

GfBS news 31 ■ 2015

GfBS
newsletter |

www.gfbs-home.de

news



GfBS

Gesellschaft für
Biologische Systematik

Organismen Diversität Evolution



17th Annual Meeting
Gesellschaft für Biologische
Systematik (GfBS)

Taxa in Time and Space

21–24 February 2016

www.lmu.de/gfbs2016



staatliche
naturwissenschaftliche
sammlungen bayerns



Inhalt

Seite	
6	Artenschutz/Biosystematik
9	GfBS Jahrestagung 2015
16	Ehrennadel der GfBS
24	Defekte Algorithmen
30	EDIT Plattform
34	Barcode Conference 2015
40	Barcode-Gewässeranalyse
42	UN Dekade Projekt

Umschlagsfoto: Signalkrebs (*Pacifastacus leniusculus*) | Foto: Herbert Frei

Herausgeber

Gesellschaft für Biologische Systematik e.V.
Geschäftsführer Michael Raupach, Deutsches Zentrum für Marine Biodiversitätsforschung (DZMB), Forschungsinstitut Senckenberg, Senckenberg am Meer, Südstrand 44, 26382 Wilhelmshaven
www.gfbs-home.de

Schriftleiter & Redaktion

Ralph O. Schill, Universität Stuttgart, Biologisches Institut, Zoologie, Pfaffenwaldring 57, 70569 Stuttgart,
email: ralph.schill@bio.uni-stuttgart.de

Konzept

luzia schneider | lucoo creative company
email: luzia.schneider@lucoo.de

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.

ISSN 1867-6766 (Printausgabe)
ISSN 1867-6774 (Internetausgabe)

Liebe GfBS-Mitglieder,

am Sarg des Schweizer Schriftstellers Max Frisch hielt Peter Bichsel 1991 eine Rede und endete mit den Worten „Jetzt nur nicht die Wut verlieren“. Denn wer die Wut verliert, verliert auch das Interesse.

Nach dieser Devise gab es vor wenigen Wochen eine Pressemitteilung von Rainer Willmann als Professor für Morphologie, Systematik und Evolutionsbiologie an der Georg-August-Universität Göttingen und als Präsident der Deutschen Gesellschaft für allgemeine und angewandte Entomologie (DGaE). Er hat sich für eine Neuorientierung bei der Vergabe von Professorenstellen in der Biologie ausgesprochen und fordert die Universitäten auf, die biologischen Studiengänge zu erweitern und Biodiversitätsforschung bei der Personalplanung mehr als bisher zu berücksichtigen.



In der Vergangenheit gab es immer wieder Aktivitäten wie die taxonomie-initiative.de, die u.a. von der GfBS initiiert wurde. Am 10. Mai 2012 hat dann jedoch der Deutsche Bundestag den Antrag „Schutz der biologischen Vielfalt - Die Taxonomie in der Biologie stärken“, auf Empfehlung der befassten Ausschüsse abgelehnt.

Das Bundesprogramm zur Biologischen Vielfalt unterstützt seit Anfang 2011 die Umsetzung der Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt (NBS). „Gefördert werden Vorhaben, denen im Rahmen der Nationalen Strategie zur Biologischen Vielfalt eine gesamtstaatlich repräsentative Bedeutung zukommt“, doch eine Zukunftsperspektive für derzeitige und zukünftige Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler in diesem Bereich ist leider nicht in Sicht. Mal sehen was das Jahr 2016 mit sich bringt!

Ihr
Ralph Schill

Liebe GfBS-Mitglieder, eine großartige Tagung unserer Gesellschaft in Bonn liegt hinter uns und wir sehen mit Freude der Einladung von Gerhard Haszprunar und Gert Wörheide zur nächsten Tagung (21.-24. Februar 2016) nach München entgegen! In Bonn hatte das Team um Wolfgang Wägele, insbesondere Johannes Dambach, eine perfekt organisierte Tagung ausgerichtet, bei der die Teilnahme wirklich Spaß gemacht hat! Vielen Dank! Eine besondere Freude war es mir, Horst Kurt Schminke, unserem Gründungspräsidenten, für seine Verdienste um die systematische Zoologie im Allgemeinen und die GfBS im Besonderen die Ehrennadel unserer Gesellschaft verleihen zu dürfen. Bei der Bonner Tagung wurde wieder für eine exzellente Dissertation der Bernhard-Rensch-Preis unserer Gesellschaft verliehen. Dieses Mal ging der Preis an Dr. James Neenan für eine ganz ausgezeichnete paläontologische Arbeit, worüber ich mich besonders gefreut habe. Lesen Sie zu diesen Themen die entsprechenden Beiträge im vorliegenden Newsletter!

Bei der Tagung in München stehen Neuwahlen des Vorstands an. Bitte machen Sie sich alle Gedanken, ob Sie nicht durch die Mitwirkung im Vorstand zur Weiterentwicklung der GfBS beitragen möchten. Die GfBS ist „die“ Interessensvertretung für Systematiker und Taxonomen. Wie stark wir sind und ob wir noch stärker werden, hängt auch von Ihrem Engagement ab! Bei den Neuwahlen werden verschiedene bewährte Vorstandsmitglieder nicht mehr zur Verfügung stehen. Dies ist schon jetzt Anlass für mich, ihnen

allen ganz herzlich für ihre bisherige Tätigkeit zu danken – Birgit Gemeinholzer (Vizepräsidentin), André Koch (Beisitzer Zoologie) und Annette Klussmann-Kolb (Schatzmeisterin) werden ausscheiden.

Danke Euch – es hat Spaß gemacht, mit Euch zusammenzuarbeiten! Ein Nachfolger für das Schatzmeisteramt ist bereits gefunden, während wir noch nach KandidatInnen für die anderen Positionen suchen.

Am 15. Oktober hat nun der Deutsche Bundestag den „Gesetzesentwurf der Bundesregierung zur Umsetzung der Verpflichtungen nach dem Nagoya-Protokoll und zur Durchführung der Verordnung (EU) Nr. 511/2014“ durchgewunken. Wie ich bereits im Editorial der letzten GfBS-News angedeutet habe – dies wird für uns alle Konsequenzen haben, die in vollem Umfang sicher erst nach Anlaufen der Umsetzung abschätzbar sein werden. Fest steht, dass für uns alle der Abstimmungs- und Dokumentationsaufwand enorm steigen wird. Ob dem Schutz der Biodiversität damit gedient ist, steht allerdings auf einem ganz anderen Blatt.

Sehr nachdenklich hat mich gestimmt, als ich bei einem Workshop von einer indonesischen Delegation erfahren habe, dass die Implementierung des Nagoya-Protokolls dort zur Einführung einer „No Surprise Policy“ genutzt werden soll. Gemeint ist damit, dass vor Einreichung eines Manuskripts mit indonesischem Material nun behördlich geprüft werden soll, ob dort etwas Negatives über Palmölplantagen geschrieben steht – denn dann kann das so natürlich nicht erscheinen.



Uwe Fritz in KwaZulu-Natal an der Ostküste Südafrikas | Foto: privat

Dies gibt zu denken und unterstreicht, dass gut meinen manchmal nicht viel hilft. Hierzu fällt einem nicht mehr viel ein, höchstens die Umkehrung und freie Interpretation eines Satzes von Mephistopheles aus dem Faust: „Ich bin ein Teil von jener Kraft, die stets das Gute will und Böses schafft!“

Hoffen wir, dass der Geist des Nagoya-Protokolls anderswo besseren Nachhall findet!

In diesem Sinne grüßt Sie,
Ihr Uwe Fritz

Mehr Professuren für Artenschutz und Biosystematik

Ausbildungs- und Forschungsdefizite gefährden die für Naturschutzmaßnahmen erforderliche Datendichte

Der vor einigen Monaten erschienene Artenschutzreport 2015 des Bundesamtes für Naturschutz beginnt mit dem Satz: „Der Zustand der Artenvielfalt in Deutschland ist alarmierend.“ Damit fordert er zum Reagieren heraus, nicht zuletzt an den Schulen und Hochschulen. Von den rund 71 500 Tier- und Pflanzenarten in Deutschland (davon etwa 48 000 Tierarten) steht ein Drittel auf der Roten Liste; 5 % gelten als ausgestorben. Jede dritte in Deutschland brütende Vogelart ist seit dem Jahre 2000 in ihrem Bestand zurückgegangen. Bei einigen Dipteregruppen hat man bei 60 % der Taxa eine Bestandsgefährdung oder das Erlöschen konstatiert. Fast 92 % der Ameisenarten sind rückläufig, was vornehmlich auf die Intensivierung der Landwirtschaft zurückzuführen ist – doch soll hier nicht im Einzelnen wiederholt werden, was im Report zu lesen ist und zum Teil in den Medien hinreichend referiert wurde. Beim Schutz einzelner Arten sind zwar durchaus „sichtbare Erfolge“ zu verzeichnen, aber das seit langem verfolgte Ziel, den Verlust der biologischen Vielfalt in Deutschland aufzuhalten, ist bislang verfehlt worden; „es besteht daher dringender Handlungsbedarf“, so der Report. Er ist der erste deutsche Bericht in dieser Form überhaupt.

Gemessen an den vielen vom deutschen Staat mitgetragenen internationalen und nationalen gesetzlichen Verpflichtungen und Richtlinien ist bei den Bemühungen um einen Stopp des Artenschwundes Versagen auf breiter Linie festzustellen. Zu glauben, dabei handele es sich allein um einen Fehler der Politik, greift zu kurz, denn die Schwerpunkte politischen

Handelns werden nicht von den Politikern intern entwickelt, sondern hängen auch von äußeren Einflussnahmen ab. Wenn beispielsweise durch die Universitäten intensiver darauf aufmerksam gemacht worden wäre, dass unser Arteninventar als Garant für eng geknüpfte ökologische Netze schwindet, dann wäre der Bericht als Folge anderer politischer Nuancierungen möglicherweise positiver ausgefallen.

Dass sich von Seiten der Universitäten nicht in ausreichendem Maße Stimmen, die die biopolitische Entscheidungsfindung zum Artenschutz beeinflussen hätten, erhoben haben, lässt sich unschwer begründen. Eigentlich wäre dort wie auch an den Forschungsmuseen die Kompetenz zu dieser Thematik zu vermuten. Aber in den letzten Jahrzehnten wurden an vielen Universitäten wichtige Elemente der dafür notwendigen Grundlagenforschung und Grundausbildung an den Rand gedrängt: Systematik, Artenkenntnis, die Einführung in die Lebensbedingungen ausgewählter Tier- und Pflanzengruppen, der Zusammenhang zwischen Struktur und Funktion als Spiegel der Anpassungen der verschiedenen Arten. Dieses Manko greift der Artenschutzreport mit einigen seiner Kritiken auf. Bei dem Befund des Zustandes der Artenvielfalt in Deutschland mache sich immer mehr bemerkbar, dass „die Kontinuität taxonomischer Forschung an den Universitäten nicht mehr gewährleistet“ ist, und dass es, worauf in dem Report ebenfalls ausdrücklich hingewiesen wird, „für viele Artengruppen kaum noch Spezialisten gibt, die sie (er)kennen und erforschen.“

Resultat: die Dichte von Daten nimmt ab. Konsequenz wird gefordert, „Naturerfahrung und Artenkenntnisse im Biologieunterricht verstärkt zu verankern“ und „die Förderung und Einrichtung von Arbeitsgruppen für Ökologie und Naturschutz an Hochschulen und Naturkundemuseen zu unterstützen.“ Das deckt sich mit zentralen Aussagen der viel beachteten Stellungnahme der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina zur Taxonomie vom vergangenen Jahr.

An den Naturkundemuseen ist ein grundlegendes Umdenken erfolgt, indem man das Sammeln sowie das systematische Bearbeiten und das Bewahren der Kollektionen durch eine umfassende Verantwortung für die biologische Vielfalt ergänzt hat. Aber Museen sind keine universitären Lehrinstitutionen. Ein empfindliches Defizit bei der Vermittlung von Wissen um die Artenvielfalt – und darauf kommt es für den folgenden Kontext an – besteht an Schulen (dank vielerlei Umorientierungen des Biologieunterrichts) ebenso wie an Hochschulen und deren biologischen Fakultäten. Hier leidet die so wichtige dauerhafte Etablierung der entsprechenden Grundlagenforschung auf dem Sektor Artenvielfalt in der Auseinandersetzung um Stellen und Mittel. Die Erforschung der Biodiversität erscheint als verhandelbar, aber das ist sie nicht: In allen Sparten der Wissenschaften wird auf Grundlagen aufgebaut und nicht auf Zinnen – und die Kenntnis der Artenvielfalt ist das Fundament für das Verständnis des Lebens auf der Erde überhaupt. Hinter der geschilderten Entwicklung steht oft mangel-



Die Hornisse wurde lange vehement verfolgt, bis sie unter strengen Schutz gestellt wurde. Mittlerweile findet sie sich nicht mehr als bedrohte Art auf den Roten Listen | Foto: Rainer Willmann

der politischer und hochschulpolitischer Wille, aber dies nicht unbedingt aus einem kalkulierenden Willen heraus, sondern oft schlicht aus fehlender Kenntnis um die Brisanz der Thematik. Die Universitäten passen die Bildung und Ausbildung der Studierenden nicht vorrangig an einen allgemeinen Bedarf an, mag dieser gesellschaftlich noch so dringlich oder gar zwingend sein. Vielmehr – so die Stellungnahme der Leopoldina 2014 – wird Taxonomie „aufgrund des hohen Grades der Spezialisierung in der Biologie und der zunehmenden Profilbildung der Universitäten“ vielerorts nur oberflächlich vermittelt. Tatsächlich erfordern die vielfältigen Möglichkeiten und Techniken von Taxonomie und Systematik mit ihrem mittlerweile hoch modernen Rüstzeug Lehrveranstaltungen, wie sie nur an den Hochschulen geleistet werden können. Damit zu koppeln wäre die vermehrte Rückkehr der entsprechenden Forschungsrichtungen auch an die Universitäten. Schon vor Jahren wurde auf eine Bonner Initiative hin die Einrichtung einer Taxonomie-Professur ins Gespräch gebracht. Verschiedene potenzielle

Träger erkannten deren Bedeutung voller Respekt an, aber zugleich bemühten sie sich, die Verantwortlichkeit (und die nötigen Finanzmittel) nicht bei sich selbst zu finden.

Bisweilen dürfte auch die folgende Überlegung bei der Einrichtung von Lehrstühlen eine Rolle spielen. Bei Berufungen wird regelmäßig nach der Einwerbung von Drittmitteln gefragt. Das erscheint beim Vergleich von Interessenten an einer Position legitim, aber bei Entscheidungen um die Einrichtung von Stellen erweckt das den Eindruck, als würde die Bedeutung eines Lehrstuhles aus dem potenziellen Drittmittelertrag abgeleitet. Und tatsächlich wird der Erfolg einer Universität gern an eingeworbenen Forschungsmitteln gemessen – man siehe den DFG-Förderatlas. Eine so basierte Hochschulpolitik kann die Förderung der für den Natur- und Artenschutz wichtigen Fachrichtungen hemmen, denn in der Tat: Forschung und Lehre in den Bereichen Biosystematik und Taxonomie sind drittmittelbescheiden. In anderen Worten: Initiativen zur Bewahrung der Artenvielfalt und zur Etablierung der dafür erforderlichen Grundlagen werden dem universitären Anspruch unterworfen, dass nicht die Sinnhaftigkeit von Vorhaben, sondern die Höhe von eingeworbenen Forschungsmitteln über unsere Zukunft bestimmt.

Neue Stellen für die „organismische“ Biologie

Was also ist zu tun? Manches deutet darauf hin, dass die von Sorge getragenen Signale um jene Sparten der Biologie, die den Gesamtorganismus und

seine Umwelt im Fokus haben, vielerorts zur Kenntnis genommen wurden, denn mittlerweile blühen hier und dort motivierende Studiengänge aus diesem Sektor auf. Dieser Trend ließe sich durchaus noch erheblich verstärken – und angesichts der klaren Worte im Artenschutzreport muss er dies auch. Verständnis für die Vielfalt des Lebens frühzeitig an den Schulen wecken, die Faszination Natur bei den Schülern verankern, und das auf anderer Ebene auch bei den Anfangssemestern von Studierenden biologischer Fächer – das mag sich trivial anhören, doch es wird oft kaum noch geleistet. Denn nach den Schulreformen als Folge der ersten Pisa-Studien reduzierte sich das Pensum an Biologie (die neue „Leitwissenschaft“ in den Augen manch eines Philosophen und Politikers!) für Gymnasiasten um rund 200 Stunden, und Biologie ist auch kein „Kernfach“ mehr.

Für den Zugang zur biologischen Vielfalt wieder bessere Voraussetzungen zu schaffen ist möglicherweise nicht so schwer: Die Schwerpunkte in den Lehrplänen sind entsprechend neu zu setzen, geeignete Professuren an den Hochschulen einzurichten, gegebenenfalls biologische Studiengänge entsprechend zu erweitern. Dazu dürfen durchaus auch Studiengänge – oder wenigstens Module – für Fortgeschrittene gehören, die ihren Schwerpunkt auf bestimmte Tiergruppen legen. Ichthyologie, Entomologie, Herpetologie – solche Ausrichtungen, die ein tiefes Verständnis für die jeweilige Gruppe wecken, gibt es an deutschen Hochschulen kaum noch und haben doch ihre Berechtigung. Denn sie vermitteln in der

Lehre unser Wissen zur Diversität, Evolution oder zu den ökologischen Vernetzungen des jeweiligen Taxons bis hin zu ihrer Bedeutung im Naturschutz – oder auch für den „Prozessschutz“, d.h. den Schutz ungestörter natürlicher Vorgänge, wie er immer mehr in den Vordergrund rückt. Eine der Kernforderungen im Artenschutzbericht ist „der Ausbau und die Ergänzung bestehender Artenschutzprogramme“. Da es sich dabei um eine Aufgabe für alle Zukunft handelt, gilt es, die dafür nötige Kompetenz in Form entsprechend ausgebildeter Biologen zu liefern. Gleichmaßen ohne absehbares Ende wird das ständig erforderliche Monitoring von biologisch wertvollen Flächen nach der Flora-Fauna-Habitat-(FFH-)Richtlinie sein. Wie ich aus eigener Erfahrung weiß, sind viele Universitätsleitungen durchaus aufgeschlossen, wenn man ihnen die Relevanz dieser Richtungen ans Herz legt. Und breite Einführungen in bestimmte, als ökologische Zeiger ausgemachte Organismengruppen in Verbindung mit Methoden der Biotoperfassung wären ein direkter Weg zu einer Ausbildung, wie sie im Natur- und Artenschutz relevant ist.



*Der Bestand des Großen Kolbenwasserkäfers, auf der Roten Liste Deutschland als „stark gefährdet“ eingestuft, geht seit Jahren kontinuierlich zurück. Zwei der (in diesem Fall indirekt wirkenden) Gründe: Wasserverschmutzung und landwirtschaftlicher Eintrag von Düngemitteln in die von ihm besiedelten Gewässer
| Foto: Sophia Willmann*

Entsprechende Module findet man in biologischen Studiengängen selten, ließen sich aber leicht etablieren. Derartige Entwicklungen müssen nicht zu Lasten anderer Sparten der Biologie gehen, denn zum einen besteht Berechtigung genug, die Biologie an Schulen und Universitäten zu erweitern, und zum anderen ist dank ständigen Stellenabbaus Freiraum im Personalbestand der Lehrenden gegeben.

Daten und Erkenntnisse für den Natur- und Artenschutz

Nun werden aber in der universitären Biologie Unmengen an Daten produziert, die für den Naturschutz gewinnbringend sein könnten, würden sie denn in der Praxis genutzt. Das aber wird nicht in hinreichendem Maße getan. Im äußersten Fall werden sogar Untersuchungen in dem Moment unbrauchbar, in dem ein Projekt seinen Abschluss findet, allein deshalb, weil Daten mit Arten in Zusammenhang stehen, die nicht richtig bestimmt wurden - oder sogar überhaupt nicht. Es gibt Fälle, in denen man wusste, dass in einer auf ihre Vernetzungen untersuchten Fauna bisher unbekannte Arten sind, doch deren Beschreibung blieb letztlich aus, weil der Stellenwert von Taxonomie und Systematik nicht hoch genug eingeschätzt wurde.

Aber oft werden wissenschaftliche Erkenntnisse aus einem anderen Grunde nicht genutzt: Vielfach wird von Außen der Ruf nach mehr Daten laut, obwohl in der Fachwelt der verheerende Weg vieler Entwicklungen hinreichend klar ist. Dabei kann es sich um eine Methode handeln, um seitens dessen, der mehr Daten

fordert, für andere Dinge politischer Relevanz Zeit und Ressourcen zu gewinnen. Auf derartige Rufe dürfen wir uns also nur wohl überlegt einlassen. Der Verlust der Artenvielfalt (und damit zwangsläufig die Bewahrung der ökologischen Vernetzungen) ist nicht nur eine Herausforderung der Biologie, sondern wegen ihrer Folgen zugleich eine sozial und humanitär bedeutsame Aufgabe. Jede Verzögerung bei der Umsetzung von Maßnahmen hat also unter Umständen gravierende Konsequenzen, die es den Entscheidungsträgern in der Politik nahezubringen gilt. Es gilt daher, die Verknüpfung zwischen den organismisch und ökologisch orientierten Zweigen der Biologie als Ratgeber einerseits und der Politik andererseits zu verstärken – zum einen, um den Datentransfer zu erweitern, zum anderen, um die Entscheidungsfreudigkeit zu Gunsten des Artenschutzes zu unterstützen.

Mit dieser Argumentation in Einklang steht auch der nächste Punkt: Aus der Biologie an unseren Hochschulen könnten mehr als bisher und direkt Initiativen wie jene des Göttinger Naturschutzes entwickelt werden, der es kürzlich erreicht hatte, in der Mongolei hunderte von Quadratkilometern fast unberührter Waldgebiete Schutzstatus zuzuweisen. Beispiele gibt es auch aus dem mitteleuropäischen Umfeld: Untersuchungen zu Ackerrand- und Blühstreifen belegen die enorme Bedeutung solcher Lebensräume in Agrarlandschaften – eines der vielen Fälle, in denen die (übrigens von der EU geförderte) Umsetzung in die Praxis durchaus „eine Erfolgsgeschichte“ wurde, so der Artenschutzreport. Um Einfluss auf die

Landschaftsplanung zu nehmen, reicht es oft aus, dass Spezialisten erkennen, wo welche Arten vorkommen. Nur, wie es im Report heißt: Für einen erfolgreichen Artenschutz ist „das Wissen um die in Deutschland vorkommenden Arten und um deren Gefährdung zu verbessern.“ Hier lässt sich lückenlos an die Stellungnahme der Leopoldina anknüpfen, wo die Beschreibung aller in Mitteleuropa vorkommenden Arten als wichtiges Projekt hervorgehoben wird. Und ist die Diversität an ausgewählten Standorten qualitativ erst einmal erfasst, dann „können Veränderungen der Biodiversität in Monitoringprogrammen schnell und verlässlich erkannt werden“. Und so schließt sich einer von vielen Kreisen: Dazu bedarf es entsprechend ausgebildeter Biologen, und für sie sind Stellen erforderlich, von denen aus die umrissenen Aufgaben gemeistert werden können.

Eine gute Biologieausbildung, angefangen an den Schulen, kann eine weitere Entwicklung stoppen helfen: den Rückgang ehrenamtlichen Engagements in Naturschutzbelangen. Viele Daten zum Artenschutzreport beruhen auf den Erfassungen ehrenamtlich Tätiger, doch der Strom an solchen Informationen droht abzunehmen, wie im Artenschutzreport betont wird.

Der Blick über die Grenzen als Chance

Von den Naturschutzverbänden wird regelmäßig darüber berichtet, in welchem Maße andernorts die Artenvielfalt beeinträchtigt oder zurückgedrängt wird. Das fängt an mit Hinweisen auf den Fang von Millionen von Singvögeln im Mittelmeerraum (allein in Ägypten gab es im

Jahre 2012 über eine Länge von 700 km Netze, in denen sich rund 100 Millionen Vögel verfangen haben dürften) und reicht bis zum ökologisch verheerenden Anbau von Soja für Tierfutter oder Ölpalmen zur Energiegewinnung. Sich darüber zu echauffieren, gehört zum guten Ton; weniger konkret aber wird dargelegt, wie viele Singvögel auf Grund der scheinbaren Ökonomisierung der Landwirtschaft in den letzten Jahren ihre Lebensgrundlage in Deutschland verloren haben. „Gefährdungsursachen aus dem Bereich der Landwirtschaft [sind] ... am bedeutsamsten“ bei der Verringerung unserer Artenvielfalt, so der Bericht. Und nebenbei werden in Deutschland täglich naturnahe Flächen von der Größe von 125 Fußballfeldern in Verkehrs- und Siedlungsflächen umgewandelt oder versiegelt. Wie bedrohlich die ökologische Katastrophe in anderen Ländern ist, ist im Prinzip auch dort in der Politik angekommen. Aber abgesehen von mangelndem Willen fehlt es in vielen Ländern an



Artenschutz macht nicht an Ländergrenzen halt: Der Waldkrähe wurde im 17. Jahrhundert in Mitteleuropa ausgerottet. Von seinen zwei mühsam eingerichteten Brutstandorten in Süddeutschland und Österreich aus zieht er nun alljährlich zum Überwintern in die Toskana, ist in Italien aber durch illegale Vogeljagd bedroht: Dort fielen ihr bisher rund 60 Individuen zum Opfer | Foto: Rainer Willmann

Biologen mit einer Ausbildung, wie sie im Artenschutzreport eingefordert wird. Nicht nur jeder Biologe weiß, in welchem Maße Entwicklungen in einer Region der Erde Einfluss auf den Zustand in einer anderen hat. Wie verzahnt nationale und internationale Veränderungen der Artenspektren sind, zeigt sich beispielsweise eindrucksvoll daran, dass bisher mindestens 13000 Pflanzenarten als invasive Arten außerhalb ihres heimischen Lebensraumes verbreitet sind. Die Bewahrung der Artenvielfalt ist also selbstverständlich keine nationale Herausforderung. Mit einer entsprechenden Kompetenz, an unseren Universitäten erworben, würden sich den Studierenden auch Berufsmöglichkeiten im Ausland bieten – oder besser: Möglichkeiten, einer Berufung nachzugehen. Immerhin wünscht sich ein hoher Prozentsatz der jüngeren Generation eine Tätigkeit mit „Natur und Umwelt“. Doch dazu bedarf es der beschleunigten Erweiterung vieler Biologischer Fakultäten um jene Sparte, die sich unter dem Namen „Biodiversitätsforschung“ mancherorts zu einem ihrer Leuchttürme entwickelt hat.

*Rainer Willmann, Göttingen
Präsident der Deutschen Gesellschaft für allgemeine und angewandte Entomologie (DGaEE)*

*Literatur: Bundesamt für Naturschutz (Hrsg.) 2015. Artenschutz-Report 2015. 63 S. Download unter www.bfn.de. – Deutsche Akademie der Wissenschaften Leopoldina (Hrsg.) 2014. Herausforderungen und Chancen der integrativen Taxonomie für Forschung und Gesellschaft. 54 S. Download unter www.leopoldina.org/de/taxonomie. – Datenbank „Global Naturalized Alien Flora (GloNAF)“. – Natus, A. (2013) Die größte Vogelfalle der Welt. *Naturschutz heute* 3 (2013): 44-45.*

16. Jahrestagung der GfBS in Bonn

Preise für Meeresechsen, schneckenfressende Schildkröten und neusortierte Käfer

Neben ihrem Themenschwerpunkt „Der Bedarf an taxonomischem Wissen: Für wen und in welcher Form?“ behandelte das jährliche Treffen der Gesellschaft für Biologische Systematik (GfBS) alle Disziplinen rund um Taxonomie und Systematik. Dazu waren die Forscherinnen und Forscher aus 19 verschiedenen Städten vom 18. bis 21. März 2015 im Bonner Museum Alexander Koenig zusammengekommen. Damit war die Forschungsstätte zum mittlerweile dritten Mal Ort einer GfBS-Jahrestagung. Die Teilnehmenden – die Mehrzahl unter ihnen Nachwuchskräfte – erwartete am ersten Abend ein Icebreaker in der „Afrikanischen Savanne“ im Lichthof des Museums.



GfBS Jahrestagung 2015 im Bonner Museum Alexander Koenig | Foto: Johannes Dambach

Systematik strahlt in viele wissenschaftliche Disziplinen aus

Das Organisationsteam um Professor Wolfgang Wägele und Dr. Johannes Dambach hatte fünf Hauptredner geladen, deren Forschungsthema zum diesjährigen Motto passte. Die fünf thematisierten die Verbindung von Ökologie und Systematik, DNA-Barcoding, Umweltüberwachung im Freiland und Naturschutzplanung sowie die Bestimmung von Arten und Unterarten für die Erstellung der Roten Listen:

- Wolfgang Weisser (TU München): Ecology and Systematics – how to form a new partnership
- Florian Leese (Ruhr Uni Bochum): Improvement of freshwater ecosystem assessment with DNA barcoding
- HaJo Mader (Wildnisstiftung Brandenburg): Monitoring in wilderness areas
- Maximilian Weigend (Nees Institut Bonn): Critical plant distribution data as a basis for mesoscale conservation planning - examples from the South American Andes
- Peter Zulka (Umweltbundesamt Wien): On subspecies, cryptic species and synonyms – taxonomic impediment in the national Red List assessment process

Rund drei Viertel der 55 Kurzvorträge und Poster präsentierten Ergebnisse zu Fragestellungen aus der Zoologie, was zur inhaltlichen Ausrichtung des Veranstaltungsortes passt.



Mehr als 70 Forscherinnen und Forscher kamen zur Jahrestagung der GfBS zusammen und stellten sich im Saal mit der Savanne Afrikas im Bonner Zoologischen Forschungsmuseum Alexander Koenig (ZFMK) zum Gruppenfoto | Foto: Hossein Rajaei

Das Bonner Museum ist auf Phylogenie, Artbildung und Biogeographie terrestrischer Wirbeltiere und Insekten spezialisiert. Die restlichen Vorträge und Poster thematisierten botanische, methodische und andere wissenschaftliche Forschungsergebnisse aus Systematik, Taxonomie und Evolution.

Ausgezeichnete Arbeiten über Meeres-echsen, Schildkröten, Käfer und einen neu entdeckten Wurm

Für seine Dissertation über die Evolution und Systematik von Pflasterzähnechsen (Placodontia), die im Erdzeitalter des Trias die Meere bevölkerten, erhielt James

M. Neenan den mit 1.500 Euro dotierten Bernhard-Rensch Preis der Gesellschaft. Sein Festvortrag enthielt viele wahre Hingucker, weil er seine Ergebnisse in eindrucksvollen 3D-Bildern und 3D-Animationen präsentierte.

Die drei besten Tagungsposter von Studierenden erhielten ebenfalls eine Auszeichnung: Das erstplatzierte von Flora Ihlow zeigte die Phylogeographie und Taxonomie schneckenfressender asiatischer Schildkröten, das zweitplatzierte von Mathias Seidel die nach der molekularen Analyse neu geordnete Phylogenie der Blatthornkäfer (Scarabaeidae) und



Prof. Dr. Horst-Kurt Schminke (Mitte) nahm die Ehrennadel der GfBS zusammen mit einer Urkunde aus den Händen des Präsidenten, Prof. Uwe Fritz (links), entgegen, der auch die Laudatio gehalten hatte. Prof. Wolfgang Wägele, Tagungspräsident der 16. Jahrestagung der GfBS, gratulierte | Foto: Hossein Rajaei

das drittplatzierte von Daria Krämer beschrieb eine neue Schnurwurmart aus dem Mittelmeer bei Italien (Nemertea: Hoploneurtea).

Hinter den Kulissen des Bonner Forschungsmuseums

In den Pausen konnten die Tagungsteilnehmer einen Blick hinter die Kulissen des Museums werfen, das heute rund fünf Millionen Exemplare in seinen wissenschaftlichen Sammlungen beherbergt. Dr. Katharina Schmidt-Loske führte durch das angeschlossene Biohistoricum mit seiner einzigartigen Sammlung von Büchern und Archivmaterial zur Geschichte der Biologie. Dazu gehören Nachlässe, Briefe, Portraits und Illustrationen namhafter Naturwissenschaftler und Künstler sowie eine umfangreiche

Bibliothek, deren wertvollste Bände im ehemaligen Arbeitszimmer von Alexander Koenig mit seinem besonderen Ambiente aufbewahrt werden, das schon Konrad Adenauer als erstem Bundeskanzler der BRD als Kanzlerbüro diente.

Junge Systematiker wählen neue Sprecherin

Während der Tagung trafen sich die beiden Arbeitsgemeinschaften der Gesellschaft. Die Jungen Systematiker (JuSys) wählten Caroline Ring vom Museum für Naturkunde Berlin zu ihrer neuen Sprecherin, wo sie derzeit das Projekt Fauna Europaea koordiniert. Die AG Kuratoren öffnete Ihr Treffen allen Interessierten und präsentierten drei Vorträge mit den Themen: „Preserving Tissues, Molecules, and other odd specimens – a practical



Zum Conference Dinner kamen die Teilnehmenden in einem Restaurant am Kaiserplatz zusammen, direkt in der Bonner Innenstadt | Foto: Hossein Rajaei

look at special collections“. Am letzten Abend der Tagung fand die Mitgliederversammlung der GfBS statt, in der Professor Horst-Kurt Schminke für seine Verdienste als Gründungspräsident die Ehrennadel der GfBS erhielt (siehe Laudatio in diesem Newsletter).

Zwar war die Besucherzahl in diesem Jahr geringer als in denjenigen Jahren, in denen die Tagung gemeinsam mit anderen Gesellschaften organisiert wurde. Aufgrund der familiären Atmosphäre bot sie jedoch Raum für intensive Diskussionen, viele Gelegenheiten zum Netzwerken und förderte den Austausch der Forschenden untereinander. So ist vermutlich auch zu erklären, wieso sich während der Tagung die Anmeldungen für die am Samstag – im Anschluss an die

beiden Vortragstage – stattfindenden Workshops teils mehr als verdoppelten. Diese ermöglichten jeweils eine ganztägige intensive Auseinandersetzung mit den noch jungen Methoden:

- Target DNA Enrichment – Methodology, Software, Practical Experience Report
- “MITOS“ Mitogenom - Annotation
- 3D-Rekonstruktion – High Quality 3D Reconstruction for Everyone: open-Source Solutions and their Workflow to analyse and publish MicroCT Data

*Dr. Esther Schwarz-Weig, Mistelgau,
und Dr. Johannes Dambach, Bonn*

Verleihung der Ehrennadel an Professor Dr. Horst Kurt Schminke

Im Rahmen der 16. Jahrestagung der GfBS in Bonn wurde unserem ehemaligen Präsidenten Horst Kurt Schminke die 2. Ehrennadel der GfBS für besondere Verdienste für die Gesellschaft verliehen. Dazu gehört sein Gesamtwerk, das sich auf herausragende Weise mit den Zielen der GfBS deckt. Die Laudatio wurde von einem der Unterzeichner (UF) gehalten, und es ist uns ein besonderes Anliegen, Horst Kurt Schminke auch in diesem Beitrag in unserem Newsletter zu würdigen. Sein wissenschaftliches Interesse gilt bis heute vor allem den Ruderfuß- und Brunnenkrebse (Copepoda und Bathynellacea), insbesondere deren phylogenetischer Systematik, ihrer Funktionsmorphologie, Evolution und Biogeographie.

Dieses Interesse prägte sich schon früh aus. Horst Kurt Schminke studierte in Kiel und Tübingen erwartungsgemäß Biologie, aber auch Romanistik und Slawistik, und promovierte nach einem Staatsexamen für das Höhere Lehramt über „Evolution, System und Verbreitungsgeschichte der Parabathynellidae (Bathynellacea, Malacostraca)“. Im Jahr 1979 habilitierte er sich in Kiel über „Die ‚Zoea-Theorie‘ der Entstehung der Bathynellacea (Crustacea, Syncarida)“ – eine bis heute nachwirkende Arbeit, bei der der quasi neotene Charakter der Brunnenkrebse erstmals verstanden wurde. Im selben Jahr noch nahm er den Ruf an die Carl von Ossietzky Universität Oldenburg an und wirkte dann als Professor für Zoologie mit Schwerpunkt Zoomorphologie. Von 1980-1982 war er zudem der erste Dekan im damaligen Fachbereich Biologie und von 1982-1984 Vizepräsident der Universität.

Die Biodiversität ist für Prof. Schminke eine Herzensangelegenheit. Als akademischer Lehrer versuchte er in seinen Vorlesungen die Komplexität von Ökosystemen zu vermitteln und er engagierte sich immer für deren Erhalt. Er lebte den Studierenden einen Wissenschaftler vor, der vor allem die Natur schützen und verstehen wollte. Stets biologisch, aber gleichzeitig auch immer mit einer persönlichen Note versehen. Wir zitieren aus einer studentischen Laudatio anlässlich seines 65. Geburtstages: „Dabei interessierten uns immer wieder Ihre eigenen Erfahrungen, die sie bei Forschungsaufenthalten in vielen Jahren und in vielen Ländern gesammelt haben. Diese Berichte beschränkten sich nicht auf ein Spezialgebiet. Ob es über Regenwälder, Korallenriffe oder Grundwasserfauna ging, es war stets faszinierend, was Sie uns erzählen konnten, geschmückt mit vielen kleinen Anekdoten zu den Tieren.“

Neben seiner Tätigkeit an der Universität hat sich Horst Kurt Schminke zahlreiche Verdienste in der Systematik allgemein und insbesondere im marinen Bereich erworben. Seine Publikationsliste zählt von 1968 bis 2014 nicht weniger als 135 Arbeiten, bei denen er beteiligt war. Horst Kurt Schminke war einer der ganz wenigen Universitätsprofessoren, die schon früh den Wert von Sammlungen und sammlungsgestützter taxonomisch-systematischer Forschung erkannt haben, wobei der Finger auf die Wunde der mangelhaften öffentlichen Förderung der Sammlungsarbeit gelegt hat. Besonders hervorheben möchten wir ein Thema mit großer Öffentlichkeitswirkung, das



„Fünf Generationen von GfBS-Präsidentinnen und Präsidenten“: Horst Kurt Schminke wird vom amtierenden Präsidenten Uwe Fritz im Rahmen einer Feierstunde bei der GfBS-Jahrestagung in Bonn die Ehrennadel der Gesellschaft verliehen. Regine Jahn, Wolfgang Wägele und Gerhard Haszprunar gratulieren herzlich! | Foto Hossein Rajaei

Horst Kurt Schminke 1995 und 1996 aufgriff - die „Agenda Systematik 2000“, wozu von ihm zusammen mit Dieter Stefan Peters 2000 ein wunderbares Heft erschienen ist, das nichts an Aktualität eingebüßt hat: „Agenda Systematik 2000: Erschließung der Biosphäre; eine weltumspannende Initiative zur Entdeckung, Beschreibung und Klassifizierung aller Arten der Erde“. Leider ging die damalige Idee, die DFG stärker in die Biodiversitätsforschung einzubinden, nicht auf – heute würden hier die Zeichen der Zeit sicher günstiger stehen!

Zu den universitären Tätigkeiten von Horst Kurt Schminke gehören mit großer Strahlkraft auch die Osnabrücker/Olden-

burger Sommerakademien für Systematische Zoologie, die von 1989-2006, dem Jahr seiner Emeritierung, stattfanden. In enger Kooperation mit Wilfried Westheide wurden in dieser Veranstaltungsreihe mehrmals im Jahr einwöchige Intensivpraktika zu taxonomisch-ökologischen Themen und Arbeitsmethoden abgehalten, zu denen die jeweils besten Spezialisten für eine bestimmte Tiergruppe als Lehrende verpflichtet wurden.

Professor Schminke wirkte und wirkt bis zum heutigen Tag in zahlreichen Gremien und Gesellschaften mit. Wir möchten hier besonders auf die 10 Jahre Mitarbeit im Arbeitskreis des Ministerpräsidenten zur Förderung der wissenschaftlichen

Forschung in Niedersachsen hinweisen, dessen stellvertretender Vorsitzender er zuletzt war. Bis heute ist Horst Kurt Schminke im Wissenschaftlichen Beirat der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung tätig. 1990 war er zusammen mit Wilfried Westheide eines der Gründungsmitglieder der Studiengruppe „Zoologische Systematik“ der Deutschen Zoologischen Gesellschaft (DZG) und nicht zuletzt möchten wir besonders betonen: Professor Schminke war von 1997-2000 Gründungspräsident unserer Gesellschaft für Biologische Systematik und gab in dieser Funktion entscheidende Impulse zur Gründung unserer international mittlerweile hoch angesehenen Zeitschrift „Organisms, Diversity & Evolution“. Von 2002-2005 war er ferner Präsident der World Association of Copepodologists (WAC), einer weiteren Gesellschaft, an deren Gründung er entscheidend beteiligt war.

Eine weitere Erfolgsgeschichte, an der Horst Kurt Schminke mitgeschrieben hat, ist die Gründung des bei Senckenberg angesiedelten Deutschen Zentrums für marine Biodiversitätsforschung (DZMB). Als 1998 die Taxonomische Arbeitsgruppe von der Biologischen Anstalt Helgoland zu Senckenberg wechselte, erkannte er darin die einmalige Chance zur Gründung eines „Deutschen Zentrums für marine Biodiversitätsforschung“, das dann durch seine Initiative und die enge Zusammenarbeit insbesondere mit dem leider jüngst verstorbenen Michael Türkay in die Realität umgesetzt werden konnte. Es war bestimmt eine besondere Sternstunde für Horst Kurt Schminke,

als das DZMB dann im Jahr 2000 aus der Taufe gehoben wurde und nach langen Verhandlungen, an denen er in zielführender Weise beteiligt war, in die Bundesländer-Förderung aufgenommen werden konnte. Heute wirkt Senckenberg am Meer mit den beiden Abteilungen DZMB und Meeresforschung zusammen mit dem Alfred-Wegener-Institut (AWI) am Studienschwerpunkt „Marine Biodiversitätsforschung“ der Universität Oldenburg mit.

Aus dem Gesagten ist klar, dass Professor Schminke ein würdiger Träger der Ehrennadel der GfBS ist, dem wir hiermit nochmals herzlichst gratulieren!

*Uwe Fritz, Dresden
& Thomas Glatzel, Oldenburg*

Bernhard-Rensch Preisverleihung

Ein großer Teil des früheren Lebens der Erde ist bereits ausgestorben und nur noch ein kleiner Teil bevölkert heute unseren Planeten. Manche dieser ausgestorbenen fossilen Gruppen zeigen Merkmalskombinationen und ökologische Anpassungen ähnlich zu den heute lebenden Arten, was Paläontologen wiederum eine Rekonstruktion der früheren Lebewelt ermöglicht. In einer Zeit kurz nach dem größten Massenaussterbeereignis der Erdgeschichte an der Perm-Trias Grenze bevölkerte eine Gruppe von Reptilien, die sogenannten Placodontia, die triassischen Ozeane vor 200 bis 240 mio Jahren. Manche von ihnen waren ungepanzert, andere jedoch hatten einen Rückenpanzer, einen sogenannten Carapax, ähnlich dem der heutigen Schildkröten. Das bedeutendste Merkmal der Placodontia ist jedoch ihre ungewöhnliche Bezaehlung, die sich aus einer Anzahl von großen Knackplatten zusammensetzte um vor allem hartschalige Beute, wie Muscheln, zu knacken. Und eben diese Gruppe stand im Fokus der Dissertation von Dr. James Neenan an der Universität Zürich. Geboren in Großbritannien, absolvierte James seine Bachelor Arbeit am University College London. Für seine Master Arbeit zog er nach Bristol und fokussierte sich auf den Fressmechanismus des frühen Tetrapoden *Acanthostega* unter der Betreuung von Dr. Emily Rayfield und Dr. Jennifer Clack. Im Jahre 2010 begann er mit seiner Dissertation an der Universität Zürich unter der Betreuung von Dr. Torsten Scheyer. In seiner Dissertation führte James eine vergleichende Arbeit der inneren und äußeren Schädelanatomie der Placodontia durch und fokussierte sich auf einen phylogenetischen und funktionellen Ansatz.



Dr. James M. Neenan von der Universität Zürich (Mitte) erhielt die Urkunde zur Verleihung des Bernhard-Rensch Preises | Foto: Peter Giere

Durch die Nutzung nicht-invasiver Computertomographie und osteologischen Untersuchungen konnte James den ersten Hirnschädel sowie das Gleichgewichtsorgan, das sogenannte Innenohr, virtuell rekonstruieren und analysieren. Desweiteren, konnte er zeigen, dass diese Reptilien einen ungewöhnlichen Zahnwechsel hatten, der so bei heute lebenden aber auch fossilen Gruppen nicht zu finden ist. Durch die Anwendung dieser nicht-invasiven Darstellungsmethode, sowie die Untersuchung neuer Fossilien und die vergleichende Arbeit mit Museumsmaterial weltweit, brachte James Neenan neue Informationen der Placodontia ans Licht, die für weitere Untersuchungen essentiell sind. Für diese herausragende Leistung wurde ihm bei der diesjährigen Jahrestagung der Bernhard-Rensch Preis verliehen.

Nach einem kurzen Postdoc-Aufenthalt in Australien arbeitet James nun in einem weiteren Postdoc-Projekt in Oxford mit Dr. Roger Benson zusammen, in dem er, mit den Placodontia nahe verwandte, marine Reptilien des Erdmittelalters bearbeitet.

In memoriam Professor Dr. Michael Türkay

Am 9. September 2015 verstarb in Frankfurt a. M. im Alter von nur 67 Jahren Professor Dr. Michael Türkay, langjähriger Leiter der Abteilung Marine Zoologie und der Sektion Crustaceen sowie der Senckenberg-Schule und Stellvertreter des Direktors und des Generaldirektors und Mitglied im Direktorium der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung.

Michael Türkay wurde am 3. April 1948 in Frankfurt a. M. geboren. Bereits 1964, drei Jahre vor seinem Abitur, arbeitete er als freier Mitarbeiter bei Senckenberg. Von 1967-1972 studierte er Biologie und Chemie an der Goethe-Universität Frankfurt. Ab 1976 war er als Wissenschaftlicher Assistent in der Sektion Crustaceen tätig.

Nach seiner Promotion 1983 wurde er 1986 Kustos und Leiter dieser Sektion, 1989 wurde er zum Leiter der Abteilung „Zoologie II“ ernannt, die 2004 in „Marine Zoologie“ umbenannt wurde. 2001 hat er sich an der Goethe-Universität Frankfurt habilitiert und wurde 2008 zum apl. Professor am Fachbereich Biowissenschaften der Goethe-Universität ernannt. Seit 1995 war er Stellvertreter des Direktors der SGN und verantwortlich für die Bereiche Wissenschaft, Personal und Finanzen, seit 2007 stellvertretender Generaldirektor. In dieser Funktion war er von 2007-2013 Mitglied im Direktorium der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung. Außerdem leitete er von 1996 bis 2014 die Senckenberg-Schule für technische AssistentInnen für naturkundliche Museen und Forschungsinstitute, in der bereits seit 1972 unterrichtet.



Michael Türkay hinterlässt ein großartiges und vielseitiges Erbe | Foto: Senckenberg

Nach seinem Eintritt in den Ruhestand im Jahr 2013 hat er die Abteilung Marine Zoologie und die Sektion Crustaceen bis Ende 2014 kommissarisch und danach die Sektion Crustaceen bis zu seinem Tode als ehrenamtlicher Sektionär weiter geleitet.

Michael Türkay hinterlässt ein umfangreiches taxonomisches Werk, das er in 300 Publikationen veröffentlicht hat, die Hälfte davon in begutachteten Zeitschriften. Er hat insgesamt über 80 Arten, etwa

30 Gattungen und 3 Unterfamilien neu beschrieben und grundlegende Revisionen zu vielen Dekapoden-Taxa publiziert. Etliche Taxa wurden nach ihm benannt wie z. B.

Turkayogobia Sakai, 1982;
Lithodes turkayi Macpherson, 1988;
Calappa tuerkayana Pastore, 1995;
Hymenopenaeus tuerkayi Crosnier, 1995;
Solitariopagurus tuerkayi McLaughlin, 1997;
Euchirograpsus tuerkayi Crosnier, 2001;
Eunoe tuerkayi Barnich & Fiege, 2003;
Discoplax michalis Ng & Shih, 2015.

Sein wichtigstes systematisches Interessensgebiet waren die terrestrischen und semiterrestrischen Krabben der Tropen, sowie die Tiefseekrabben. Schon in den 1970er Jahren legte Michael Türkay drei bis heute relevante Revisionen der Gecarcinidae Amerikas, Afrikas und Japans vor. Bereits in diesen frühen Arbeiten beschäftigte er sich mit funktionsmorphologischen Fragen z.B. der Gonopoden und entwickelte Konzepte, die als Grundlage für taxonomische Untersuchungen der Gecarciniden auch Inhalt seiner Dissertation wurden.

Funktionsmorphologische Untersuchungen waren auch für das weitere taxonomische Werk von Michael Türkay eine wichtige Grundlage. In diesem Zusammenhang griff er auf Ideen von Richard Bott (1902-1974) zurück, seinem Lehrer und Vorgänger in der Crustaceen-Sektion. Bott hatte sich wissenschaftlich hauptsächlich mit der Systematik von Süßwasserkrabben beschäftigt und drei grundlegende Monographien der neu- und altweltlichen Süßwasserkrabben

vorgelegt, die wesentlich auf der Morphologie des ersten Gonopoden basierten. Michael Türkay entwickelte die Ideen von Bott weiter und formulierte erstmals die generelle Bedeutung der Gonopodenmorphologie für die gesamte Brachyurensystematik.

Süßwasserkrabben waren für Michael Türkay trotz seiner eigenen marinen Ausrichtung während seiner ganzen Laufbahn ein wichtiges Anliegen. Mit dem brasilianischen Carcinologen Celio Magalhães publizierte Michael Türkay eine sechsteilige Monographie der südamerikanischen Brachyurenfamilie Trichodactylidae, die heute Referenzstatus hat. Ergänzend haben sich beide Autoren auch mit den südamerikanischen Pseudothelphusidae beschäftigt. Bei den altweltlichen Süßwasserkrabben hat sich Michael Türkay in Zusammenarbeit mit dem thailändischen Zoologen Phaibul Naiyanetr sowie mit der chinesischen Carcinologin Dai Ai-Yun mit südostasiatischen bzw. chinesischen Süßwasserkrabben beschäftigt. Aufbauend auf einem neuen funktionsmorphologischen Verständnis der männlichen Gonopoden publizierte er mit seinem ehemaligen Doktoranden Dirk Brandis (heute Direktor des Zoologischen Museums Kiel) und dem Heidelberger Zoologen Volker Storch eine Revision der vorderasiatischen Gattung Potamon sowie in der Folge Bearbeitungen der Krabbenfauna des Himalaya, sowie einiger südostasiatischer Taxa. Auf molekularer Ebene hat Michael Türkay diese Arbeiten mit dem Frankfurter Zoologen Sebastian Klaus fortgesetzt.

Im marinen Bereich war Michael Türkay neben den Gecarciniden an der Familie der Ocypodidae interessiert. Gemeinsam mit seinem langjährigen japanischen Wegbegleiter Katsushi Sakai von der Shikoku Women's University in Tokushima publizierte er 2013 eine wichtige Revision der Gattung *Ocypode*. In diesem Zusammenhang steht auch seine Revision der indopazifischen Winkerkrabbenverwandtschaft von *Uca lactea*. Neben den Brachyuren hat Michael Türkay als Co-Autor mit Sakai intensiv an Thalassiniden gearbeitet, außerdem bearbeitete er auch Einsiedlerkrebse und ihre Verwandten.

Geographisch waren das Rote Meer und der Arabische Golf ein zentrales Interessengebiet von Michael Türkay. Zusammen mit seinen ehemaligen Doktoranden Michael Apel (heute Leiter des Museum Mensch und Natur in München) und Reza Naderloo (heute Universität Teheran) aus dem Iran war er maßgeblich an einer taxonomischen und zoogeographischen Gesamtaufnahme und Neubewertung der Dekapodenfauna dieser Region beteiligt.

Ein dritter Interessenschwerpunkt war bis zuletzt die Tiefsee. Wichtige taxonomische Tiefseearbeiten sind eine Revision der Tiefsee-Schwimmkrabben der Gattung *Charybdis*, sowie eine viel zitierte Revision der Tiefseedekapoden-Fauna des Roten Meeres.

Michael Türkays große wissenschaftliche Leistungen sind aber nicht nur in seinen umfangreichen Revisionen und Faunenanalysen zu suchen. Er hat wesentlich dazu beigetragen, viele bedeutende

Sammlungen kleiner Museen und von Universitäten wieder sichtbar zu machen, zu sichern und durch die taxonomische Neubearbeitung der Sammlungsbestände Kenntnis und Wertschätzung dieser Sammlungen zu verbessern.

Und schließlich darf auch sein großes und weltweit bedeutendes Erbe nicht vergessen werden: Die Crustaceen-Sammlung des Senckenbergmuseums in Frankfurt a.M., die Michael Türkay durch seine zahlreichen Expeditionen u.a. mit den Forschungsschiffen „Meteor“ und „Sonne“, bei denen er zum Teil auch die Fahrtleitung übernahm, sowie durch Sammlungsübernahmen zu einem weltweit bedeutenden wissenschaftlichen Forschungsapparat ausgebaut hat. Die Frankfurter Crustaceensammlung umfasst heute etwa 48.000 katalogisierte Serien. Der Gesamtbestand beträgt mindestens 480.000 Exemplare. Damit handelt es sich um eine der größten Sammlungen in Europa. Von der wissenschaftlichen Bedeutung her gehören die Sammlungen europäischer, nah- und fernöstlicher Dekapoden sowie die Süßwasserkrabben-Sammlung zu den größten der Welt.

Neben den taxonomisch-systematischen Forschungsschwerpunkten hat Michael Türkay von seiner zweiten Heimat Senckenberg am Meer (Wilhelmshaven) aus mit dem institutseigenen Forschungsschiff „Senckenberg“ ökologische Fragestellungen zur Langzeitentwicklung der Crustaceen-Arten in der Nordsee speziell auf der Doggerbank und in der Deutschen Bucht untersucht.

Michael Türkay hinterlässt ein großartiges und vielseitiges Erbe. Durch seine Schüler und nationalen wie auch internationalen Kooperationen hat Türkay mit neuen innovativen Ideen und einem enormen tiefen wie breiten Fachwissen die Crustaceenforschung geprägt und weiterentwickelt.

Nicht weniger wichtig war ihm aber die Vermittlung der Forschungsergebnisse an den Nachwuchs und die Öffentlichkeit. Zahlreiche Studierende haben in seinen Kursen und auf von ihm geleiteten Exkursionen die Vielfalt der Lebewesen kennen und schätzen gelernt. Er hat 27 Diplom- und andere Qualifikationsarbeiten, 10 Doktorarbeiten betreut. Ein besonderes Anliegen war ihm die Ausbildung der technischen AssistentInnen für naturkundliche Museen und Forschungsinstitute. Seinem Engagement als Leiter der „Senckenberg-Schule“ ist es zu verdanken, dass die Ausbildung an den Naturkundemuseen eine breite Anerkennung genießt.

Senckenberg, die marine Zoologie und insbesondere die Crustaceenforschung verlieren mit Michael Türkay einen höchst renommierten und beliebten Wissenschaftler, einen begeisterten und begeisternden akademischen Lehrer. Mit seinem bis zuletzt unermüdlichen Engagement und herzlichen Wesen genoss er in der Senckenberg-Belegschaft höchstes Ansehen.

Dirk Brandis, Zoologisches Museum Kiel

Dieter Fiege, Senckenberg Frankfurt

Ingrid Kröncke, Senckenberg am Meer

Vierzig Jahre lang mit defekten Algorithmen gerechnet?

Aufdeckung systematischer Fehler in der Stammbaumrekonstruktion ...

Seitdem es möglich wurde, Gene effizient zu lesen und für viele Arten DNA-Sequenzen orthologer Gene zu erzeugen, wird für die Rekonstruktion der Stammesgeschichte der Tiere das Ergebnis molekularer Analysen besonders hoch geschätzt. In den Anfängen der „Molekularphylogenetik“ waren die Analysen von großer Naivität geprägt: Das Ausmaß erkennbarer Unterschiede zwischen Gensequenzen wurde direkt in Verwandtschaftsgrade umgerechnet. Auf Grund offensichtlicher Widersprüche zwischen Ergebnissen derartiger Berechnungen und gut belegter Evolutionsvorgänge, für die z.B. Fossilien und komplexe anatomische Merkmale wertvolle Hinweise geben, begann eine intensive Forschung zur Verbesserung der Algorithmen, mit denen Gensequenzen verrechnet wurden. Man stellte zum Beispiel fest, dass die variable Geschwindigkeit von Evolutionsvorgängen die Sequenzähnlichkeiten unregelmäßig verändern kann, oder dass mehrfache Mutationen am selben Ort unsichtbare Veränderungen erzeugen, die man nur statistisch mit Hilfe von Annahmen über Substitutionsprozesse berücksichtigen kann.

Die Algorithmen sind inzwischen sehr aufwändig geworden. Sie erfordern viel Rechenzeit auf leistungsfähigen Computern, und erlauben das Einstellen vieler Parameter, die das Ergebnis beeinflussen. Am Museum Koenig sind in den letzten Jahren diese Verfahren sehr kritisch analysiert worden, um Fehlerquellen zu beseitigen (Kück et al. 2012; Misof & Misof 2009; Reumont et al. 2011; Kück et al. 2010; Wägele et al. 2009; Wägele &

Mayer 2007). Trotzdem können wir mit dem aktuellen Methodenrepertoire nicht zufrieden sein. Es gibt immer noch Fälle drastischer Widersprüche zwischen den Ergebnissen molekularer Analysen und den Erkenntnissen, die sich aus der Fossilgeschichte und dem Vergleich der Evolution anatomischer Strukturen ergibt. Diese Widersprüche sind in dem Sammelband „Deep Metazoan Phylogeny“ (De Gruyter Verlag, 2013) gut dokumentiert. Darin enthalten sind die wesentlichen Ergebnisse des gleichnamigen DFG-Schwerpunktprogramms, das sechs Jahre lang gefördert wurde.

Da Ergebnisse phylogenetischer Analysen sich oft widersprechen (Abb. 1), ist die Suche nach nicht erkannten Fehlerquellen sinnvoll und wichtig. Daher betreiben wir am Museum Koenig eine detektivische Spurensuche, die schon im Rahmen des DFG-Schwerpunktprogramms 1174 begann:

Seit mehr als 40 Jahren wird in verschiedenen Softwarepaketen derselbe grundlegende Algorithmus verwendet, den der amerikanische Mathematiker Joe Felsenstein im Jahr 1973 veröffentlicht hat. Diese „Maximum-Likelihood-Methode (ML)“ erwies sich im Vergleich mit anderen Verfahren als besonders zuverlässig. Sie schätzt die Wahrscheinlichkeit von Zustandsänderungen der Sequenzen auf Grundlage von Annahmen zur Häufigkeit, mit denen Mutationen sich in den Genen festsetzen, woraus Substitutionsmodelle definiert werden. Mit Hilfe dieser Modelle kann berechnet werden, welche Stammbaumgrafik am besten zu den Daten und den gewählten Modellparametern passt.

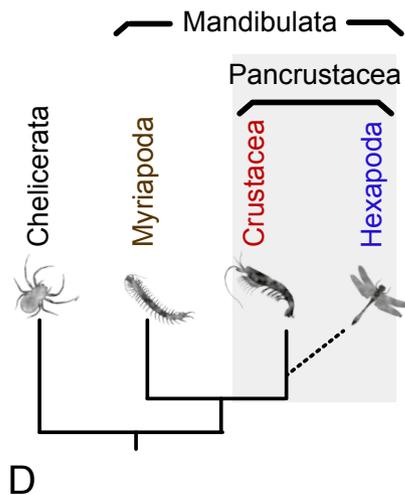
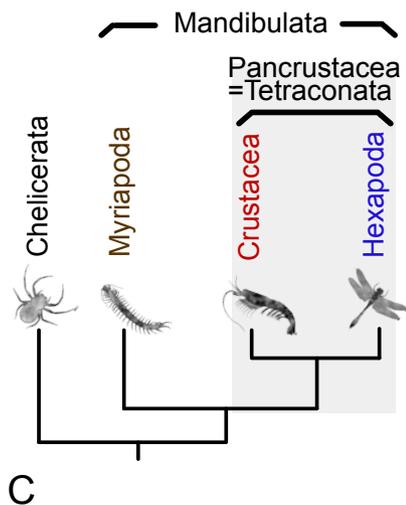
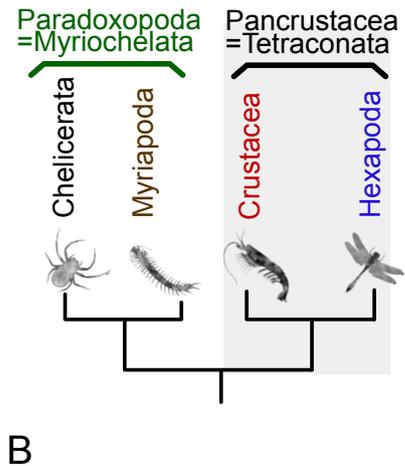
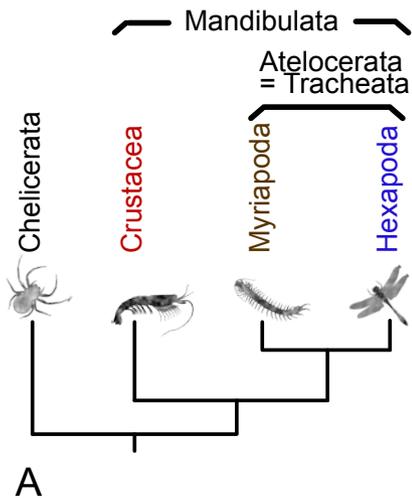


Abb. 1: Vereinfachte Darstellung widersprüchlicher Stammbäume der Gliedertiere. Die Beispiele B, C und D stammen aus molekularphylogenetischen Studien (von Reumont & Wägele 2014).

Die Annahmen können auf Erfahrungswerten beruhen und Parameter können aus empirischen Daten geschätzt werden, was jedoch nicht immer genutzt wird. Versucht man zu verstehen, was der Algorithmus eigentlich mit den Daten anstellt, entdeckt man, dass er grundsätzlich in der Lage ist, zwischen zufälligen und ererbten Übereinstimmungen zwischen zwei Arten zu unterscheiden oder die Wahrscheinlichkeit einer homologen Substitution zu schätzen, unter der Voraussetzung, dass die gewählten Annahmen (Substitutionsmodelle) stimmen. Es gibt aber keine Indizien dafür, dass der Algorithmus auch zwischen alten ererbten und neu evolvierten homologen Merkmalen unterscheiden kann.

Für die Molekularbiologen: Seitdem der lange Jahre in Stuttgart tätige Zoologe Willi Hennig (1913-1976, siehe Biographie von M. Schmitt) die Theorie der Phylogenetischen Systematik konsolidiert hat, ist bekannt, dass wir zwischen Plesiomorphien und Apomorphien unterscheiden müssen. Plesiomorphien sind homologe Merkmale, die jedoch so alt sind, dass sie über jüngere Verzweigungen im Stammbaum keine Aussage erlauben. So ist beispielsweise das Vorkommen ausgehöhlter Knochen zwar ein Merkmal der Vögel, es ist jedoch keine neue und einzigartige Besonderheit (Apomorphie) der Vögel, die als kennzeichnendes Merkmal dienen kann. Die dünnwandigen, hohlen Knochen treten auch bei theropoden Dinosauriern auf, von denen die modernen Vögel abstammen. Der Fund eines solchen Knochens weist also nicht auf Vögel hin, es könnte sich auch um

einen Dinosaurier handeln. Eine Apomorphie der Vögel ist dagegen die spezielle asymmetrische Flugfeder, deren aerodynamische Form auch bei Fossilien auf Flugvermögen hinweist. Unterscheidet man nicht zwischen Plesio- und Apomorphien, entstehen in der Analyse Fehler.

In der molekularen Systematik ist 40 Jahre lang nicht berücksichtigt worden, dass es Plesiomorphien geben kann. Hier setzte eine Simulationsstudie an, die Kück & Wägele konzipiert haben. Simuliert man im Computer die Evolution von Genen, kennt man sowohl den richtigen Stammbaum als auch alle Schritte, die die Gene verändert haben. Die Simulationsdaten erlauben, zwischen zufälligen und ererbten Übereinstimmungen zu unterscheiden, und letztere in Plesio- und Apomorphien zu klassifizieren.

Mit derartigen Simulationsdaten und unter Verwendung von ML-Software, die wahrscheinlich in allen Laboren für molekularphylogenetische Analysen eingesetzt wird, können wir eindeutig zeigen, dass die seit 40 Jahren populären Verfahren ganz regelmäßig das falsche Ergebnis liefern, wenn sich Plesiomorphien in den Daten anhäufen (Abb. 2). Ein überzeugender Beweis ist, dass die manuelle Entfernung jener aus der Simulation bekannten Positionen mit symplesiomorphen Merkmalen, die sich an kurzen Ästen erhalten und Para- oder Polyphyla erzeugen, die Fehler verhindert. Die populären Softwarepakete sind nicht in der Lage, die Gewichtung dieser Merkmale zu reduzieren, um zu verhindern, dass alte Merkmale als Stützung für Gruppierungen wirken.

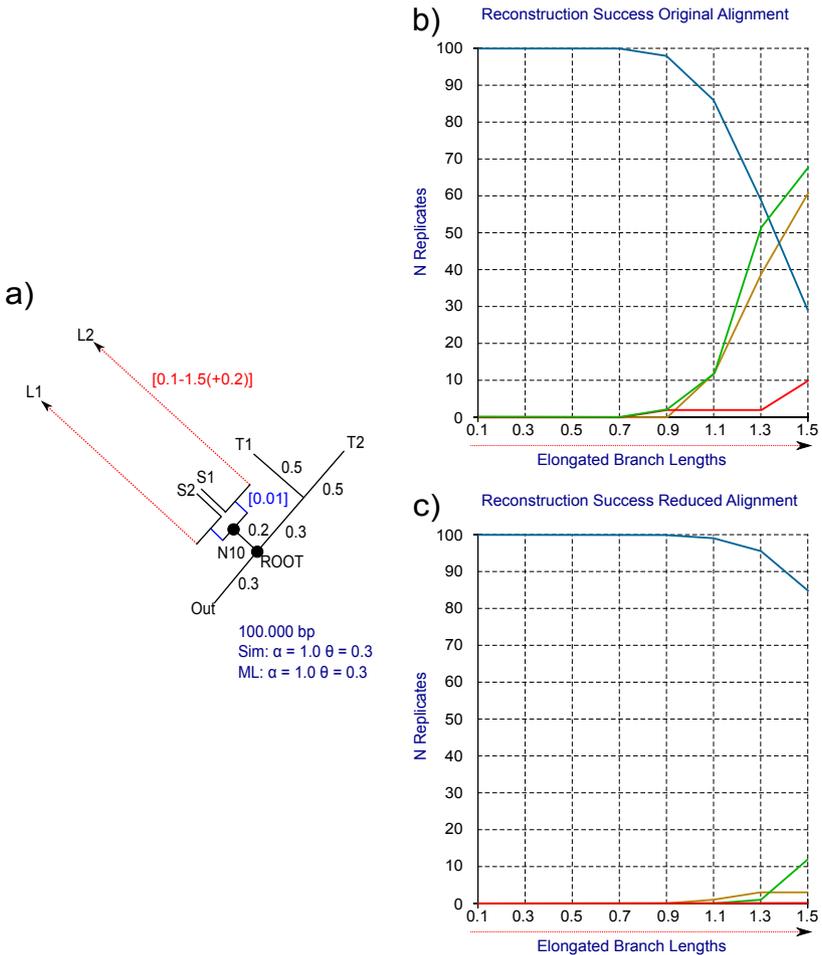


Abb. 2: Simulation der Genevolution an einem vorgegebenem Stammbaum (a). b) zeigt die Wahrscheinlichkeit, dass der richtige Stammbaum errechnet wird, wenn die Länge der roten Stammbaumäste zunimmt („elongated branch lengths“ in b). Die blaue Kurve neigt sich rechts nach unten und zeigt an, dass das richtige Ergebnis immer seltener wird, wenn Astlängen im Baum lang sind. Die andersfarbigen Kurven zeigen die Häufigkeit von Varianten mit falschen Ergebnissen an. c) zeigt die viel bessere Häufigkeit richtiger Ergebnisse, wenn Symplesiomorphien von Paraphyla entfernt werden: Die Fehler werden durch diese Merkmale erzeugt. (aus Kück & Wägele 2015, Cladistics).

Die Bedingungen, unter denen die Fehler auftreten, sind durch die Simulationen ebenfalls bekannt: Relevant ist nur das Verhältnis der Astlängen (als Maß für die Anzahl von Substitutionen). Je ungleicher die Äste sind, desto besser wird die „statistische Unterstützung“ für falsche Baumtopologien. Wir gehen davon aus, dass sehr viele Publikationen der letzten Jahre diese Fehler aufweisen.

Der nächste Schritt muss die Entwicklung eines neuen Algorithmus zur Analyse genetischer Daten sein, der diese Fehler nicht mehr aufweist. Solange die Nutzer nicht ein solches Werkzeug selbst ausprobieren können, werden sie nicht glauben wollen, dass 40 Jahre Forschung derselben Fehlerquelle auf den Leim ging, ohne dass es jemand merkte.

Wolfgang Wägele, Bonn

Literatur

Felsenstein, J. (1973). *Maximum Likelihood and Minimum-Steps Methods for Estimating Evolutionary Trees from Data on Discrete Characters*. *Systematic Biology* 22 (3), 240–249.

Kück, P., Mayer, C., Wägele, J. W. & Misof, B. (2012). *Long Branch Effects Distort Maximum Likelihood Phylogenies in Simulations Despite Selection of the Correct Model*. *PLoS One*, 7(5), DOI: 10.1371/journal.pone.0036593.

Kück, P., Meusemann, K., Dambach, J., Thormann, B., Reumont, B. M. v., Wägele, J. W. & Misof, B. (2010). *Parametric and non-parametric masking of randomness in sequence alignments can be improved and leads to better resolved trees*. *Frontiers in Zoology*, 7(10), 1-12.

Kück, P., Wägele, J.W. (im Druck) (2015). *Plesiomorphic character states cause systematic errors in molecular analyses: a simulation study*. *Cladistics* 2015, DOI: 10.1111/cla.12132

Misof, B. & Misof, K. (2009). *A Monte Carlo Approach Successfully Identifies Randomness in Multiple Sequence Alignments: A More Objective Means of Data Exclusion*. *Systematic Biology*, DOI:10.1093/sysbio/syp006.

Reumont, B. M. v., Meid, S. & Misof, B. (2011). *Aspects of quality and project management in analyses of large scale sequencing data*. *INTECH Open Access*, 3, 83-102.

Reumont B.M. v., Wägele, J.W. (2014): *Advances in molecular phylogeny of crustaceans in the light of phylogenomic data*. In: *Deep Metazoan Phylogeny: The Backbone of the Tree of Life* (eds. J.W. Wägele, T. Bartolomaeus), 385-398.

Wägele, J.W., Bartolomaeus, T. (Hsg.) (2013): *Deep Metazoan Phylogeny: The Backbone of the Tree of Life*. DeGruyter, Berlin.

Wägele, J. W., Letsch, H. O., Klussmann-Kolb, A., Mayer, C., Misof, B. & Wägele, H. (2009). *Phylogenetic support values are not necessarily informative: the case of the Serialia hypothesis (a mollusk phylogeny)*. *Frontiers in Zoology*, 6/12 doi: 10.1186/1742-9994-6-12, 1-15.

Wägele, J. W. & Mayer, C. (2007). *Visualizing differences in phylogenetic information content of alignments and distinction of three classes of long-branch effects*. *BMC Evolutionary Biology*, 7, 147.

Schmidt, M. (2013). *From taxonomy to phylogenetics - life and work of Willi Hennig*. Brill, Leiden.

Taxa in Time and Space

17. GfBS-Jahrestagung 2016

Liebe Kolleginnen und Kollegen der GfBS
- und solche, die es noch werden wollen!

Im Namen der Organisatoren dürfen wir Sie ganz herzlich zur 17. GfBS-Jahrestagung ins Paläontologische Museum München einladen. Unter dem Titel "Taxa in Time and Space" erwartet Sie vom 21.-24. Februar 2016 Spannendes für Auge und Ohr, interessante und wichtige Kontakte sowie lehrreiche Workshops.

Veranstalter LMU/GBC - GeoBio-Center der Ludwig-Maximilians-Universität München, SNSB - Staatliche Naturwissenschaftliche Sammlungen Bayerns

Tagungsort Paläontologisches Museum München, Richard-Wagner-Str. 10, 80333 München

Anreise: vom Hauptbahnhof 10 Minuten Fußweg oder 1 Station mit U2 (Königsplatz)

Keynote-Speaker Dr. Davide PISANI (Univ. Bristol, UK): Deep Phylogenomics; Dr. Stacey D. SMITH (Univ. Colorado, USA): Evolution & Diversity of Flowers ; Dr. Katrine WORSAAE (Univ. Kopenhagen, DK): Marine Meiofauna

Vortragsprogramm voraussichtlich mit 2 parallelen Sitzungen, Studentenpreise und Verleihung des Rensch-Preises, Meetings AG Kustoden, AG Junge Systematiker, Workshops: ABS und ich, Einführung in das Datenbanksystem Diversity Workbench, 3D-Visualisierung, Führungen: Botanische Staatssammlung (BSM), Bayerische Staatssammlung für Paläontologie und Geologie (BSPG), Zoologische Staatssammlung (ZSM), Museum Mensch und Natur im Nymphenburger Schloss.



Die Registrierung umfasst die Icebreaker Party Sonntag abends, alle Tagungsunterlagen, Kaffeepausen und das Conference Dinner. Bitte trotzdem die entsprechenden Kästchen für Icebreaker und Dinner bei der Registrierung anklicken, damit wir besser planen können.

Studierende aufgepasst: Es gibt wieder Student/Innenpreise für die besten Vorträge und Poster. Wenn Sie an diesem Wettbewerb teilnehmen möchten, geben Sie es bitte bei der Registrierung an.

DEADLINES!

Abstract - Einreichung: 10. Januar 2016
Ende der Early Bird Registrierung (-25%): 10. Januar 2016

Absagen mit Refundierung des Kongressbeitrages: 10. Januar 2016

Alle Details sowie die Registrierungsmöglichkeiten finden Sie auf der Tagungswebseite: www.lmu.de/gfbs2016

Wir freuen uns auf Ihre Teilnahme!
Mit den besten Grüßen aus München

Gerhard Haszprunar & Gert Wörheide
im Namen aller Organisatoren

Neues Sample-Modul der EDIT-Plattform für Cybertaxonomie

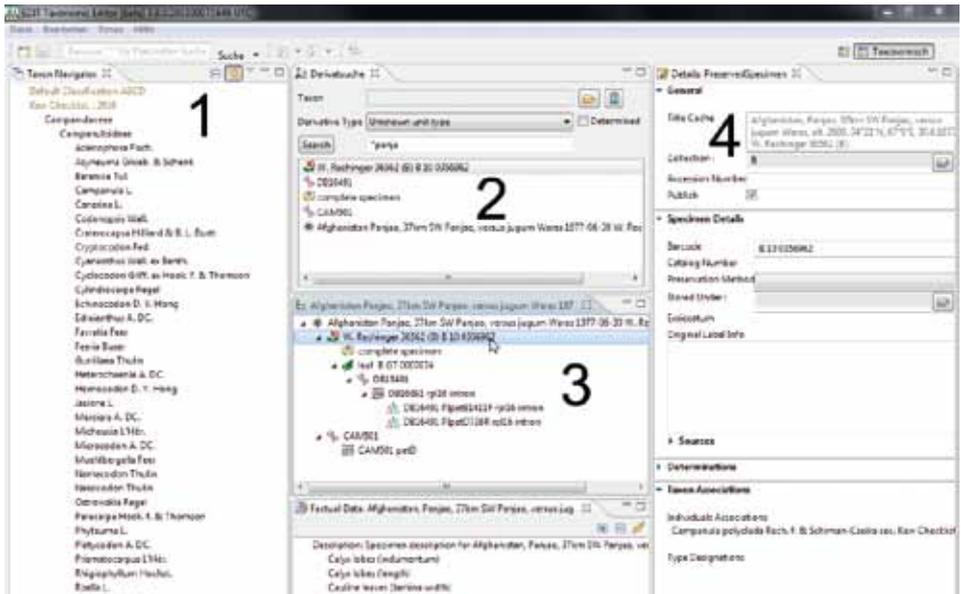
Ein Workflow für ein integratives Probandatenhandling

In den biologischen Wissenschaften und allen voran der Biodiversitätsforschung gewinnt die Erreichbarkeit von Sammlungsobjekten und Datensätzen eine immer größere Bedeutung. Im Zentrum der aktuellen Anforderungen an eine moderne, effiziente und integrative Forschung steht insbesondere die Verknüpfung neu gewonnener, meist digital vorliegender Daten, mit dem über lange Zeiträume entwickeltem taxonomisch-systematischem Wissen (Eine nationale Empfehlung der Leopoldina – GfBS Newsletter 30, 2015). Der einfache Zugang zu diesen Daten ist oftmals allerdings problematisch und zwingt häufig zu repetitiver Datensuche und Datenaufnahme an Sammlungsobjekten (bspw. Herbarbelege, Präparate) bei der (Weiter-)Bearbeitung einer Organismengruppe. Die Hauptursachen dieser mangelnden nachhaltigen Datenverfügbarkeit liegen zum einen in traditionellen Arbeitsabläufen mit dezentraler Datenerhaltung (Einzelarbeitsplätze) und entsprechendem Datenverlust nach erfolgter Publikation der zusammengefassten Ergebnisse (oftmals ohne Rohdatenveröffentlichung). Zum anderen sind Sammlungen elektronisch noch unzureichend erschlossen, sodass eine fehlende Integration der Objekte und ihrer Meta- und Untersuchungsdaten in Datenbanken und standardisierte Datenformate (z.B. ABCD, DarwinCore) keinen effizienten Datenaustausch erlaubt. Dies führt dazu, dass der Erkenntnisgewinn bis heute in vielen Bereichen immer noch im althergebrachten Sinne durch periodische Neubearbeitung von Organismengruppen mit erneuter Auswertung allen verfügbaren Materials erfolgt, statt in einem konti-

nuierlichen Prozess, in dem die Untersuchung neuer Proben und Sammlungsobjekte auf bereits erfolgte Datenerhebung aufbaut und damit redundante Analysen vermeidet.

Das hier vorgestellte System zur integrativen Bearbeitung von Untersuchungsobjekten bietet die Möglichkeit, hochgradig heterogene Datenbestände in eine hierarchisch aufgebaute Datenbank zu integrieren und die Daten und dazugehörigen Metadaten sowohl zu verwalten als auch zu bearbeiten. Des Weiteren können diese Daten durch ihre Übersetzung in global gültige Datenformate auf Wunsch verfügbar gemacht werden und sowohl importiert als auch exportiert werden. Im Rahmen der aktuellen Forschung am BGBM wurde das Projekt in den Forschungsschwerpunkt zur Systematik und Evolution der artenreichen Blütenpflanzengattung *Campanula* L. der Forschungsgruppe Asterales [<http://www.bgbm.org/de/forschung/forschungsgruppe-asterales>] eingegliedert. Die dort erhobenen Daten und die am BGBM bereits vorhandenen großen Datenbestände (z.B. Herbarbelege, Gewebeproben, DNA-Proben) wurden und werden exemplarisch genutzt um das System zu entwickeln und zu testen.

Das System wurde als Komponente der EDIT (European Distributed Institute of Taxonomy)-Plattform für Cybertaxonomie [<http://cybertaxonomy.eu/>] entwickelt. Bestehende Module wurden für die Anforderungen entsprechend erweitert und um bspw. eine separate Neuentwicklungen zur Bearbeitung und Verwaltung molekularer Daten (LibrAlign – siehe unten) ergänzt.



Arbeitsoberfläche des Taxonomic Editors. (1) Taxon Navigator, (2) Derivativesuche, (3) Derivat View mit aufgeklappter Derivathierarchie, (4) Details View zur Anzeige und Bearbeitung der Daten der aktuell ausgewählten Unit, hier: Herbarbeleg.

Kern des Systems ist das Datenrepositorium, der CDM-Datstore (Common Data Model) der EDIT Plattform. Die Dateneingabe, -verwaltung und -kontrolle erfolgt über den Taxonomic Editor [http://cybertaxonomy.eu/taxeditor/]. Es wurde ein taxonomischer Backbone angelegt, der die zu bearbeitenden Taxa mit allen taxonomisch-systematischen Informationen vorhält (Autoren, Literaturangaben, Synonymien, etc.). Der Taxonomic Editor ermöglicht es, verschiedenste Untersuchungsobjekte sowie die von ihnen erhobene Daten zuzuordnen. Diese Objekte werden entsprechend ihrer Entstehung (Derivationsevents) hierarchisch gegliedert angelegt und angezeigt.

Die so entstehenden Derivathierarchien von Sammlungsobjekten und Proben bilden die gesamte Derivationshistorie dauerhaft ab. In der systematischen Biologie beginnt diese Derivathierarchie typischerweise mit einer Aufsammlung im Feld. Dieses hier als FieldUnit bezeichnete Element bildet die Wurzel der Derivathierarchie, welche sich nun beliebig um alle denkbaren Proben erweitern lässt, die nach der Ursprungsaufsammlung im anschließenden Forschungsprozess entstehen können. Dies reicht von Herbarbelegen oder Flüssigpräparaten, über Fotos und Scans selbiger, bis hin zu Gewebeproben und den aus ihnen gewonnenen molekularen Daten. Entsprechend der

aktuellen Forschung kommt den molekularen Datensätzen besondere Bedeutung zu. Sammlungsseitig werden diese Daten jedoch immer noch stiefmütterlich behandelt und insbesondere die Rohdatenvorhaltung wird nach wie vor vernachlässigt. Um dem Rechnung zu tragen und eben diese besonders wertvollen, weil relativ kostenintensiv gewonnenen, Daten nachhaltig nutzbar zu machen, wurde eine eigene molekulare Applikation in den Taxonomic Editor integriert, die es ermöglicht molekulare Rohdaten zu verwalten und bis zur Konsensussequenz innerhalb des Editors zu bearbeiten. In Kooperation mit der Universität Münster (AG Müller) wurde die Integration von LibrAlign (Stöver BC, Müller KF 2015: LibrAlign - A powerful Java GUI library for MSA and attached raw and meta data. <http://bioinfweb.info/LibrAlign/>) in den Editor bearbeitet. LibrAlign ist eine plattformunabhängige Softwarebibliothek, die eine Vielzahl an Anwendungsfällen zur Alinierung von Sequenzdaten unterstützt. Sie stellt eine grafische Oberfläche für verschiedene Systeme zur Verfügung, welche in die Oberfläche des Editors eingebunden ist. Für die Aufbewahrung der molekularen Rohdaten, insbesondere der Pherogramme und Contigs, wurde ein SVN-Server installiert, der einen einheitliche Referenzierung der Dateien erlaubt, sowie zusätzlich eine Änderungshistorie erstellt. Das hier vorgestellte System erlaubt nun alle im systematisch-taxonomischen Forschungsprozess anfallenden Proben und deren Daten (Metadaten und die durch Auswertung gewonnene Daten) in einem System zu verwalten und generisch,

dem aktuellen Stand der Forschung mit einem Taxon zu verknüpfen. Die Datensätze können je nach Wunsch über die Portalfunktion der EDIT-Plattform der wissenschaftlichen Gemeinschaft zugänglich und nutzbar gemacht werden (*Campanula* Portal <http://campanula.e-taxonomy.net/>).

Über verschiedene Server werden Datensätze entweder verlinkt (Bilddaten, Proben) oder direkt zum Download angeboten (Konsensussequenzen, Reads, Alignements). Das Portal bereitet dabei den Inhalt der Datenbank so auf dass es jeweils den aktuellen Stand präsentiert. Der Wissensstand kann damit kontinuierlich publiziert und alle ihm zu Grunde liegenden Daten übersichtlich und nachhaltig angezeigt und verfügbar gemacht werden.

Tilo Henning, Patrick Plitzner, Norbert Kilian, Berlin

Die Deutsche Forschungsgemeinschaft fördert das Projekt „Aufbau eines Sammlungs-Erschließungssystems für die nordhemisphärische Blütenpflanzengattung Campanula“ im Rahmen des LIS-Programms.

Kilian N., Henning T., Plitzner P., Müller A., Güntsch A., Stöver B.C., Müller K.F., Berendsohn W.G. & Borsch T. 2015: Sample data processing in an additive and reproducible taxonomic workflow by using character data persistently linked to preserved individual specimens. Database - The Journal of Biological Databases and Curation 10/2015: 1–19. <http://database.oxfordjournals.org/content/2015/bav094.full>

Stöver B.C. & Müller K.F. 2015: LibrAlign - A powerful Java GUI library for MSA and attached raw and meta data. IPAM Multiple Sequence Alignment Workshop; Los Angeles, USA; 2015. <http://www2.ieb.uni-muenster.de/EvolBiodivPlants/en/Publications/ConferenceContribution?id=93978>

Search taxa

Misapplied names

Advanced Search

Classification

- C. crutzburgii
- C. delicatula
- C. drabifolia
- C. erinus
- C. pinatzii
- C. podocarpa
- C. rhodensis
- C. simulans
- C. veneris

- Cam15
- Cam16
- Cam17
- Campanula_incertae
- Canarina
- Codonopsis

User login

Username *

Password *

Request new password

Campanula drabifolia



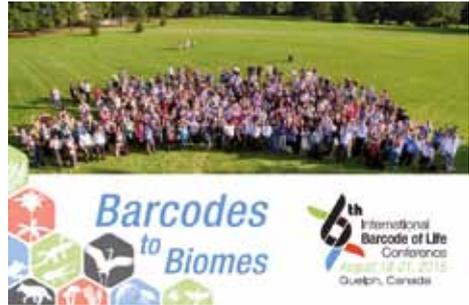
Country	Date	Collector + collecting number	Herbaria	Type	Scan	Derivatives
Greece, Hellenic Republic		T. H. H. Heldreich 857	B		<input checked="" type="checkbox"/>	
Greece, Hellenic Republic		Unger	B		<input checked="" type="checkbox"/>	
Greece, Hellenic Republic		van Buggenhout 18481	B		<input checked="" type="checkbox"/>	
Greece, Hellenic Republic		W. v. Spruner	B		<input checked="" type="checkbox"/>	
Greece, Hellenic Republic			B		<input checked="" type="checkbox"/>	
Greece, Hellenic Republic			B		<input checked="" type="checkbox"/>	
Determined as: Campanula drabifolia Sm. Citation: Greece, Hellenic Republic. (B 10 0112010) B 10 0112010 Specimen Scans: B 10 0112010 Molecular Data: petD region[contig read1 read2] Character Data: detail page						
Turkey, Republic of	04.04.1974	Lewejohann	B		<input checked="" type="checkbox"/>	
Turkey, Republic of		A. Huber-Morath 5374	B		<input checked="" type="checkbox"/>	

Ansicht des Datenportals (Campanula Portal). Neue Funktion zeigt tabellarisch die im Taxonomic Editor verwalteten Derivate. Links zu bspw. Belegscans können bereit gestellt, sowie Daten zum Download angeboten werden (z.B. mol. Daten wie Contigs oder Reads).

6. International Barcode of Life Conference

Ein Tagungsbericht

Vom 18. bis zum 21. August 2015 fand die nunmehr 6. International Barcode of Life Conference in Guelph/Kanada, der „Heimat des DNA Barcodings“, statt. Mit 601 Teilnehmern aus 51 Ländern - darunter auch 15 aus Deutschland - zeigte sich wiederholt, wie unglaublich divers die Gemeinschaft der Nutzer und Anwender dieser Methode in den letzten Jahren geworden ist. Diese Vielfalt spiegelte sich auch in den 268 Vorträgen und 165 Postern wieder. Wie auch während der letzten Tagungen gab es vor der eigentlichen Konferenz die Möglichkeit an verschiedenen Workshops teilzunehmen, die sich mit der Benutzung der Barcode of Life Database (BOLD) sowie der Verwendung von next-generation sequencing-Technologien beschäftigten. Ergänzend hinzu kam die offizielle Gründung der International Society for the Barcode of Life. Zahlreiche Teilnehmer nutzen die Möglichkeit zum Kennenlernen oder Wiedersehen auf dem nachfolgenden Begrüßungsempfang am Montagabend. Die darauffolgenden Tage standen im Zeichen von 35 Hauptvorträgen und mehr als 230 Vorträgen innerhalb verschiedener thematisch basierter Vortragsblöcke, die sich auf Grund der Vielzahl der Vorträge auf mehrere parallele Sitzungen verteilten. Die Präsentation von mehr als 160 Postern, begleitet von regen Diskussionen, fand am Mittwochnachmittag statt. Thematisch zeigte sich, dass neben dem für viele Taxa immer noch notwendigen Aufbau von DNA Barcode-Bibliotheken mittlerweile auch die praktische Anwendung dieser Methode, zum Beispiel für ökologische Fragestellungen oder im Umweltschutz, zunehmend in den Vordergrund tritt.



Gruppenbild auf dem Campus der Guelph Universität | Foto: Biodiversity Institute of Ontario, Guelph, Kanada

In diesem Zusammenhang können insbesondere Metabarcodingstudien, welche auf next-generation sequencing-Technologien basieren, völlig neue Dimensionen der biologischen Forschung eröffnen. Immer mehr wird hierbei auch die Analyse von „environmental DNA“ (eDNA) hinzugezogen. Entsprechend fanden sich verschiedene Vorträge und Poster zu diesen spannenden Themenbereichen. Das DNA Barcoding auch inzwischen in der Öffentlichkeit wahrgenommen wird, zeigten rege Diskussionen während der Konferenz und eine mit großem Interesse verfolgte parallele Sitzung zum Thema Barcoding in den Erziehungswissenschaften. Die vergleichsweise simple Methodik erlaubt die vielfältige Integration in Lehrpläne verschiedener Altersstufen und ermöglicht zudem dem interessierten Laien die Teilnahme an modernen wissenschaftlichen Projekten.

Die Einführung des LifeScanner Kits nebst App ist nur eine konsequente Weiterführung und eröffnet nun jedem die Welt



USB-Sticks mit dem Tagungsprogramm
| Foto: Biodiversity Institute of Ontario,
Guelph, Kanada



Auditorium während eines Hauptvortrages
| Foto: Biodiversity Institute of Ontario,
Guelph, Kanada



Hauptvortrag von Paul Hebert
| Foto: Biodiversity Institute of Ontario,
Guelph, Kanada



Impression von der Postersession
| Foto: Biodiversity Institute of Ontario,
Guelph, Kanada

des DNA Barcoding. Abgerundet wurde die Konferenz durch einen Grillabend am Dienstag sowie einem Festempfang am Donnerstagabend. Es bleibt festzuhalten, dass es dem Konferenzorganisationsteam um Sarah Adamowicz, Mehrdad Hajibabaei, Robert Hanner und Paul Hebert gelungen ist, eine wirklich großartige und wegweisende Konferenz auszurichten.

**Michael Raupach, Wilhelmshaven
und Dirk Steinke, Guelph**



Auditorium der Session „Education and Barcoding“
| Foto: Biodiversity Institute of Ontario,
Guelph, Kanada

Grünes Licht für zweite Phase des Datenportals „GFBio“

Seit August 2015 stemmt die DFG für weitere drei Jahre die Finanzierung der „German Federation for Biological Data“

Das interdisziplinäre Verbundprojekt GFBio („German Federation for Biological Data“; <http://www.gfbio.org>) kann sich auch in Zukunft über DFG-Förderung freuen. Nun wurde die zweite Phase des Projektes bis Juli 2018 bewilligt. Dadurch steht der Weiterentwicklung der nationalen Dateninfrastruktur mit ihren Services und Werkzeugen nichts mehr im Wege. Das Angebot wird mit der Entwicklung des Portals dynamisch weiter wachsen.

Die German Federation for Biological Data erarbeitet seit Dezember 2013 Lösungen für datenintensive Forschung im Bereich der biologischen und Umwelt-Wissenschaften. Durch die Integration bewährter Dateninfrastrukturen und Werkzeuge wie PANGAEA (Data Publisher for Earth and Environmental Science), Bexis++ (Biodiversity Exploratory Information System), DWB (Diversity-Workbench) und SILVA (high quality ribosomal RNA databases) können molekulare und ökologische Daten miteinander verknüpft werden. Somit erschließen sich für Biodiversitätsforscher durch GFBio völlig neue Möglichkeiten der Datenintegration und Analyse von relevanten Sammlungs-, Genom- oder Umweltdaten. Ziel ist die Förderung der Kooperation von Forschern durch die Integration und Nachnutzung von Forschungsdaten, sowie die Langzeitarchivierung von Forschungsdaten.

Dieser ganzheitliche und international einzigartige Ansatz erfordert eine enge Zusammenarbeit von 19 wichtigen



Das „GFBio“-Team | Foto: B. Juliane Steckel



Akteuren im Bereich von Biodiversitäts- und Umweltforschung in Deutschland (<http://www.gfbio.org/partner>) und wird koordiniert von Dr. Michael Diepenbroek (Universität Bremen, MARUM).

Weitere Informationen unter www.gfbio.org

Dr. Michael Diepenbroek, Bremen
und Dr. Juliane Steckel, Göttingen

150 Years of Ecology - Lessons for the Future

Jahrestagung der Gesellschaft für Ökologie 2016

In 2016, the University of Marburg will host the 46th Annual Meeting of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland. The meeting will take place from 05.09. - 09.09.2016, in Marburg, Germany.

The guiding theme of the 46th Annual Meeting is „**150 Years of Ecology -Lessons for the Future**“. Along the lines of this guiding theme, we will stimulate scientific discussions on basic and applied ecological topics as well as on nature conservation and management.

We are looking forward to arranging a stimulating conference and hope that you will be able to participate. Please forward this information to interested colleagues/ students etc.

Volkmar Wolters

President of the Ecological Society of Germany, Austria and Switzerland (GfÖ)

GfÖ Gesellschaft für
Ökologie e.V.

Ecological Society of Germany,
Austria and Switzerland



Sicht auf Marburg: Schloss, Oberstadt, Elisabethkirche | Foto: Philipp N. Lizenziert unter CC BY-SA 2.5



Alte Universität Marburg | Foto: Hydro. Lizenziert unter CC BY-SA 3.0



Marburg Marktplatz | Foto: H. Helmlechner. Lizenziert unter CC-BY-SA 4.0

Berlin lädt ein I

Tagung der Society for the Preservation of Natural History Collections in Deutschland

Das Museum für Naturkunde und der Botanische Garten und Botanisches Museum Berlin laden gemeinsam zur Jahrestagung der Society for the Preservation of Natural History Collections vom 20.-25.6.2016 ein. Diese vierte SPNHC-Tagung in Europa steht mit dem Motto „Green Museum – how to practice what we preach“ im Namen der Nachhaltigkeit für den Sammlungsbereich in Museen und Botanischen Gärten. Angesichts von Klimawandel und schwindender Biodiversität sollten „grüne“ Kriterien idealerweise das Handeln bei Sammlungsunterbringung, bei der Feldarbeit, bei der Planung neuer Gebäude wie auch bei Kosten-Nutzen-Analysen bestimmen. In der Realität wird dies jedoch häufig durch Sachzwänge jenseits der Kontrolle der einzelnen Institutionen beeinflusst. Die Konferenz wird hierfür und für andere sammlungsbezogene und konservatorische Themen ein Forum bieten.

Den Rahmen für diese Tagung bilden im Vorfeld Exkursionen in die Umgebung von Berlin, an die Ostsee und zum Weltnaturerbe Grube Messel sowie nach der Tagung verschiedene Workshops. Letztere konzentrieren sich neben der Digitalisierung auf konservatorische und rechtliche Aspekte, wie etwa Risiko-Management in den Sammlungen, der Erhalt von Flüssigpräparaten, die Restaurierung historischer aufgestellten Exemplaren oder Access and Benefit Sharing.

Der Icebreaker und das Kongressdinner werden mit dem Sauriersaal des Museums für Naturkunde Berlin beziehungsweise dem großen Gewächshaus des



SPNHC
ADVANCING COLLECTIONS CARE

Botanischen Gartens und Botanisches Museum Berlin einen schönen Rahmen haben. Das Programm und die Registrierung wird in den kommenden Monaten auf der Tagungswebseite (<http://www.spnhc2016.berlin/>) freigeschaltet. Das Organisationsteam ist unter spnhc2016@berlin.de für Fragen rund um die Tagung zu erreichen.

Wir freuen uns, Sie im Juni 2016 in Berlin begrüßen zu dürfen!

Ihr Organisationsteam
SPNHC 2016



BG | Botanischer Garten &
BM | Botanisches Museum

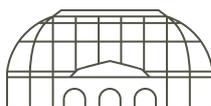
**museum für
naturkunde
berlin**

Berlin lädt ein II

Einladung zur zweiten internationalen Tagung des Global Genome Biodiversity Network

Der Botanische Garten und Botanisches Museum Berlin und das Museum für Naturkunde laden gemeinsam zur zweiten Tagung des Global Genome Biodiversity Networks (GGBN) vom 21.-24.06.2015 ein. Diese Tagung steht unter dem Motto „Meeting the Challenge: How to preserve a cross-section of the Tree of Life“, ein Schwerpunkt liegt damit auf der Frage, wie Aufsammlungen und Probenahmen weltweit besser koordiniert werden können und auf der Diskussion von Strategien zur systematischen Beprobung bestehender naturhistorische Sammlungen. Weiterhin wird der Umgang mit dem Nagoya-Protokoll ein wichtiges Thema der Konferenz sein, sowie die Implementierung der GGBN Standards und best practices in den einzelnen Institutionen. Das GGBN wurde 2011 gegründet und hat zum Ziel, DNA- und Gewebeproben für WissenschaftlerInnen weltweit zur Verfügung zu stellen und diese über eine gemeinsame Plattform verfügbar zu machen sowie Standards im Umgang mit DNA- und Gewebeproben zu entwickeln und zu etablieren. Das Netzwerk besteht derzeit aus 37 Partnern. Das National Museum of Natural History (Smithsonian) betreut das Sekretariat, der Botanische Garten und Botanisches Museum Berlin ist für das GGBN-Portal verantwortlich.

Das GGBN sieht sich als Portal für den Wissensaustausch rund um nicht-humane Biobanken. Dies wird durch die virtuelle GGBN-Plattform ebenso ermöglicht wie durch die Konferenzen. Zudem schlägt GGBN die Brücke zwischen verschiedenen Communities (z.B. naturhistorische Sammlungen, Kulturensammlungen, Veterinärmedizin/Zoos, Samenbanken,



BG | Botanischer Garten &
BM | Botanisches Museum

museum für
naturkunde
berlin

Humane Biobanken) und bietet die Gelegenheit, sich mit anderen Fachrichtungen auszutauschen.

Die Tagung wird parallel zur SPNHC-Tagung am selben Ort ausgetragen, so dass es die einmalige Chance gibt, sich bei Ice Breaker, Exkursionen, Dinner und in den Pausen miteinander auszutauschen. Zudem erwarten wir viele Aussteller.

Die Registrierung ist ab dem 1.12. unter <http://meetings.ggbn.org/site/ggbn2016> möglich. Das Organisationsteam ist unter ggbn@si.edu zu erreichen.

Wir freuen uns, Sie im Juni 2016 in Berlin begrüßen zu dürfen!

Ihr Organisationsteam GGBN 2016

DNA-Barcoding zur Gewässergüteanalyse mit Kieselalgen

Verleihung des Horst-Wiehe-Förderpreises

Die Deutsche Botanische Gesellschaft verlieh ihren diesjährigen Horst-Wiehe-Förderpreis auf der Botanikertagung in München am 31. August 2015 an Jonas Zimmermann, dessen Dissertation von der GfBS-Vize-Präsidentin Birgit Gemeinholzer an der Justus-Liebig-Universität Gießen betreut und in Kooperation mit der Universität zu Köln und dem Botanischen Garten und Botanischen Museum Dahlem der Freien Universität Berlin durchgeführt wurde.

Die lichtmikroskopische Bewertung der Diversität von Kieselalgen (Diatomeen) ist seit Jahrzehnten eine erfolgreich praktizierte Methode zur Gewässergüteanalyse, die z.B. auch in der Wasserrahmenrichtlinie der Europäischen Union umgesetzt wird. In seiner Dissertation testete Zimmermann das environmental DNA (eDNA) Metabarcoding als Alternative zur lichtmikroskopischen Analyse, er identifizierte einen Abschnitt auf der Erbsubstanz, der sich als zuverlässiger Marker für das DNA-Barcoding eignet, und entdeckte vier neue Arten von Kieselalgen in Berliner Gewässern bei der Erstellung einer Referenz-Datenbank. „Die auf dem 18S rRNA Gen befindliche V4 Region ist ein adäquater Marker für Diatomeen DNA Barcoding, denn sie zeigt auf einem relativ kurzen Sequenzabschnitt (ca. 390 bp) ausreichend Variation für die Unterscheidung verschiedener Taxa. Die geringe Abschnittslänge ermöglicht zusätzlich die Sequenzierung durch Next-Generation-Sequencing-Technologien. Die 18S V4 Region wurde von der CBOL Protist Working Group (ProWG) als Pre-Barcode für alle Gruppen der Protisten vorgeschlagen.“ schreibt Zimmermann.



Jonas Zimmermann erhält den Horst-Wiehe-Förderpreis | Foto: Natalie Kowalski

Die Arbeit beinhaltet außerdem ein Standardprotokoll für die Amplifizierung der 18S V4 Region sowohl aus Kulturmaterial als auch aus Umweltproben. Beim eDNA Barcoding werden unidentifizierte Sequenzen aus einer Umweltprobe identifizierten Sequenzen einer Referenzdatenbank zugeordnet, um die Sequenzen aus der Umweltprobe einem entsprechenden Taxon zuzuweisen. Die vorgestellte Untersuchung prüfte die Unterschiede von Lichtmikroskopie und eDNA Barcoding hinsichtlich ihrer Möglichkeiten der taxonomischen Differenzierungen und Biodiversitätserfassung. Dabei zeigte sich, dass

die sequenzbasierte Methodik - bei Einsatz einer phylogenie-basierten Taxonzuordnung - eine feinere taxonomische Auflösung als die Lichtmikroskopie lieferte. Zusätzlich wurde der direkte Zusammenhang von der Qualität der Sequenzzuordnung zu taxonomischen Bearbeitungen von Referenzsequenzen aufgezeigt. In der gebräuchlichsten Referenzdatenbank INSDC (International Nucleotide Sequence Database Collaboration; inkl. Genbank, EMBL/ENA and DDBJ) ist die vorhandene taxonomische Information zu Diatomeensequenzen teilweise fragwürdig. Deshalb schlägt die Arbeit Richtlinien zur Hinterlegung von Referenzsequenzen in taxonomischen Referenzdatenbanken vor. Referenzsequenzen werden bei Diatomeen aus klonalen Kulturen erzeugt, die eine umfangreiche Dokumentation ermöglicht. Neben der Sequenzinformation sollten Herbarbelege und physische DNA-Proben in wissenschaftlich betreuten Sammlungen hinterlegt werden. Minimalanforderungen für begleitende Metadaten werden ebenfalls vorgestellt; hierzu gehören neben Sammlungsdaten, Daten zur Kultivierung, Information zu Primern und PCR sowie den Pherogrammen auch die fotografische Dokumentation zur Bestimmung relevanter Mikrostrukturen.

Regine Jahn, BGBM Freie Universität Berlin

Literatur

Zimmermann J, Jahn R, Gemeinholzer B 2011: Barcoding diatoms: evaluation of the V4 subregion on the 18S rRNA gene, including new primers and protocols. – Organisms Diversity & Evolution 11: 173-192.

Zimmermann J, Glöckner G, Jahn R, Enke N & Gemeinholzer B 2014: Metabarcoding vs. morphological identification to assess diatom diversity in environmental studies. Molecular Ecology Resources DOI: 10.1111/1755-0998.12336.

Zimmermann J, Abarca N, Enke N, Skibbe O, Kusber WH, Jahn R (2014) Taxonomic Reference Libraries for Environmental Barcoding: a Best Practice Example from Diatom Research. PlosOne DOI: 10.1371/journal.pone.0108793.

Pawlowski J, Audic S, Adl S, Bass D, Belbahri L, Berney C, Bowser S, Cepicka I, Decelle J, Dunthorn M, Fiore-Donno AM, Gile GH, Holzmann M, Jahn R, Jirku M, Keeling PJ, Kostka M, Kudryavtsev A, Lara E, Lukeš J, Mann DG, Mitchell EAD, Nitsche F, Romeralo M, Saunders GW, Simpson AGB, Smirnov AV, Spouge JL, Stern RF, Stoeck T, Zimmermann J, Schindel D, de Vargas C (2012) CBOL Protist Working Group: Barcoding Eukaryotic Richness beyond the Animal, Plant, and Fungal Kingdoms. PLoS Biol 10(11): e1001419. doi:10.1371/journal.pbio.1001419

UN Dekadeprojekt NEOBIOTA

Bringe Verborgenes ans Licht - Entdecke andere Arten!

Für sein Bürgerwissenschaftsprojekt „NEOBIOTA - Bringe Verborgenes ans Licht - Entdecke andere Arten!“ konnte der Verband Deutscher Sporttaucher (VDST) am 14. Oktober die Auszeichnung zum deutschen UN Dekade Jahresprojekt 2015 von Dr. Elsa Nickel, Abteilungsleiterin für Naturschutz im Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit (BMUB), entgegen nehmen. Die Verleihung fand im Rahmen des 7. Nationalen Forums zur biologischen Vielfalt in Berlin statt. Anfang des Jahres erhielt der VDST bereits die Auszeichnung als „offizielles Projekt der UN-Dekade Biologische Vielfalt“ und das Projekt wurde kurz darauf auch zum „Monatsprojekt“

gewählt. Das Bürgerwissenschaftsprojekt wird auf der UN-Dekade-Webseite unter www.undekade-biologischevielfalt.de vorgestellt.

In den letzten Jahrzehnten hat sich unter Wasser einiges getan: fast unbemerkt bekommen einheimische Tiere und Pflanzen Gesellschaft aus weit entfernten Ländern. Ob amerikanische Sonnenbarsche, Ochsenfrösche, chinesische Süßwasserqualen oder Schwebegarnelen und Grundeln aus dem Schwarzen Meer, alle sind heute in deutschen Seen und Flüssen anzutreffen. Sie gehören zu den Neobiota, die in Deutschland nicht heimisch sind, hierher einwanderten oder ausgesetzt wurden.



Auszeichnung auf dem 7. Nationalen Forums zur biologischen Vielfalt in Berlin | Foto: Ute Grabowsky

„Einige dieser gebietsfremden Arten verursachen keine bisher bekannten Schäden“, so Ralph Schill von der Universität Stuttgart und Fachbereichsleiter im VDST, „andere hingegen bedrohen die Artenvielfalt und verursachen ökologische und ökonomische Schäden in Millionenhöhe.“ Um mehr über die Verbreitung und den Einfluss der Neobiota in unseren heimischen Gewässern zu erfahren wurde vom VDST 2005 die Mitmachaktion NE-OBIOTA ins Leben gerufen. Sporttaucher begeben sich dabei als Bürgerwissenschaftler deutschlandweit unter Wasser und beobachten diese nicht-heimischen Pflanzen und Tiere auf ihren Tauchgängen vor Ort.

Unter www.neobiota.info gibt es die Möglichkeit sich über das Aussehen, die Herkunft und Lebensweise von Tieren und Pflanzen zu informieren. Alle Beobachtungen in den heimischen Gewässern werden auf einer Verbreitungskarte angezeigt. Auf der Homepage befinden sich ebenfalls Informationen zu deutschen und internationalen Arbeitsgruppen, die sich mit der Thematik beschäftigen, als auch Veranstaltungshinweise über Vorträge, Seminare und Kongresse.

„Wir wissen viel zu wenig über das Verhalten und die Auswirkungen der neuen Arten bei uns in Deutschland und das wollten wir ändern“, erklärt Ralph Schill. „Dabei haben wir auf unsere Sporttaucher gesetzt! Sie sind die einzigen, die regelmäßig unter die Wasseroberfläche schauen und bei ihren Tauchgängen alle Beobachtungen dokumentieren.“

Das Projekt „Bringe Verborgenes ans Licht - Entdecke andere Arten!“ zeigt sehr anschaulich, dass Wassersportler erfolgreiche Bürgerwissenschaftler und Beobachter sind. Die erfassten Informationen werden dann anschließend von Wissenschaftlern an verschiedenen Universitäten ausgewertet.

Die Auszeichnungen aller UN-Dekade-Projekte finden im Rahmen der Aktivitäten zur UN-Dekade Biologische Vielfalt statt, die von den Vereinten Nationen für den Zeitraum von 2011 bis 2020 ausgerufen wurde. Ziel der internationalen Dekade ist es, den weltweiten Rückgang der biologischen Vielfalt aufzuhalten. Dazu strebt die deutsche UN-Dekade eine Förderung des gesellschaftlichen Bewusstseins in Deutschland an. Möglichst viele Menschen sollen sich von diesen vorbildlichen Aktivitäten begeistern lassen und die ausgezeichneten Projekte als Beispiel nehmen, selbst im Naturschutz aktiv zu werden.

Regine Jahn, BGBM Freie Universität Berlin

Bücher /
Literatur

news

„Die Kunst der Benennung“

Von 1942, mitten im Zweiten Weltkrieg, führt Hitler einen ganz persönlichen Kampf: den Kampf für die Spitzmaus. Biologen, die sich erdreistet hatten, dem irrtümlich als »Maus« bezeichneten Tier einen anderen Namen zu verpassen, drohte er mit einem Arbeitseinsatz an der Ostfront. Um die richtigen Namen für die Natur wird – wenn auch weniger dramatisch – seit jeher gerungen. Entgegen der ausgefeilten Systematik der Tierkategorisierung unterliegt die Namensgebung selbst der Freiheit des Entdeckers und gestaltet sich entsprechend kunstvoll wie kontrovers. Doch wie passt das mit dem Exaktheitsanspruch der Naturwissenschaft zusammen? In einer unterhaltsamen Expedition durch die Geschichte der Naturkunde, durch Museen und Wildnis, eröffnet uns Michael Ohl eine eigentümliche, faszinierende Sprachwelt, die sich von volkstümlichen Bezeichnungen über die Systematisierung bei Linné bis hin zur Genetik stetig weiterentwickelt hat. Er erzählt die Geschichte von waghalsigen Abenteurern und sammelwütigen Sonderlingen und erklärt, warum der Maulwurf

sein Maul bei sich behält und das Marmel-tier pfeift und nicht murmelt. Mit diesem Verständnis des sinnlichen Wechselspiels von Kultur und Natur können wir begreifen, warum die »Diva unter den Pferdebremsen« mit goldenem Hinterteil den Namen von Beyoncé trägt, und was es mit der merkwürdigen Art »Homo sapiens« auf sich hat. Ralph Schill hat sich für die GfBS mit Michael Ohl am Museum für Naturkunde in Berlin über sein Buch unterhalten.

GfBS: Herr Michael Ohl, Sie haben aktuell ein Buch über „Die Kunst der Benennung“ geschrieben. Was fasziniert Sie persönlich an Namen?

Michael Ohl: Als Taxonomen und Systematiker haben wir es mit einer enormen Fülle an unterschiedlichen Dingen zu tun, über die wir Aussagen treffen. Wir bauen komplexe Terminologien auf, um morphologische Strukturen beschreiben zu können, und wir geben Arten und höheren Taxa Namen. Es sind diese Namen als linguistische Elemente, die es uns erlauben, die Welt sprachlich und damit gedanklich zu strukturieren und über sie zu kommunizieren. Namen sind damit ein zentrales, sprachliches Werkzeug, dessen Bedeutung wir uns im Alltag kaum bewusst sind. Darüber hinaus hat sich die Benennungspraxis seit der Mitte des 18. Jahrhunderts kontinuierlich geändert, was einher geht mit einem wachsenden Bewusstsein über den tatsächlichen Umfang der globalen Biodiversität. Taxonomische Namen sind damit Kulminationspunkte unterschiedlicher wissenschaftlicher, sprachlicher und kultureller Ebenen.

GfBS: Sie sind seit 1997 Kurator am Museum für Naturkunde in Berlin, als stellvertretender Leiter des Forschungsbereichs „Sammlungsentwicklung und Biodiversitätsentdeckung“ tätig und machen unter anderem Führungen für Besucher. Welche Bedeutung haben Namen für die Museumsbesucher?

Michael Ohl: Namen sind ja für uns alle ganz zentral, egal ob Besucher oder Wissenschaftler. Schon ein Satz wie „Das ist ein Zebra“ enthält einen taxonomischen Namen, der zwar in der Umgangssprache angesiedelt ist, seine Funktion als sprachlicher Verweis auf ein bestimmtes Objekt aber voll erfüllt. Wann immer wir auf ein Objekt in einem Naturkundemuseum verweisen, um darüber zu berichten, tun wir dies in dieser oder einer ähnlichen Form. Auch viele wissenschaftliche Namen haben inzwischen zudem große Popularität erfahren. *Archaeopteryx*, *Tyrannosaurus rex* und viele mehr sind vielen Menschen gut bekannt.

GfBS: Die Deutsche Gesellschaft für Säugetierkunde hat auf ihrer 15. Hauptversammlung 1942 in Berlin die Spitzmaus und Fledermaus in „Spitzer“ und „Fleder“ umbenannt. Adolf Hitler übersandte darauf eine Anweisung, dass diese Umbenennung umgehend rückgängig zu machen sei. Wie sind sie auf diese und andere Ereignisse in Ihren Recherchen gestoßen?

Michael Ohl: Die Details der anekdotischen Geschichte von „Hitler und die Fledermaus“ hat insbesondere Rainer Hutterer aus dem Museum Alexander Koenig zu-



sammengetragen und publiziert. Die vielen Geschichten und Biografien, die einen großen Teil meines Buches ausmachen, habe ich im Laufe vieler Jahre zusammengetragen. Dennoch waren parallel zum Schreibprozess noch umfangreiche Recherchen notwendig. Insbesondere habe ich mich bemüht, die zahlreichen ungewöhnlichen Namen, über die ich berichte, nicht nur zu nennen, sondern in jedem Fall die Originalbeschreibung nachzulesen, um so der tatsächlichen Motivation des Originalautors auf die Schliche zu kommen. Das Internet ist zwar voll von Listen mit skurrilen Namen, aber die wichtige Information zur ursprünglichen Motivation des Autors fehlt überwiegend. Die primären Quellen zu lesen hat dabei nicht selten überraschende Informationen gebracht.

GfBS: Es gibt in dem Buch so amüsante Anekdoten der Namensbenennung, wie beispielsweise die von der Kamelhalsfliege *Parvoraphidia aphaphlyxte*.

So verwendeten die österreichischen Koryphäen für Kamelhalsfliegen und andere Netzflüglerartige, Ulrike und Horst Aspöck, ihren Wiener Dialekt zur Bildung wissenschaftlicher Namen. Der Name „*aphaphlyxte*“ steht so für „eine Verflixte“. Sind solche Begebenheiten nicht eine Möglichkeit, die Bevölkerung für die Taxonomie mehr zu interessieren?

Michael Ohl: Das ist in jedem Fall so, und gar nicht selten finden solche Namen ja auch den Weg in Pressemitteilungen und dann in populäre Medien. Es liegt vielleicht nicht jedem Artbeschreiber, mit seinen Namen in das Licht der Öffentlichkeit zu treten, aber wer einen Namen veröffentlicht, der möglicherweise auch für das breitere Publikum interessant sein könnte, sollte darüber ruhig die Presse informieren. Dass solche besonderen Namen hin und wieder auch in der Tagespresse erscheinen und Interesse und Bewusstsein wecken, kann der Taxonomie nur nützen.

GfBS: Die meisten Artnamen sind altspachlichen Ursprungs und beinhalten im Namen Beschreibungen von morphologischen Strukturen oder Verbreitungsgebieten. Es gibt aber auch zahlreichen Beispiele in Ihrem Buch über die Entstehung von VIP-Namen wie *Heteropoda davidbowie*, *Heteropoda ninahagen* und *Heteropoda udolindenberg*. Wie sieht die scientific community zu solchen Namen?

Michael Ohl: Da gibt es widersprüchliche Reaktionen. Manch einer hält sie für unseriös, weil sie nur selten einen direkten Bezug zur benannten Art haben.

Oft drücken sie mehr die Leidenschaften des Autors als bestimmte Eigenschaften der Taxa aus. Andererseits generieren solche Namen ziemlich verlässlich ein gewisses Maß an öffentlicher Aufmerksamkeit, und das wissen die meisten Taxonomen durchaus zu schätzen. Selbst wenn sie selber traditionellere Namen bevorzugen.

GfBS: Es gibt noch sehr viele neue Organismen, die auf eine Benennung warten. Werden uns irgendwann die Namen ausgehen?

Michael Ohl: Zuallererst muss man sich bewusst machen, dass nach den internationalen Nomenklaturregeln die Gefahr von Homonymen nur innerhalb von Gattungen besteht. Das bedeutet, dass im Grunde jedes Art-Epitheton vielfach in unterschiedlichen Tiergruppen verwendet werden kann. Aber selbst wenn jeder Namen ein Unikat sein soll, werden die Namen nicht ausgehen. Das ist das Schöne an Sprache. Die Möglichkeit von Neubildungen oder Modifikationen von sprachlichen Elementen ist unbegrenzt. Und die Fantasie der Taxonomen ebenso.

„*Die Kunst der Benennung*“ von Michael Ohl
Verlag Matthes & Seitz Berlin
317 Seiten, 22 Abbildungen

Buch
ISBN: 978-3-95757-089-5
Preis: 29,90 €

eBook (epub)
ISBN: 978-3-95757-134-2
Preis: 24,99 €



17th Annual Meeting
Gesellschaft für Biologische
Systematik (GfBS)

Taxa in Time and Space

21–24 February 2016

www.lmu.de/gfbs2016



staatliche
naturwissenschaftliche
sammlungen bayerns



Bücher /
Literatur

news

„Kulturpflanzen“

Wussten Sie, dass Roggen einmal unser wichtigstes Nahrungsmittel war, fehlendes Brot die Französische Revolution auslöste, es ohne Kartoffel keine Industrialisierung gegeben hätte und Mais die Verelendung ganzer italienischer Landstriche bewirkte? Auch die Krankheiten unserer Kulturpflanzen machten Geschichte. Seit dem frühen Mittelalter gefährdet z.B. ein Pilz, der Halluzinogene produziert, die Roggenernte. Weizen, Kartoffeln, Raps & Co. sind Teil unserer Kultur. Dazu gehört auch die Geschichte ihrer Produkte: Weißbrot, Bier, Whisky, Müsli, Zucker, Speiseöl, Cornflakes, Pommes und Chips.

Kulturpflanzen verändern immer noch unsere Welt. So machen wir nun aus Mais und Raps auch Bioenergie und verarbeiten Kartoffeln zu Kunststoffen.

Dieses Buch präsentiert unsere neun wichtigsten Kulturpflanzen Weizen, Roggen, Gerste, Hafer, Triticale, Mais, Raps, Zuckerrüben und Kartoffeln. Jede von ihnen war eine bedeutende Innovation, ohne die

unser heutiges Leben nicht so satt, zufrieden und sicher wäre.

Ralph Schill hat sich für die GfBS mit Thomas Miedaner über sein Buch „Kulturpflanzen“ unterhalten.

GfBS: Herr Thomas Miedaner, Sie arbeiten an der Universität Hohenheim an der Landessaatzuchtanstalt Baden-Württemberg und haben ein Buch über „Kulturpflanzen“ geschrieben. Es ist aber nicht nur ein botanisches Lehrbuch geworden, sondern beinhaltet gleichermaßen die Kulturgeschichte und die damit verbundenen Innovationen. Was war Ihre Motivation dieses Buch zu schreiben?

Thomas Miedaner: Es fasziniert mich zu sehen, wie durch die menschliche Tätigkeit seit rund 10.000 Jahren unsere Kulturpflanzen überhaupt erst geschaffen wurden. Ich denke, dass es viele Menschen als selbstverständlich hinhinnehmen, aber ohne die Inkulturnahme der Wildpflanzen und ihre tiefgreifende Veränderung durch Auslese und Kreuzungen, wären wir zwangsweise immer noch Jäger und Sammler. Denn von Gräsern, bei denen die Ähren von alleine zerfallen, Mais, der so klein wie ein Wiesengras ist, oder giftigen Kartoffelknollen kann natürlich niemand leben.

GfBS: Es werden von Ihnen die wichtigsten Kulturpflanzen wie Weizen, Roggen, Gerste, Hafer, Triticale, Mais, Raps, Zuckerrüben und Kartoffel in einzelnen, ausführlichen Kapiteln vorgestellt. Welche Kulturpflanze fasziniert Sie am meisten?

Thomas Miedaner: Na ja, da ich selber intensiv mit Roggen arbeite, können Sie sich die Antwort ja denken. Aber durch die Arbeit am Buch habe ich selbst gemerkt, dass es bei jeder Pflanze interessante Besonderheiten gibt.

GfBS: Was hat selbst Sie bei den Arbeiten am Buch im Laufe der Recherchen überrascht?

Thomas Miedaner: Da heute ja viel über das Für und Wider der Gentechnik diskutiert wird und immer das Argument kommt, der Mensch solle nicht „Gott“ spielen, finde ich schon überraschend, wie viele verschiedene Eigenschaften durch die Inkulturnahme (Domestikation) und die Tätigkeit des Züchters ganz konventionell verändert wurden. Das ist viel, viel mehr als die Gentechnik heute vollbringen kann. Nur zwei Beispiele: Triticale ist eine menschengemachte Kreuzung aus Weizen und Roggen, die vor über 100 Jahren von einem Botaniker das erste Mal durchgeführt wurde. Heute ist es ein bedeutendes Getreide und niemand spricht mehr darüber, dass es in der Natur nicht vorkommt. Oder: Der riesige Maiskolben von heute ist erst durch die Auslese der Urbevölkerung von Mittel- und Südamerika aus einem unscheinbaren Wildgras mit nur wenigen Körnern, die in einer steinharten Schale sitzen, entstanden. Dabei wurden Varianten entwickelt, bei denen mehr Schlüsselgene gegenüber der Wildpflanze verändert sind, als heute in der Gentechnik überhaupt machbar wäre.



GfBS: Die Liste mit Kulturpflanzen kann man sicherlich noch verlängern. So hat die Baumwolle über lange Zeit die Weltgeschichte beeinflusst und die heutige Gesellschaft wäre ohne die weissen Fasern wohl nicht denkbar. Das gleiche gilt für Reis, der bereits vor rund 10 000 Jahren in Südost-Asien angebaut wurde. Werden Sie weiter an diesen Themen arbeiten?

Thomas Miedaner: Sie haben völlig Recht. Dann gibt es da noch tropische Knollenpflanzen wie Maniok oder Yams, Obstarten wie Banane und Ananas und nicht zu vergessen die

Genusspflanzen, von denen wir heute alle abhängen: Kaffee und Tee. Von den Verbotenen (Mohn, Hanf, Koka) ganz zu schweigen. Lust hätte ich also schon, eine Fortsetzung zu schreiben. Aber es hängt natürlich auch immer am Absatz eines solchen Buches. Und der lässt den Verlag nicht immer jubeln.

GfBS: Bundesumweltministerin Barbara Hendricks stellte vor wenigen Wochen das Handlungsprogramm „Naturschutz-Offensive 2020“ vor, das zehn Handlungsfelder und 40 konkrete Maßnahmen zur Umsetzung der nationalen Strategie biologische Vielfalt der Bundesregierung beinhaltet. Die landwirtschaftlich genutzten Kulturlandschaft stehen dabei im Fokus. Sie haben sich jetzt intensiv mit der Vergangenheit, Gegenwart und den Perspektiven beschäftigt. Wie sollte unsere zukünftige Landwirtschaft aussehen?

Thomas Miedaner: Um die sieben Milliarden Menschen zu ernähren, die es heute gibt, bzw. die über neun Milliarden, mit denen wir in 35 Jahren rechnen, ist eine nachhaltige, aber intensive Landwirtschaft erforderlich. Die Pflanzenzüchtung stellt dafür immer neue Sorten mit immer besseren Eigenschaften zur Verfügung, die z.B. besser an den Klimawandel angepasst sind. Dafür braucht sie biologische Vielfalt, die sie teils selbst durch Kreuzung erzeugt und teils durch so genannte Genetische Ressourcen nutzt, das sind Formen, die nicht unmittelbar als Sorte eingesetzt werden können, aber wertvolle Eigenschaften enthalten.

Diese natürliche Biodiversität müssen wir also auch erhalten. In Deutschland haben wir im Moment die Grenze der Intensivierung erreicht. Da ist dann auch Raum für blühende Ackerrandstreifen, vielfältig bepflanzte Ausgleichsflächen, Hecken und Waldsäume, die miteinander vernetzt sind. Das Grünland, das wir derzeit haben, sollte unbedingt als wertvoller Lebensraum erhalten bleiben und wir hätten weniger Probleme in der Landwirtschaft, wenn die Fruchtfolgen entzerrt würden, also nicht immer nur Weizen und Mais angebaut würden. Das könnte auch zu weniger Pflanzenschutz führen und damit größerer Nachhaltigkeit.

*„Kulturpflanzen“ von Thomas Miedaner
Springer Spektrum
263 Seiten, 134 illus., 17 in Farbabbildungen*

*Buch im Softcover
ISBN: 978-3-642-55292-2
Preis: 24,99 €*

*eBook (epub)
ISBN: 978-3-642-55293-9
Preis: 19,99 €*

Bücher /
Literatur

news



„Wasser Natur Mensch Kenia“

In der kleinen, broschürten Ausgaben von „Wasser Natur Mensch Kenia“ zeigt der Biologe, Fotograf und Autor Fabian Haas künstlerische und wissenschaftliche Momentaufnahmen aus Kenia. Er arbeitete über viele Jahr in Nairobi am „International Centre of Insect Physiology and Ecology“ und unternahm von dort aus zahlreiche Reisen an der Küste des indischen Ozeans und Ufern der ostafrikanischen Seen. Dabei prägten ihn die Erlebnisse in der Natur abseits der Touristenströme und vor allem die vielen Begegnungen mit den Menschen. Das Thema Wasser war dabei immer allgegenwärtig und der Zugang zu diesem entscheidet über Leben oder Tod.

Ob pinkfarbener „Teppich“ aus Flamingos am Bogoriasee im östlichen Bereich des ostafrikanischen Grabens oder der fast mondlandschaftsähnliche Amboseli Nationalpark während der Dürre im Jahre 2009 - Fabian Haas Fotos fangen diese Augenblicke auf ganz neue Art und Weise ein!

„Wasser Natur Mensch Kenia“ von Fabian Haas mit Beiträgen von Ulrich Werner Schulze und Bettine Reichelt

Books on Demand
76 Seiten, 48 in Farbbildungen

Buch im Softcover
ISBN: 9783738621396



Liliane E. Petri; Orlando Petri

Schimmelpilze und deren Bestimmung

2015. 4. neu bearbeitete und erweiterte Auflage, VII, 213 Seiten, 37 Abbildungen, 12 Tabellen, 23 x 14 cm

ISBN 978-3-443-50039-9, brosch., 44.80 €
www.borntraeger-cramer.de/9783443500399



Plant, John D.; Paulus, Hannes F. Evolution and Phylogeny of Bees

Review and Cladistic Analysis in Light of Morphological Evidence (Hymenoptera, Apoidea) (Zoologica, Vol. 161)



2015. 366 Seiten, 232 Abbildungen, 49 Tabellen, 32 x 24 cm

ISBN 978-3-510-55048-7, bound, 169.– €
www.borntraeger-cramer.de/9783510550487



Lucien F. Trüb

Pflanzliche Naturstoffe

Wie Pflanzenprodukte unseren Alltag prägen

2015. 189 Seiten, 78 Abbildungen, 24 x 17 cm

ISBN 978-3-443-01084-3, brosch., 24.80 €
www.borntraeger-cramer.de/9783443010843



Syllabus of Plant Families –

A. Engler's Syllabus der Pflanzenfamilien Part 4

Pinopsida (Gynospers) Magnoliopsida (Angiosperms) p.p.: Subclass Magnoliidae [Amborellanae to Magnolianae, Lilianae p.p. (Acorales to Asparagales)]. Orchidaceae

Ed.: Eberhard Fischer; Wolfgang Frey; Inge Theisen

2015. 13. edition, XI, 495 pages, 2 tables, 127 mostly coloured figures, 25 x 17 cm

ISBN 978-3-443-01087-4, bound, 139.– €

www.borntraeger-cramer.de/9783443010874



Syllabus of Plant Families –

A. Engler's Syllabus der Pflanzenfamilien Part 2/1

Glaucocystophyta, Cryptophyta, Dinophyta/Dinzoa, Haptophyta, Heterokontophyta/Ochrophyta, Chlorarachniophyta/Cercozoa, Euglenophyta/Euglenozoa, Chlorophyta, Streptophyta p.p.

Ed.: Wolfgang Frey

2015. X, 324 pages, 67 figures, 25 x 17 cm

ISBN 978-3-443-01083-6, bound, 89.– €

www.borntraeger-cramer.de/9783443010836



Senckenbergs verborgene Schätze

Über das Sammeln und Forschen

Hrsg.: Sabine Mahr; Thorolf Müller; Birgit Walker

2015. 135 Seiten, 1 Abbildung, 101 Photos, durchgehend farbig, 20 x 22 cm (Kleine Senckenberg-Reihe, Band 56)

ISBN 978-3-510-61405-9, brosch., 14.90 €
www.borntraeger-cramer.de/9783510614059



StadtNatur im Wandel – Artenvielfalt in Frankfurt am Main

Hrsg.: Indra Starke-Ottich; Dirk Bönsel; Thomas Gregor; Andreas Malten; Christina Müller; Georg Zizka

2015. 276 Seiten, 229 Abbildungen, 9 Tabellen, 21 x 15 cm (Kleine Senckenberg-Reihe, Band 55)

ISBN 978-3-510-61404-2, brosch., 19.90 €
www.borntraeger-cramer.de/9783510614042



Schweizerbart · Borntraeger

Johannesstr. 3a, 70176 Stuttgart, Germany. Tel. +49 (711) 351456-0 Fax. +49 (711) 351456-99
order@schweizerbart.de www.schweizerbart.de

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Newsletter der Gesellschaft für Biologische Systematik](#)

Jahr/Year: 2015

Band/Volume: [31](#)

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: [Newsletter der Gesellschaft für Biologische Systematik 31 1-52](#)