstellung.

Claudia Sewig zeichnet in dieser Biografie ein differenziertes Bild des großen Tierfilmers und Zoodirektors – das Porträt einer kontroversen Persönlichkeit, deren Arbeit bis heute fortwirkt.

ISBN:

978-3-7857-2367-8
(3-7857-2367-9)

Hardcover/Gebunden
447 Seiten

Preis:

24,95 EUR (D)
25,70 EUR (A)
44,90 SFR (UVP)

Ersterscheinungsdatum:
17.03.2009



„Diese Widersprüchlichkeiten aufgedeckt zu haben, ist das Verdienst von Claudia Sewig. Es ihr glänzend gelungen, ein facettenreiches Bild einer faszinierenden Persönlichkeit zu zeichnen.“

Deutschlandradio Kultur, Berlin

„Claudia Sewig nimmt in ihrem lesenswerten Buch die Licht-, aber auch die Schattenseiten des vielleicht bedeutendsten Tierschützers des 20. Jahrhunderts unter die Lupe.“

Buchjournal, Frankfurt



SYSTEMATICS

First meeting of BioSyst EU 2009
Seventh Biennial Conference of the Systematics Association
11. GfBS-Jahrestagung
10-14 August 2009

National Herbarium of the Netherlands and
National Museum of Natural History Naturalis, Leiden

www.biosyst.eu



naturalis



NOBIS



**SWISS
SYSTEMATICS
SOCIETY**



GfBS – Mitgliederversammlung 2009

An alle
Mitglieder der Gesellschaft für Biologische Systematik

Einladung zur
11. Ordentlichen Mitgliederversammlung der
Gesellschaft für Biologische Systematik

Ort: Leiden University Medical Center (LUMC), Onderwijsgebouw,
Hippocratespad 21, 2333 ZD Leiden

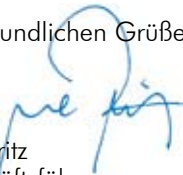
Für Raumnummer bitte Aushang beachten!

Zeit: Donnerstag, 13. August; 18:00-19:00 Uhr

Tagesordnung:

- (1) Feststellung der Tagesordnung
- (2) Bericht der Präsidentin und Aussprache
- (3) Berichte von Schriftführer, Geschäftsführer,
Herausgeber von ODE und Aussprache
- (4) Bericht der Schatzmeisterin und Aussprache
- (5) Entlastung des Vorstandes und der Schatzmeisterin
- (6) Wahl des Vorstandes
- (7) Beschluss über Tagungstermin und Tagungsort für die nächste Jahrestagung.

Mit freundlichen Grüßen
Ihr



Uwe Fritz
Geschäftsführer

GfBS – Rückblick und Ausblick

Liebe KollegInnen,
es ist vollbracht: nach langwierigen Verhandlungen mit verschiedenen Verlagen wechselt unsere Zeitschrift *Organisms Diversity and Evolution* im Jahr 2010 zum Springer Verlag. Dieser Schritt zieht einige Veränderungen nach sich: so sollen die Manuskripte elektronisch eingereicht werden, und Artikel-Supplements wird es nicht mehr geben. Außerdem beginnt ein neues Herausgeberteam; Olaf Beninda-Emonds hat sich dankenswerter Weise bereit erklärt, als Hauptherausgeber zu fungieren und die neuen Strukturen zu organisieren (S. 25). Ich möchte an dieser Stelle meinen herzlichsten Dank an alle bisherigen Herausgeber und Editorial Board aussprechen, die sich um ODE verdient gemacht und unsere Zeitschrift innerhalb weniger Jahre zu internationalem Rank verholfen haben. Mein ganz besonderer Dank gilt Gerhard Haszprunar und seinem Team, das trotz verlagsseitiger Schwierigkeiten es immer wieder geschafft hat, die Hefte termingerecht fertig zu stellen und die gesetzten Standards zu halten.

Auch bei den JuSys gibt es Veränderungen: Jana Hofmann stellt sich in dieser GfBS-News vor (S. 27). Mein großer Dank geht ihre Vorgängerin Anna Hundsdörfer, die viele Jahre lang die Aktivitäten der JuSys geleitet und vorangetrieben hat. Ich hoffe, dass uns ihr Engagement weiterhin erhalten bleibt und wünsche ihr für ihre wissenschaftliche Laufbahn viel Erfolg.

Die JuSys nutzen die GfBS-News – seit diesem Jahr mit ISSN – in vorbildlicher Weise, um ihre Aktivitäten und Themen den GfBS-Mitgliedern nahe zu bringen.

Der Bericht (S. 29) über die Umfrage nach den Berufsaussichten organismischer BiologInnen zeigt eindrucksvoll, wie engagiert die „Jungen“ sind und welche Verantwortung wir „Alten“ haben. Diese Umfrage wurde als Pressemitteilung vom VBIO am Tag der Biodiversität, 22. Mai 2009, unter dem Titel: „Taxon oder Taxi“ für uns veröffentlicht und hat mit fast 200 Antworten eine erstaunlich große Resonanz erhalten.

Ich freue mich auf unsere 1st BIOSYST.EU – zugleich 11. GfBS-Jahrestagung – und hoffe, Sie in Leiden begrüßen zu können!



Regine Jahn, Berlin
Präsidentin der GfBS ■



Diptera Diversity: Status, Challenges and Tools

EDITED BY:

THOMAS PAPE, DANIEL BICKEL AND RUDOLF MEIER



- 2009
- ISBN 978 90 04 14897 0
- Hardback (xx, 460 pp.)
- List price: EUR 119.- / US\$ 186.-

This is the first comprehensive synopsis of the biodiversity of Diptera, which more than 150.000 described species contain more than one tenth of all described animal species.

The first part is a review of what is already known, with treatments of all the major biogeographical regions and important archipelagoes; the second part contains case studies on open-ended taxa, Diptera as ecological indicators, and how to estimate the still unknown proportion of our fauna; and the third part discusses the digital and molecular tools needed to document fauna. The book will have an emphasis on principles and analytical approaches as well as on practical ‘how-to’ information and is intended for academicians and other professionals but with significant outreach to students.

Readership

Primarily academicians and other professionals but with a significant outreach to students and educational programmes and even learned general-interest readers.

For our Conditions of Sales please see www.brill.nl

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



BRILL