

GfBS news 24 ■ 2010

**GfBS**  
newsletter |

[www.gfbs-home.de](http://www.gfbs-home.de)

news



Gesellschaft für  
**Biologische Systematik**

*Organismen Diversität Evolution*



Angels in a dark sea. *Clione limacina* | Photo: Russ Hopcroft, University of Alaska Fairbanks  
www.coml.org

## Inhalt Seite

4	<b>ODE und Springer</b>
9	<b>Tiefseeexpedition</b>
11	<b>Kieler Museum</b>
28	<b>Morph•D•Base</b>
39	<b>Junge Systematiker (JuSys)</b>
48	<b>GfBS Mitgliederversammlung</b>
42	<b>JuSys 3D Workshop</b>
52	<b>FishBase Geburtstag</b>

Umschlagsfotos:

A jelly fish of the genus *Crossota*, collected from the deep Arctic Canada Basin, www.coml.org  
| Photo: Kevin Raskoff

### Herausgeber

Gesellschaft für Biologische Systematik e.V.  
Geschäftsführer Michael Ohl, Museum für  
Naturkunde, Leibniz-Institut für Evolutions-  
und Biodiversitätsforschung an der Humboldt-Universität zu Berlin, Invalidenstr. 43  
10115 Berlin, Tel.: 030-2093-8507,  
Fax: 030-2093-8868, www.gfbs-home.de

### Schriftleiter & Redaktion

Ralph O. Schill, Universität Stuttgart,  
Biologisches Institut, Zoologie,  
Pfaffenwaldring 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, wahrscheinlich hätte sich der österreichische Arzt und Naturforscher Giovanni Antonio Scopoli (1723 -1788) sehr gefreut, dass der von ihm 1763 beschriebene Eremit (*Osmoderma eremita*) aus der Familie der Rosenkäfer für kurze Zeit in den medialen Mittelpunkt Deutschlands gerückt wurde. Dieser seltene und eher unauffällige Käfer, auch als Juchtenkäfer bekannt, kommt unter anderem in Parkanlagen mit alten Baumbeständen vor, wie in dem Stuttgarter Park, in dem die Bäume für das Großprojekt Stuttgart 21 gefällt wurden. Leider hatte man übersehen, dass dieser Käfer zu den Anhang-IV-Arten im Bundesnaturschutzgesetz gehört und auch als prioritäre Art in Baden-Württemberg eingestuft ist - also zu einer streng zu schützenden Tierart von gemeinschaftlichem Interesse gehört, unabhängig davon, ob die Art innerhalb oder außerhalb eines Schutzgebietes vorkommt. So schaffte es der Juchtenkäfer auf viele überregionale Titelseiten großer Tageszeitungen. Viele Stuttgarter wurden über Nacht zu Juchtenkäferexperten und es war schon verwunderlich, wie viele Stadt- und Landespolitiker sich zu Taxonomen mauserten. Ob sie sich dabei mit der wissenschaftlichen Disziplin an den Universitäten und Naturkundemuseen bzw. mit deren Problemen beschäftigen, ist bisher nicht bekannt.

Ihr Ralph O. Schill



## Die ODE und der Springer-Verlag

Liebe Mitglieder,

wie Sie alle wissen, wird die ODE, das wissenschaftliche Publikationsorgan der GfBS, aktuell vom Springer-Verlag herausgegeben.

Der Zugang zu ODE ist für alle unsere Mitglieder eine der zentralen Leistungen, die Sie durch Zahlung Ihres Mitgliedsbeitrages erwarten können. Vollzahler erhalten wie bisher die ODE als gedruckte Exemplare zugesandt und zusätzlich noch den Online-Zugang. Mitglieder mit ermäßigtem Beitrag erhalten ausschließlich einen elektronischen Zugang.

Leider haben sich im Zuge der Überführung der Mitgliederdaten von Elsevier zu Springer und in der konkreten Umsetzung dieses einfachen Subskriptionsmodells verschiedene Schwierigkeiten ergeben. Insbesondere haben offensichtlich manche Mitglieder keine Email-Aufforderung bekommen, den Online-Zugang freizuschalten, oder der mitgeschickte Link funktionierte nicht, oder die Springer-Email wurde als Spam eingestuft und herausgefiltert. Manche vollzahlenden Mitglieder haben darüber hinaus auch kein gedrucktes Exemplar der ODE erhalten.

Der GfBS-Vorstand ist natürlich sehr darum bemüht, dass Sie alle die Leistungen erhalten, die Sie durch Ihren Mitgliedsbeitrag auch erhalten sollten. Sowohl der Versand der gedruckten Exemplare als auch die Bereitstellung des Online-Zugangs liegt allerdings in der Hand des Springer-Verlags, so dass wir nicht ohne weiteres erfahren, ob die

Zustellung der ODE bzw. die Zusendung der Registrierungsemail erfolgreich war.

Wir möchten Sie daher dringend bitten, dem Geschäftsführer der GfBS mitzuteilen, ob es Probleme beim Bezug der ODE oder bei der Online-Registrierung gab oder sogar weiterhin gibt.

Nur wenn Sie uns darüber informieren, können wir wiederum den Springer-Verlag bitten, entsprechende Maßnahmen zu ergreifen, die Probleme zu lösen.

Ich möchte Sie in jedem Fall aber im Namen des Vorstands der GfBS um Entschuldigung für etwaige Unannehmlichkeiten bitten.

Am Schluss möchte ich noch auf etwas hinweisen, was sicherlich den meisten von Ihnen nicht bekannt ist. GfBS-Mitgliedern gewährt der Springer-Verlag einen Rabatt von 33% auf alle englischsprachigen Bücher des Verlages. Informationen dazu auf der Springer-Homepage.



Michael Ohl, Berlin ■  
Geschäftsführer der GfBS

## Diversität von Gastrotrichen in der Karibik

Die Karibik im weitesten Sinne (genauer: Tropical Northwestern Atlantic, TNWA) bietet mit ihren 5,7 Millionen Quadratkilometern und Hunderten von Inseln und Inselchen sowie den angrenzenden Küsten Nord-, Mittel- und Südamerikas einen faszinierenden marinen Lebensraum, in dem Flachwasserhabitate dominieren. Deren Diversität ist groß: Korallenriffe, Mangroven, Sandstrände, Seegrasswiesen, Felsküsten und mehr. Für die Länder des karibischen Raumes sind Strände und Flachwassergebiete von existentieller Wichtigkeit, da sie einen wichtigen touristischen Faktor darstellen.

In Zeiten eines beschleunigten Klimawandels und der fortschreitenden Umweltzerstörung ist der Erhalt dieser Lebensräume eine wichtige internationale Aufgabe.

Ein bedeutender Lebensraum in Flachwassergebieten ist das Sandlückensystem, ein faszinierender, reicher und diverser Lebensraum, in dem Tiere, Algen, Einzeller und Prokaryonten das wassergefüllte Lückensystem zwischen Sandkörnern bewohnen. Die Zusammensetzung der Sandlückenfauna hängt unter anderem von der Korngröße, der Sauerstoff- und Nährstoffversorgung ab.



So schön kann Forschung sein: die Autoren bei der Arbeit auf Lee Stocking Island.  
| Foto: Andreas Schmidt-Rhaesa

Durch beispielsweise Meeresspiegelanstieg, Absterben und Erosion von Korallenriffen oder dem Verschwinden von Seegraswiesen kann es zu Veränderungen der Sandlückenfauna kommen, welche die Basis der benthischen Nahrungsnetze darstellen.

Bisher ist die Sandlückenfauna (= Meiofauna, Mesopsammon) des karibischen Raumes nur sehr punktuell untersucht worden. Ein von der National Science Foundation (NSF) der USA gefördertes Projekt unter der Leitung von Dr. Rick Hochberg von der University of Massachusetts in Lowell, An International Approach to the Biodiversity, Biogeography and Evolution of Caribbean Gastrotricha (<http://faculty.uml.edu/rhochberg/NSF/index.htm#>), integriert nun Wissenschaftler aus den USA, Deutschland, Italien, Südkorea und Kamerun, um eine Tiergruppe, die Bauchhärlinge (Gastrotricha) umfassend zu untersuchen.

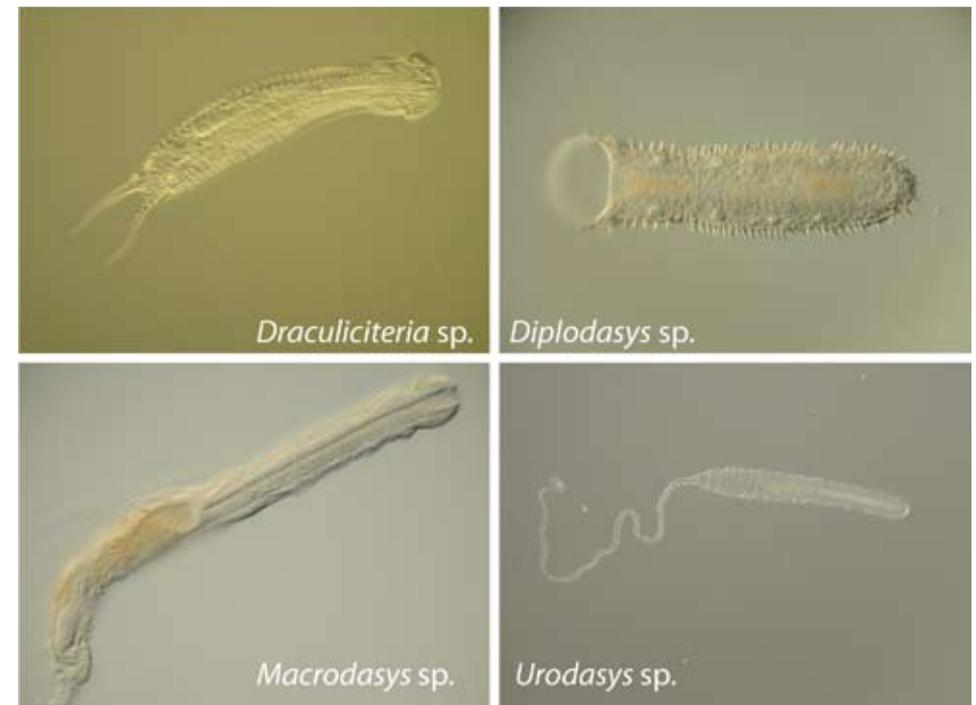
Bauchhärlinge kommen sowohl im Süßwasser wie im Sandlückensystem des Meeres vor. Sie stellen nach Nematoden und Copepoden oft die dritthäufigste Tiergruppe im Sandlückensystem. Bisher sind etwa 750 Arten bekannt (siehe [www.gastrotricha.unimore.it/overview.htm](http://www.gastrotricha.unimore.it/overview.htm)), viele unbeschriebene Arten sind noch zu erwarten.

Im ersten von drei Projektjahren unternahmen wir im April 2010 im Rahmen des Projektes eine Sammelreise nach Lee Stocking Island, Bahamas. Nach Zwischenstop in Miami, wo wir vier große Kisten mit Binokularen, Mikroskopen und anderem Material aufnahmen,

flogen wir nach Georgetown auf der Insel Grand Exuma. Das Perry Institute for Marine Sciences ([www.perryinstitute.org/index.htm](http://www.perryinstitute.org/index.htm)) unterhält eine marine Forschungsstation auf der privaten Insel Lee Stocking Island, die von Grand Exuma mit dem Motorboot zu erreichen ist.

Im April waren wir die einzigen Gäste in der Station und an manchen Tagen hielt sich außer uns nur noch der Stationsmanager dort auf (an anderen Tagen waren wir insgesamt 7 Leute!). Unsere Nahrung mussten wir (etwas aufwändig) auf Grand Exuma besorgen, die Fahrt mit Motorboot und Truck zum Supermarkt nahm einen guten Vormittag in Anspruch. Ansonsten waren wir traumhaft untergebracht, beim Morgenkaffee oder dem abendlichen Rum fiel der Blick von der Terrasse auf das traumhaft türkise karibische Meer.

Die Inseln der Bahamas entstanden aus einer kalkigen Erhebung, dementsprechend besteht die Küste aus zu scharfen Graten erodiertem Kalkstein mit dazwischen eingelagerten Sandstränden. Das Meer ist, soweit es auf dem kalkigen Riegel liegt, nur wenige Meter flach, an den anderen Stellen fällt es in größere Tiefen ab (z.B. auf der östliche Seite in den Exuma Sound). Das Klima ist warm und trocken, der Boden karg, so dass im Inselinneren eine dichte Strauchvegetation vorherrscht. Aufgrund der geringen Größe von Lee Stocking Island (Länge: 7,5 km, maximale Breite 1 km) konnten wir eine Reihe von Stränden mit Fußmärschen erreichen. Morgens zogen wir mit Schnorchelausrüstung und



Vier ausgewählte Vertreter der Gastrotrichenfauna von Lee Stocking Island  
| Fotos: A. Schmidt-Rhaesa, B.H. Rothe & A. Kieneke

Sammelgefäßen los und entnahmen Sandproben aus unterschiedlichen Bereichen der Buchten. Recht schnell entdeckten wir im flachen Wasser die häufigen großen Stachelrochen. Größeren Respekt flößten die ersten Haisichtungen ein und als wir mitbekamen, wie Besucher von einem ankernden Boot aus zwei Bullenhaie (laut Internet zu den eher aggressiven Arten gehörend) mit Fischresten fütterten, sahen wir uns beim Schnorcheln etwas mehr vor. Zurück im Labor extrahierten wir die im mitgebrachten Sand befindliche Meiofauna durch eine Betäubung mit einer

Magnesiumchloridlösung und anschließendem Absieben. Dann begann das zeitintensive Durchsehen der Proben, das Isolieren einzelner Gastrotrichen und deren sorgfältige Dokumentation. Gastrotrichen sind mit etwa 150-500 µm Länge kleine, delikate Organismen, deren Präparation und Fixierung nicht einfach ist. Am besten lassen sich die für die Bestimmung wichtigen Merkmale am lebenden Tier beobachten. Da hierfür aber meist Primärliteratur herangezogen muss, ist dies oft ein zu langwieriger Prozess, um mit frischem/lebenden Material zu arbeiten.

Unsere Lösung war die ausführliche Dokumentation der Tiere durch hochauflösende digitale Fotos und Videos. Der Projektleiter, Rick Hochberg, hatte hierfür eigens zwei hochwertige Forschungsmikroskope und hochwertige Digitalkameras, die sowohl gute Standfotos wie auch Videos aufnehmen, angeschafft.

Dadurch ließ sich jedes einzelne Tier lebend dokumentieren, bevor es für lichtmikroskopische Dauerpräparate, für die Raster-Elektronenmikroskopie oder auch für die DNA-Extraktion fixiert wurde. Eine eindeutige Bestimmung kann somit später, auf der Grundlage der Bild- und Videosequenzen, erfolgen.

Die genaue Analyse der um Lee Stocking Island dokumentierten und fixierten Tierestehntochaus, nach den ersten Sichtungen ist aber mit einer Reihe von neuen Arten zu rechnen.

Wir nahmen Proben an 13 verschiedenen Stellen (teilweise mehrfach) und konnten insgesamt 117 Individuen dokumentieren und zum großen Teil fixieren. Aus der Teilgruppe der Paucitubulatina fanden wir Vertreter der Gattungen *Aspidiophorus*, *Draculiciteria*, *Halichaetonotus*, *Heterolepidoderma* und *Xenotrichula*, aus der rein marinen Teilgruppe Macrodasysida Vertreter der Gattungen *Acanthodasys*, *Cephalodasys*, *Crasiella*, *Dactylopodola*, *Diplodasys*, *Lepidodasys*, *Macrodasys*, *Megadasys*, *Mesodasys*, *Paraturbanella*, *Tetranchyroderma*, *Thaumastoderma* und *Urodasys*.

Interessant wird der Abgleich mit den Ergebnissen der anderen Teams, der

uns erste Einblicke in die Biogeografie einzelner Arten sowie die zu erwartende Biodiversität im karibischen Raum ermöglichen wird. Auch wir werden 2011 und 2012 wieder in der Karibik unterwegs sein, na klar!

Andreas Schmidt-Rhaesa, Birgen Holger Rothe und Alexander Kieneke, Hamburg/Wilhelmshaven ■

## Die russisch-deutsche Tiefseeexpedition SoJaBio

Sea of Japan Biodiversity Studies an Bord des FS Akademik Lavrentyev

Das Projekt SoJaBio fand vom 11. August bis 5. September 2010 im Rahmen des russischen Programmes "World Ocean", the der Russischen Academy of Sciences (FEB RAS) statt, sowie des internationalen Projektes "Census of the Diversity of Abyssal Marine Life" (CeDAMar). Es geht zurück auf den DFG Workshop „Future Visions“, der im September 2007 in Vladivostok abgehalten wurde.

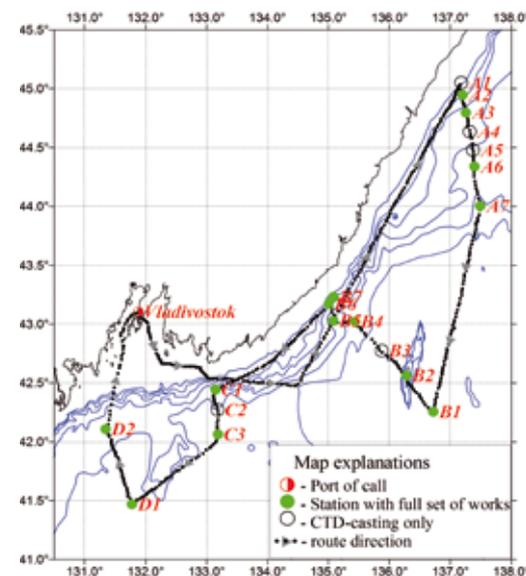
Damals wurde ein Memorandum of Understanding von Vertretern des A.V. Zhirmunsky Institute of Marine Biology (IMB), des Zoologischen Instituts und Zoologischen Museums (ZIM) der University of Hamburg sowie den Deutschen Zentrum für Marine Biodiversitätsforschung (DZMB) unterzeichnet welches unter anderem zum Ziel hatte gemeinsame Expeditionen zu planen und durchzuführen.



Logo von Sea of Japan Biodiversity Studies | Abb.: SoJaBio

Die Ziele der SoJaBio Expedition waren die Biodiversität der benthischen Organismen aller Größenklassen in der Tiefsee des Japanischen Meeres, welches durch Japan und Korea vom angrenzenden Pazifik relativ isoliert ist, zu studieren; die Kolonisationsprozesse und räten des relative jungen Tiefseebeckens des Japanischen Meeres mit denen der offenen abysalen pazifischen Becken zu vergleichen; die Tiefseebiogeographie des Japanischen Meeres zu analysieren und mit der angrenzenden Tiefseebeckens zu vergleichen; eine trophische Analyse von Schlüsselarten des Japanischen Meeres durchzuführen und physikalische, chemische und biologische Parameter des bodennahen Tiefenwasser zu messen.

Bisher waren sehr wenige Tiefseeuntersuchungen im Japanischen Meer durchgeführt worden und es waren nur ca. 30 Invertebratenarten aus dem tiefen Bathyal bekannt, von denen 21% als endemisch eingestuft wurden. Dieser niedrige Endemismusgrad der



Reiseroute der Expedition | Abb.: SoJaBio

benthischen Organismen wurde mit dem relative jungen Alter des Japanischen Meeres erklärt, welches im Känozoikum geschlossen und vom Pazifik isoliert war. Während der letzten Vereisung war das Japanische Meer anoxisch. Die wenigen Arten wurden als angepasste, kälteadaptierte eurybathe Arten beschrieben und nicht als Tiefseearten charakterisiert.

Das Japanische Meer ist gekennzeichnet durch eine hohe Produktivität und einen starken anthropogenen Einfluß.

Die Ergebnisse der Zusammensetzung der Arten, ihrer Abundanzen und Biodiversität soll in der Zukunft mit der offenen, nicht isolierten Tiefsee des Pazifiks (Kurilen Kamchatka Region) verglichen werden.

Drs. Marina Maljutina (IMB)  
und Angelika Brandt (ZIM) ■



Arbeitsalltag an Bord  
| Foto: Angelika Brandt



Vorbereitungen für die nächste Probennahme  
| Foto: Angelika Brandt

## Das Zoologische Museum der Christian-Albrechts-Universität Kiel

Das Zoologische Museum der Christian-Albrechts-Universität stellt in vielerlei Hinsicht eine Besonderheit dar. Das Gebäude, 1878-1880 von Martin Gropius und Heino Schmiden erbaut, gilt heute als eines der wenigen, im Inneren wie Äußeren weitgehend erhaltenen Gebäude von Martin Gropius. Herzstück des Museums ist die zentrale Ausstellungshalle, die ihr Licht durch große Glasflächen im Dach erhält. In der Halle befinden sich zwei umlaufende Galerien, deren Boden aus dicken Glasplatten gefertigt ist, um Licht zu den darunter liegenden Bereichen durchzulassen. Die Halle ist allein in ihrer Raumwirkung einzigartig. Um die Halle herum sowie im Erdgeschoß befinden sich weitere Räume mit themenspezifischen Ausstellungen.

Ebenfalls bedeutend sind die Sammlungen des Museums. Im Keller des Gebäudes ist ein modernes Nassmagazin eingerichtet, um die Feuchtpräparate aufzubewahren, im Obergeschoß befindet sich eine Kompakt-Anlage für die Trockensammlungen. Insgesamt beherbergt das Museum ca. 500.000 Serien an Organismen.

Die Sammlungen umfassen einen Zeitraum von knapp vier Jahrhunderten und sind wegen ihres Typenreichtums und den Belegen vieler Expeditionen des 19. Jahrhunderts von internationaler wissenschaftlicher Bedeutung. Sie stellen außerdem ein wissenschaftshistorisches Archiv dar, das wesentliche Bausteine der modernen Biologie dokumentiert. In Kiel wurden wesentliche Grundlagen der Meeres-



Vorbereitungen für die nächste Probennahme | Foto: Zoologisches Museum Kiel

forschung, Ökologie und Morphologie begründet. Beispielsweise wurden hier die Begriffe Biozönose, Biotop und Plankton geprägt. Remane entwickelte hier sein Homologie-Prinzip und entdeckte einen der letzten unbekanntesten Lebensräume, das Mesopsammon.

#### Die Anfänge

Die Anfänge des Museums reichen bis ins 17. Jahrhundert zurück. Der erste Professor für Medizin in Kiel, Johann Daniel Major, baute 1674 eine erste Sammlung auf, die aber nach seinem Tod verloren ging. Der eigentliche Gründer der heutigen Sammlung ist Johann Christian Fabricius. Im Zuge einer Neuorganisation der Universität wurde Fabricius 1775 aus Kopenhagen nach Kiel auf einen Lehrstuhl für „Oeconomie, Cameralwissenschaften und Naturhistorie“ berufen. Mit seiner Ankunft in Kiel begann der Aufbau der heutigen Sammlung. Damit muss das Jahr 1775 als eigentliches Gründungsjahr des Zoologischen Museums angesehen werden. Die ersten Sammlungsteile umfassten Schenkungen und Ankäufe sowie Dubletten aus Kopenhagen. Zusätzlich hat Fabricius intensiv mit seiner Privatsammlung gearbeitet, die alleine mehr als 10 000 Insekten umfasste. Nach dem Tod von Fabricius erwarb das Museum die Sammlung 1810 und sie bildete den entscheidenden Grundstock für die Museumssammlungen, die damit über Nacht zu über-regionaler Bedeutung gelangten.

#### Die Entwicklung des Museums

Eine wirkliche Neuentwicklung des Museums trat durch den Anatomen Wilhelm Behn ein, der 1836 zunächst



Blick in die zentrale Gropius-Halle mit der im Februar 2010 neu eröffneten Walausstellung | Foto: Zoologisches Museum Kiel

kommisarisches mit der Sammlungsleitung betraut wurde und 1839 als ordentlicher Professor für Anatomie und Direktor der naturwissenschaftlichen Sammlungen an die Universität Kiel berufen wurde. Unter Behn bekam das Museum allmählich Konturen, vor allem weil es ihm gelang, wesentliche Voraussetzungen für das Überleben des Museums zu erreichen: Dies waren vor allem die Schaffung von neuen Räumen, Festanstellung von Mitarbeitern,

und die Trennung aller nichtzoologischen Exponate von der Sammlung, die Einbindung der Sammlung in die Lehre und die Vermehrung der Sammlungen nach einem wissenschaftlichen Konzept sowie die Einrichtung eines festen Etats. Durch die Abgabe der ethnologischen und geologischen Sammlungen vollzog Behn den Wandel vom naturhistorischen zu einem Zoologischen Museum. Behn gelang es andererseits, umfangreiche zoologische Schenkungen einzuwerben und wichtige Exemplare anzukaufen. So etwa das Skelett eines schon damals sehr seltenen Javanashorns (*Rhinoceros sondaicus*) oder ein Exemplar des heute ausgestorbenen Riesenalkes.

Und schließlich bringt Behn, durch seine Teilnahme an der Weltumseglung der Korvette Galathea unschätzbare wertvolles Material in das Kieler Museum ein, das seine Sammlungen mehr als verdoppelte. Die Expedition der Corvette Galathea 1845-1847 ist eine wichtige naturwissenschaftliche Expedition des 19. Jahrhunderts. Auftraggeber war der dänische König Christian VIII, der naturwissenschaftlich sehr interessiert war. Hauptziel der Reise war allerdings politisch-wirtschaftlicher Natur: Die Erforschung der Nikobaren-Inseln und die Übergabe der Dänischen Kolonien in Indien an die Britische Ostindien-Gesellschaft. Die Route der Galathea umfasste Ostindien, die Nikobaren, das malaiische Archipel, China, die pazifischen Inselssysteme Bora Bora und Hawaii, sowie Südamerika. Die Reise erbrachte für das Zoologische Museum Kiel einen Riesenzuwachs an neu entdeckten Arten. Diese Sammlung ist bis heute allerdings nur teilweise erforscht, weil kurz nach

dem Tod des Königs und dem Ausbruch des Deutsch-Dänischen Krieges die Pläne für einen umfassenden Expeditionsbericht abgebrochen werden mussten. Ein Teil der bedeutenden Behnschen Vogelsammlung kam 1895 nach Berlin, wo sie von dem Ornithologen Stresemann bearbeitet wurde. Heute befinden sich immer noch mehr als 500 Vogelserien und eine noch nicht vollständig erfasste Sammlung mariner Wirbelloser und diverse Skelette und Felle von Säugetieren im Besitz des Zoologischen Museums Kiel. Sie ist heute eine der bedeutenden Säulen der Kieler Sammlung.

Karl August Möbius: Die Goldenen Jahre  
Im Jahr 1868 wurde Karl August Möbius auf die neu geschaffene Professur für Zoologie an die Universität Kiel berufen. Die Arbeiten und die Konzeptionen von Möbius waren richtungweisend für die Bedeutung des Zoologischen Museums Kiel. Möbius war ein hervorragender Pädagoge und ein ebenso vielseitiger wie bedeutender Wissenschaftler. Durch seine Arbeit an Austernkolonien entwickelte Möbius den Begriff „Biozönose“, der heute ein zentraler Begriff in der Ökologie ist. Sein Kieler Schüler Friedrich Dahl formulierte darauf aufbauend den Begriff Biotop. Möbius ist damit zumindest Mitbegründer der Ökologie. Seine Reise nach Mauritius und zu den Seychellen in den Jahren 1874/75 brachte dem Museum weiteres, wissenschaftlich bis heute sehr wertvolles Material ein, das viele neue Arten enthält. Daneben sind aber auch seine umfangreichen Sammlungen der einheimischen, vor allem auch marinen Tierwelt von großer Bedeutung.

Er ist zusammen mit Viktor Hensen der entscheidende Mitbegründer der Kieler Meeresforschung.

Neben dem Ausbau der Sammlung gelang es Möbius, einen neuen Museumsbau zu entwickeln, der bis dahin einzigartige Neuerungen aufwies. In Kiel entstand nach seiner Konzeption erstmals ein Museum, das zwischen einer Schauhalle für die öffentliche Wissenspräsentation und nichtöffentlichen Sammlungs- und Forschungsbereichen differenzierte. Das Gebäude entstand in einer engen Kooperation zwischen dem Zoologen Möbius und den Architekten Martin Gropius und Heino Schmieden. In den Bau flossen Möbius pädagogische und museumsorientierte Ansprüche genauso ein, wie der Erfahrung und die Meisterschaft der Architekten. Es war ein besonderer Glücksfall, dass Möbius mit den Berliner Architekten Martin Gropius und Heino Schmieden zwei der damals bedeutendsten Architekten Deutschlands zu Verfügung stand.

#### *Die Begründung der Kieler Meeresforschung*

Victor Hensen promovierte 1859 in Kiel als Mediziner und wurde dann von Wilhelm Behn für die gerade vakant gewordene Stelle eines anatomischen Prosektors eingestellt. Er übernahm damit die Leitung der anatomischen Sammlung und wurde 1868 als Ordinarius für Physiologie an die medizinische Fakultät berufen. Obwohl Mediziner, wurde Hensen zu einem Begründer der modernen Meeresforschung. Mehr als 50 Jahre aktiv, war er maßgeblich am Aufbau und der Konsolidierung der Kieler

Meeresforschung beteiligt. Neben seiner Tätigkeit als Vorstand des physiologischen Institutes mit vielfältigen Aufgabenfeldern widmete er einen großen Teil seiner Zeit der biologischen Meeresforschung. In der Meereskunde gelang es Hensen, wesentliche Teile des Fundamentes für eine völlig neue Sicht des Meeres und seiner Bewohner zu schaffen. Über seine quantitativen Untersuchungen an Fischeiern gelangte er schließlich zu den marinen Kleinlebewesen und ihrer Bedeutung. Hensen prägte dafür den Begriff Plankton.

Außerdem sah Hensen in der Unterstützung der Nord- und Ostseefischerei ein neues wichtiges Betätigungsfeld. Er setzte sich deshalb im preußischen Landtag für solche Untersuchungen ein, was schließlich 1870 zur Einsetzung der „Comission zur wissenschaftlichen Untersuchung der deutschen Meere“ führte. In den Jahren 1870 - 1887 war die Tätigkeit der Kommission zu einem Bestandteil der Forschung an den beteiligten Instituten geworden. Die Kommission führte regelmäßige Schiffsreisen in die Nord- und Ostsee durch, finanzierte wichtige Grundlagenarbeiten und stand bald mit ähnlichen Einrichtungen der USA (US fish comission) und anderer europäischer Länder im Austausch.

Diese Aktivitäten hatten einen entscheidenden Einfluss auf die Sammlungen des Zoologischen Museums. Die Kommissionsfahrten brachten ein reiches, in seiner Dokumentation bis dahin einmaliges Material aus Nord- und Ostsee in die Sammlungen ein. Sie stellen heute einzigartige Archive zur ökologischen,



Blick in die historische Ausstellung „Where Biology takes Form“. Im Vordergrund das Skelett eines Java-Nashorns | Foto: Zoologisches Museum Kiel

toxikologischen und klimatischen Vergangenheit der Nord- und Ostsee dar. Durch die Kontakte in die USA kam auch Material der Referenzfahrten des Dampfers Albatross und des bedeutenden Ichthyologen und Echinodermen-Experten Alexander Agassiz nach Kiel.

#### *Die Zeit nach Möbius*

Nach 1887 bekam Hensen einen bestimmenden Einfluss auf das Tätigkeitsfeld der Kommission und das Zoologische Museum. Grund war der Wechsel von Karl Möbius nach Berlin und die Berufung seines Nachfolger Karl Brandt an das Zoologische Institut.

Brandt war ein hervorragender Meeresbiologe, der in Neapel gearbeitet hatte und der auch in quantitativem Denken geschult war. Brandt griff in seiner wissenschaftlichen Arbeit die Sichtweise von Hensen auf und zusammen mit Hensen und dem Botaniker Franz Schütt gelang es 1889, eine Schiffsreise in den Atlantik zu initiieren, die als „Plankton-Expedition“ in die meeresbiologische Weltliteratur einging. Die Sammlungen waren über die quantitativen Daten hinaus so reich an neuen Arten und Formen, dass die Herausgabe des Expeditionsberichtes statt der veranschlagten zwei Jahre zwei Jahrzehnte benötigte.

Das gesamte Referenz- und Typenmaterial dieser weltberühmten Expedition kam in die Sammlungen des Zoologischen Museums Kiel.

1890 kam Ernst Vanhöffen als Assistent nach Kiel, wo er bis 1906 als Honorarprofessor arbeitete. Durch ihn kam Material zweier bedeutender Expeditionen in die Sammlungen des Kieler Museums: der deutschen Tiefsee-Expedition unter Leitung von Karl Chun auf dem Forschungsschiff *Valdivia* und der Deutschen Südpolar-Expedition unter der Leitung von Erich von Drygalski auf dem Forschungsschiff *Gauss*, die bis heute einen Referenzstatus in der Meeresforschung einnehmen.

#### *Neuanfang nach Kriegen*

Der Erste Weltkrieg ließ die Kieler Meeresforschung weitgehend zusammenbrechen. Viele Mitarbeiter, Wissenschaftler, Doktoranden und Studenten des Zoologischen Institutes kehrten nicht zurück. 1923 wurde der Haeckelschüler Wolfgang Freiherr von Buddenbrock-Hettersdorf nach Kiel berufen.

Er war ein bedeutender Meeresbiologe, der sich mit physiologischen Fragen bei marinen Tieren beschäftigte. Buddenbrock baute mit großer Tatkraft ein für die damalige Zeit sehr modernes Zoologisches Institut auf, das bald wieder einen internationalen Ruf genoss. Adolf Remane folgte Buddenbrock als Assistent nach Kiel, habilitierte sich unter seiner Obhut und erhielt 1929 eine außerordentliche Professur in Kiel. Nach kurzzeitigem Aufenthalt in Halle wurde Remane 1936 Ordinarius für Zoologie in Kiel.

Der lebhafte Lehr- und Forschungsbetrieb in Kiel nahm unter der Leitung von Adolf Remane einen weiteren Aufschwung. Insbesondere legte Remane Wert auf die Etablierung morphologisch-ökologischer Methoden und die Erforschung der einheimischen Fauna. Unter Remane entwickelte sich Kiel zu einem bedeutenden Zentrum der Zoologie in Deutschland. Noch immer war der marine Schwerpunkt die Hauptsache. Dadurch kamen noch einmal wichtige Sammlungsteile, insbesondere Referenzsammlungen aus Nord- und Ostsee sowie aus den arktischen bzw. antarktischen Gebieten nach Kiel.

Mit dem zweiten Weltkrieg brach vieles zusammen. Das Museum überlebte im Wesentlichen, es hatte zwar auch Verluste in den Sammlungen, aber insgesamt hatte das Museum Glück. Nach dem Krieg erfolgte der mühsame Wiederaufbau und bereits 1948 schaffte es der Haustierkundler Wolf Herre, das Museum wieder zu eröffnen.

#### *Das Zoologische Museum heute*

Das Zoologische Museum ist heute ein modernes Museum mit vielfältigen Aufgaben und Funktionen. Es steht in der Verpflichtung zwischen Öffentlichkeitsarbeit der Universität, wissenschaftlicher Sammlungsverwaltung, Forschung und akademischer Lehre. Mit seinen Sammlungen ist es kein reines Präsentationsmuseum, sondern hat auch ein großes wissenschaftliches Potential. Insgesamt beherbergt das Museum heute schätzungsweise 500.000 Serien an Organismen. Die Sammlungen umfassen einen Zeitraum von knapp 4 Jahrhun-

dernten und sind wegen ihres Typenreichtums und den Belegen vieler Expeditionen von internationaler Bedeutung.

Wissenschaftlich ist neben den historisch bedeutenden Insekten-, Vogel- und Molluskensammlungen eindeutig der marine Bereich die große Stärke des Zoologischen Museums Kiel. Ein wichtiger Sammlungsteil umfasst gut dokumentierte und konservierte Zeitreihen der Fauna der Nord- und Ostsee der letzten 130 Jahre. Dieses Archiv ermöglicht nicht nur eine detaillierte Dokumentation des Faunenwandels in Nord- und Ostsee, sondern auch Informationen über Schwermetallbelastungen, Klimawandel, genetische Veränderungen und Überfischungseffekte im genannten Zeitraum. Referenzstatus haben die Sammlungen von Karl August Möbius aus Mauritius, das Material der Deutschen Tiefsee-Expedition, der Deutschen Südpolarexpedition, sowie der deutschen Planktonexpedition. Dazu kommt Material des amerikanischen Forschungsschiffes *Albatros*, sowie umfangreiche Fischsammlungen des amerikanischen Zoologen Alexander Agassiz.

Heute sind eigene Forschungsaktivitäten, museale Netzwerke und vor allem die großen marinen Forschungsinstitute in Kiel Quellen, von denen neues, wertvolles Material kommt. Gegenwärtig wird beispielsweise die umfangreiche Sammlung des Institutes für Polarökologie ins Museum übernommen und erfasst. Damit kann das Museum heute in perfekter Lage eine marine Archivfunktion für die Kieler Meeresforschung und andere Institutionen übernehmen, die

gewährleistet, dass die wissenschaftlichen Ergebnisse moderner Meeresforschung nachhaltig und professionell dokumentiert, zugänglich und öffentlichkeit vermittelt werden können. Gegenwärtig werden die Sammlungen digital erfasst und in der Sammlungsdatenbank SESAM von Senckenberg international zugänglich gemacht. Die Sammlungen sind einsehbar unter folgender Internetadresse: <http://zmk.sesam.senckenberg.de>

Ein weiteres wichtiges Ziel für das Zoologische Museums ist es, vor dem Hintergrund seiner bedeutenden Wissenschaftsgeschichte aus drei Jahrhunderten ein sichtbares naturwissenschaftliches Schaufenster der heutigen Universität Kiel zu werden. Das bedeutet neben der Neupräsentation des eigenen Bestandes auch die Integration aktueller Forschungsaktivitäten aus der Universität und den angeschlossenen Forschungseinrichtungen in die Ausstellungskonzeption.

Wissenschaftlich steht die Biodiversitätsforschung im Mittelpunkt der Arbeit des Zoologischen Museums. Der Schwerpunkt ist auch hier der marine Bereich. Durch die Infrastrukturen in der Umgebung bietet sich die Ostsee als ein zentrales Forschungsgebiet an. Die Spannweite der Untersuchungen reicht hier von Neozoen über populationsbiologische Fragen bis hin zur Arteninventarisierung und -Systematik. Gerade für Neozoen-Untersuchungen ist der Standort Kiel ideal. Allein der jährliche Arteneintrag durch den Schiffsverkehr des Nord-Ostsee-

Kanals ist kaum abschätzbar, wenn auch nur wenige Arten sich dauerhaft etablieren können.

Vergleichssammlungen ermöglichen Rückschlüsse auf die Zeit vor dem Kanalbau (1895). Die ökologischen Besonderheiten der Ostsee machen auch Fragen nach Artbildungsprozessen und eigenständigen Populationen interessant. Die Labormöglichkeiten des Hauses sind auf morphologische Untersuchungen und mikroskopische Techniken ausgerichtet.

Durch die enge Kooperation mit den Forschungsabteilungen des Zoologischen Institutes kann in der musealen Forschungsarbeit aber ein breites Spektrum moderner molekulargenetischer und morphologischer Methoden zum Einsatz kommen.

Wissenschaftlich ist auch die museale überregionale Vernetzung des Museums wichtig. Mit anderen Sammlungen und Museen der Nord- und Ostseeraumes hat sich das ZMK zum NORE Verbund zusammengeschlossen, um den Datenaustausch und die Bearbeitung übergreifender wissenschaftlicher Fragen im Sammlungsverbund besser untersuchen zu können. Das Zoologische Museum ist außerdem gut in die Lehre in Bachelor- und Masterstudien eingebunden. Dabei werden konsequent auch die Sammlungen mit einbezogen. Dies dient einerseits der Möglichkeit, phylogenetische und morphologische oder auch faunistische Fragen zu beleuchten, andererseits werden Studenten aber in speziellen Praktika über die Sammlungen an die museale Arbeit herangeführt.

Eine entscheidende Grundlage für diese Aktivitäten ist eine enge Zusammenarbeit und Vernetzung mit den Forschungsgruppen des Zoologischen Institutes.

Durch die pädagogische Arbeit wurde ein Netzwerk von Schulen in Schleswig-Holstein aufgebaut, über das jährlich 500-600 Schulklassen ins Museum kommen. Einmal im Jahr findet ein so genannter Darwintag statt, bei dem Schulklassen, insbesondere der Oberstufe, durch fachwissenschaftliche Vorträge modernste Erkenntnisse der Evolution vermittelt werden. Dazu kommen mehr als 1200 Schüler aus dem ganzen Land nach Kiel.

Neue Ausstellungen dienen nicht nur der Inszenierung der musealen Sammlungs-schätze, sondern sie dienen auch als Fenster Kieler Forschung, insbesondere der Meeresforschung mit ihren zukunftsweisenden Fragestellungen.

Vor zwei Jahren wurde anlässlich des 100. Todestages von Möbius eine Ausstellung zur Geschichte und des Museums und zur Begründung der Kieler Meeresforschung unter dem Thema „Where biology takes form“ eröffnet.

Seit Februar dieses Jahres wird in der zentralen Museumshalle die derzeit artenreichste Ausstellung von Walskletonen von Küsten Schleswig-Holsteins präsentiert. Das Spektrum reicht von Pottwal über einen Orca bis hin zu Delphinen und Kleinwalen, die in einem Zeitraum von 160 Jahren an Schleswig-Holsteins Küsten gestrandet sind. In der Vorbereitung sind derzeit Aus-

stellungen zu den Themen Tiefsee und Moderne Meeresforschung in Kiel.

Auf diese Weise entwickelt sich das Museum derzeit zu einem öffentlichkeitswirksamen Anziehungspunkt für ein breites Publikum, der aber auch den universitären Anforderungen Forschung, Lehre, Repräsentation und Wissensvermittlung entspricht.

Dirk Brandis, Kiel ■

## Molekulare Taxonomie Mariner Organismen am Forschungsinstitut Senckenberg

Im April 2010 wurde am Institut Senckenberg am Meer in Wilhelmshaven die neue Arbeitsgruppe „Molekulare Taxonomie Mariner Organismen“ gegründet. Das mit 1 Million Euro vom BMBF und Land Niedersachsen finanzierte Projekt hat zum Ziel die Grundlagen für eine effiziente Charakterisierung und Bestimmung der marinen Artenvielfalt zu schaffen und neue Methoden zur Beschleunigung der Biodiversitätserfassung zu entwickeln. Ziel der Untersuchung sind nicht weit entfernte tropische Meere oder Tiefseeregionen, sondern die heimischen Gewässer der Nordsee. Über eine Laufzeit von sechs Jahren soll das sechsköpfige Team die Fauna der Nordsee, welche eine geschätzte Anzahl von rund 1000 Arten beherbergt, molekular-taxonomisch erfassen und charakterisieren. Neben dem international etablierten COI-Barcode sollen auch weitere mitochondriale als auch nukleare Genfragmente als ergänzende Marker verwendet werden.

Die neu gegründete Arbeitsgruppe arbeitet in enger Kooperation mit den Taxonomen und Ökologen des Deutschen Zentrums für marine Biodiversitätsforschung und anderen Abteilungen des Forschungsinstituts Senckenberg zusammen, um so die größtmöglichen Synergieeffekte zu erzielen. Die auf diesem Wege einfließende umfangreiche taxonomische als auch ökologische Expertise von Wissenschaftlern, die seit vielen Jahren die Fauna der Nordsee mit klassischen Methoden untersuchen, erlaubt eine schnelle und korrekte Bestimmung der meisten Tiergruppen als auch eine gezielte Beprobung der unterschied-



Die Nordsee:  
Wie groß ist ihre Artenvielfalt wirklich?  
| Foto: Michael Raupach

lichen Habitate und Gemeinschaften. Im Rahmen verschiedener Ausfahrten, unter anderem mit dem Forschungskutter „Senckenberg“ im Frühjahr und Sommer 2010, wurden bereits zahlreiche Individuen von rund 300 unterschiedlichen Arten gesammelt. Erste beispielhafte molekulargenetische Charakterisierungen verschiedener Arthropodentaxa sind vielversprechend, da auch nah verwandte Arten einwandfrei identifiziert werden konnten.

Für die Kleinstorganismen der Meiofauna und des Planktons wurden Extraktionsmethoden und Amplifizierungsprotokolle angepasst, so dass nun auch einzelne, nur wenige 100 µm große Individuen erfolgreich identifiziert werden können.

Neben dem Aufbau einer Referenzdatenbank für die untersuchten Nordseeorganismen wird sich die Arbeitsgruppe in den nächsten Jahren zusätzlich mit der Entwicklung verschiedener molekular-

biologischer Methoden zur gezielten Determinierung ausgewählter Arten beschäftigen. Hier sollen PCR-Schnelltests, die Anwendung von Färbetechniken (u.a. Fluoreszenz in situ Hybridisierungen) als auch metagenetischen Analysen (z.B. von Zooplanktonproben) eine Anwendung finden. Das Ziel ist eine Standardisierung von Verfahren für das Monitoring von Gemeinschaftsveränderungen, die Beobachtung und Kontrolle invasiver Arten sowie die Bestimmung von Fischeiern und -larven für die Quantifizierung der Laichgründe verschiedener kommerziell relevanter Arten. Zahlreiche weitere Anwendungen könnten genannt werden, welche die Notwendigkeit der Entwicklung schneller und effizienter, aber auch vom Geschlecht und Entwicklungsstadium unabhängiger Methoden zur Bestimmung mariner Arten zu untermauern. Diesen großen Herausforderungen hat sich nun die neue Arbeitsgruppe des Forschungsinstituts Senckenberg angenommen.

Alle Belegexemplare als auch die neu gewonnenen DNA-Extrakte werden in hauseigenen Sammlungen bzw. einer hauseigenen DNA-Bank hinterlegt, um eine langfristige und nachhaltige Dokumentation der bearbeiteten Organismen und Proben zu gewährleisten. Die neu etablierte Arbeitsgruppe unterhält eine enge Kooperation zu der „Barcode of Life“-Initiative (<http://www.ibolproject.org/>), über welche alle vom Projekt generierten COI-Sequenzen der wissenschaftlichen Gemeinschaft zur Verfügung gestellt werden. Zusätzlich ist eine intensive Zusammenarbeit und Vernetzung mit anderen europäischen



Umfangreiches Probenmaterial aus der Nordsee. Biologische Diversität, die molekulargenetisch erfasst werden will  
| Foto: Michael Raupach

Instituten geplant. Interessenten sind herzlich willkommen, sich am Projekt zu beteiligen.

Michael Raupach, Thomas Knebelsberger und Silke Laakmann, Wilhelmshaven ■

## Neue Fischart aus Voralpensee in Bayern beschrieben

Passend zum „Internationalen Jahr der Biodiversität 2010“ haben Biologen der Zoologischen Staatssammlung München (ZSM – [www.zsm.mwn.de](http://www.zsm.mwn.de)) eine neue Fischart aus dem Ammersee beschrieben.

Den Berufsfischern vom Ammersee im Münchner-Südwesten ist schon seit Generationen bekannt, dass es im Ammersee - als wohl einzigem See im Voralpengebiet - so genannte Kaulbarsche gibt. Allerdings fehlten ihnen die Vergleichsmöglichkeiten zu anderen Kaulbarschpopulationen, um in „ihrem Kaulbarsch“ das Besondere zu erkennen. Wissenschaftler der Zoologischen Staatssammlung (ZSM) haben diese Fische im Rahmen einer Diplomarbeit genauer untersucht. Sie kommen in einer Arbeit der wissenschaftlichen Zeitschrift „Spixiana“ zu dem Schluss, dass es sich bei dem Ammersee-Kaulbarsch um eine eigenständige Art handelt. Sowohl körperbauliche als auch genetische Analysen bestätigen diese Eigenständigkeit. Sie zeigen zudem, dass die neue Art keineswegs näher mit der „normalen“, weitverbreiteten Kaulbarsch-Art *Gymnocephalus cernua* verwandt ist, für die man sie bisher gehalten hatte. Der Ammersee-Kaulbarsch ist vielmehr näher mit einer eher seltenen Art aus dem Donauraum verwandt, dem Donau-Kaulbarsch *Gymnocephalus baloni*, der 1974 beschrieben wurde. Von dieser Art unterscheidet der Ammersee-Kaulbarsch sich unter anderem durch die größeren Augen und einen dünneren Schwanzstil. Wissenschaftlich ist die neue Art nach ihrer einzigen Heimat, dem Ammersee, benannt: *Gymnocephalus ambriaelacus*.

Über seine Lebensgewohnheiten ist allerdings kaum etwas bekannt. Das recht unscheinbare Fischchen aus der Familie der Barsche wird kaum über 13 cm lang, wächst langsam und überschreitet erst im zweiten Lebensjahr die 8 cm Marke. Dies weiß man aus unveröffentlichten Aufzeichnungen von Wagler aus dem Jahre 1926, welche in der ZSM lagern. Laichreife Weibchen gehen den Fischern im Mai im flachen Wasser als Beifang ins Netz, wenn sie beispielsweise Aale fangen möchten.

Obwohl die Art ausschließlich im Ammersee vorkommt, ist sie durch die Fischerei in diesem See aber nicht bedroht. Dafür ist sie einfach zu klein und besitzt daher keinerlei wirtschaftliche Bedeutung. Problematisch ist vielmehr, dass der „normale“ Kaulbarsch *G. cernua* im Ammersee wahrscheinlich ungewollt heimisch geworden ist, obwohl er ursprünglich dort nicht vorkam. Wie in anderen Seen weltweit geschehen, besteht besteht die Gefahr, dass sich der Neankömmling nun auch hier stark vermehren und so dem Ammersee-Kaulbarsch Konkurrenz machen und ihn sogar verdrängen kann. Ähnliche negative Erfahrungen hat man mit *G. cernua* als invasive Art bereits in Nordamerika gemacht – dorthin ist er im Ballastwasser großer Schiffe gelangt. Eine genauere Untersuchung der Biologie dieser Art ist dringend geboten, um Risiken und Chancen für diese nur in Bayern heimische Fischart abschätzen zu können.

M. F. Geiger, München ■

Geiger, M. F. & Schliewen, U. K. 2010. *Gymnocephalus ambriaelacus*, a new species of ruffe from Lake Ammersee, southern Germany. *Spixiana* 33, 1: 119-137.



Holotypus des neuen Ammersee-Endemiten *Gymnocephalus ambriaelacus* | Foto: M. F. Geiger



Der nächste Verwandte der neuen Art, *G. baloni* aus der Donau | Foto: M. F. Geiger



„Globetrotter“: der gemeine Kaulbarsch *G. cernua* breitet sich aus | Foto: M. F. Geiger

## Quo vadis Aphidologie?

Ein Alleinvertretungsmerkmal der Universität Rostock war vor wenigen Jahrzehnten die Blattlausforschung (Aphidologie), ein vielseitiges Arbeitsgebiet. Es erlaubt den Einstieg in Fragen der Allgemeinen Entomologie: z.B. Symbiosen, Generations- in Kombination mit Wirtswechsel; syntope Artbildung über ökologisch getrennte Populationen; Miniaturisierung von Körperstrukturen. Hinsichtlich der Speziellen Entomologie ist die Verwandtschaftsforschung bei weitem noch nicht abgeschlossen; Verbreitungsmuster und Ausbreitungswege sind nicht immer verstanden. Schließlich sind Blattläuse Teil der Angewandten Entomologie durch Schädigung von Nutzpflanzen, sei es direkt oder als Vektoren für pflanzliche Virose.

Träger der Exzellenz war Prof. Dr. Fritz Paul Müller (1913-1989), international anerkannter Fachmann für Blattläuse (Aphidae). 1913 in Meerane geboren, begann er 1932 sein Biologiestudium in Leipzig und setzte es 1935 in Rostock fort. Promotion 1938, dann nach Stationen in Neukloster und Meiningen an der Biologischen Reichsanstalt Berlin-Dahlem 1943-1945 abgestellt zur Prüfung von Insektiziden gegen blutsaugende Insekten und Hausungeziefer. 1945-1948 Tätigkeit an der Biologischen Zentralanstalt für Land- und Forstwirtschaft in Berlin-Dahlem. 1948-1955 Leitung der Entomologischen Abteilung des Instituts für Phytopathologie der Akademie für Landwirtschaftswissenschaften, Zweigstelle Naumburg. Er begann dort u. a. mit Arbeiten über Systematik und Biologie der Aphidae und hatte Lehraufträge an der Naumburger Fachschule für



Prof. Dr. Fritz Paul Müller (1913-1989)  
| Foto: privat

Pflanzenschutz und an der Universität Jena. Dort förderte die Zusammenarbeit mit dem Aphidologen C. Börner sein Interesse an ökologischer Rassendifferenzierung und Artbildung. 1955 Berufung zum Hochschuldozenten für Entomologie an die Landwirtschaftliche Fakultät Rostock. 1957 Habilitation, 1964 Professor mit Lehrstuhl für Zoologie und Entomologie. "Läusemüller", wie er bei allem Respekt genannt wurde, bot solide entomologische Ausbildung, betreute 30 Doktoranden und war in diesem Zusammenhang z. B. mehrmals im Sudan. Im Zuge der 3. Hochschulreform wechselte er 1968 zur Sektion Biologie, an der damals allerdings kein

besonderes Interesse an entomologischer Forschung und Lehre zu verzeichnen war. Dennoch setzte er dort die Tradition des 1927 von K. Friederichs gegründeten und 1942 aufgelösten ersten deutschen Entomologischen Seminars fort. Er verfasste Buchbeiträge und 193 Originalarbeiten, darunter Neubeschreibungen von Taxa. Er war in Fachgremien und im akademischen Bereich tätig, beteiligte sich jedoch als Querdenker zur Staatsdoktrin nur ungern an Verwaltungsaufgaben und politischen Aktionen. 1978 erfolgte die Emeritierung, jedoch Weiterarbeit auf dem bisherigen Forschungsgebiet bis zu seinem Tode 1989.

Sein Nachlass befindet sich in der Zoologischen Sammlung der Universität Rostock (ZSRO), Abteilung Allgemeine und Spezielle Zoologie des Instituts für Biowissenschaften, unter der Leitung von Prof. Dr. S. Richter. Gesucht wird Nachwuchs, der die reiche Literatur und die größte Blattlaussammlung in Deutschland nutzt: etwa 21.000 mikroskopische Dauerpräparate, darunter über 150 Typen.

Ragnar Kinzelbach, Rostock ■



*Schizaphis sp.* | Foto: Bastian Klußmann

## ITS2-Update

Die ITS2 Datenbank als Werkzeug

Phylogenetik, Barcoding, der Internal Transcribed Spacer 2 (ITS2) ist Standardmarker molekularer Systematik. Die variable Sequenz und ihre konservierte Sekundärstruktur ermöglichen eine Rekonstruktion verwandtschaftlicher Beziehungen auf unterschiedlichen Ebenen. Die ITS2 Datenbank, entwickelt am Lehrstuhl für Bioinformatik der Universität Würzburg, liefert über 250.000 Sequenz-Strukturpaare, aufbereitet für die phylogenetische Analyse (Koetschan et al. 2010, Schultz & Wolf 2009). Der Umfang der Datenbank ist in den letzten Jahren stark angewachsen. Der Anstieg ist dabei nicht nur dem ständig größer werdenden Umfang primärer Sequenz-Datenbanken (z.B. GenBank) geschuldet, sondern basiert auf der ständigen Weiterentwicklung von Annotations- und Faltungsalgorithmen. Der gesamte Datenbestand wird mittlerweile quartalsweise einem kompletten Update unterzogen. Dies gilt für Annotation, Faltung (energieminimiert) sowie für die sich anschließenden homologiebasierten Strukturvorhersagen. Die Datenbank bietet neben der Möglichkeit zur Annotation und Faltung eigener ITS2-Sequenzen eine Reihe von Werkzeugen zur RNA Sequenz-Struktur Analyse. Alignment und Baumrekonstruktion bedienen sich dabei simultan der Sequenz- als auch der Strukturinformation der zu untersuchenden RNAs. Grundlegend konnte gezeigt werden, dass die Kombination von Sequenz- und Strukturinformation zu einer akkurateren und zu einer robusteren Baumrekonstruktion führt (Keller et al. 2010). Die Analyse sich kompensierender Basenaustausche (CBCs) (vgl. GfBS News 19, S. 43,



Die ITS2 Datenbank | Abb.: Frank Förster

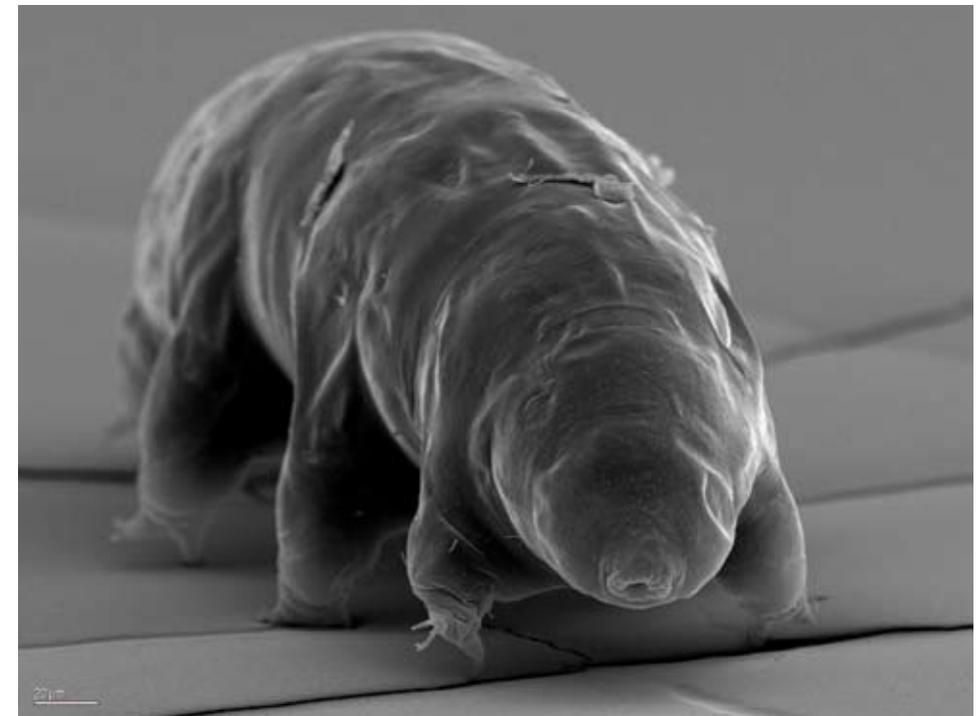
Molekularbiologen als Morphologen – wie kann man Arten unterscheiden) ermöglicht darüber hinaus die Unterscheidung kryptischer Arten (vgl. Schill et al. 2010) und verbindet Phylogenetik mit Ökologie und Populationsbiologie.

Frank Förster und Matthias Wolf, Würzburg ■

Homepage: --; RSS: <http://its2.bioapps.biozentrum.uni-wuerzburg.de/its2rss.xml>; Twitter: <http://twitter.com/its2db>; Facebook: <http://www.facebook.com/group.php?gid=194967818587>

Literatur:

- Christian Koetschan, Frank Förster, Alexander Keller, Tina Schleicher, Benjamin Ruderisch, Roland Schwarz, Tobias Müller, Matthias Wolf, Jörg Schultz (2010): The ITS2 Database III - sequences and structures for phylogeny. *Nucleic Acids Research* 38:D275-279.
- Jörg Schultz, Matthias Wolf (2009): ITS2 Sequence-Structure Analysis in Phylogenetics: A How-to Manual for Molecular Systematics. *Molecular Phylogenetics & Evolution* 52(2): 520-523.
- Ralph O Schill, Frank Förster, Thomas Dandekar, Matthias Wolf (2010): Using compensatory base change analysis of internal transcribed spacer 2 secondary structures to identify three new species in *Paramacrobiotus* (Tardigrada). *Organisms Diversity and Evolution* 10(4):287-296.
- Alexander Keller, Frank Förster, Tobias Müller, Thomas Dandekar, Jörg Schultz, Matthias Wolf (2010): Including RNA Secondary Structures improves Accuracy and Robustness in Reconstruction of Phylogenetic Trees. *Biology Direct* 5(1):4.



Neue Bärtierchenarten mit ITS2 Sequenzen entdeckt | Foto: Lemloh, Hellmer & Schill

## Morph•D•Base

Eine online Datenbank für morphologische Daten und Metadaten

Zum allgemeinen Bild der Wissenschaften gehört es, dass Forschungsergebnisse möglichst detailliert dokumentiert werden müssen, um ihre Reproduzierbarkeit und intersubjektive Überprüfbarkeit zu maximieren. Daraus folgt, dass alle Informationen, die für die Durchführung von bestimmten Untersuchungen und Experimenten relevant sind, irgendwo hinterlegt und für Dritte zugänglich gemacht werden sollten insbesondere, wenn die Ergebnisse in eine Veröffentlichung einfließen sollen. Diese „Daten über Daten“ werden allgemein als Metadaten bezeichnet. In diesem Zusammenhang kommt auch Mediendokumenten (Abbildungen, Videos, Audioaufnahmen, etc.) als objektive Belege der Forschungsergebnisse eine wichtige Funktion zu. Letzteres trifft insbesondere auf die Morphologie und Anatomie zu, in denen bildgebende Verfahren eine zentrale Rolle spielen. Leider ist der Platz, den Publikationsorgane für Medieninhalte und für die Dokumentation von Metadaten zur Verfügung stellen, häufig stark limitiert, und so werden i. d. R. nicht alle erhobenen Primärdaten und -metadaten dokumentiert. Darüber hinaus sind vorhandene Angaben zu Metadaten aufgrund einer fehlenden Formalisierung nur umständlich zugänglich und der Zugang außerdem meist auch noch kostenpflichtig. Dem können open access online Datenbanken Abhilfe leisten, die von der wissenschaftlichen Community selbst betrieben und mit Inhalten gefüllt werden.

In den vergangenen Jahrzehnten sind immer mehr molekularbiologische

Datenbanken entstanden, die in vielen Bereichen der Forschung eine zentrale Rolle spielen und wichtige alltäglich genutzte Funktionen anbieten, die umfassende phylogenetische Analysen mit einem breiten Taxon sampling oder das Annotieren von Gensequenzen anhand vergleichbarer Sequenzen anderer Arten erst möglich gemacht haben. Auch die Morphologie würde von einer speziell für ihre Bedürfnisse entwickelten Datenbank profitieren. Eine solche Datenbank würde Usern die Möglichkeit bieten, einheitliche und detaillierte Dokumentationen relevanter Metadaten zu erstellen und zusammen mit betreffendem Bildmaterial und anderen Medieninhalten zu speichern und anderen kostenfrei zugänglich zu machen. Dies würde durch den direkten Zugang zu den Primärdaten nicht nur die Reproduzierbarkeit morphologischer Beschreibungen, d.h. morphologischer Daten im eigentlichen Sinn, erhöhen, sondern auch ihre Vergleichbarkeit verbessern.

Vor diesem Hintergrund haben wir 2004 angefangen, die morphologische Datenbank Morph•D•Base ([www.morphdbase.de](http://www.morphdbase.de); Abb. 1,2) zu entwickeln - ein Projekt, das seit 2005 innerhalb des Schwerpunktprogramms Deep Metazoan Phylogeny (SPP 1174) von der DFG gefördert wird. Seit diesem Frühjahr ist Morph•D•Base offiziell und permanent am Zoologischen Forschungsmuseum Alexander Koenig in Bonn beheimatet, welches die War-



tung der Hardwareinfrastruktur zugesichert und über geschultes Personal für die Administration verfügt. Damit ist der Zugang zu allen auf Morph•D•Base hochgeladenen Inhalten langfristig und unabhängig von über Drittmittel finanzierten Projekten gewährleistet.

Morph•D•Base ist eine relationale online Datenbank für die detaillierte Dokumentation aller für morphologische Studien relevanten Metadaten und der Speicherung und Annotation von forschungsrelevanten Medieninhalten. Die Eingabe von Metadaten erfolgt, insoweit vorhanden, unter der Verwendung von modernen Metadatenstandards (z.B. DarwinCore; [www.tdwg.org/activities/darwincore](http://www.tdwg.org/activities/darwincore)) und, wo angebracht, auch unter Verwendung von kontrollierten Vokabularen, mit deren Hilfe die Inhalte der Datenbank verlässlich durchsucht und organisiert werden können. Morph•D•Base kann über alle aktuellen gängigen Browserprogramme frei über das Internet genutzt werden, wobei der Datentransfer des Web-Interfaces verschlüsselt (https) wird. Während die in Morph•D•Base veröffentlichten Inhalte für alle zugänglich sind, ist das Hinzufügen von Inhalten registrierten Usern vorbehalten. Einen Account erhalten alle, die über eine gültige Email Adresse verfügen und die Zugehörigkeit zu einer wissenschaftlichen Einrichtung oder eine entsprechende wissenschaftliche Intention nachweisen können. In Morph•D•Base werden aufgrund der von den jeweiligen Autoren zugewiesenen Zugangs-



Abb. 1 Das Web-Interface von Morph•D•Base. Am oberen Rand des Interfaces befindet sich der Header, über dessen Navigationslinks über die Art der Inhalte entschieden wird, die im darunterliegenden Content Window angezeigt werden. Die obere Zeile des Content Windows enthält Reiter (tabs), mit deren Hilfe weiter navigiert werden kann.

rechte zwei grundlegende Kategorien von Einträgen unterschieden: veröffentlichte und unveröffentlichte Einträge. Veröffentlichte Einträge sind für alle frei zugänglich und können nicht mehr verändert werden - sie erhalten eine einzigartige Zugangs ID (accession number), die sich aus dem Usernamen, der Art des Eintrags, dem Datum der Veröffentlichung und einer fortlaufenden Nummer zusammensetzt. Diese Zugangs ID ermöglicht die eindeutige Referenzierung in wissenschaftlichen Publikationen. Die Veröffentlichung eines Eintrags erfolgt entweder direkt im Web-Interface oder kann von der Autorin an ein bestimmtes Datum geknüpft werden. Alle auf Morph•D•Base veröffentlichten Inhalte fallen unter die Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 3.0 Unported Copyright Lizenz ([creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/3.0/](http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/3.0/)). Bevor ein Eintrag jedoch veröffentlicht

wird, kann die Autorin ihn immer wieder editieren und ergänzen. Auch an andere User kann sie das Recht vergeben, bestimmte Einträge von ihr einsehen zu können oder sogar editieren zu können. Für diesen Zweck können sich die User innerhalb von Morph•D•Base in Gruppen von mindestens zwei Usern organisieren - für jeden unveröffentlichten Eintrag kann eine Autorin also gruppenspezifisch „read only“ oder „editable“ Rechte für all diejenigen Gruppen erteilen, in denen sie Mitglied ist. Dies soll den einfachen Austausch von bisher unveröffentlichtem Material ermöglichen - eine Funktion, die für wissenschaftliche Kooperationen sehr wichtig ist.

Zur Zeit werden in Morph•D•Base drei Arten von Einträgen unterschieden, denen die verschiedenen für die Morphologie relevanten Metadaten zugeordnet und in die Datenbank eingegeben werden können: Media, Specimen und Taxon Einträge. Es können verschiedenste Arten von Medieninhalten hochgeladen und als Media Einträge archiviert werden - von Bitmap- und Vektorgrafiken, über TIF Bilderstapel, bis hin zu Audio- und Videoaufnahmen. Neben technischen Informationen zur Aufnahme können die Einträge bezüglich der in ihnen dokumentierten Inhalte annotiert werden: es kann u. a. angegeben werden, ob und wenn ja, welcher Teil eines Specimens dargestellt ist und aus welchem Winkel, aber auch, ob die Abbildung eine elektronenmikroskopische, eine konfokale lasermikroskopische Aufnahme, eine Zeichnung oder Foto ist. User können auch spezifizieren, welchen Auflösungsbereich (z.B. subzellulär bis ganze Zel-

lenverbände) ihre Aufnahme abbildet. Bei aufgeladenen Bildern kann die Autorin des Media Eintrags zwischen einem Wasserzeichen waagrecht über die Bildmitte hinweg oder einer Copyright Angabe auf einem schwarzen Balken am unteren Bildrand wählen, welche sie als jeweiligen Copyrightholder angeben. Darüber hinaus kann angegeben werden, in welchen Auflösungen das Bild den Usern von Morph•D•Base zugänglich sein soll (Original, 1024×768, 800×600, 640×480). In Specimen Einträgen (vgl. Abb. 3) werden all jene Metadaten angegeben, die das Untersuchungsobjekt betreffen; wie z. B. Informationen über dessen taxonomische Bestimmung, Geschlecht und Entwicklungsphase, dessen allgemeiner Zustand (Qualität), sowie Informationen über dessen Fundort, Präparation und wo es zur Zeit aufbewahrt wird. Diese Daten werden entsprechend des DarwinCore Standards gespeichert und verfügbar gemacht. Als taxonomisches Referenzierungssystem verwendet Morph•D•Base die Taxonomie und Nomenklatur des ITIS Projektes (www.itis.gov). Da dieses taxonomische System, wie jedes andere auch, nicht vollständig ist, können User in Morph•D•Base es über Taxon Einträge ergänzen. Dabei wird dem User freigestellt, ob dieser Eintrag an ITIS weitergegeben werden soll oder nur innerhalb von Morph•D•Base verwendet werden soll. Die verschiedenen Eingabemasken von Morph•D•Base bieten also eine Vielzahl von verschiedenen Eingabefeldern aus verschiedensten Kategorien. Diese Vielfalt stellt jedoch lediglich ein Angebot dar. Es müssen nicht alle Eingabefelder ausgefüllt werden, um in

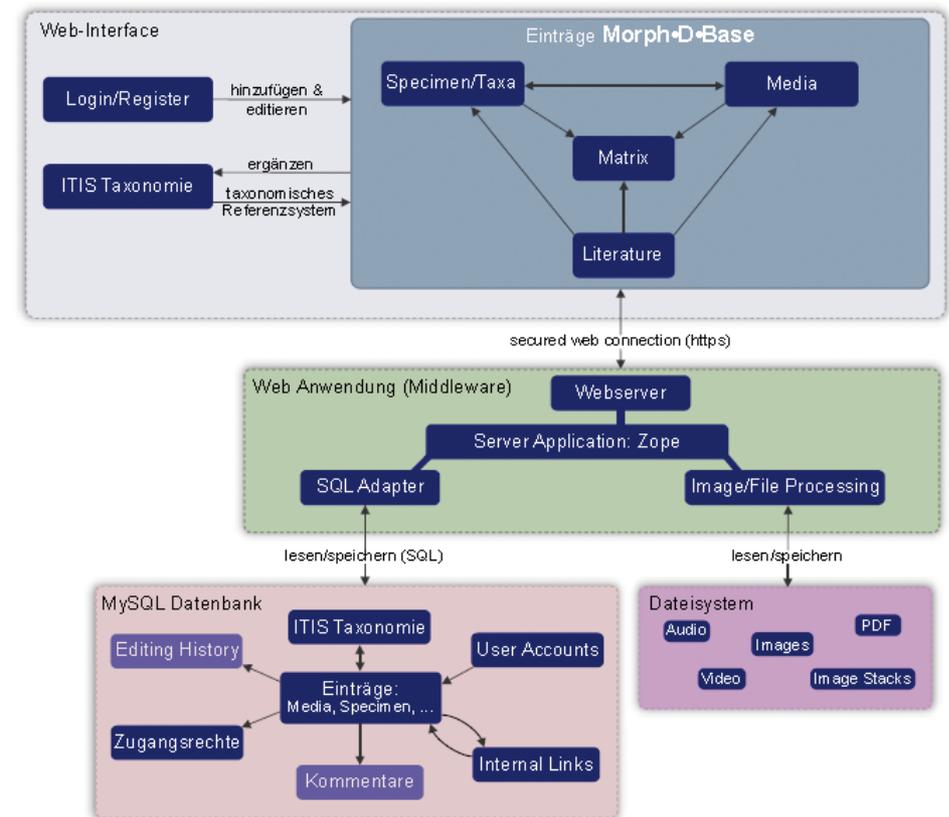


Abb. 2 Schema zur Organisation des Datenbanksystems und Web-Interfaces von Morph•D•Base

Morph•D•Base einen Eintrag anlegen zu können. Einige Angaben sind jedoch immer obligatorisch (required entries): Im Fall von Media Einträgen sind dies das hochzuladende Mediendokument, sowie die Angabe des Autors des Dokuments und der Titel des Eintrags, bei Specimen Einträgen der Specimen Label und die taxonomische Bestimmung (damit es in der Taxonomie eingeordnet werden kann; vgl. Abb. 3) und bei Taxa die Angabe des Kingdoms, Taxonnamens,

Autors und Jahres, des taxonomischen Rangs und des übergeordneten (parent) Taxons, sowie eine Angabe zur Validität des Taxonnamens. Alle Einträge in Morph•D•Base können untereinander verlinkt werden. So kann z. B. in einem Media Eintrag auf den in ihm abgebildeten Specimen verwiesen werden, indem letzterer als Morph•D•Base interner Link gesetzt wird. Umgekehrt können aber auch verschiedenste Media Einträge für die Dokumentation eines

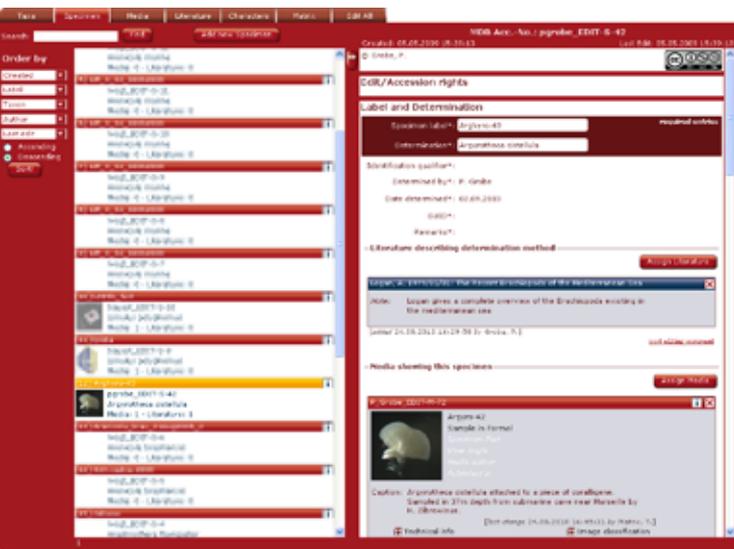


Abb. 3 Ausschnitt aus dem Content Window Interface für die Eingabe eines Specimen Eintrags. Links: Liste der Specimen Einträge, zu denen der eingeloggte User über edit oder read only Zugangsrechte verfügt (aus Gründen des Datenschutzes sind alle bis auf einen Eintrag für die Abbildung gepixelt worden). Rechts: Verschiedene Eingabefelder für einen links aus der Liste ausgewählten Specimen Eintrag. Die für einen Specimen Eintrag obligatorischen Angaben sind in einem dunkelroten Kasten zusammengefasst (required entries) und dadurch deutlich markiert.

Fundorts, der Sammelmethode, einzelner Präparationsschritte oder der Zuchtmethode in einem Specimen Eintrag verlinkt werden. Mit einem eigenen Literaturmodul können User darüber hinaus Datensätze aus ihrer eigenen Literaturdatenbank auf Morph-D-Base aufladen oder Angaben aus PubMed nutzen, um Literaturangaben innerhalb der Einträge machen zu können. Morph-D-Base liest die gängigen Formate wie RIS (z.B. in Reference Manager, Endnote, Connotea) und BibTex (z.B. in citeulike) oder Angaben aus PubMed nutzen, um Literaturangaben innerhalb der Einträge machen zu können. Die Nutzeroberfläche von Morph-D-Base

Einträge einsehbar sind, für die der User Zugangsrechte besitzt. Des weiteren kann der User über Browse Content (blau) alle veröffentlichten Einträge einsehen. Über New/Edit Content (rot) kann er alle eigenen unveröffentlichten Einträge, sowie unveröffentlichte Einträge anderer User, zu denen er read only oder editable Zugangsrechte besitzt, einsehen und/oder editieren. Im Content Window wiederum kann über Reiter (tabs) zwischen den verschiedenen Informationsarten und Eintragstypen hin- und her gewechselt werden (z.B. zwischen Taxa, Specimen, Media und Literature Einträgen in Browse Content), wobei links die verschiedenen Einträge aufgelistet werden und rechts

ist so organisiert, dass über einen Header die Navigation erfolgt (vgl. Abb.1,3), während das Content Window der Darstellung der Inhalte gewidmet ist. Die Farbgebung des Headers und Content Windows ist dabei an die Art der in ihm wiedergegebenen Inhalte gekoppelt. Über die rechten Navigationslinks des Headers gelangt man zu allgemeinen Informationen über Morph-D-Base und zum eigenen Userprofil (grau). Über Taxonomy (blau) der oberen Navigationszeile des Headers erfolgt der Zugang zur Taxonomie, über die, dem jeweiligen Taxon zugeordnet, all jene

die Inhalte eines ausgewählten Eintrags detailliert dargestellt werden. In der kürzlich online gegangenen neuen Version 2.2 von Morph-D-Base haben wir nochmals Verbesserungen an der Gestaltung der Eingabeoberfläche vorgenommen, sodass die gesamte Darstellung und die Eingabe von Inhalten erheblich übersichtlicher geworden sind.

Zur Zeit entwickeln wir ein Matrixmodul, welches das kooperative Erstellen und live Editieren von phylogenetischen Merkmalsmatrizen ermöglichen wird. Somit kann die Kodierung von Merkmalen in Zusammenarbeit von mehreren Usern und anhand der von diesen und anderen eingefügten Daten und Metadaten durchgeführt werden. Das Matrixmodul kann auf alle in Morph-D-Base für den jeweiligen User zugänglichen Inhalte zurückgreifen und ermöglicht diese mit einzelnen Zellen der Matrix zu verlinken. Damit kann zu jedem Eintrag in der Matrix eine detaillierte Dokumentation aller relevanten Primärdaten, Daten und Metadaten, sowie von Literatur-verweisen zusammengestellt werden. Bezüglich der Kodierung kann der User bei jedem Merkmal zwischen verschiedenen Kodierungsschemata wählen. So ist es möglich, Merkmals- und Merkmalszustandsdefinitionen in Freitextfeldern oder schematisiert, basierend auf der von Sereno vorgeschlagenen Unterscheidung einer neomorphic und transformational Kodierung, einzugeben. Mit einer Chat-Funktion, der Möglichkeit der differenzierten Kommentierung jedes Eingabefeldes, durchdachten Farbkennzeichnungen, Fortschritts-markern, einem Tracking System für Änderungen, einem

automatischen Benachrichtigungssystem für nahende Fristen, sowie einer Import- und Export-Funktion für Nexusdateien, soll dieses Modul zu einem wichtigen Werkzeug für die tägliche Arbeit von Phylogenetikern werden. Durch die Möglichkeit, alternative Merkmale für sich widersprechende Homologiehypothesen angeben zu können, sowie Teil von Beziehung zwischen den Merkmalszuständen verschiedener Merkmale derselben Operational Taxonomic Unit angeben zu können, weichen wir von bisherigen Programmen zur Matrizeneditierung ab und gehen neue Wege in der Repräsentation von phylogenetischen Merkmalsätzen innerhalb von Matrizen.

#### Vorteile der Nutzung von Morph-D-Base Für den individuellen Morphologen:

- verlässliches Programm zur Archivierung aller eigenen morphologischen Daten (Data Repository) und ihrer Verwaltung
- unkomplizierte und detaillierte Dokumentation aller relevanten Metadaten in Veröffentlichungen über Angabe der jeweiligen Zugangs IDs (accession numbers)
- Plattform für effektive Weitergabe der eigenen Daten - bessere Wahrnehmung der eigenen Arbeit innerhalb der Community
- Übersicht über Aktivitäten der Kollegen und Hilfe, geeignete Kooperationspartner zu finden
- unkomplizierter Austausch bisher unveröffentlichten Materials mit Kollegen innerhalb von Kooperationen

Für die morphologische Community:

- leichte Zugänglichkeit der Inhalte, da über Suchmaschinen im Netz erschlossen
- Erhöhung der Interoperabilität und Vergleichbarkeit morphologischer Daten
- allgemeine Erhöhung der Datenqualität durch die konsequente Verwendung von Standards und kontrollierten Vokabularen und durch die aufgrund der internen Transparenz und erhöhten Zugänglichkeit zu erwartenden Entwicklung einer best practice Vorgehensweise für die Dokumentation morphologischer Forschung
- durch die detaillierte Dokumentation können morphologische Ergebnisse besser von Dritten genutzt werden, was die Sichtbarkeit und Präsenz der Morphologie innerhalb der Biologie erhöhen wird

Lars Vogt und P. Grobe, Bonn ■

## Daten- und Metadatenstandards in der Zoomorphologie

Initiative zur Gründung eines internationalen Konsortiums für die Entwicklung von Daten- und Metadatenstandards in der Zoomorphologie

Morphologische Strukturen weisen eine hohe strukturelle Komplexität auf, die mit einer endlos erscheinenden Vielfalt anatomischer Formen und biologischer Funktionen einhergeht. Die korrekte Interpretation einer Struktur setzt häufig detailliertes Expertenwissen voraus, über welches meist nur diejenigen verfügen, die sich mit der betreffenden Organismengruppe bereits eingängig beschäftigt haben. Morphologische Beschreibungen ein und derselben anatomischen Struktur sind daher in vielen Fällen nur bedingt reproduzierbar und können sich von Morphologin zu Morphologin signifikant unterscheiden. Aufgrund verschiedener terminologischer Traditionen in den verschiedenen taxonomischen Gruppen verfügt die Morphologie über keine allgemein anerkannte und taxonübergreifende Terminologie. Dies führt dazu, dass Morphologen mit einer nicht standardisierten Verwendungsweise morphologischer Fachausdrücke und dementsprechend mit semantischen Unterschieden in Beschreibungen aus den Federn unterschiedlicher Autoren leben müssen (semantic gap). Missverständnisse und fehlerhafte Interpretationen sind daher keine Seltenheit. Hinzu kommt, dass sich die Bedeutung mancher morphologischer Begriffe über die Jahre hinweg kontinuierlich verändert hat und dass manchmal nicht sauber zwischen funktionellen und rein anatomisch-beschreibenden Begriffen unterschieden wird. Außerdem setzen einige Begriffe die Homologie der zu bezeichnenden Strukturen voraus und gehen somit

über das rein Beschreibende hinaus und enthalten eine historische Erklärung für strukturelle Übereinstimmungen.

Diese Problematik ist als das Linguistische Problem der Morphologie beschrieben worden, welches sich im Wesentlichen auf zwei Mängel reduzieren lässt: (1) Der Morphologie fehlt eine allgemein anerkannte, standardisierte und taxonübergreifende morphologische Terminologie, die frei von Homologieannahmen ist. (2) Desweiteren fehlt ihr eine standardisierte und formalisierte Methode der morphologischen Beschreibung (d.h. Dokumentation der Form, Beschaffenheit, Komposition und räumlichen Lage supra-molekularer Bestandteile von Organismen = morphologische Daten), aber auch der Dokumentation aller Informationen, die für die Durchführung der Untersuchungen relevant sind (d.h. Daten über Daten = Metadaten). Die Situation wird dadurch noch weiter erschwert, dass in morphologischen Publikationen i. d. R. nicht alle erhobenen Primärdaten und -metadaten angegeben werden können, die vorhandenen Angaben aufgrund fehlender Formalisierung nur umständlich zugänglich sind und der Zugang zu den Publikationen insgesamt meist kostenpflichtig ist. Die Standardisierung von Primärdaten stellt eine weitere Herausforderung dar, bei der es u. a. darum gehen muss, möglichst nicht-proprietäre Dateiformate als Formatstandard zu nutzen. Insbesondere die Standardisierung von neuen Speicherformaten, wie für die neuen 3D-bildgebenden Methoden (z.B. cLSM, CT, MRI, HREM) oder für verschachtelte Bilddaten, die von derzeit

sich auf dem Vormarsch befindlichen Objektträger-Scannersystemen geliefert werden und die zurzeit nur in herstellerspezifischen proprietären Formaten speicherbar sind, bedarf eines Konsenses. All diese Probleme machen die Verwendung morphologischer Daten für Nichtexperten problematisch. Dies wirkt einer Anerkennung der wissenschaftlichen Leistungen der Morphologie und ihrer Bedeutung für andere Disziplinen entgegen.

Die genannten Mängel sind jedoch behebbar. Dazu muss es den Morphologen gelingen, ihre Ergebnisse einheitlich zu dokumentieren, um ihre Kompatibilität und Vergleichbarkeit zu verbessern, so dass sie unabhängig von der untersuchenden Person reproduzierbar sind. Interoperabilität, Wiederverwendbarkeit und Vergleichbarkeit von Daten und Metadaten gewinnt durch Onlinedatenbanken in der biologischen Forschung zunehmend an Bedeutung. Die Zugänglichkeit morphologischer Daten und Metadaten sollte daher primär über morphologische Datenbanken erfolgen. Darüber hinaus ist es unserer Ansicht nach dringend geboten, eine Initiative zur Entwicklung von Daten- und Metadatenstandards für die Morphologie ins Leben zu rufen. Wir folgen damit auch einem Weg, den andere Bereiche der Biologie bereits seit einigen Jahren mit entsprechenden Initiativen erfolgreich beschreiten.

Um Daten- und Metadatenstandards für die Morphologie zu entwickeln, müssen wir verschiedene Aspekte der morphologischen Forschung diskutieren. Dabei müssen wir u.a. für die folgenden Fragen

gemeinsam tragbare Antworten finden:

- Welche Arten von Daten sollten in der Morphologie unterschieden werden?

- Was sind die minimal erforderlichen Informationen, die für einen bestimmten Datentypus angegeben werden sollten (content standard; minimum information checklist)?

- Welche Begriffe und Konzepte werden benötigt, um eine verlässliche Kommunikation von Daten und Metadaten zu gewährleisten (concept standard; controlled vocabularies & ontologies)?

- Welche Wörter sollten verwendet werden, um auf diese Begriffe und Definitionen eindeutig referieren zu können, sodass jedes Wort sich auf exakt eine Definition bezieht (nomenclatural standard; controlled vocabularies & ontologies)?

- In welchen (Datei-) Formaten sollen die Daten, Metadaten und Primärdaten kommuniziert werden, sodass sie idealerweise sowohl von Menschen als auch von Computern gelesen werden können (format standard)?

- Welche bereits vorhandenen Standards können wir dabei nutzen?

Die Entwicklung von Daten- und Metadatenstandards für die Morphologie wird sicherlich nicht kurzfristig umzusetzen sein. Neben vielen Diskussionen sind hierfür sehr gute Koordination, Organisation und Strukturen notwendig, die es allen Interessierten ermöglichen, sich einbringen zu können – und das nach Mög-

lichkeit nicht nur innerhalb Deutschlands, sondern Welt weit. Derzeit stellen wir noch eine kleine Gruppe von Zoomorphologen dar, die diesen Prozess für die Zoomorphologie initiieren wollen.

Momentan befinden wir uns in einer Phase des allgemeinen Gedankenaustauschs und diskutieren die weitere Vorgehensweise und unsere nächsten Schritte. Beim 2nd International Congress on Invertebrate Morphology (20.-23. Juni 2011, Harvard University, Cambridge, USA) der International Society of Invertebrate Morphology wird ein Runder Tisch zu diesem Thema stattfinden, der die Gelegenheit bietet, die Initiative international bekannt zu machen und zur Mitarbeit aufzurufen. Unser langfristiges Ziel ist es, ein internationales Konsortium zu gründen, das Empfehlungen für Daten- und Metadatenstandards für die Zoomorphologie formuliert und für die Verwendung dieser Standards wirbt.

Lars Vogt, Bonn ■

## 12. Jahrestreffen der Jungen Systematiker

in der Zoologischen Staatssammlung München vom 7.-8. August 2010

Das diesjährige Sommertreffen der JuSys wurde v.a. von Katharina Jörger und Isabella Stöger von der Zoologischen Staatssammlung München (ZSM) organisiert. Passend zum Jahr der Biodiversität war das Thema dann auch „Systematik im Jahr der Biodiversitätsforschung“.

Am Freitagabend trafen sich bereits die ersten, aus ganz Deutschland nach München angereisten JuSys zur inoffiziellen Begrüßung im urbayrischen Augustiner Biergarten - wegen des anhaltenden Dauerregens allerdings im rustikalen Keller. Die offizielle Begrüßung am Samstagmorgen fand durch André Koch (ZFMK Bonn), den stellvertretenden Sprecher der JuSys, Katharina Jörger vom Organisationsteam und den Direktor der ZSM, Gerhard Haszprunar, statt. Prof. Haszprunar stellte in seinem anschließenden Vortrag die „Zukunft der Systematik und New Taxonomy“ vor und gab Einblicke in Artkonzepte und Speziationsprozesse sowie die Probleme, die bei der Artbeschreibung auftreten können. Er betonte ferner, wie wichtig Teamfähigkeit in der Taxonomie und Anerkennung der Namensgebung als Hypothese und wissenschaftliche Leistung sind - nicht nur von Nicht-Systematikern, sondern gerade auch von den Systematikern und Taxonomen selbst. Da der angefragte Referent von ‚Diversitas Deutschland‘ leider abgesagt hatte, erläuterte Prof. Haszprunar als einer der beteiligten Wissenschaftler das Projekt sowie die Internetplattform NeFo ([www.biodiversity.de](http://www.biodiversity.de)) zur Vernetzung der Biodiversitätsforschung in Deutschland. Die anschließende Diskussion wurde vor dem Hörsaal während der

Kaffeepause fortgeführt, die nur durch das weitere Programm unterbrochen werden konnte. Dr. Ulrich Schliewen (ebenfalls ZSM) berichtete über seine Forschung an Cichliden und gab eine Einführung in aktuelle Fragestellungen der Evolutionsforschung im Vortrag „Wie entsteht Biodiversität? Evolutionsbiologie megadiverser in Fischartenschwärme in Afrika, Asien und Mittelamerika“. Im Anschluss sprach Prof. Dr. Josef Reichholf (ZSM) eine eindringliche Warnung zum nachhaltigen Umgang mit unserer Umwelt aus und zeigte, dass die „Gefährdung der Artenvielfalt“ – so der Titel seines Vortrags – vor allem durch die industrialisierte Landwirtschaft und nicht den viel diskutierten Klimawandel ausgelöst wurde.

Dank der guten Planung der Organisatorinnen, die tatkräftig von weiteren Studenten der ZSM unterstützt wurden, reichte das Essen der Kaffeepause auch noch für die Mittagspause aus, so dass alle 25 Teilnehmer sowie auch die Vortragenden gestärkt in die Nachmittagsrunde gehen konnten. Bedingt durch die rege Diskussion nach allen Vorträgen des Vormittags, mussten die nachfolgenden Referenten ‚cum tempore‘ starten, worüber sie aber rechtzeitig informiert werden konnten. Als erster referierte Dr. Michael Balke (ZSM) über die „Rolle des ‚Barcoding‘ für die Biodiversitätsforschung am Beispiel des ‚Barcoding Fauna Bavarica‘“ und die Anwendungen auch außerhalb der Wissenschaft. Interessant war vor allem die von ihm aufgezeigte Nutzung des *cox1*-clustering zur Abschätzung der tatsächlichen Artenvielfalt in einem



Begrüßung durch Katharina Jörger in der Zoologischen Staatssammlung München  
| Foto: M. Jerominek

bestimmten Gebiet, auch ohne vorherige taxonomisch-systematische Erfassung.

Die letzten drei Vorträge wurden von Wissenschaftlern gehalten, die außerhalb der ZSM beschäftigt sind: Dr. Swen Renner (Institute for Experimental Ecology, Universität Ulm) berichtete über drei bundesweite „exploratories for functional biodiversity research“, einem Verbundprojekt an dem 42 Arbeitsgruppen aus den verschiedensten Bereichen beteiligt sind. Erforscht werden die vielfältigen Beziehungen zwischen Flora und Fauna und den jeweiligen

Ökosystemen sowie der Einfluss der Landnutzung auf diese Ökosysteme. Dabei wurde erneut die Wichtigkeit einer Vernetzung von Systematikern mit anderen Fachbereichen und Arbeitsgruppen hervorgehoben. Nach der sich anschließenden Kaffeepause wurde in den beiden letzten Vorträgen über technische Anwendungen und Tools bei der Biodiversitätserfassung berichtet. Dr. Dagmar Triebel (Botanische Staatssammlung München mit SNSB IT-Zentrum) informierte unter dem Titel „Daten in der Biodiversitätsforschung: von der mobilen Erfassung bis zur Bereitstellung in internationalen Netz-

werken“ über das IBF Pilotprojekt. Durch die Nutzung von Smartphones bei der Datenerfassung im Gelände und die nachfolgende, vereinfachte Datenübertragung und -synchronisation an die sogenannte ‚Diversity Workbench‘ soll die Arbeit schneller und effizienter durchgeführt werden können. Die erhobenen Daten werden nachhaltig gespeichert und anderen Wissenschaftlern zur Verfügung gestellt. Abschließend stellte die Jung-Systematikerin Dr. Sabine von Mering (Key to Nature, Julius Kühn-Institut) das Projekt ‚Key to Nature‘ in ihrem Vortrag über „Biodiversität 2.0 – Online-Bestimmung von Pflanzen und Tieren“ vor. Sie rief zu weiterer Mitarbeit und dem zur Verfügung stellen von eigenen Bestimmungsschlüsseln auf. Da viele sich bereits früh für ein organisches Studium entscheiden (siehe Newsletterbeitrag 22/2009 „Professoren oder Taxifahrerinnen?“), sollte auch die Heranführung von jungen Menschen an die Systematik durch die Bestimmung von Tieren und Pflanzen von besonderer Bedeutung sein.

Dieser interessante und diskussionsfreudige Tag wurde mit einem gemeinsamen Grillen im Innenhof der ZSM abgeschlossen – auch das Wetter hatte ein Einsehen und so blieb es trocken. Einige der Referenten schlossen sich uns dabei an. Anekdoten und Geschichten, aber auch wissenschaftliche Themen wurden neben dem Grillgut ‚aufgetischt‘.

Der Sonntag begann bei einem gemeinsamen Frühstück wieder im Innenhof der ZSM und wurde nur von kurzen Nieselregen unterbrochen.



Mitgliederversammlung unter freiem Himmel im Anschluss an das gemeinsame Frühstück | Foto: M. Jerominek

Bei der sich anschließenden Mitgliederversammlung waren 13 JuSys, einschließlich eines neuen Mitgliedes, anwesend. Die Sprecherin der JuSys Jana Hoffmann informierte zu Beginn über die letzte Vorstandssitzung der GfBS.

Des Weiteren wurde über die geplante neue Homepage der JuSys, die Biosystematics 2010 in Berlin und das nächste JuSys-Treffen, sowie Erwartungen an die GfBS diskutiert. Außerdem wurde ein Resümee über das Jahr der Biodiversitätsforschung gezogen und weitere Aktionen der JuSys geplant. Aufgrund von anderen Verpflichtungen oder einfach der großen Distanz zu ihrer Heimat mussten sich



Teilnehmer des 12. JuSys-Jahrestreffens in der Zoologischen Staatssammlung München | Foto: H. Schmidt

viele JuSys bereits nach der Mitgliederversammlung verabschiedeten. Für die Übrigen gab es noch die Möglichkeit einen kurzen Einblick in die Sammlungen der ZSM zu erhalten und es öffneten sich die Türen zur malakologischen Sammlung sowie einem Teil der Insektensammlung. Trotz wieder aufkommenden, heftigen Regens wagten sich noch einige Teilnehmer in den Botanischen Garten. Ein Ausflug, der sich vor allem für die verbliebenen Botaniker lohnte, wurden doch die eigenen Untersuchungsobjekte dort entdeckt und den anderen JuSys stolz präsentiert. Im Anschluss an das Sommertreffen gab es einen lohnens-

werten, zweitägigen Workshop zu 3D-Rekonstruktionsmethoden, wobei alle von der Expertise der malakologischen Arbeitsgruppe an der ZSM lernen konnten (siehe nachfolgender Bericht). Sowohl das Treffen als auch der Workshop der JuSys waren ein großer Erfolg. Im Namen aller Teilnehmer bedanken wir uns an dieser Stelle bei den Organisatorinnen und zahlreichen Referenten für dieses schöne und produktive Wochenende in München!

Kathrin Podlacha, Berlin und André Koch, Bonn ■

## JuSys-Workshop: 3D-Rekonstruktion

Im Anschluss an das diesjährige Sommertreffen der AG Junge Systematiker in der Zoologischen Staatssammlung München (ZSM) fand am 09. und 10. August 2010 der JuSys-Workshop „3D-Rekonstruktion“ statt. Durchgeführt wurde dieser im Leibniz-Rechenzentrum (LRZ) der Bayerischen Akademie für Wissenschaften auf dem Gelände des Garching Forschungszentrums.

Eingeleitet wurde der Workshop von einem Vortrag der Organisatoren Timea Neusser (Doktorandin, ZSM) und Katharina Jörger (Doktorandin, ZSM). Sie erläuterten den sieben Kursteilnehmern auf interessante Weise die Vorteile von computerbasierter 3D-Visualisierung mittels AMIRA® und die zentralen Schritte der 3D-Rekonstruktion, angefangen vom Sammeln, Fixieren, über Einbettung, histologische Schnitte und schließlich der Verarbeitung von Serienbildern. Anschließend war es möglich die zuvor erlernten Schritte sofort praktisch umzusetzen. Dazu stand jedem Kursteilnehmer ein Computer zur Verfügung. Verwendet wurden Beispieldatensätze, zum Teil aber auch eigens mitgebrachte Datensätze.

Die Organisatoren, sowie Barbara Eder (Diplomandin, ZSM) und Bastian Brenzinger (Doktorand, ZSM) standen den Teilnehmern geduldig mit ihrer jahrelangen Erfahrung und vielen Tipps zur Seite. Schritt für Schritt wurde je ein Datensatz bearbeitet (aligniert und segmentiert), um ihn für die spätere Erstellung einer 3D-Rekonstruktion vorzubereiten. Das Highlight des Workshops war der Besuch des Virtual Reality Labors des LRZs.



Teilnehmer arbeiten mit den PCs des LRZs | Foto: Manuela Thelen

Herr Peter Weinert veranschaulichte an der Holobench, einer L-förmigen Projektionsanlage (siehe Foto oben), das sogenannte Tracking-System, bei dem die Kopfposition und Blickrichtung verfolgt und so die perspektivische Darstellung vom Grafikrechner angepasst wird.

Weiterhin erläuterte Herr Weinert die Voraussetzungen zur 3D-Darstellungen bei Vorträgen und Veranstaltungen anhand einer mobilen Stereoprojektionsanlage (nähere Infos hierzu: <http://www.lrz.de/services/peripherie/vr/>). Ihm sei an dieser Stelle im Namen der Teilnehmer für die interessante und anschauliche Demonstration heute möglicher Visualisierungstechniken gedankt!

Am zweiten Kurstag stand das Generieren von 3D-Oberflächen der zuvor bearbeiteten Datensätze im Vordergrund. Den Kursteilnehmern wurde gezeigt, wie die erstellte 3D-Graphik als Foto oder Film für eine spätere Publikation festgehalten werden kann und mittels Fotobe-

arbeitungsprogrammen stereoskopische Halbbilder erstellt werden, die durch eine Farbfilterbrille (Anaglyphenbrille) die räumliche Tiefenwirkung sichtbar machen.

Zum Schluss des Workshops wurde den Teilnehmern die Erstellung von interaktiven pdf-Dateien durch Einbau von 3D-Bildern demonstriert – eine Methode, die für fast alle Kursteilnehmer beeindruckend und auch neu war.

Zusammenfassend war dieser JuSys-Workshop ein voller Erfolg! Den Kursteilnehmern wurden die einzelnen Schritte zur Verwendung des recht komplexen 3D-Rekonstruktionsprogramms AMIRA® demonstriert und die neusten Methoden in der Darstellung von 3D-Datensätzen vorgestellt.

Nicht zuletzt sei den Organisatoren Timea Neusser und Katharina Jörger, sowie deren Helfern Barbara Eder und Bastian Brenzinger für die Planung und Durchführung dieses gelungenen Workshops gedankt. Alle vier haben viel Mühe und Zeit investiert, um individuelle Fragen und spezielle Probleme zu lösen. Dabei sind sie auf jeden Teilnehmer im Einzelnen eingegangen und konnten ihm mit Rat und Tat zur Seite stehen.

Hoffentlich folgen noch viele weitere solcher Workshops!

Manuela Thelen, Bonn ■



Demonstration der Holobench | Foto: Manuela Thelen



Demonstration einer mobilen Stereoprojektionsanlage durch Peter Weinert (links) | Foto: Manuela Thelen

## Naming Nature: The Clash between Instinct and Science

Buchbesprechung

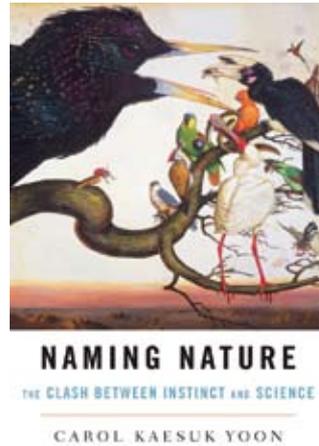
Carol Kaesuk Yoon, Wissenschaftsjournalistin der New York Times, gelernte Biologin und mit Ph.D. in Ökologie und Evolutionsbiologie, hat ein Buch über Taxonomie geschrieben. Dies behauptet zumindest der Klappentext, und in der Tat ist dieses Buch gleichermaßen eine Reise durch die Geschichte der biologischen Systematik, die persönliche Geschichte Yoons über ihre eigene Entdeckung dieser Wissenschaft als auch ein engagiertes Plädoyer für die Bedeutung der biologischen Systematik als integraler Teil des menschlichen Seins. Dass Yoon Taxonomie und biologische Systematik nicht immer exakt voneinander unterscheidet, ist von geringer Bedeutung. Wie selten ein populärwissenschaftliches Buch thematisiert *Naming Nature* die eigentliche Taxonomie anschaulich, unterhaltsam und bunt.

Yoon allerdings möchte kein Lehrbuch der Taxonomie oder der Geschichte der Biosystematik schreiben. Yoon hat dem Leser etwas mitzuteilen, und die Struktur des Buches ist angelegt als ein durchgehendes, wenn auch mäandrierendes Argument für einen Konflikt (einen *clash*) zwischen Instinkt und Wissenschaft, wie der Untertitel sagt. Yoons Punkt ist folgender: Alle Arten haben angeborene, ihnen spezifische Fähigkeiten und Limitierungen, die Welt um sie herum zu perzipieren. Für dieses artspezifische, sensorische Bild der Umgebung verwendet Yoon den Begriff der „Umwelt“ in einer Bedeutung, die auf den Biologen und Philosophen Jakob von Uexküll (1864-1944) zurückgeht. Dass Yoon versäumt, die Quelle dieser „Umwelt“-Definition explizit zu nennen, ist sicherlich ein Defizit, das dem

deutschen Leser wegen der bei uns heutzutage weit-aus allgemeineren Verwendung des Begriffs besonders auffallen dürfte.

Es ist nach Yoon also die „Umwelt“, also das Set aus sinnlichen Wahrnehmungen und zentralnervöser Verarbeitung, die der Grund für die interkulturell gleiche oder doch ihrem Wesen nach ähnliche Wahrnehmung der uns umgebenden Natur ist. Die menschliche „Umwelt“ – so Yoon – macht uns empfänglich für Muster, Gruppierungen und Hierarchien, und dies ist der Grund, warum alle Menschen jeglicher kultureller Herkunft und jeden Alters eine ihnen innewohnende Fähigkeit, ja Neigung besitzen, zu klassifizieren. Als sprachlich kommunizierendes Wesen verbindet der Mensch diese „Umwelt“-bedingte Fähigkeit der Klassifikation mit der Benennung der klassifizierten Elemente. Yoons Schlussfolgerung ist, dass es eine angeborene Fähigkeit und Neigung des Menschen gibt, Taxonomie zu betreiben.

Nun kommt aber die Wissenschaft ins Spiel. Yoon stellt mehr anekdotisch als erschöpfend vor, wie die Suche nach der natürlichen Ordnung ihren professionellen Anfang nahm. Kapitel 2 bis 4, zusammengefasst unter der Überschrift „*The Search for the Natural Order begins*“,



stellen unterhaltend und spannend drei wesentliche Etappen in der Entwicklung der modernen Biosystematik vor. Kapitel 2 hat Carl von Linné zum Gegenstand, Kapitel 3 Charles Darwin und Kapitel 4 schließlich Ernst Mayr. Yoon spart dabei nicht mit persönlichen Bewertungen und sarkastischen Sticheleien, insbesondere auch gegen Ernst Mayr („*He had a job to do ... and that was to right the wrongheaded ... And it was true whenever you might meet him ... : Ernst was right and he would never, ever tire of making sure you knew it*“). Allein schon die Verknüpfung von Linné, Darwin und Mayr in einem übergeordneten Kapitel ist bemerkenswert, denn dies hat nicht nur chronologische Gründe. Stattdessen sieht Yoon in diesen Dreien Hauptvertreter „prä-phylogenetischer“ und damit historischer Auffassungen in der Biosystematik. Im nächsten übergeordneten Kapitel (*A vision illuminated*) setzt sich Yoon kenntnisreich und unter Zuhilfenahme unterhaltsamer Anekdoten mit den kognitiven und sensorischen Grundbedingungen des Menschen, eben Yoons bzw. von Uexkülls „Umwelt“, auseinander, um erneut ausführlich darzulegen, dass Klassifikation und Taxonomie inhärente Fähigkeiten des Menschen sind.

Spannend sind die geschichtlichen Darstellungen der Entwicklung der numerischen Taxonomie und der frühen molekularen Systematik in den Kapiteln 8 und 9. In Kapitel 10 schließlich, nach mehr als 230 unterhaltsamen Seiten, kommt die phylogenetische Systematik ins Spiel. Diese Methode und Theorie spielt für Yoons Argumentation eine entscheidende Rolle, und sie lässt keinen

Zweifel daran, dass die phylogenetische Systematik die Methode der Wahl auf der Suche nach der „historischen Wahrheit“ ist. Die Aussagen der Kladisten (im Sinne von phylogenetischen Systematikern) seien *the stark, naked truth*, was befremdet.

Dieses Kapitel nun heißt „*The Death of the Fish*“, und bereits in Kapitel 1 („*The strange Case of the Fish that wasn't*“) macht Yoon deutlich, dass es mit der Entwicklung der phylogenetischen Systematik zum Clash von Instinkt und Wissenschaft kam. Sie verwendet dabei das Motiv der paraphyletischen Fische, die, folgt man konsequent der phylogenetischen Systematik, nicht existieren. Die sehr weitreichend klingende Behauptung der Nicht-Existenz von Fischen steht nach Yoon in einem gravierenden Widerspruch zur intuitiven, „Umwelt“-bedingten Feststellung, dass die Forelle auf meinem Teller eben doch fraglos existiert. Die Paraphylie der Fische, Reptilien und Dinosaurier und ihre Implikation für Klassifikationen und scheinbare „Lösungen“ der paraphyletischen Situation sind eben der Nährboden für dieses und andere Bonmots, wie sie in der phylogenetischen Systematik gerne verwendet werden. Natürlich findet bei der Verwendung des Existenz-Begriffs eine Kategorienvermischung statt, was auch Yoon bewusst ist. Als Aufhänger für ihre zentrale These („*The clash between instinct and science*“) eignet sich „Der Tod der Fische“ trotzdem hervorragend. Yoons Buch ist damit eine unterhaltsame kurze Geschichte der biologischen Systematik, umrahmt von Yoons persönlicher und durchaus glaubwürdiger Interpretation der „*serious perversion of Umwelt*“ als ein wichtiger Grund für die

sinkende gesellschaftliche Akzeptanz der Taxonomie. Im Umkehrschluss plädiert Yoon dafür, gesellschaftliche Strukturen zu schaffen, im Umgang mit der Natur stärker dem *instinct* zu vertrauen, als der „Umwelt“-bedingten Fähigkeit und Neigung des Menschen zur Klassifikation und zur Benennung von Naturobjekten. Dieses Potenzial zu einer „taxonomischen“ Wahrnehmung der Umwelt steckt, da angeboren, in jedem Menschen, und es ist der dauernde Kampf gegen unsere ureigene „Umwelt“, der zur Entfremdung von der Natur führt.

Trotz des hohen Unterhaltungswertes des Buches kann ich mich des Eindrucks nicht verwehren, dass Yoon nach dem Mark Twain'schen Prinzip „auf nichts ist man so stolz, wie auf das jüngst gelernte“ sich allzu stark in ihre eigene Theorie verliebt. Als Bonmot mögen die nicht-existierenden Fische geeignet sein, zu mehr aber kaum. Und doch tauchen sie durch das Buch hindurch an verschiedenen Stellen wieder auf, ebenso wie der nach Yoons Meinung immerwährende Kampf gegen die menschliche „Umwelt“. Es scheint mir zweifelhaft, dass die Vielschichtigkeit des Problems damit erschöpfend behandelt wurde. Zudem gelingt es mir nicht an allen Stellen, Yoons Argumentation wirklich zu folgen. So sieht sie in der ansehnlichen Zahl von einer halben Million verkaufter Naturführer (*field guides*) pro Jahr in den USA ein Zeichen für die zunehmende Entfremdung der Menschen von der Natur. Der Grund sei, so Yoon, dass wir uns offenbar nicht mehr auf unsere sinnliche Wahrnehmung der Natur um uns verlassen, sondern die Wissenschaft

in Form der Naturführer heranziehen, um uns erzählen zu lassen, was wir wirklich in der Natur gesehen haben. Das scheint mir doch eine etwas umständliche Sicht, könnten doch hohe Verkaufszahlen von Naturführern auch für ein breites Interesse an der Natur sprechen.

Es macht Spaß, Yoons *Naming Nature* zu lesen, und besonders Leser, denen die Grundprinzipien der biologischen Systematik nicht ganz fremd sind, dürften das Buch mit Gewinn und oftmals Vergnügen lesen. Es ist zudem noch ein schönes Buch, dessen Schutzumschlag in der Hardcover-Version Walton Fords imposantes Gemälde *The Starling* ziert.

Michael Ohl, Berlin ■

Carol Kaesuk Yoon. 2009. *Naming Nature: The Clash between Instinct and Science*. W. W. Norton, New York. 352 pp. ISBN 978-0-393-061197 (Hardcover). 2010, ISBN 978-0-393-33871-3 (Paperback).

## Spezielle Zoologie

Buchbesprechung

Als 1996 die 1. Auflage der *Speziellen Zoologie - Einzeller und Wirbellose Tiere* erschien, waren auf der Vorderseite des Buches zwei sessile Tiere abgebildet, die zu dem 1995 entdeckten Taxon *Cycliophora* gehören. In der aktuellen Auflage aus dem Jahr 2006 klettert *Tyrannoplasma gladiator* des erstmals 2002 beschriebenen Taxons über das Cover. Und damit tragen die insgesamt 34 Autoren auch den vielen neuen morphologischen und molekularen Erkenntnissen, die in den seither vergangenen zehn Jahren in der Zoologie gewonnen wurden, deutlich Rechnung. Bereits in der ersten Ausgabe wurden bei den Einzellern vielen noch vertraute Gruppierungen über Bord geworfen bzw. umgruppiert und jetzt nochmals weitgehend neu gestaltet. Und wie sieht es mit den Mesozoa *incertae sedis*, den Vielzeller unbekannter Zuordnung, aus? Nun, die Myxozoa, Xenoturbellida und Chaetognatha werden auf den letzten Seiten des Buches vorgestellt, und wir dürfen gespannt sein, wann sie ihre Position wieder verlassen. Von den Einzellern und Wirbellosen Tieren zu den Wirbel- oder Schädeltieren hat es Millionen von Jahren gedauert. Von der Ankündigung bis zum Erscheinen des zweiten Bandes *Spezielle Zoologie - Wirbel- und Schädeltiere* 2003 ging es dann doch etwas schneller. Das Warten hatte sich damals und jetzt gelohnt. Die aktuelle 2. Auflage ist seit wenigen Monaten erhältlich. Wesentliche Veränderungen bezogen auf die Systematik und die Taxonomie gibt es nicht. Um so erfreulicher ist es, dass die



40 Autoren eine überarbeitete Auflage präsentieren, bei der einige Inhalte neu zusammengestellt wurden und zusätzliche Abbildungen einen Platz gefunden haben.

Beide Bände der *Speziellen Zoologie* haben sich in den letzten Jahren zu Klassikern in der Zoologie entwickelt, die an den Universitäten, Forschungseinrichtungen und Museen nicht mehr wegzudenken sind. Hier finden Studierende und Dozenten den Überblick und gleichzeitig wichtige Details.

Ralph Schill, Tübingen ■

W. Westheide und R. Rieger: *Spezielle Zoologie*.

Teil 1: Einzeller und Wirbellose Tiere.

Spektrum, 2006. 922 Seiten, 89,50 EUR.

Teil 2: Wirbel- und Schädeltiere.

Spektrum, 2010. 714 Seiten, 89,95 EUR.

# GfBS Mitgliederversammlung

während der Jahrestagung in Berlin

Ort: Seminaris CampusHotel, Science & Conference Center  
Takustraße 39, 14195 Berlin

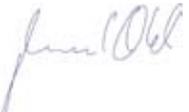
Für den genauen Raum bitte die Aushänge bzw. das definitive Tagungsprogramm beachten!

Zeit: Mittwoch, 23. Februar 2011. 18:15-19:30

Tagesordnung:

1. Feststellung der Tagesordnung
2. Bericht der Präsidentin und Aussprache
3. Berichte der Schatzmeisterin und der Rechnungsprüfer sowie Aussprache
4. Entlastung des Vorstandes
5. Wahl des Vorstandes
  - a. Präsident/in
  - b. 2 Vizepräsident/inn/en
  - c. Geschäftsführer/in
  - d. Schatzmeister/in
  - e. Schriftleiter/in
  - f. Beisitzer/innen (Junge Systematiker, Kuratoren, Zoologie, Botanik, Paläontologie, Protistologie/Mikrobiologie/Mykologie, etc.)
6. Wahl des Rechnungsprüfers
7. Beschluss über Tagungstermin und Tagungsort für die nächste Jahrestagung
8. Verschiedenes

Mit freundlichen Grüßen, Ihr



Michael Ohl  
Geschäftsführer der GfBS



**bio**  
**sys**  
**te**  
**atics**

Berlin 2011,  
21-27 February



[www.biosyst-berlin-2011.de](http://www.biosyst-berlin-2011.de)

The Botanic Garden and Botanical Museum at the Freie Universität Berlin (BIGBM) and the Museum für Naturkunde, Leibniz Institute for Research on Evolution and Biodiversity at the Humboldt-Universität Berlin (MIB), are pleased to be the host institutions for the **International Congress of Systematic and Evolutionary Biology (ICSEB VI)**, **12<sup>th</sup> Annual Meeting of the Society of Biological Systematics (Gesellschaft für Biologische Systematik, GBS)**, and **20<sup>th</sup> International Symposium "Biodiversity and Evolutionary Biology" of the German Botanical Society (DBG)**.

The scope of this joint congress is to bring together evolutionary biologists and systematists working on plant, animal, and microscopical organisms to discuss and debate topics of common interest. The focus will be on innovative and forward-looking ideas, concepts, and methods in systematic and evolutionary biology. It will also provide a unique opportunity to highlight topics of biodiversity.

We hope to attract many researchers from different fields to this congress, and on behalf of the Organizing Committee we would be honoured to be your hosts for this professionally challenging week.

Looking forward to welcoming you in Berlin in February 2011.

**Thomas Borsch** (President of the ICSEB)  
**Regine Jahn** (President of the GBS)  
**Dirk Albach** (Speaker of the Section of Biodiversity and Evolutionary Biology of the DBG)

**Congress Venue**

The congress will be held at the "Seminaris Campus Hotel, Science & Conference Center", located at the campus of the Freie Universität in Berlin-Dahlem. It combines excellent and modern meeting equipment and vicinity to the Botanic Garden and the Botanical Museum as well as



the Ethnological Museum. The venue is easily accessible by public transport from the airport and the city center's railway station.

**Time Schedule and Deadlines**

**31 August 2010**  
Abstract submission and online registration opens

**1 October 2010**  
Deadline for application for student award

**31 October 2010**  
Deadline for submission of abstracts and early registration

**31 - 27 February 2011**  
Congress

**Registration**

Online registration opens on **31 August 2010**. Possible methods of payment are by bank transfer or credit card. Participants from European countries are kindly asked to transfer their fees by EU money transfer which does not infer any costs on any side.

	Until 31 October 10	After 31 October 10
Regular	390 €	430 €
Student	200 €	230 €

For student rate please submit a photocopy of your student card as proof for your eligibility.

The congress fee includes coffee breaks and lunch on every congress day, the conference binder with abstract volume, icebreaker in the dinosaur hall of the Museum für Naturkunde and a social evening in the greenhouses of the Botanic Garden with a promenade concert and a buffet dinner.





The photo of this marbled crab, *Liocarcinus marmoreus*, was taken by Hans Hillewaert onboard the RV Belgica at Westhinder Bank on March 10, 2005 | [www.coml.org](http://www.coml.org)  
| Photo: Hans Hillewaert (ILVO)

## FishBase feiert 20jähriges Bestehen

Interview

Die Datenbank „FishBase“ feiert ihr 20-jähriges Bestehen und hält Informationen, Fotos und Videos von über 31.000 Fischarten online für Interessierte bereit. Ralph Schill sprach mit dem „FishBase“-Gründer und Fischereibiologen Rainer Froese vom Kieler Leibniz-Institut für Meereswissenschaften (IFM-GEOMAR).

*Herzlichen Glückwunsch zum 20-jähriges Bestehen von „FishBase“. Können sie sich noch an den Weg von der Idee bis zur „Geburt“ erinnern?*

Ja, die Idee entstand 1985 in Kiel, wo ich mir mit Daniel Pauly ein Arbeitszimmer am damaligen Institut für Meereskunde teilte. Er hatte einen Karteikasten mit Wachstumsdaten von Fischen. Ich arbeitete an einem Expertensystem zur Bestimmung von Fischlarven. Er fragte mich, ob ich seine Daten nicht computerisieren könnte, zur Verteilung an Fischereimanager in Entwicklungsländern. Ich sagte Ja. Daniel lud mich dann zu seiner Arbeitsgruppe auf die Philippinen ein, wo ich einen ersten Projektantrag an die EU geschrieben habe. Der wurde bewilligt, und nach weiteren Konsultationen und Anträgen begann das FishBase Projekt dann im August 1990 in den Philippinen, mit mir als Leiter.

*Heute sind online-Datenbanken für jedermann Alltag, aber 1980 entwickelten Paul Allen and Bill Gates das erste Betriebssystem (DOS), 1982 wurde der Commodore 64 vorgestellt und bis zum Internet vergingen nochmals über zehn Jahre. Dachten sie da schon in den heutigen Dimensionen?*

Mein erster Computer war ein Apple II Nachbau mit einer CPM Karte.

Darauf liefen Programme wie WordStar und dBase. FishBase wurde zunächst in einer Datenbank (DataEase) unter DOS entwickelt. Es gab noch keine Netzwerke und Dateneingabe lief in Schichten. Es gab damals kein Internet und keine Email. Wir haben FishBase zunächst per Post auf 10 Disketten verschickt, später dann auf CD-ROM und ab 1998 waren wir voll suchbar im Internet. Nein, das Web habe ich nicht vorhergesehen, aber mit war sehr bald klar, dass dies ein Projekt für alle und für die Ewigkeit war.

*Inzwischen findet man über 31.000 Fischarten aus dem Salz-, Süß- und Brackwasser in „FishBase“. Mit welchen und wie vielen Arten haben sie angefangen?*

Die ersten Fische waren die hoch kommerziellen, wie Tilapia und peruanische Sardellen. Erst dachten wir, dass 2000 Arten genug wären, aber sehr bald wurde klar, dass wir nicht nur die kommerziellen Fische sondern all Arten erfassen mussten. Ende 1992 enthielt die erste Ausgabe von FishBase bereits 6000 Arten.

*Woher kommen all die Informationen und wer kontrolliert sie?*

FishBase ist ein wissenschaftliches Projekt und folgt den entsprechenden Standards. Jede Zahl kann zu einer Veröffentlichung rückverfolgt werden. Unsere Dateneingaber sind Spezialisten für verschiedene Sachgebiete.

Sie lesen die entsprechende Literatur, standardisieren die Information und geben sie in die entsprechenden FishBase Tabellen ein.

Server : [fishbase.org](http://fishbase.org) | [fishbase.us](http://fishbase.us) | [fishbase.de](http://fishbase.de) | [fishbase.fr](http://fishbase.fr) | [fishbase.se](http://fishbase.se) | [fishbase.tw](http://fishbase.tw) | [fishbase.cn](http://fishbase.cn) | [fishbase.ar](http://fishbase.ar)  
English | Español | Português (Br . Pt .) | Français | Deutsch | Italiano | Nederlands | 简体中文 | 繁體中文 | [More...](#)

 **FishBase** ( 31800 Arten, 281300 Namen, 49700 Bilder, 14500 Referenzen, 1780 Partner, 33Millionen Hits/Monat )  
ver. (07/2010)

Homepage | [FishBase Buch](#) | [Beste Photos](#) | [Tipps](#) | [Gibt es Buch](#) | [Download](#) | [Links](#) | [Fisch Forum](#) | [Fisch Quiz](#) | [FishMatcher](#) | [Ichthologie Kurs](#) | [LarvalBase](#) | [Team](#) | [Partner](#) | [Bestimmen](#) | [Services](#)



FishBase Consortium



*Welche Informationen können denn dort für eine Fischart abgerufen werden und sind diese auch für nicht-Wissenschaftlerinnen und -wissenschaftler verständlich?*  
Wir sammeln bevorzugt Fakten zur Taxonomie, Populationsdynamik, Fortpflanzung und Ernährung, aber auch zu anderen Gebieten wie Physiologie oder Genetik. Unsere Artenseiten werden nach Aufruf in Echtzeit aus den Daten in der Datenbank zusammengesetzt. So sind sie immer auf dem neuesten Stand. Wir bemühen uns, die Darstellung allgemeinverständlich zu halten.

*Wissen sie wer und wie häufig das Portal genutzt wird?*

Ja, die meisten unserer 500.000 Nutzer pro Monat sind Angler, Aquarianer, Taucher, und Studenten. Aber wir werden auch intensiv von Wissenschaftlern genutzt, das zeigen über 1000 Zitate in der Primärliteratur.

*In welchen Sprachen ist „FishBase“ verfügbar, damit es weltweit verstanden wird?*

FishBase wird in Englisch produziert, der Sprache der Wissenschaft. Aber wir haben fast 300.000 umgangssprachliche Fischnamen in über 200 Sprachen, und wir übersetzen die Suchseite und die

Artseiten so weit es geht in 20 andere Sprachen. Das schließt neben Deutsch, Französisch und Spanisch auch z.B. Chinesisch, Russisch, und Hindi ein.

*Welchen Beitrag kann „FishBase“ zum Erhalt und Schutz der Biodiversität leisten?*  
Nur was man kennt kann man beschützen. Nur wenn man weiß was man hat, kann man wissen was man verliert. FishBase hat Artenlisten für alle Länder und alle großen Ökosysteme der Welt. Oft sind wir sogar die einzige Quelle solcher Information.

*Bisher ist „FishBase“ das weltweit einzige Informationssystem dieser Art. Sollen den Fischen jetzt auch noch weitere Meerestiere folgen?*

Wir haben immer gedacht, dass andere Forschergruppen ähnliche Informationssysteme für andere Organismen entwickeln würden. Das ist leider nicht passiert. Wir haben jetzt daher angefangen, ein FishBase-ähnliches Informationssystem für andere Wassertiere zu entwickeln. Der Prototyp ist unter [www.sealifebase.org](http://www.sealifebase.org) zugänglich.

[www.fishbase.org](http://www.fishbase.org)  
Ralph Schill, Tübingen ■

## Termine

15. bis 18. März 2011

Das Gustav Stresemann Institut (GSI) veranstaltet in Kooperation mit der Deutschen Gesellschaft für Limnologie (DGL), Arbeitskreis Taxonomie, und Grontmij Nederland B.V., Amsterdam. 41. Bestimmungskurs Thema: „Oligochaeta der Binnengewässer und des Brackwassers“ in Bad Bevensen.

19. März 2011

Kolloquium der Österreichischen Entomologischen Gesellschaft am Institut für Zoologie der Universität Graz Universitätsplatz 2, A- 8010 Graz [www.biologiezentrum.at/oeg/](http://www.biologiezentrum.at/oeg/)

## GfBS – Ausblick

Liebe KollegInnen,

ich möchte Sie herzlich einladen, an der BioSystematics 2011 teilzunehmen, die die 12. GfBS-Jahrestagung und den International Congress on Systematic and Evolutionary Biology mit einschließt und dadurch die einmalige Möglichkeit bietet, mit einem stark erweiterten Kreis von TeilnehmerInnen diskutieren zu können. Wir werden vom 21.-27. Februar im neuen Konferenzzentrum Seminaris an der Freien Universität in Berlin-Dahlem tagen. Die fünf vollen Tage erzwingen leider einen relativ hohen Tagungsbeitrag, in dem allerdings Icebreaker im Museum für Naturkunde und Wandelkonzert mit Buffet im Botanischen Garten Berlin-Dahlem, Mittagessen sowie Pausenverpflegung im Tagungszentrum mit eingeschlossen sind. Wir haben spezielle und allgemeine Symposien sowie Workshops in die Tagung integriert, Vortragende mit interessanten, aktuellen und diskutierten Themen eingeladen und hoffen nun, dass Ihre aktive Teilnahme diese Tagung zu einem Erfolg macht. Für Junge Systematiker haben wir den regulären Tagungsbeitrag halbiert und es gibt einige Zuschüsse. Bitte konsultieren Sie die Tagungs-Website für weitere Informationen ([www.biosyst-berlin-2011.de](http://www.biosyst-berlin-2011.de)).



Wie Sie der Einladung zur Mitgliederversammlung entnehmen können, stehen diesmal wieder Vorstandswahlen an. Da es Zeit ist, die Zusammensetzung des Vorstands zu erneuern und insbesondere zu verjüngen, würden wir uns sehr über Ihre Kandidatur freuen. Bitte informieren Sie ein Vorstandsmitglied vorab über Ihr Interesse, damit wir Sie auf die Vorschlagsliste setzen können.

Mit biologisch-systematischen Grüßen,

Regine Jahn  
Präsidentin der GfBS

### **Spendenbescheinigung zum Heauskopieren: Bestätigung über die steuerliche Abzugsfähigkeit von Spenden**

Die Gesellschaft für Biologische Systematik e.V. dient laut Freistellungsbescheid des Finanzamts Dresden II, Steuernummer 202/140/15170K05a vom 01.02.2005, ausschließlich und unmittelbar steuerbegünstigten gemeinnützigen Zwecken im Sinne der §§ 51 ff. AO und gehört zu den in § 5 Abs. 1 Nr. 9 KStG bezeichneten Körperschaften, Personenvereinigungen und Vermögensmassen.

Mitgliedsbeiträge und Spenden sind deshalb steuerabzugsfähig. Wir bestätigen, dass wir den uns zugewendeten Betrag satzungsgemäß und nur zu gemeinnützigen Zwecken der Gesellschaft verwenden. Diese Bestätigung gilt als Spendenbescheinigung für den aufgewendeten Betrag, der durch einen Beleg der Bank nachzuweisen ist.

Dr. Monika Steinhof  
Schatzmeisterin der GfBS  
Bremen, 2. November 2010



Pohls Sea urchins found off Lizard Island | Photo: Gary Cranitch, Queensland Museum  
[www.coml.org](http://www.coml.org)