

GfBS

38 ■ 2020

newsletter



GfBS

Gesellschaft für
Biologische Systematik

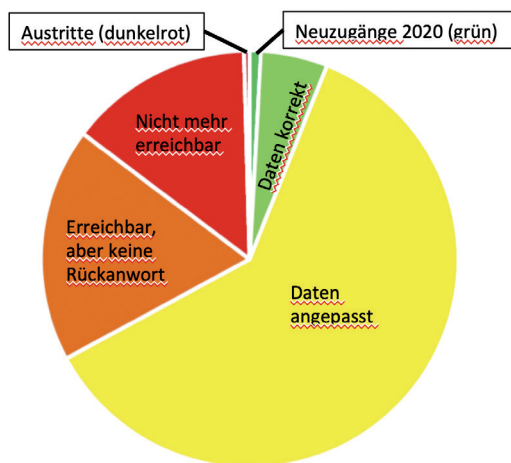
Organismen Diversität Evolution

Aktualisierung unserer GfBS-Mitgliederliste

Liebe Mitglieder,

Unsere Gesellschaft besteht aus höchst „vagilen“ Mitgliedern, deren Erreichbarkeit sich durch Wegzug und Adressänderungen stark einschränkt. Man kennt das von den Umzügen von einem Wohnort zum anderen. Man muss vielen Freunden, Familie und auch Organisationen die neue Adresse mitteilen. Das gleiche Problem gilt dann auch für den beruflichen Ort. Das wird dann schnell mal vergessen. Wir haben deswegen eine ausführliche Recherche und Mitgliederbefragung in den letzten Monaten durchgeführt, um unsere Mitgliederliste zu aktualisieren und damit auch eine optimale Betreuung gewährleisten zu können.

Die Abbildung zeigt, dass tatsächlich über die Hälfte unsere Mitglieder (in gelb gehalten) ihren veränderten Status, Adresse oder sonstiges in der Vergangenheit nicht mitgeteilt hat. Nur ein kleiner Prozentsatz (grün) teilte Veränderungen mit, oder musste nie die hinterlegten Daten aktualisieren. Leider existiert immer noch ein großer Prozentsatz, den wir gar nicht erreichen können. Wir hoffen, dass wir mit dieser Aktualisierung unsere Mitglieder noch besser ansprechen können, und dass somit alle ihre Vorteile als Mitglied besser nutzen können.



Und wir freuen uns natürlich, falls Sie zu der roten oder orangenen Kategorie gehören, wenn Sie sich doch noch bei der Geschäftsstelle melden, oder Ihre Daten ändern unter www.gfbs-home.de/ueber-uns/mitglied-werden-formular.

Mit herzlichen Grüßen

Heike Wägele & Cathrin Pfaff

Umschlagsfoto: Drachenschlangenkopffisch *Aenigmachanna gollum* | Foto: Ralf Britz.

Herausgeber:

Gesellschaft für Biologische Systematik e.V. (GfBS), Museum für Naturkunde Invalidenstr. 43, D-10115 Berlin

Geschäftsführerin: Cathrin Pfaff
Universität Wien, Abteilung für Paläontologie
Geozentrum, UZA II, Althanstrasse 14,
A-1090 Wien

Tel.: +43-1-4277/535 21

Fax: +43-1-4277/9535

eMail: info@gfbs-home.de,

Internet: www.gfbs-home.de

Schriftleiter: Ralph O. Schill (verantwortlich)
Gerstenmühlstr. 3/2, D-72070 Tübingen
eMail: newsletter@gfbs-home.de

Druck: Printzipia, eine Marke der
bonitasprint gmbh, Würzburg

Für unverlangt eingesandte Manuskripte, Fotos, Dias, Bücher usw. wird nicht gehaftet. Die gesamte Zeitschrift einschließlich aller ihrer Teile ist urheberrechtlich geschützt, soweit sich aus dem Urheberrechtsgesetz und sonstigen Vorschriften nichts anderes ergibt. Jede Verwertung ist ohne schriftliche Zustimmung des Verlages 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. Der „GfBS Newsletter“ ist das Mitglieder-magazin und das offizielle Organ der Gesellschaft für Biologische Systematik e.V. (GfBS). Er erscheint zweimal jährlich. Der Bezug des „GfBS Newsletter“ ist im Mitgliedsbeitrag der Gesellschaft enthalten.

ISSN 1867-6766 (Printausgabe)

ISSN 1867-6774 (Internetausgabe)

Liebe GfBS-Mitglieder,

wie die Zeit vergeht... Im GfBS Newsletter 27 wird das erste Mal das große German Barcode of Life-Verbundprojekt, kurz GBOL, erwähnt. Das Thema stand bereits im Mittelpunkt der 13. GfBS-Jahrestagung am Zoologischen Forschungsmuseum Alexander Koenig in Bonn vom 23.-25. Februar 2012. Nachdem in der ersten Phase (2012-2015) vornehmlich an der Erstellung der Referenzdatenbank gearbeitet wurde, wurden in der zweiten Projektphase (2016-2018) ganz gezielt einzelne, praxisorientierte Anwendungen von DNA Barcoding entwickelt. Mit GBOL III: Dark Taxa geht es jetzt in die dritte Runde zur Verbesserung der Größe und der Qualität der deutschen DNA-Barcode-Referenzbibliothek, zur Erforschung der Dark Taxa mit einem integrativen taxonomischen Ansatz und Ausbildung einer neuen Generation von Taxonomen. Mehr über GBOL III erfahren sie von Stefan Schmidt und Axel Hausmann (SNSB-Zoologische Staatssammlung München), Ralph S. Peters (Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig, Bonn), Lars Krogmann und Michael Haas (Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart) in diesem GfBS Newsletter.

Ich wünsche Ihnen im Namen der GfBS geruhsame Feiertage und einen guten Start ins neue Jahr 2021. Bleiben Sie gesund!



Ralph O. Schill



Foto: privat.



Liebe GfBS-Mitglieder,

zu Beginn des Jahres 2020 konnte noch keiner ahnen, dass es als Jahr einer Pandemie zu Ende gehen würde, die uns alle vor enorme Anforderungen und Einschränkungen gestellt hat. Um diese Zeit, wo Sie das Heft in der Hand halten, waren vor einem Jahr aus China Meldungen über ein neuartiges Virus aufgetaucht, eines Virus, der das Gesundheitssystem einiger Länder Europas drei Monate später an die Belastungsgrenze führte. Mich hat daran überrascht und dann tief bewegt, dass ein lokales Ereignis eine globale Krise auslösen konnte. Eine Krise, die ihren Ausgang durch die Übertragung eines von Tieren stammenden Virus auf den Menschen nahm, eine typische Zoonose. Nicht wenige Stimmen haben darauf hingewiesen, dass ein Zusammenhang zwischen der Zunahme viraler Zoonosen und der Biodiversitätskrise besteht. Hierbei kommt invasiven Arten, die als Vektoren für Krankheitserreger dienen, eine besondere Bedeutung zu. So lenkt auch diese Krise die Aufmerksamkeit auf die Artenexperten, die die Grundlage für die Identifizierung von Arten legen und Experten für deren Biologie sind. Sie werden in den kommenden Wochen einen Fragebogen erhalten, mit dem sich der Vorstand unserer Gesellschaft einen Überblick über die Artenexperten im deutschsprachigen Raum schaffen will. Im Namen unserer Gesellschaft bitten wir Sie, diesen Fragebogen zu bearbeiten. Der Fragebogen wird

auch über die mailing Listen anderer Fachgesellschaften versandt werden, so dass Sie ihn möglicherweise mehrfach erhalten.

Die Erinnerung an den Beginn dieses Jahres lenkt auch noch einmal den Blick zurück auf die Tagung in Hamburg und den damit verbundenen persönlichen Kontakt und die vielen Begegnungen in kleiner Runde. Alles das wird im kommenden Frühjahr nicht möglich sein. Dennoch hat der Vorstand beschlossen, auch 2021 eine Tagung stattfinden zu lassen. Vom 1. März bis zum 4. März 2021 wird die Tagung im virtuellen Raum stattfinden, gehostet vom ZOOM-Server der Universität Bonn. Die Tagung wird jeweils von 9-12 Uhr vormittags durchführt, wobei jeder Tag mit einem Hauptvortrag beginnt, dem dann Kurzvorträge folgen. Die Vorstandssitzung findet am 4. März 2021 im Anschluss an die Tagung statt. Sowohl die Rensch-Preis-Verleihung als auch die Verleihung der Preise für die besten Vorträge unseres Nachwuchses werden im Rahmen dieser Tagung vergeben. Die Idee, die Tagung nur vormittags stattfinden zu lassen, trägt dem Umstand Rechnung, dass das Alltagsgeschäft weiterläuft und wir alle als verfügbar gelten, weil wir ja vor Ort sind. Der Vorstand hatte sich daher überlegt, dass sich eine halbtägliche online durchgeführte Tagung besser mit dem Alltagsgeschäft vereinbaren lässt.

Wir hoffen auf eine rege Teilnahme und viele Anmeldung insbesondere aus dem Kreis unseres Nachwuchses.

In der Vorphase der Tagung haben wir die Programmierung einer generellen Tagungsanmeldung über die Webseiten der GfBS initiiert. Unsere Webseiten wurden in den vergangenen Monaten erheblich überarbeitet, so dass jetzt auch die Mitgliedschaft über die GfBS-Seite beantragt werden kann. Es lohnt sich auf alle Fälle ein Besuch unserer Internetseiten.

Mit diesem Grußwort wünsche ich Ihnen im Namen des Vorstandes einen Jahreswechsel mit nur wenigen Besuchseinschränkungen und alles Gute für das Jahr 2021 – möge es als Jahr einer erfolgreichen Bekämpfung der Pandemie in Erinnerung bleiben.

Ihr
Thomas Bartolomaeus



Thomas Bartolomaeus | Foto: privat.

GfBS Homepage

Deine Gesellschaft online

Liebe GfBS Mitglieder,

unsere Gesellschaft besteht nun seit fast 25 Jahren und auch unsere Webseite (www.gfbs-home.de/ueber-uns) hat bereits seit vielen Jahren Bestand. Während zu Beginn des Bestehens unserer Gesellschaft der Newsletter unsere wichtigste Informationsquelle darstellte, wurde es auch bald immer mehr die Webseite. Digitale Plattformen zu pflegen und immer auf dem neuesten Stand zu halten, ist allerdings auch sehr zeit- und kostenaufwändig. Auf Grund der Corona Pandemie werden diese digitalen Verbreitungsformen nun aber noch wichtiger. Selbst unsere Tagung im März wird ja eine virtuelle sein (www.gfbs-home.de/tagungen/gfbs-jahrestagungen). Aus diesen Gründen sind wir in den letzten Monaten dabei unsere Webseite zu aktualisieren, auf einen moderneren Stand zu bringen, und vor allem sie auch für englischsprachige Kollegen verständlich zu machen. Damit wollen wir vor allem unseren internationalen Mitgliedern gerecht werden, auch wenn wir sicherlich in erster Linie eine Gesellschaft des deutschsprachigen Raumes bleiben werden.

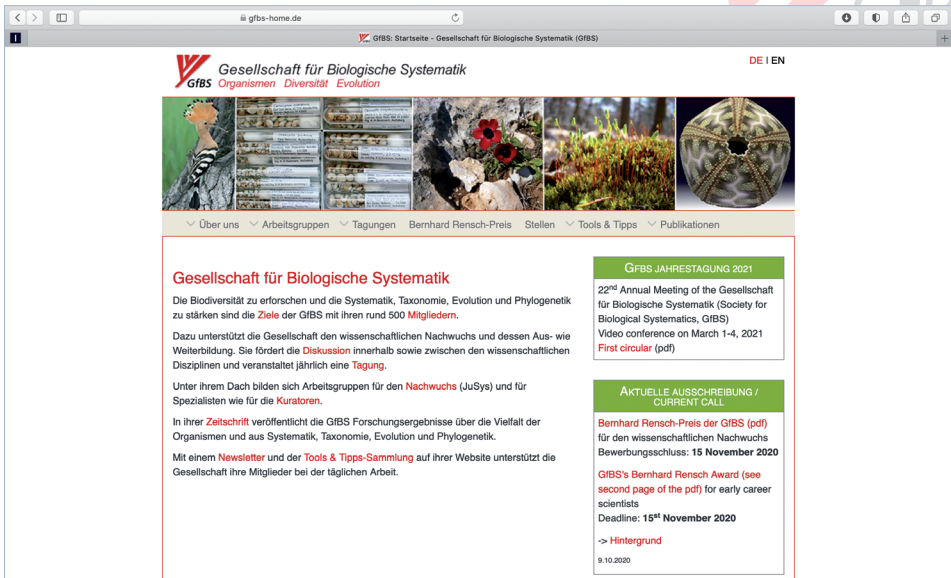
Unsere Webseite informiert, neben unserer aktuellen GfBS Jahrestagung, auch über weitere Workshops oder Tagungen (www.gfbs-home.de/tagungen). Weiterhin versuchen wir interessante Stellen auf unserer Stellenangebotsseite (www.gfbs-home.de/stellen) zu inserieren.



Natürlich verbreiten wir viele dieser Nachrichten auch über unseren Listserver. Über die Webseite können Sie allerdings jederzeit wieder auf viele relevante Informationen zurückgreifen.

Seit vielen Jahren vergeben wir den Bernhard-Rensch Preis für herausragende Doktorarbeiten. Die aktuelle Ausschreibung finden Sie hier: (www.gfbs-home.de/bernhard-rensch-preis).

Es ist fast nicht mehr möglich, alle Informationen zum Nagoya Protokoll und den Auswirkungen auf unsere Arbeiten zu sammeln und gebündelt zur Verfügung zu stellen (www.gfbs-home.de/tools-tipsps). Trotzdem finden Sie unter dem Reiter ‚Tools und Tipps‘ Interessantes und Hilfreiches für taxonomisches Arbeiten, als auch relevantes im Bereich der Biodiversitätsforschung. Wir versuchen diese Seite nun auch aktueller zu halten und mehr Informationen zu bieten.



Vielen ist vermutlich nicht bewusst, dass sie auf der Webseite kostenlosen Zugang zu allen Artikeln unserer Fachzeitschrift *Organism, Diversity and Evolution* (www.gfbs-home.de/publikationen/organisms-diversity-evolution-ode-archives) haben – ausgenommen die der letzten 2 Jahre. Hierzu sollten sie einen Zugang über ein Passwort direkt bei Springer haben, bzw. bekommen in den kommenden Wochen einen zugesandt. Weiterhin haben Sie Zugriff auf alle 37 Newsletters (www.gfbs-home.de/publikationen/gfbs-newsletter-alle-ausgaben), die seit 1998 veröffentlicht wurden. Hier möchte ich auch ein spezielles Dankeschön an Ralph Schill aussprechen, der diesen seit vielen Jahren mit viel Elan und Enthusiasmus herausbringt.

Wir freuen uns über weitere Anregungen und Hinweise auf Fehler in unserer Homepage. Auch unsere Webseite lebt von Ihrem Input.

Mit besten Grüßen,
Heike Wägele

Stellungnahme der Gesellschaft für biologische Systematik

Die Gesellschaft für Biologische Systematik (GfBS) begrüßt das Grobkonzept für ein nationales Monitoringzentrum zur Biodiversität der Bundesregierung

Die darin definierten Eckpunkte, eine bundesweite Monitoringpraxis auf Basis vorhandener Monitoringprogramme zu bestimmten Artengruppen und Lebensräumen voranzubringen, durch fehlende Komponenten zu ergänzen und langfristig zu sichern, wird als eine wichtige Aufgabe angesehen, um ein bundesweites Biodiversitätsmonitoring mit darauf aufbauenden Handlungsoptionen zum nachhaltigen Biodiversitätsschutz zu gewährleisten. Die enge Verschneidung verschiedener Ressorts (BMU, BMEL, BMBF), wie im Konzept erwähnt, aber auch von weiteren Akteuren, wie BMVI und BMWI, ist hierbei von immenser Bedeutung und kann ein Meilenstein zum Biodiversitätserhalt in Deutschland darstellen.

Zur Schaffung einer möglichst umfangreichen und statistisch belastbaren Datengrundlage, um kurzfristige, mittelfristige und langfristige Analysen zu Ursachen und Wirkung von Biodiversitätsveränderungen bereitstellen zu können, die es auch erlauben, Handlungsmöglichkeiten und Schutzmaßnahmen, sowie nachhaltige Biodiversitätsnutzung aufzuzeigen, bedarf es eines Kraftaktes, um bestehende Strukturen zu vernetzen. Hierbei sollte berücksichtigt werden, dass bereits sehr viel Wissen vorhanden ist, dass jedoch nicht digital zur Verfügung steht, z.B. in den naturkundlichen Museen Deutschlands, die lange Zeitreihen über Arten und deren Vorkommen beherbergen.



Bundesministerium
für Umwelt, Naturschutz
und nukleare Sicherheit

Stand: 30.09.2020

Grobkonzept für das nationale Monitoringzentrum zur Biodiversität

Entwurf BMU

Inhalt

A.

Einführung

2

I.

Ziel des Grobkonzepts

2

II.

Zusammenfassung der Kernpunkte

2

B.

Aufgaben

4

I.

Bundesweites Biodiversitätsmonitoring koordinieren, weiterentwickeln und somit die Umsetzung befördern

4

II.

Monitoringpraxis und Monitoringforschung zusammenbringen

5

III.

Datenerhaltung und Datenmanagement weiterentwickeln

8

IV.

Monitoringdaten aus bestehenden Monitoringquellen aufbereiten und für die Monitoring-Akteure, die Öffentlichkeit und Politik bereitstellen

9

V.

Vernetzen, Befähigen und Fördern

10

VI.

Zentral und transparent informieren

12

VII.

Zusammenarbeit auf europäischer und internationaler Ebene

12

C.

Struktur des nationalen Monitoringzentrums

12

I.

Zentrale

13

II.

Ressortübergreifendes Steuerungsgremium

14

III.

Grundsatz-Fachgremium

14

IV.

Fachgremien

14

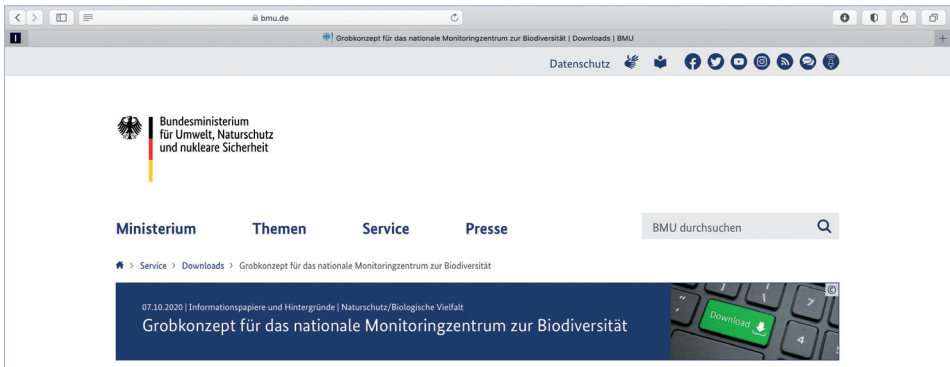
V.

Wegweisende Meilensteine

15

1 von 15 | www.bmu.de

Ferner sollte ein Augenmerk darauf gelegt werden, dass das momentan neu finanzierte Projekt zur Schaffung einer Nationalen Forschungsdateninfrastruktur zur Biodiversitätsforschung (NFDI4BioDiv) bereits eine Zusammenführung von Daten verschiedenster Akteure im Bereich der Biodiversitätsdatenerhebung und -nutzung darstellt und es gelten sollte, Doppelungen zu vermeiden. NFDI4BioDiv wird in Pilotprojekten Datenbanken von Citizen Scientist-Datenbanken, Landesämtern und wissenschaftlichen Datenhaltern vernetzen und open-access verfügbar



machen, wo dies gewünscht und möglich ist. Hier wäre eine enge Zusammenarbeit wünschenswert, um Doppelungen zu vermeiden, bzw. Lücken zu identifizieren, mit Schließung derer ein allgemeiner Mehrwert generiert werden kann.

Komponenten, die langfristig im Bereich des Biodiversitätsmonitoring fehlen, sind, z.B. dagegen Langzeitfinanzierungen diverser Monitoringprojekte, z.B. dem Pollenmonitoring (Deutscher Polleninformationsdienst), der AMMOD-Stationen (Automated Multisensor Stations for the Monitoring of Species Diversity), Dauerbeobachtungsflächen in Naturschutzgebieten und insbesondere nach Biodiversitätslangzeitbeobachtungen nach Renaturierungsmaßnahmen. Ein regelmäßiges, langfristig angelegtes Monitoring, nicht nur in Schutzgebieten und in Bezug auf besonders geschützte Arten ist wichtig, um den Einfluss menschlichen Handels auf sich in Raum, Zeit und Anzahl verändernde Arten und Prozesse besser zu verstehen.

Die GfBS unterstützt die Idee, dass Grundlagenforschung zum Monitoring von Biodiversität außerhalb des Zentrums stattfinden soll, damit diese kurzfristig, immer am Zahn der Zeit und aufgrund von neuesten internationalen Entwicklungen erfolgen kann. Diese muss allerdings bei Erfolg auch langfristig angelegt sein, um Erfahrungen aufzubauen und zu tradieren. Auf diese Weise sind Innovationen möglich, die bessere Alternativen zu traditionellen Standards des Monitorings werden können. Wichtige Forschungsbereiche sehen wir insbesondere im Bereich des Biodiversitätsverlustes, der Biodiversitätsveränderungen durch veränderte Landnutzung und den Klimawandel und die Monitorierung von invasiven und einwandernden Arten mit ihrem Einfluss auf hier etablierte Ökosysteme.

Experimentelle Ansätze zur Erforschung der Ursachen von Veränderungen und zur Analyse positiver Effekte von Maßnahmen sollten von unabhängiger

Wissenschaft entwickelt und realisiert werden. Die Komplexität der Wechselwirkungen (Ökosystem-Landwirtschaft-Märkte-Politik) erfordert stark interdisziplinäre Kooperation, was bislang in dieser Form in Deutschland fehlt.

Die Effizienz von Maßnahmen zum Biodiversitätsmonitoring kann außerdem durch einen stärkeren Wissenstransfer zwischen Wissenschaft, Behörden, Praxis und Ehrenamt, aber auch über Ländergrenzen hinweg (z.B. erfolgreich/erfolglos, teuer/billig, technisch aufwändig/einfach, kurzfristig/langfristig) gesteigert werden, indem Erkenntnisse und Erfahrungen (Erfolge und Misserfolge) in deutscher Sprache (z.B. ähnlich der ANL Fachinformationen in Bayern, die jedoch keine Misserfolge dokumentieren) stärker ausgetauscht und dokumentiert werden. Eine Finanzierung von Methodenentwicklungen zum Biodiversitätsmonitoring wird momentan z.B. im Bereich des BMBF-geförderten FONA-Programmes gewährleistet, dass jedoch im Bereich des schnellen Biodiversitätswandels gestärkt werden sollte, damit neue Technologien schneller standardisiert zum Einsatz kommen können.

Die GfBS würde eine Einführung zu innerdeutschen Berichtspflichten zu Biodiversitätsveränderungen begrüßen, wie sie auch für europäische Richtlinien gelten.

Die Ausbildung von Akteuren (Wissenschaftlern, Biostatistikern, das Lebenslanges Lernen von Citizen

Scientists), die das Biodiversitätsmonitoring organismisch begleiten und bewerten, wird einer großen Bedeutung beigemessen. Biodiversitätsmonitoring braucht die Ausbildung von Artenkennern. Es gibt zwar derzeit BMU-Projekte wie das Projekt FörTax für den Bereich der Citizen Scientists und freischaffenden Kartierern, damit ist aber keine Langfristigkeit und Nachhaltigkeit gegeben. Es fehlt ein Anreiz für die Etablierung geeigneter Lehrbereiche an den Universitäten. An vielen Universitäten in Deutschland ist vertiefte Artenkenntnis nicht mehr im Curriculum enthalten. Dies ist insbesondere zu bedauern, da durch KI, implementiert in diverse Apps wie FloraIncognita, PlantNet, Naturgucker etc. Artidentifikationen erleichtert wird, die jedoch in vielen Organismengruppen (die häufig die wichtigen für das Monitoring sind) zu Fehlinterpretationen führen. Hier die universitäre Ausbildung zu fördern, wo und in welcher Form Wissen zur korrekten Artidentifikation benötigt, zu finden und anzuwenden ist, sollte wieder ein wichtiger Bestandteil der universitären Ausbildung von Biologen werden.

Das neu zu etablierende Monitoringzentrum sollte ein spezifisches Augenmerk darauf haben, welche Akteure wo und in welchem Wissensstadium zur Verfügung stehen bzw. ausgebildet werden, um Lücken zu identifizieren und dementsprechend die Ausbildung von Spezialisten zu fördern.

Eingereicht im BMU 21.10.2020

Birgit Gemeinholzer, Heike Wägele, Wolfgang Wägele und Thomas Bartolomaeus

Pflanzen, Pilze, Algen: Die ganze Vielfalt auf einen Klick

Ein Plädoyer für die rasche Digitalisierung von Deutschlands Herbarien

Alle Belege einer Art mit einer einzigen Suche finden; eine Sammlung nach Sammler, Fundort oder Jahr durchsuchen können; Literatur oder DNA-Sequenzen stabil mit Belegen verknüpfen: Nicht erst seit diesem Jahr, in dem Gastaufenthalte, Forschungsreisen und Gelegenheiten zum wissenschaftlichen Austausch pandemiebedingt auf große Herausforderungen stoßen, wünschen sich Fachleute unterschiedlichster Disziplinen einen umfassenden digitalen Zugang zu naturkundlichen Sammlungen. Deutsche botanische Sammlungen, die mit einer langen Geschichte der Kooperation aufwarten können, haben nun dargelegt, wie man mit der vollständigen Digitalisierung von Deutschlands Herbarien in relativ kurzer Zeit und mit überschaubarem Aufwand eine vielseitig nutzbare Dateninfrastruktur schaffen kann.

Community einigt sich auf Vorgehen

Am 1. Februar 2019 fand am Botanischen Garten und Botanischen Museum Berlin der bereits dritte Workshop zur Herbardigitalisierung statt. Fast 40 Vertreterinnen und Vertreter deutscher botanischer Sammlungen tauschten sich darüber aus, was eine Infrastruktur botanischer Sammlungen leisten soll und wie sie technisch und organisatorisch auf die Beine gestellt werden kann. Ein besonderer Fokus lag in diesem Jahr auf Forschungsansätzen und Nutzungsszenarien, die durch eine solche digitale Erschließung Wirklichkeit werden können.



Das vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderte Virtuelle Herbarium Deutschland (VH/de) (<http://www.gbif.de/de/virtuelles-herbarium-online>) ist eines von etlichen öffentlich geförderten Projekten, die den Weg dafür bereitet haben, heute potente Informationsinfrastrukturen für digitale Sammlungen bauen zu können. Die eigentliche Digitalisierung muss allerdings größtenteils noch stattfinden.

Ziemlich genau ein Jahr später lagen diese Überlegungen zusammen mit einer soliden Datenerhebung zum Status deutscher Herbarien als Open Access-Publikation vor. Im Artikel „A complete digitization of German herbaria is possible, sensible and should be started now“ (Borsch et al. 2020, <https://riojournal.com/article/50675/>) plädieren 51 Vertreterinnen und Vertreter von 30 botanischen Institutionen für die rasche Digitalisierung von Deutschlands Herbarien. Die Gründe, mit den Herbarien anzufangen, sind sowohl wissenschaftlicher als auch praktischer Natur:

- Herbarien enthalten zu einem weit überwiegenden Anteil flache Objekte

(Pflanzen, Pilze und Algen), die sich gut für die Massendigitalisierung eignen. Dies zeigen Erfahrungen aus anderen Ländern (z.B. Australien, Frankreich, Niederlande), die ihre Herbarien mit Hilfe entsprechender Förderprogramme bereits vollständig digitalisiert haben.

- Aufgrund der großen Zahl von Herbarbelegen in deutschen Sammlungen kann hiermit die größte taxonomische und geographische Abdeckung durch einen einzelnen Objekttyp erreicht werden.

- Als dauerhaft konservierte Objekte mit einer zentralen Rolle in den Forschungsworkflows der Institutionen eignen sich Herbarbelege besonders als „Anker“ für verknüpfte Informationen. So soll eine nationale virtuelle Forschungsinfrastruktur entstehen, die die modernen Möglichkeiten der semantischen Anreicherung für neue Forschungsansätze verfügbar macht und sich durch entsprechende Standards nahtlos in internationale Initiativen zur digitalen Sammlungserschließung einfügt.

Forschungs- und Nutzungsszenarien

Welches sind nun konkret die Forschungsanliegen, die eine solche Infrastruktur nötig machen? Seit dem Bericht des Weltbiodiversitätsrates vom Mai 2019 (<https://ipbes.net/global-assessment>) hat der atemberaubende Verlust der Biodiversität breitere Aufmerksamkeit erhalten. Maßnahmen zur Eindämmung des Verlusts an Lebensräumen und des Massenaussterbens von Arten greifen bisher nur ungenügend, auch im Lichte fundamentaler Konflikte etwa im Bereich Landnutzung. Es muss daher alles daran gesetzt werden, die Erforschung der Artenvielfalt zu beschleunigen, um Maßnahmen priorisieren zu können. Dazu gehört neben der Neu-Entdeckung

von Arten auch deren überprüfbare, sichere Bestimmung – dies wird durch Belege in Sammlungen geleistet. Die digitale Verfügbarkeit naturkundlicher Sammlungen und damit verknüpfter Information machen die Erforschung der Biodiversität und taxonomische Bearbeitungen erheblich effizienter – und damit die Erstellung von Artinventaren wie Floren und Checklisten, die eine essentielle Grundlage für Naturschutzplanungen und -bemühungen aller Art sind.

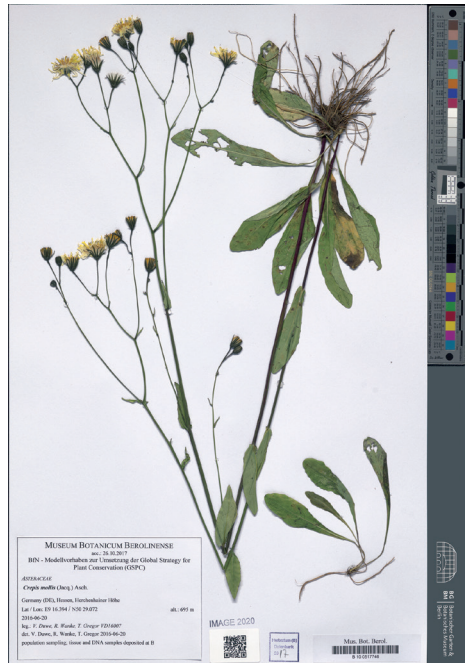
Darüber hinaus ermöglicht die Zugänglichkeit von belegbasierten Biodiversitätsdaten und Bilddaten für Big Data-Analysen und Künstliche Intelligenz neue Forschungsansätze in unterschiedlichsten Disziplinen. So können z. B. durch Datenintegration aus anderen Quellen (Klimadaten, Landnutzungsdaten usw.) zukünftige Verbreitungsmuster modelliert werden. Bereits jetzt können entsprechend trainierte neuronale Netzwerke Arten und Pflanzenorgane auf Basis digitalisierter Herbarbelege erkennen (Younis *et al.* 2018, <https://doi.org/10.1080/023818107.2018.1446357>). Denkbar wäre mit ähnlichen Ansätzen aber auch die Erkennung von z. B. Pflanzenkrankheiten auf Herbarbelegen und deren gezielte Erforschung auf raum-zeitlichen Skalen. Nicht zuletzt bietet die massenweise Erschließung von Merkmalsdaten im weitesten Sinne eine riesige Quelle wertvoller Information. Dazu gehören molekulare Daten, die verknüpfbar sind mit chemischen, anatomischen oder ökologischen Daten und damit Einblicke in Zusammenhänge gewähren, die derzeit noch verborgen sind.

Internationale Einbindung

Natürlich gewinnt eine nationale Sammlungsinfrastruktur nochmals an Wert, wenn sie in internationale Initiativen eingebunden wird. Auf europäischer Ebene ist das Distributed System of Scientific Collections in Vorbereitung (DiSSCo, <https://www.dissco.eu/>), die US-amerikanischen Integrated Digitized Biocollections (iDigBio, <https://www.idigbio.org/>) werden bereits seit 2011 aufgebaut und die australischen Herbarien sind bereits seit Jahrzehnten digital vernetzt. International vereinbarte Standards, die über Biodiversity Information Standards (<https://www.tdwg.org/>) entwickelt und ratifiziert werden, sorgen für die nahtlose Integrierbarkeit der Initiativen und die übergreifende Nutzbarkeit der digitalen Sammlungen. Alle diese Daten werden zusammen mit hunderten Millionen von Beobachtungsdaten auch durch die Global Biodiversity Information Facility (<https://www.gbif.org>) zugänglich gemacht, zu der Deutschland maßgeblich beiträgt. Ein guter Zeitpunkt also, um mit einem klar definierten Projekt wie der Herbardigitalisierung in die digitale Massenerschließung der deutschen naturkundlichen Sammlungen einzusteigen!

Unsere Autoren:

Eva Häffner, Thomas Borsch, Albert-Dieter Stevens, Anton Güntsch und Walter Berendsohn, Botanischer Garten und Botanisches Museum Berlin, Freie Universität Berlin, Königin-Luise-Straße 6-8, 14195 Berlin



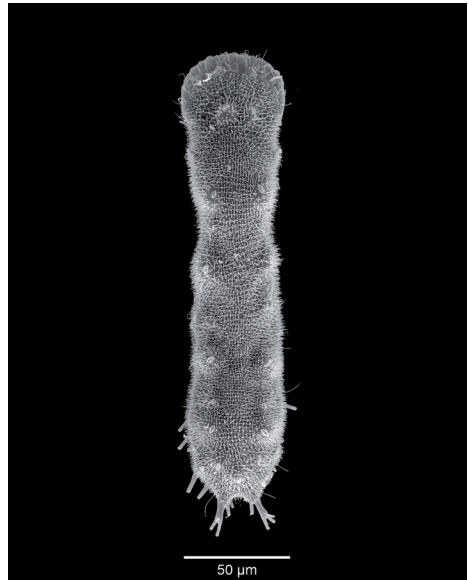
Crepis mollis (Jacq.) Asch. ist eine gefährdete Art in besonderer Verantwortung Deutschlands. Sie wurde in der Vergangenheit oft fehlbestimmt. Die digitale Verfügbarkeit bietet vielfältige Möglichkeiten, z. B. im Bereich der Qualitätskontrolle des Biodiversitätsmonitoring, der Naturschutzplanung und der Generierung, Verknüpfung und Auswertung relevanter Information, wie z. B. Gefährdungsgrad, genomischer oder ökologischer Information. Beleg aus dem Projekt „Modellvorhaben zur Umsetzung der Global Strategy for Plant Conservation (GSPC)“, gefördert durch das Bundesamt für Naturschutz. S. auch Duwe et al. 2018 <https://doi.org/10.1007/s10592-017-1025-8>

Deutschland verfügt laut Index Herbariorum 2019 über 70 Herbarien. Aus einer Umfrage aus dem Jahr 2019, an der 62 deutsche Herbarien teilnahmen, geht hervor, dass diese Herbarien insgesamt 22,8 Millionen Herbarbelege beherbergen. Lediglich 13% dieser Belege sind in irgendeiner Form digital erfasst, zumeist als Datenbankeintrag. Von den digital erfassten Belegen liegt wiederum nur ein Drittel als Fotodigitalisat vor. Damit ist der größte Teil von Deutschlands Herbarbelegen nicht systematisch und zentral such- und erforschbar. Das im Artikel von Borsch et al. (2020) vorgeschlagene Konzept legt dar, wie aus einer fragmentierten Forschungsressource mit Hilfe größtenteils existierender Technologien eine dezentrale Forschungsinfrastruktur mit einheitlichem Zugang und zentralen Services geschaffen werden kann.

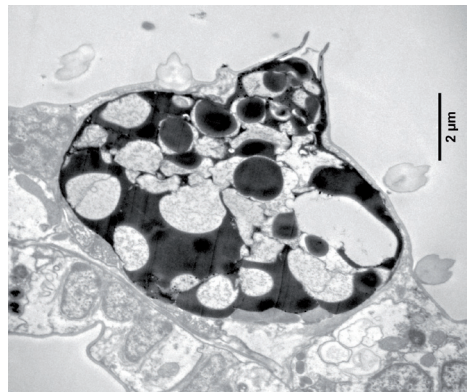
Reinhard Rieger-Preis für Zoomorphologie 2020

Auszeichnung geht an Jannik Schnier, Wilko H. Ahlrichs, Alexander Gruhl, Christian Schulbert, Sebastian Teichert & Alexander Kieneke

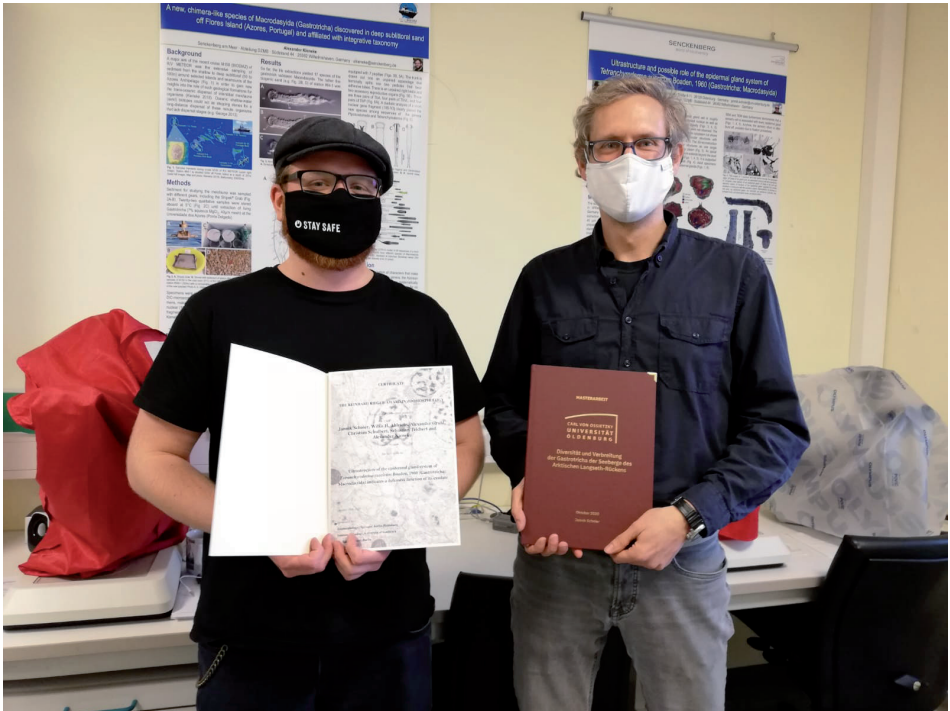
Jährlich wird in Erinnerung an den Zoologen Reinhard Rieger (1943 – 2006) der Reinhard Rieger-Preis für herausragende zoomorphologische Forschung vergeben. Der Preis wurde im Jahr 2008 durch Prof. Dr. Wilfried Westheide initiiert und soll einen herausragenden Forschungsartikel aus dem gesamten Spektrum der funktionalen und evolutionären Morphologie der Metazoa ehren. Die ausgezeichnete Forschungsarbeit wird von einem internationalen Gutachtergremium ermittelt und der Preis wird von der Fachzeitschrift „Zoomorphology“ (Springer), dem Zoologischen Institut der Universität Innsbruck und von Dr. Roland Rieger gesponsert. In diesem Jahr wurde die Untersuchung des Epidermisdrüsen-Systems eines Vertreters der Macrodasysida, einer Teilgruppe der Gastrotricha, ausgezeichnet (Schnier et al. 2019). Das Team um den Zoologen Dr. Alexander Kieneke (Senckenberg am Meer Wilhelmshaven) und seinen ehemaligen Bachelorstudenten Jannik Schnier hat verschiedenste bildgebende Verfahren (Lichtmikroskopie, SEM, TEM, CLSM und μ CT) kombiniert, um der Feinstruktur und der möglichen funktionalen Bedeutung dieses noch wenig verstandenen Organsystems auf die Spur zu kommen. Zum Gelingen der Forschungsarbeit trugen nicht zuletzt auch Fachwissen und Infrastruktur der Koautoren des Max-Planck-Instituts für Marine Mikrobiologie in Bremen und der Universitäten Erlangen und Oldenburg



Tetranchyroderma suecicum (Gastrotricha) | REM-Aufnahme: Kieneke/Schnier.



Die Untersuchung des Epidermisdrüsensystems von *Tetranchyroderma suecicum* (Gastrotricha) wurde von einem Gutachtergremium als herausragend ausgewählt | TEM-Aufnahme: Kieneke/Schnier.



Die Reinhard Rieger-Preisträger Jannik Schnier (links) und Alexander Kieneke (rechts) am Deutschen Zentrum für Marine Biodiversitätsforschung (DZMB), Senckenberg am Meer Wilhelmshaven | Foto: privat.

bei. Üblicherweise wird der Preis während des „International Congress of Invertebrate Morphology“ verliehen, der in diesem Jahr in Wien hätte stattfindenden sollen, Corona-bedingt allerdings ausfallen musste. Somit erreichten den korrespondierenden Autor die Urkunden postalisch an dem Tag, an dem zufällig auch die Master-Prüfung des Erstautors stattfand: Ein doppelter Anlass zur Freude!

Unsere Autor:

Ralph O. Schill, Universität Stuttgart, Institut für Biomaterialien und biomolekulare Systeme, Pfaffenwaldring 57, D-70569 Stuttgart

Literatur:

Schnier, J., Ahlrichs, W.H., Gruhl, A., Schulbert, C., Teichert, S. & Kieneke, A. (2019) Ultrastructure of the epidermal gland system of *Tetraodon lineatus* (Pisces, 1960) (Gastrotricha: Macrobrachium) indicates a defensive function of its exudate. *Zoomorphology* 138: 443-462.

Die Themenkombination 'Taxonomie' und 'Mikroalgen' gewinnt Bayrischen Kulturpreis 2020

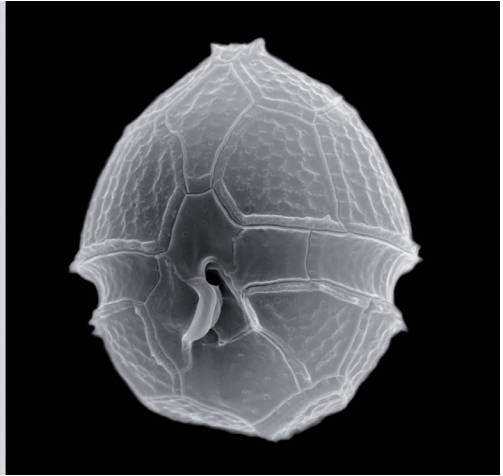
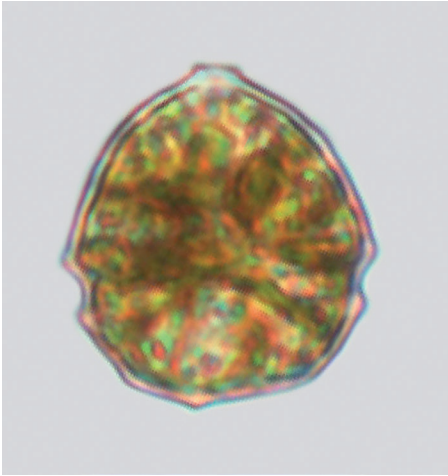
GfBS-Mitglied Juliane Kretschmann wird für die beste Doktorarbeit 2020 an der LMU geehrt

In den letzten Jahren ist die Biodiversitätserkundung von Blütenpflanzen und größeren Tieren weit vorangeschritten, nicht zuletzt da sie in umfangreichen wissenschaftlichen Sammlungen gut vertreten sind. Viele solcher Belege wurden digitalisiert, und die damit verbundenen Informationen liefern nachhaltige und genaue Aufzeichnungen, die in einer Reihe von leistungsfähigen und kontinuierlich kuratierten Datenbanken (bspw. GBIF, GBOL, JSTOR, Tropicos®) zentralisiert werden. Mikroorganismen, für deren Untersuchung mindestens ein Mikroskop vonnöten ist, werden bei der taxonomischen Inventur meist vernachlässigt oder bewusst ausgeschlossen, obwohl sie die Grundlage allen komplexeren Lebens darstellen.

Dinophyten (Panzergeißler) sind eine Entwicklungslinie der Algen, die in nahezu allen limnischen und marinen Biotopen anzutreffen ist. Sie sind nicht nur als Primärproduzenten von großer Bedeutung, sondern spielen auch bei der Entwicklungsvorhersage von Fischbeständen oder in der Ökosystem-Modellierung (beispielsweise globale Klimaveränderung, Biosphärenwandel) eine wichtige Rolle. Da manche Arten zumindest zeitweise Planktongemeinschaften dominieren und durch Massenvermehrung so genannte ‚Algenblüten‘ bilden können

(oft auch mit Toxinakkumulation), sind die Artenzusammensetzungen und Bestandsveränderungen der Dinophyten-Gemeinschaften wichtige ökosystemische Faktoren mit gesellschaftlicher Relevanz.

Die taxonomische Bestandsaufnahme bleibt derzeit weit hinter der biologischen Bedeutung mikroskopischer Organismen zurück. Vor allem bei alten wissenschaftlichen Namen ist in vielen Fällen eine zweifelsfreie Bestimmung von Arten erschwert bis unmöglich, da diese allein anhand der historischen Beschreibungen zumeist nur schwer aktuellen Aufsammlungen zugeordnet werden können. Die Dissertation von Juliane Kretschmann beschäftigt sich mit der Taxonomie und Morphologie ausgewählter Dinophyten. Zentrales Anliegen der Forschung von Frau Kretschmann ist die taxonomische Klärung historischer Namen, wofür es unter dem Internationalen Code der Nomenklatur für Algen, Pilze und Pflanzen das Epitypus-Werkzeug gibt – Es besteht darin, zeitgemäßes Material so nah wie möglich an der Typuslokalität zu sammeln und die Absicht des Erstbeschreibers zu erfassen, wie sie aus dem Protolog, den Präparaten oder den Originalabbildungen hervorgeht. Der entscheidende Unterschied zu den historischen Typen besteht darin, dass Epitypen mit lebendem Material verknüpft sind, was DNA-Sequenzierung



Peridinium mixtum Wołosz. ex Kretschmann, Owsiany, Zerdoner & Gottschling, ein Endemit aus der polnischen Hohen Tatra, dessen Taxonomie durch Juliane Kretschmann während ihrer Promotion geklärt wurde | Fotos: Juliane Kretschmann.

oder auch weiterführende ökologische Experimente ermöglicht.

Frau Kretschmann hat bislang zwölf Dinophyten-Namen im Rahmen ihrer Arbeit (und darüber hinaus) durch Epitypisierung geklärt – unter Berücksichtigung des weit größeren Arbeitsaufwandes bei Organismen des Mikrokosmos ist das eine außerordentliche Leistung in ihrer noch jungen wissenschaftlichen Karriere. Außerdem stehen die wichtigsten der etwa 500 angezogenen Algen-Stämme zur weiterführenden wissenschaftlichen Untersuchung nachhaltig in öffentlich zugänglichen Algen-Zuchtsammlungen (bspw. Central Collection of Algal Cultures: CCAC, Uni DuE) zur Verfügung. Nun ist die Doktorarbeit von Juliane Kretschmann mit dem Bayrischen Kulturpreis 2020 ausgezeichnet worden – die Bedeutung für eine gemeinhin als

„sperrig“ geltende, aber grundlegend wichtige Fachrichtung könnte größer nicht sein. Der Preis wurde durch das Energieunternehmen Bayernwerk bereits im Jahr 1959 ins Leben gerufen und wird in enger Zusammenarbeit mit dem Bayerischen Staatsministerium für Wissenschaft und Kunst verliehen. Die Größe der Aufgabe sowie die Aktualität des Themas ermisst sich an den nach wie vor bestehenden enormen Wissenslücken, die sich vor allem im Bereich der Diversitätserfassung von Mikroorganismen nach wie vor auftun und die in den kommenden Jahren mit Priorität geschlossen werden müssen.

Unser Autor:

Marc Gottschling, Ludwig-Maximilians-Universität München, Department Biologie I, Bereich Biodiversitätsforschung, Organismische Biologie, Systematische Botanik und Mykologie, GeoBio-Center

Licht ins Dunkel deutscher Artenvielfalt

„GBOL III: Dark Taxa“ erforscht unbekannte Arten
in einem nationalen Großprojekt

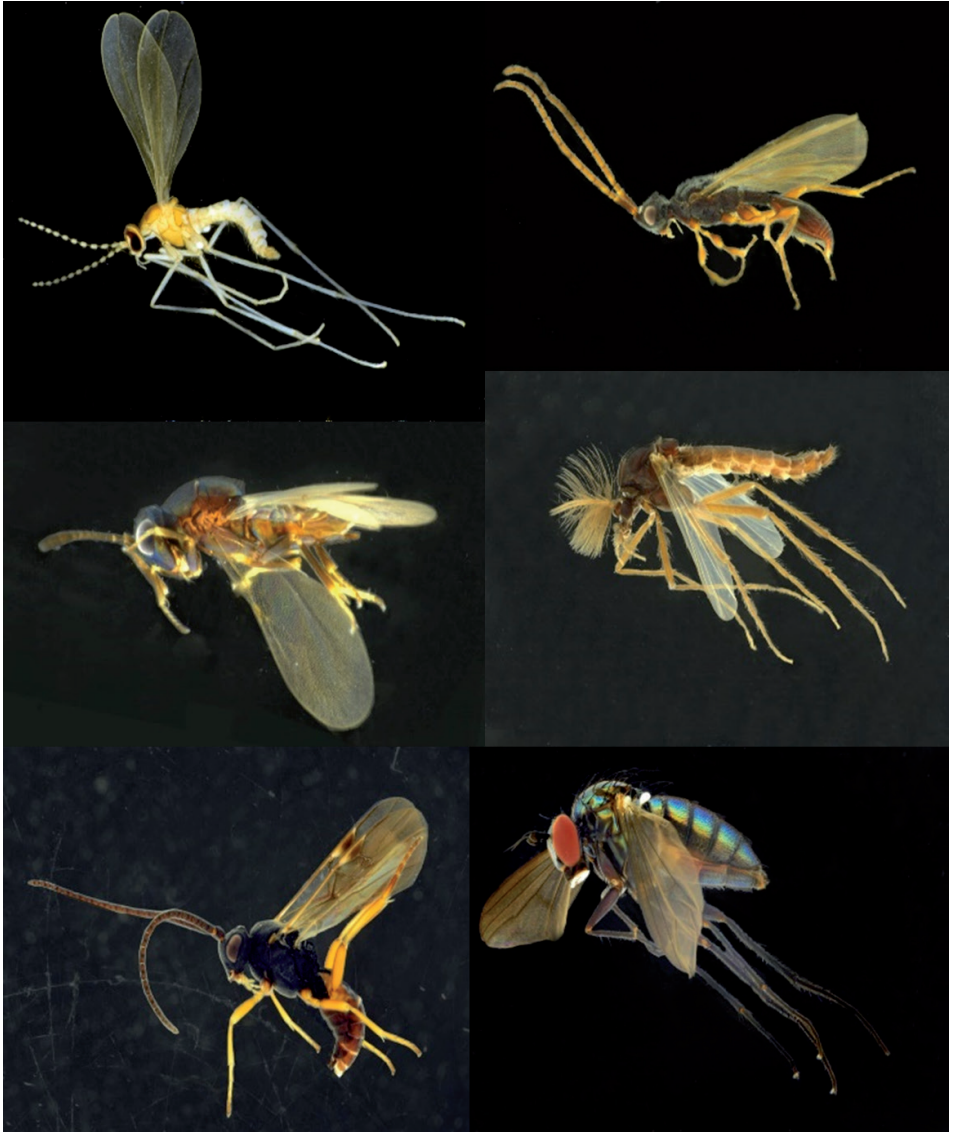
Bisher wurden weltweit rund 1,4 Millionen Tierarten beschrieben. Insbesondere in tropischen Regionen sind noch viele Arten unbekannt. Schätzungen der globalen Artenvielfalt reichen von fünf bis 30 oder sogar 100 Millionen Arten, das heißt dass bisher nur rund ein Fünftel der globalen Artenvielfalt bekannt ist. Das liegt zum Teil daran, dass sich die taxonomischen Spezialisten hauptsächlich auf artenarme und leichter zu untersuchende Tiergruppen konzentriert haben. Artenreiche und taxonomisch oft schwierige Gruppen, wie viele Zweiflügler (Diptera) und Hautflügler (Hymenoptera), wurden dagegen vernachlässigt. Viele wenig bearbeitete Insektengruppen zeichnen sich zudem oft durch ihre geringe Körpergröße von wenigen Millimetern oder sogar weniger als einem Millimeter aus. Dies führte zu einem Missverhältnis zwischen hohen Artenzahlen und einer kleinen Anzahl von Forschern, was als „Taxonomic Impediment“ bezeichnet wird.

Im Gegensatz zu den Tropen gilt die mitteleuropäische Fauna als sehr gut erforscht. Weniger bekannt ist hingegen, dass dies selbst für Länder mit einer langen Geschichte taxonomischer Forschung wie Deutschland keineswegs umfassend gilt, obwohl Taxonom/innen seit über 200 Jahren mit dem Erfassen und Beschreiben der heimischen Fauna beschäftigt sind. Besonders deutlich tritt der Mangel an Spezialisten bei der Zusammenstellung von Artkatalogen

zu Tage. So standen für die Erstellung der Checkliste deutscher Hymenoptera bei den Grabwespen (Crabronidae) 32 Spezialisten für 247 Arten zur Verfügung, während für die artenreiche Familie der Schlupfwespen (Ichneumonidae) ein einziger Spezialist für 3.332 Arten zuständig war (Horstmann 2002).

Unerkannte Artenvielfalt in Deutschland

In Deutschland ist das Vorkommen von rund 48.000 Tierarten dokumentiert, darunter mit rund 33.300 Arten die Insekten als mit Abstand größte Gruppe. Bei den weniger untersuchten Gruppen der Insekten und Spinnentiere wiesen bereits die Ergebnisse früherer DNA-Barcoding-Projekte auf das Vorhandensein von Tausenden Arten in der heimischen Fauna hin, die noch auf ihre Entdeckung warten. Zu den Gruppen mit der größten Anzahl unbekannter Arten gehören die Diptera (Fliegen) und Hymenoptera, und hier insbesondere die parasitoiden Wespen. Mit jeweils fast 10.000 bekannten Arten machen diese beiden Insektenordnungen fast zwei Drittel der deutschen Insektendiversität aus, was auch als Hinweis auf die außerordentlich große ökologische und ökonomische Bedeutung dieser Insekten in terrestrischen Ökosystemen gelten muss. Die beiden genannten Insektengruppen beinhalten einen hohen Anteil an sogenannten „Dark Taxa“. Damit werden artenreiche Organismengruppen bezeichnet, die in der taxonomischen Forschung ignoriert



Auf der Suche nach unbekannten Arten | Fotos: Jeremy Hübner (ZSM).



Abbildung 1. Ein Vertreter der der Erzwespen-Familie Mymaridae, die zu den im Rahmen des Projekts bearbeiteten „Dark Taxa“ zählt | Foto: Stefan Schmidt (ZSM).

wurden. Neben der hohen Artenzahl sind Vertreter der „Dark Taxa“ oft sehr kleine, mit einer Körpergröße von wenigen bis unter einem Millimeter (Abb. 1). In der Konsequenz gibt es in diesen Gruppen eine große Zahl unbeschriebener Arten (Abb. 2) und eine sehr geringe Zahl von Spezialisten, die Arten bestimmen können.

Die Tatsache, dass in Deutschland eine große Anzahl bisher unbekannter Arten existiert, hat sich bereits in den „German Barcode of Life“-Projekten GBOL I und II angedeutet. Beide Projekte wurden vom Bundesministerium für Bildung

und Forschung (BMBF) unterstützt und hatten zum Ziel, deutsche Tier- und Pflanzenarten durch DNA-Barcodes zuverlässig, schnell und kostengünstig identifizierbar zu machen. Seit dem Start des ersten nationalen DNA-Barcoding-Projekts GBOL I vor etwa zehn Jahren und des Vorläuferprojekts „Barcoding Fauna Bavarica“ wurden durch Zusammenarbeit mehrerer nationaler und internationaler Forschungseinrichtungen mehr als 24.000 deutsche Tierarten mit einem DNA-Barcode versehen. Dabei standen vor allem gut bekannte Insektengruppen wie z.B. Schmetterlinge, Käfer, Heuschrecken, Libellen und Bienen im

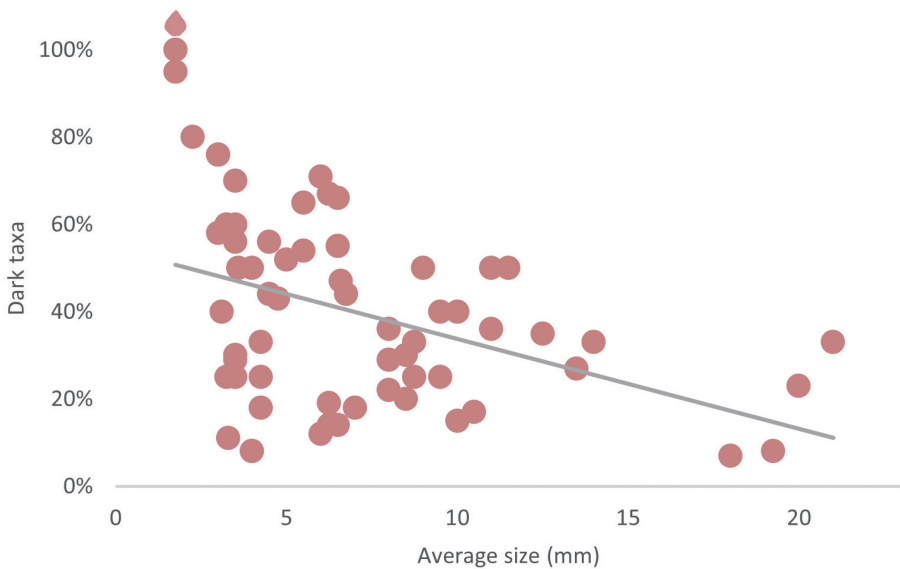
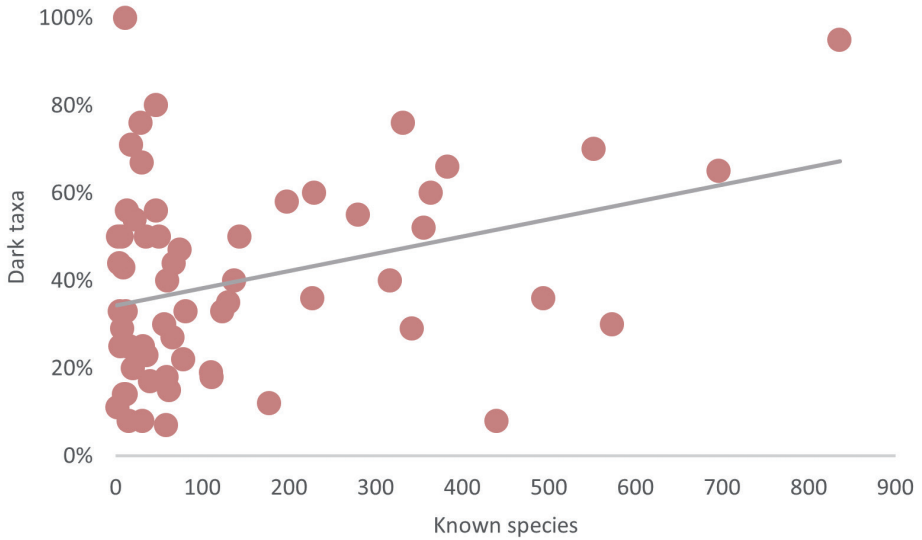


Abbildung 2. Zusammenhang zwischen Artenvielfalt (oben) bzw. Körpergröße (unten) und dem Anteil von „Dark Taxa“ bei Diptera | Graphik abgeändert aus Morinière et al. 2019.

Mittelpunkt. Trotz ihrer Beliebtheit und der vielfachen Verwendung als Indikatorgruppen für Umweltgutachten machen Tagfalter (170 Arten), Libellen (81), Heuschrecken (87) und Laufkäfer (580) zusammengenommen nur 2,8% der deutschen Insektenfauna aus. Die vier genannten Gruppen sind morphologisch gut bestimmbar, sie haben überschaubare Artenzahlen und sie sind im Freiland tagsüber leicht zu erfassen. Die ökologischen Ansprüche sind zudem oft gut bekannt und sie sind daher im Naturschutz von Bedeutung und werden oft zur qualitativen Beurteilung von Lebensräumen herangezogen. Umgekehrt bedeutet dies jedoch, dass die überwiegende Mehrzahl der einheimischen Arten im Naturschutz sowie in der allgemeinen und angewandten Forschung praktisch keine Rolle spielt.

Während für die Schmetterlinge und Käfer die Artenzahlen für Deutschland sehr genau bekannt sind, müssen sich die Angaben für Zwei- und Hautflügler (Diptera und Hymenoptera) auf grobe Schätzungen stützen. Dies gilt insbesondere für die Diptera, die Fliegen und Mücken. Der sich abzeichnende Trend, dass Schätzungen zur Anzahl einheimischer Dipterenarten viel zu niedrig angesetzt waren, war nicht nur ein Ergebnis der bisherigen GBOL-Projekte, sondern wurde auch in einer von Paul Hebert und seinem Team durchgeführten Studie verdeutlicht (Hebert et al. 2016). In dieser groß angelegten Untersuchung wurden DNA-Barcodes von etwa einer Million Insekten analysiert. Basierend auf dieser Studie ergibt sich für Kanada ein Bestand von schätzungsweise 16.000

Gallmückenarten (Cecidomyiidae). Unter der Annahme, dass Kanada 1% der globalen Artenvielfalt beherbergt, könnte das bedeuten, dass weltweit rund 1,6 Millionen Gallmücken-Arten existieren, eine Zahl, die größer wäre als die aller bisher beschriebenen Tierarten!

GBOL III: Dark Taxa

Die wenig bekannten oder unbekannten, als „Dark Taxa“ bezeichneten Arten, sind Gegenstand eines weiteren, vom BMBF finanzierten Projekts, das sich auf Diptera und Hymenoptera (parasitoide Wespen) konzentriert. Seit Jahresmitte arbeiten 12 Doktoranden an drei großen naturkundlichen Forschungsmuseen sowie der Universität Würzburg daran, eine Reihe von Fragen im Zusammenhang mit der Taxonomie in Deutschland vorkommender „Dark Taxa“ zu beantworten. Beteiligt sind neben dem Zoologischen Forschungsmuseum Alexander Koenig in Bonn, der SNSB-Zoologischen Staatssammlung München, dem Staatlichen Museum für Naturkunde Stuttgart und der Universität Würzburg auch der Entomologische Verein Krefeld. Die Zieltaxa und Ihre Bearbeiter umfassen bei den Diptera die Cecidomyiidae (Mathias Jaschhof, als Postdoc), Chironomidae (Caroline Chimeno), Limoniidae (Moritz Fahldienk), Psychodidae (Santiago Jaume Schinkel), Sciaridae (Roy Canty) und Phoridae (Valerio Caruso). Bei den Hymenoptera sind es die Microgastrinae (Amelie Höcherl), Diapriidae (Jeremy „Mio“ Hübner), Figitidae (Jonathan Vogel), Eurytomidae (Samin Jafari), Ceraphronoidea (Marina Moser) und Platygastroidea (Jessica Awad).

Projektziele

Zu den Hauptzielen von GBOL III gehört die Ausbildung einer neuen Generation von Taxonominnen und Taxonomen, die Vertiefung der Kenntnis über Dark Taxa und die Charakterisierung der Arten über einen integrativen taxonomischen Ansatz. Zusätzlich sollen die DNA-Barcode Bibliothek und die Referenzsammlung erweitert und verbessert werden für die Nutzung z.B. beim Insektenmonitoring. Zu weiteren Zielen des Projekts gehört die Entwicklung einer Plattform für die Verwaltung taxonomischer Daten auf OTU-Basis.

„GBOL III: Dark Taxa“ wird einen wesentlichen Beitrag zur globalen BIOSCAN-Initiative des Centre for Biodiversity Genomics (University of Guelph, Canada) leisten und helfen, den Grundstein für ein globales Biomonitoring-System zu legen, um die Artenvielfalt unseres Planeten in Zeiten steigender Temperaturen, zunehmender Wetterextreme und zurückweichenden Eises in großem geografischen Maßstab zu erfassen und seine Veränderungen infolge globaler Umweltveränderungen zu verfolgen.

Unsere Autoren:

Stefan Schmidt, Axel Hausmann (SNSB-Zoologische Staatssammlung München); Ralph S. Peters (Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig, Bonn), Lars Krogmann, Michael Haas (Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart).

Publikationen:

Morinière J, Balke M, Doczkal D, Geiger MF, Hardulak LA, Haszprunar G, Hausmann A, Hendrich L, Regalado L, Rulik B, Schmidt S, Wägele J, Hebert PDN (2019) A DNA barcode library for 5,200 German flies and midges (Insecta: Diptera) and its implications for metabarcoding-based biomonitoring. *Molecular Ecology Resources* 19: 900–928. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13022>

Hebert PDN, Ratnasingham S, Zakharov EV, Telfer AC, Levesque-Beaudin V, Milton MA, Pedersen S, Jannetta P, deWaard JR (2016) Counting animal species with DNA barcodes: Canadian insects. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 371: 20150333. <https://doi.org/10.1098/rstb.2015.0333>

Horstmann K (2002) Bemerkungen zu einer Liste der aus Deutschland nachgewiesenen Ichneumonidae (Hymenoptera). *Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen* 51: 75–80.



Der Direktlink zu Website mit weiterführenden Informationen

Weichtier-Chaos aufgeräumt?

Genomische Daten einer Monoplacophore geben Hinweise zur frühen Evolution der Mollusken

Als eines der letzten großen Rätsel der Evolutionsgeschichte – oder einfach als „Mollusken-Chaos“ – wurden die Verwandtschaftsbeziehungen der Schnecken, Muscheln, Tintenfische und anderer Weichtiere angesehen. Generationen von Forschern mühten sich an morphologischen Datensätzen und Fossilien, doch keiner ihrer Stammbäume glich den ebenfalls widersprüchlichen Ergebnissen genetischer Ansätze. Als Hauptprobleme molekularer Analysen wurden unter anderem das hohe Alter der Gruppen mit entsprechend heterogener Sequenzentwicklung und die begrenzte Zahl verfügbarer Marker in taxonomisch dichten Taxonsets angesehen. Besonders rar in genetischen Studien machten sich seit jeher die Monoplacophoren, meist winzige und schwer zu besammelnde Tiefseetierchen, die halbwegs gerne im unteren Schelfbereich der Antarktis herumzukriechen scheinen.

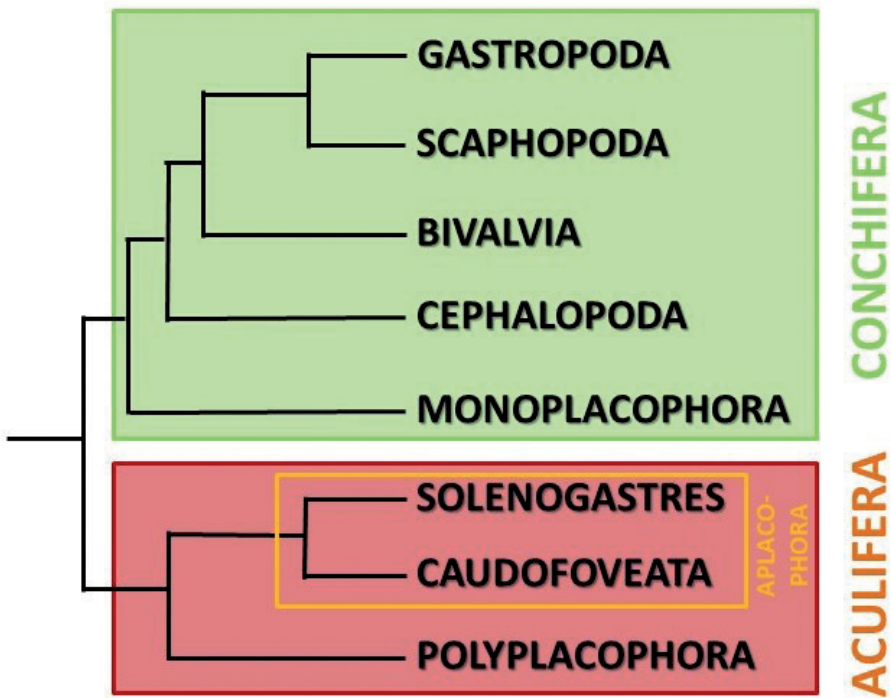
Gut, dass es Leute gibt, die sich monatelang auf Eisbrechern wie der Polarstern herumschaukeln lassen und bei zapfigen Minusgraden von frisch an Deck gehieften Tiefseebrocken den Aufwuchs rasch mit Zahnbürsten herunterschrubben! Motto: Je frischer und lebensfroher die Monoplacophoren in der Schrubbsuppe entdeckt werden, besser gesagt im Filtrat und unter dem Binokular, desto erfolversprechender ihre Fixierung in RNA-later, für transkriptomische Analysen. Nur leider half das ganze Gebürste nichts, Fehlanzeige, wir fanden keine Monoplacs weit und breit.

Deshalb untersuchten wir in endlosen Binokular-Sessions eisgekühlte Sedimentproben aus Epibenthoschlitzen und Reste aussortierter Agassiz-Trawls – bis wir endlich eine einzige einigermaßen lebendig aussehende Monoplacophore zwischen Sandbröseln, Detritus und Foraminiferen-Teilen entdeckten und tiefrosten. YES! Aber die RNA war trotzdem degradiert.

Was tun? Albert Poustka vom MPI Berlin sequenzierte flugs die genomische DNA: Als Ausbeute gelang die Rekonstruktion eines kompletten Mitogenomes, immerhin. Leider führten unsere vergleichenden Analysen mitochondrialer Molluskengenome ins topologische Nirwana; zu alt die Gruppen, zu variabel die Sequenzen. Aber könnte man nicht probieren, phylogenomische Marker aus dem – so gut es halt ging – assemblierten Kerngenom zu ziehen? Kevin Kocot versuchte es und hatte Erfolg. Wir stellten also den wohl bisher ausgewogensten phylogenomischen Datensatz für Mollusken zusammen.

Alle möglichen Mollusken-Topologien schon dagewesen? Weit gefehlt, denn der Baum von Kocot *et al.* (2020) ist neu. Allerdings bringt er Morphologie und Genetik wieder näher zusammen und damit vielleicht auch Licht in die uralte Vergangenheit.

Unsere bioinformatischen Analysen Hunderter Gene zeigen die äußerst artenreiche Klasse der Schnecken



Neuer Molluskenbaum, Kocot, K.M., Poustka, A.J., Stöger, I., Halanych, K.M. & Schrödl, M. 2020. New data from Monoplacophora and a carefully-curated dataset resolve molluscan relationships. *Sci Rep* 10, 101.

(Gastropoda) als Schwestergruppe der Kahnfüßer (Scaphopoda), einer artenarmen, rein marinen Gruppe Stoßzahn-ähnlicher Schalentiere. Zudem erscheinen die Vorfahren heutiger Schnecken nicht im frühesten Kambrium auf der Bildfläche der Evolution, sondern wohl erst im Ordovizium, fast 70 Millionen Jahre später als gemeinhin angenommen. Die vielen kambrischen „Schneckenfossilien“ sind also vielleicht

gar keine, sondern Zeugen älterer Molluskenlinien.

Schnecken und Kahnfüßer bilden zusammen mit Muscheln und Kopffüßern eine Evolutionslinie, als deren Schwestergruppe erstmals die ursprünglichen Einschaler (Monoplacophora) auftauchen. Alle zusammen formen die Großgruppe der Schalenträger (Conchifera). Bereits im

frühen Kambrium trennten sie sich von den Stachelweichtieren (Aculifera), einer artenarmen und rein marinen Gruppe aus Käferschnecken (Polyplacophora) mit Schalenplatten und Wurmmollusken (Aplacophora), deren länglicher Körperbau wohl nicht ursprünglich für Mollusken ist, sondern sekundär vereinfacht.

Der Ursprung aller Weichtiere liegt unserer genetischen Datierung nach weit zurück im Präkambrium, in Zeiten planetarischer Vereisung des „Schneeballs Erde“. Spät präkambrische Kimberella-Fossilien – in 555 Millionen Jahre alten Gesteinsschichten mit die ältesten und umstrittensten tierischen Funde der Wissenschaft – erinnern entfernt an Käferschnecken (wohl mit dorsaler Kutikula und Kalkstacheln aber ohne Schalenplatten) und könnten somit eine ausgestorbene Seitenlinie der gemeinsamen Vorfahren heutiger Weichtiere sein.

Und nun? Wie üblich bei phylogenetischen Analysen und Datierungen der frühen Tierevolution gibt es noch Unsicherheiten. Nach insgesamt 10 Jahren Forschungsarbeit, zwei davon finanziert über das DFG-Schwerpunktprogramm Deep Metazoan Phylogeny, hoffen wir aber, dass unser deutsch-amerikanisches Forscherteam der Klärung der chaotischen Molluskenverwandtschaft ein großes Stück nähergekommen sein könnte. Wer weiß, vielleicht werden die Zoologischen Lehrbücher bald umgeschrieben?

Unser herzliches Dankeschön an Gerhard Haszprunar („Man müsstat mal an Monoplac fürs Molekulare suchen!“), an Enrico Schwabe für geduldige Hilfe beim Sortieren, an Angelika Brandt für das Organisieren und Leiten diverser Tiefsee-Expeditionen, an Wolfgang Wägele für das Initiieren und Organisieren des DFG-Schwerpunktprogramms, und natürlich an das gesamte Autorenteam!

Unsere Autoren:

Michael Schrödl und Isabella Stöger, ZSM, München



Monoplacophore Laevipilina antarctica (2 mm): Im Zentrum der neuen genomischen Analysen stehen seltene Tiefsee-Einschaler | Foto: M. Schrödl, SNSB-ZSM.



Kimberella: Schon ein echtes Tier? Nach aktuellen genetischen Zeitdatierungen der Weichtiere könnte es sich bei den rätselhaften präkambrischen Kimberella-Fossilien (Ediacara-Fauna) um ausgestorbene Mollusken-Verwandte handeln | Foto: M. Schrödl, SNSB-ZSM.

Die Aenigmachannidae

Eine neue Knochenfischfamilie aus dem Süden Indiens



Wenn man als Systematiker und Morphologe mit Fischen arbeitet, kommt es äußerst selten vor, dass man einem Fisch begegnet, den man so überhaupt nicht einordnen kann. Dies ist in meinem Leben erst dreimal passiert. Einmal bei dem seit 2003 in Ichthyologenkreisen herumgeisternden ‚mystery fish‘ aus dem Amazonas, der endlich 2017 als neue Art, Gattung und Familie beschrieben wurde, *Tarumania walkerae* (Tarumaniidae). Das zweite Mal als 2010 Fotos unter Ichthyologen die Runde machten, die einen merkwürdig aussehenden aalähnlichen Fisch aus Palau zeigten, der kurz darauf ebenfalls als eine neue Art in einer neuen Gattung und einer eigenen Familie beschrieben wurde, *Protanguilla palau* (Protanguillidae). Das dritte Mal war schließlich im März 2018, als mir mein Kollege Rajeev Raghavan aus Kochi in Kerala, ein Foto eines Fisches schickte, der in einem der dort überall vorhandenen häuslichen Brunnen gefangen wurde. Das Bild kursierte in indischen sozialen Netzwerken und war so bei Rajeev gelandet. Man konnte nicht allzu viele Einzelheiten erkennen, außer, dass es sich um einen langgestreckt-aalförmigen Fisch mit langer Rücken- und Afterflosse handelt, ausgezogenen vorderen Nasententakeln und recht großen Brustflossen. Die Färbung war ein fast einfarbiges Braun mit rötlich braunen Elementen. Ich starrte das Bild auf meinem Bildschirm an und mein Kopf brummte, denn diesen Fisch konnte ich ebenfalls nicht einordnen. Er erinnerte an die Flösselhechte Afrikas und auch

ein bisschen an die afrikanischen und asiatischen Schlangenkopffische, beides Möglichkeiten, die ich jedoch sofort verwarf. Letztere vor allem, da ein in diesen Brunnen gefundener Fisch mit großer Sicherheit zu der unterirdisch lebenden Fauna zählt und Schlangenkopffische obligatorische Luftatmer sind, die zum Luftaustausch an die Oberfläche kommen müssen. Diese auffallende unterirdische Fauna hat sich in Kerala in den dort vorkommenden porösen Lateritgesteinsschichten, die als Aquifere fungieren, evolviert. Die in diesem subterranean Habitat endemisch lebende Fischfauna umfasst momentan 10 merkwürdig aussehende Fischarten, sowie auch eine ungewöhnliche Garnelenart, deren nächste Verwandte in Afrika und Südamerika vorkommen. Obwohl natürlich mein Interesse an diesem Fisch riesig war, musste ich mich dennoch ein Jahr in Geduld üben, bis mein Kollege Rajeev Tiere für wissenschaftliche Untersuchungen bekommen konnte. Dann stieg ich sofort ins Flugzeug und besuchte ihn in Kochin. Er und sein Team hatten schon erste Untersuchungen angestellt und herausgefunden, dass es sich wider Erwarten um einen Vertreter der Schlangenkopffische handeln musste. Wir beschrieben diesen Fisch dann im Mai 2019 als *Aenigmachanna gollum*, da er sich auf Grund der uns mit den Untersuchungsmethoden, die in Indien möglich waren, von den anderen Schlangenkopffischgattungen *Channa* und *Parachanna* auffällig unterschied.



Drachenschlangenkopf Aenigmachanna gollum | Foto: Ralf Britz.



Drachenschlangenkopf *Aenigmachanna gollum* mit aufgerissenem Maul | Foto: Ralf Britz.

Interessanterweise wurde kurz nach dem Erscheinen unserer Arbeit eine zweite *Aenigmachanna* Art aus dem Süden von Kerala beschrieben, *A. mahabali*.

Das große Aha-Erlebnis kam aber dann erst später als es uns möglich war *A. gollum* in London mit Hilfe von CT-Scanning Methoden genauer anatomisch zu untersuchen. Es stellt sich schnell heraus, dass *Aenigmachanna* eine große Anzahl der als Synapomorphien der Schlangenkopffische gehandelten Merkmalszustände gar nicht besaß. Sondern seine anatomischen Strukturen zeigten einen mehr

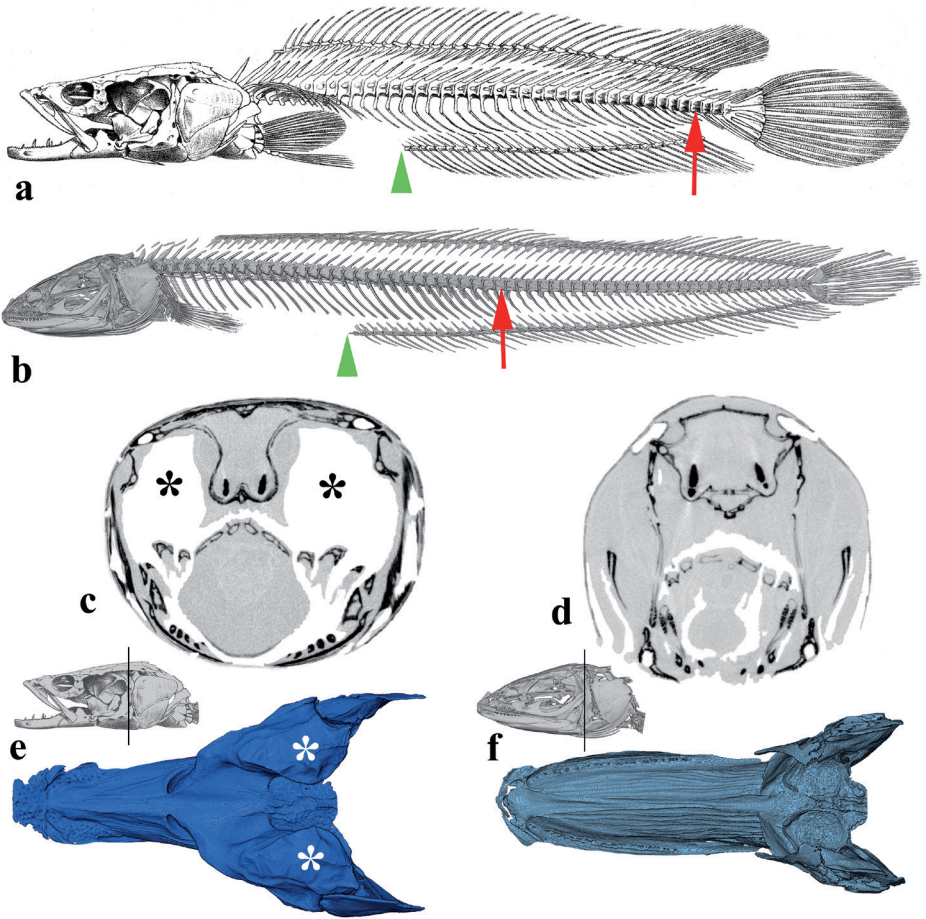
plesiomorphen Zustand, der dem der untersuchten Vertreter der Außengruppe ähnelte. Die auffallendsten Unterschiede waren das Fehlen eines Suprabranchialorganes bei *Aenigmachanna* mit dem die Schlangenkopffische Luft veratmen, das Fehlen der für Schlangenkopffische typischen Schwimmblasenverlängerung bis zum Schwanz, wobei bei *Aenigmachanna* die Schwimmblase in der Mitte des Körpers endet, sowie das Fehlen der für Schlangenkopffische typischen in die Schwanzregion verlängerten Leibeshöhle, die auch von Rippen gestützt wird, während die Leibeshöhle



bei *Aenigmachanna* etwa in der Körpermitte endet, nur wenig in die Schwanzregion verlängert ist und Rippen nur bis zur Mitte des Körpers vorhanden sind. Hinzu kommen weitere auffallende Unterschiede im Skelett in *Aenigmachanna* ebenso einen plesiomorphen Zustand in Bezug auf die Schlangenkopffische zeigt. Eine phylogenetische Analyse einer Anzahl von morphologischen Merkmalen untermauerte diese Hypothese und ergab, dass *Aenigmachanna* die Schwestergruppe der Schlangenkopffische darstellt. Die Besonderheit von *Aenigmachanna* wurde auch durch un-

sere molekularen Ergebnisse bestätigt, so dass wir uns entschlossen für diese Gruppe ungewöhnlicher Fische eine eigene Familie aufzustellen: die Aenigmachannidae oder Drachenschlangenkopffische.

Um eine Idee davon zu bekommen, wann sich die Aenigmachannidae von ihrer Schwestergruppe trennten, unternahmen wir eine molekulare Analyse unter Anwendung einer molekularen Uhr, die wir mit zwei Fossilien kalibrierten. Je nachdem zu welchem Knotenpunkt wir die Fossilien zuordneten, kalkultierten



Das Skelett des Schlangenkopffisches *Parachanna obscura* (a) im Vergleich zu dem des Drachenschlangenkopfes *Aenigmachanna gollum* (b). Der rote Pfeil markiert den ersten Schwanzwirbel, der bei Channiden wegen der apomorph stark verlängerten Abdominalregion in der Nähe des Schwanzes liegt, bei Aenigmachanniden plesiomorph in der Mitte des Körpers; der grüne Pfeil markiert die Afteröffnung. Kopfquerschnitte (c,d) durch die Kiemenregion zeigen, dass Channidae, hier durch *P. obscura* vertreten (c,e), eine Suprabranchialkammer (mit * in c und e markiert) besitzen, die Aenigmachannidae, hier *A. gollum*, fehlt (d,f). Eine Darstellung des gefüllten Hohlraumes der Mund- und Kiemenbereiches im Kopf der beiden Taxa zeigt dieses ebenfalls deutlich.

wir ein jüngeres Alter von 33-35 Millionen Jahren oder ein höheres Alter von 83-136 Millionen Jahren. Das höhere Alter würde bedeuten, dass sich die derzeitige Verbreitung der Aenigmachannidae und Channidae durch Vikarianz erklären ließe, bei dem die Aenigmachannidae und ihre Schwestergruppe Channidae schon vor dem Auseinanderbrechen des Superkontinentes Gondwana gelebt haben und dann die Aenigmachannidae und Vertreter der Gattung asiatischen Gattung *Channa* dann mit dem nach Norden driftenden indischen Subkontinent schließlich auf die eurasische Platte gestoßen sind. Ob *Aenigmachanna* schon damals unterirdisch gelebt hat, lässt sich nicht entscheiden. Merkwürdigerweise besitzt *Aenigmachanna* nicht die für andere unterirdisch lebende Fischarten typischen Merkmale. Die Drachenschlangenkopffische haben noch Körperpigment, ihre Augen sind nicht reduziert und die nicht-optischen Sinne haben keine Spezialisierung erfahren. Das könnte darauf hinweisen, dass sie ihr unterirdisches Leben vor noch nicht so langer Zeit begonnen haben, oder dass sie in einer Art Zwischenwelt leben und regelmäßig Exkursionen in oberirdische Gewässer unternehmen.

Viele unbeantwortete Fragen bleiben: Wie verbreitet sind Aenigmachannidae entlang der mehrere Hundert Kilometer langen Lateritvorkommen in Kerala? Wie gefährdet ist das spezielle Habitat von *Aenigmachanna*, da in Kerala mehr als 6,5 Millionen private Brunnen die schwindenden Grundwasservorkommen anzapfen? Was fressen Vertreter der Aenigmachannidae und wie pflanzen sie sich fort? Sind es in der Tat unterirdisch

lebende Organismen oder Wanderer zwischen den Welten? Die Beantwortung dieser Fragen soll durch weitere Forschungsprojekte erfolgen.

Unser Autor:

Ralf Britz, Sektionsleiter Ichthyologie, Senckenberg Naturhistorische Sammlungen Dresden, Museum für Tierkunde, Königsbrücker Landstrasse 159, 01109 Dresden

Originalpublikation:

Ralf Britz, Neelesh Dahanukar, V.K. Anoop, Siby Philip, Brett Clark, Rajeev Raghavan and Lukas Rüber (2020): *Aenigmachannidae, a new family of snakehead fishes (Teleostei: Channoidei) from subterranean waters of South India. Scientific Reports.*



Der Direktlink zur Publikation

Eine runde Schlangenangelegenheit

Internationale Zoologen beschreiben eine neue Walzenschlange – gefunden durch Genetik

Während die meisten Menschen sich überhaupt nicht um Schlangen kümmern und ihnen eher aus dem Weg gehen, sind sie für viele Wissenschaftler ein Fundus an Entdeckungen. Ob es dabei um ungewöhnliche Verhaltensweisen, innovative Körperstrukturen oder sogar um neue Arten geht, bei Schlangen findet sich vielerlei Interessantes. Walzenschlangen sind unter den Schlangen eine besondere, evolutionär basale Gruppe, über die man selten etwas hört. Diese ungiftigen, süd- und südostasiatischen Schlangen haben sogar noch Überbleibsel von Becken- und Beinknochen, die sich extern nur noch als Klauen neben der Kloake bemerkbar machen. Diese Tiere sind oft unterirdisch unterwegs, wobei es ihnen ihr robuster, im Querschnitt runder Körper und eine sehr glatte Beschuppung erlauben, den notwendigen Druck auf dichte Blatt- und Altholzschichten auszuüben, um vorwärts zu kommen. Dadurch ist es nicht leicht, sie zu finden, und die Erforschung dieser Gruppe ist daher eher etwas schleppend vorangegangen. In den letzten fünf Jahren gab es endlich eine kritische Masse an Exemplaren und vor allem Gewebeproben, sodass sich ein internationales Wissenschafts-Team, mit hervorzuhebender Kooperation aus Deutschland, intensiv um Walzenschlangen kümmern konnte.

Der Impetus dieser Studie was die Notwendigkeit, neue, in Osttimor beobachtete Exemplare, in die Gruppe der Walzenschlangen einzugliedern



Walzenschlangen sind oberflächlich nicht unbedingt hübsch, besonders wenn sie so braun und eingerollt sind (A). Auf der Bauchseite, die Menschen in der Natur allerdings kaum zu Gesicht bekommen, gibt es dann aber zur Überraschung eine schachbrettartige Zeichnung (B). Hier sind es zwei Ansichten eines Exemplars der Rotschwanz-Walzenschlange aus dem Lee Kong Chian Natural History Museum in Singapur | Fotos: H. Kaiser, Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig.

und sie zu einer Art zuzuordnen. Das ist aber nicht so einfach. Im Prinzip ist jede Schlange ein Zylinder, an dem es nicht viel zu vermessen oder zu erfassen gibt. An jedem Ende dieses Zylinders, also am Kopf- und Schwanzende jeder Schlange, gibt es vielleicht ein paar interessante Beschuppungsmerkmale, aber das reicht häufig nicht aus, wenn Exemplare aus weit auseinanderliegenden Gebieten oder Inseln relativ gleich aussehen. Bei diesen Schlangen gibt es glücklicherweise Unterschiede in der Körperfärbung, die im Zusammenhang mit Schuppenmerkmalen auf Artenniveau diagnostisch sein können, aber besonders für Museums-exemplare, bei denen aufgrund der Konservierungsflüssigkeit die Farbe ausbleicht, bleibt oft nur eine Möglichkeit, Artenzugehörigkeit und

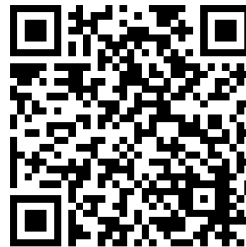
Artenverwandtschaft zu klären: Molekulargenetik.

Die bunte Mischung an Wissenschaftlern aus den USA, Indonesien und Deutschland untersuchten drei Gene von sieben mutmaßlichen Arten und erstellten einen Stammbaum, welcher nahelegt, dass Walzenschlangen ursprünglich aus dem kontinentalen Süd- oder Südostasien stammen und sich die Artenvielfalt in der südostasiatischen Inselwelt gemehrt hat. Dieses Resultat ist ein klassisches Beispiel dafür, was man seit Charles Darwin und den Galápagos-Finken schon oft auf tropischen Inseln erkannt hat: erhöhte Artenanzahl durch Auftrennung einer genetisch diversen Population, die unabhängig voneinander evolvieren. Dabei fiel eine Gruppe aus dem Bundesstaat Kachin im Norden von Myanmar aus dem ihr ursprünglich angedachten Artenrahmen. Diese war genetisch ungewöhnlich und konnte auch morphologisch abgegrenzt werden. Sie wurde als neue Art nach dem Schlangenforscher Joseph Slowinski benannt, der auf tragische Weise in genau dieser Region an den Folgen eines Schlangenbisses starb.

Zurück nach Osttimor. Die Sache mit den Walzenschlangen aus diesem Land konnte bei der Gelegenheit auch abgehakt werden. Die dortige Population ist genetisch identisch mit der schon bekannten, auf der Insel Wetar vorkommenden Art, eine Insel die allerdings geologisch einen anderen Ursprung hat. Obwohl die Artzugehörigkeit klar ist bleibt nun noch die Frage, wie sich diese generell versteckt lebenden Tiere von einer Insel auf die andere kommen!



Eine Boulenger-Walzenschlange aus Osttimor. Man kann erkennen, dass sich trotz der meist verborgenen Lebensweise Farbtupfer in diese Schlangengruppe einschleichen. Das ist besonders wichtig, um potentielle Fressfeinde zu verwirren: Bewegungen mit dem Schwanz täuschen vor, es handele sich um den bei Schlangen normalerweise mit Recht gefürchteten, bezahnten Kopf, und über die vorgetäuschte Aggression kann die Schlange vielleicht entfliehen | Foto: M. O'Shea, University of Wolverhampton.



Der Direktlink zur Publikation

Unser Autor:

Hinrich Kaiser, Abteilung Wirbeltiere, Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig, Adenauerallee 160, 53113 Bonn

Island-hopping – wie ein Frosch Galapagos erobert

Ein deutsch-ecuadorianisches Forscherteam untersucht das Ausbreitungspotential und den Einfluss einer eingeschleppten Froschart auf das fragile Inselökosystem im Pazifik

Mit den etwa 1.000 km vor der Küste Ecuadors gelegenen Inseln des Galapagosarchipels verbindet man gewöhnlich eine einzigartige endemische Fauna, mit außergewöhnlichen Vertretern, wie den urtümlich anmutenden Galapagos Riesenschildkröten oder der weltweit einzigen marinen Echsenart, der Galapagos Meerechse. Viel weniger rechnet man bei einem Aufenthalt auf den von weitgehend süßwasserfreien, ariden vulkanischen Lebensräumen geprägten Eilanden damit, von einem schnarrend-krächzenden Froschor um den nächtlichen Schlaf gebracht zu werden. Doch genau das kann einem seit den späten 1990er Jahren auf mindestens zwei der fünf größeren, besiedelten Hauptinseln durchaus passieren. Um das Jahr 1997 konnten erstmals einzelne Exemplare des vom ecuadorianischen Festland stammenden Knickzehenlaubfroschs *Scinax quinefasciatus* (Fowler, 1913) nachgewiesen werden, die mutmaßlich über den regelmäßig stattfindenden Seewarenverkehr eingeschleppt wurden. Seit dieser Zeit ist der Frosch zum festen Bestandteil der lokalen Inselfauna geworden und konnte mehrere reproduzierende Populationen etablieren. Wie und in welchem Maße sich die Tiere ausbreiten und welchen Einfluss sie auf die native Fauna haben, blieb lange Zeit ungeklärt, obwohl man aufgrund negativer Erfahrungen mit



Lokale Helfer (Bürgerwissenschaftler) beim Fang von Fröschen in der Landwirtschaftszone, im Hochland von Santa Cruz | Foto: Raffael Ernst.

einer Vielzahl bereits eingebrachter und zum Teil invasiv gewordener Arten, frühzeitig versuchte, lokale Populationen nachhaltig auszulöschen. Bis heute ohne Erfolg.



Fowlers Knickzehenlaubfrosch (Scinax quinquefasciatus) Weibchen von Santa Cruz | Foto: Raffael Ernst.

Im Jahre 2017 konnte ein Team bestehend aus Wissenschaftler*innen der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung (SGN), der Charles Darwin Foundation (CDF) und der Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL), gefördert durch die Basler Stiftung für biologische Forschung erstmals systematische Untersuchungen zum Ursprung und zu eventuellen Ausbreitungstendenzen sowie zu möglichen Interaktionen mit der lokalen Fauna durchführen.

In einer kürzlich erschienenen experimentellen Studie konnten die Wissenschaftler*innen so zeigen, dass der Frosch auf den Inseln einen nahezu konkurrenz- und prädationsfreien Ersatzlebensraum gefunden hat und somit mittelfristig kaum mit einer

biologischen Populationsregulierung zu rechnen ist. Inwiefern dieser Umstand tatsächlich zum Problem für das einzigartige Inselökosystem werden könnte ist jedoch längst noch nicht geklärt und daher auch Gegenstand aktueller Untersuchungen der Forschungsallianz, die inzwischen mit der Universidad San Francisco de Quito (USFQ), dem Occidental College Los Angeles und der Universität Leipzig, drei weitere international renommierte Institutionen umfasst.

Im Zuge der Felderhebungen konnten die Vorkommen auf Isabela und Santa Cruz bestätigt werden, während ein erneuter Nachweis auf San Cristóbal nicht gelang. Bisher scheint es, als sei der Frosch auf Siedlungsräume und die im Hochland befindliche, zum Teil sehr

ausgedehnte Landwirtschaftsfläche beschränkt. Hier nutzt er künstliche Sekundärhabitats zur Fortpflanzung und findet in den landwirtschaftlichen Nutzflächen ausreichend Nahrung. Populationsgenetische Voruntersuchungen legen nahe, dass es mehrere unabhängige Einbringungsereignisse mit anschließenden sprunghaften Verbringungen (engl. jump dispersal) innerhalb und zwischen den Inseln gab. Von einer aktiven invasiven Ausbreitung in nicht-anthropogene, natürliche Lebensräume kann man bislang jedoch nicht ausgehen, womit die ursprünglich drastischen Versuche, zur Ausrottung des Neuankömmlings erneut zu hinterfragen wären. Sicherlich ist es angeraten, die Entwicklung des Frosches auf dem Archipel weiterhin sorgfältig zu beobachten, wobei derzeit Freiwillige Bürgerwissenschaftler*innen helfen, die Fundmeldungen (mit Koordinate versehene Bilder, Rufaufnahmen) über gängige Messenger-Dienste bereitstellen. Für das Team um die Biolog*innen von SGN und CDF gilt es nun, das zunächst unfreiwillige evolutionsbiologische Experiment wissenschaftlich zu begleiten. Die zukünftige Herausforderung wird dabei darin bestehen, Veränderungen, die ein evolutionäres Potenzial bergen könnten, von solchen zu unterscheiden, die eine ernsthafte Bedrohung für die einzigartige Inselvielfalt darstellen.

Unser Autor:

Raffael Ernst, Senckenberg Institut Dresden – Leibniz Institut für Biodiversitäts- und Erdsystemforschung, Museum für Tierkunde, Königsbrücker Landstr. 159, 01109 Dresden



ESPOL Studentin Maria del Mar Moretta-Urdiales präpariert Belegexemplare für Mageninhaltsanalysen | Foto: Raffael Ernst.



Der Direktlink zur Publikation



Fowlers Knickzehenlaubfrosch (*Scinax quinefasciatus*) Weibchen von Santa Cruz | Foto: Raffael Ernst.



Fowlers Knickzehenlaubfrosch (*Scinax quinefasciatus*) Männchen von Santa Cruz | Foto: Raffael Ernst.

Sauriervielfalt im Jurameer

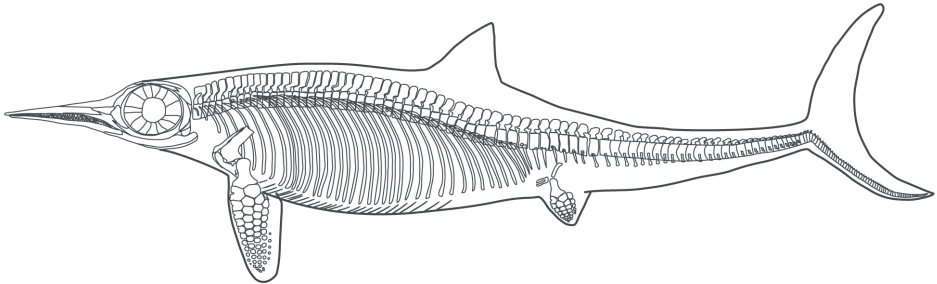
Entdeckung einer neuen Fischeosaurier-Art aus dem Posidonienschiefer

Ichthyosaurier, auch Fischeosaurier genannt, sind Meeresreptilien, die vor 250 Millionen Jahren bis vor 100 Millionen Jahren im mesozoischen Meer gelebt haben. Fischeosaurier sind für ihre aquatischen Anpassungen gut bekannt: Sie sind stromlinienförmig, haben eine Schwanz- und eine Rückenflosse und die Vorder- und Hintergliedmaßen sind zu Flossen umgebildet. Die Hintergliedmaßen waren stark reduziert. Trotz dieser Anpassungen gehören Ichthyosaurier zu den Sauropsiden und waren somit Lungenatmer.

Baden-Württemberg ist sehr reich an Fossilien, besonders häufig sind sie aus der Gegend um Holzmaden, südöstlich von Stuttgart. Diese Fossilien werden seit über 200 Jahren aus der Posidonienschiefer-Formation abgebaut und daran geforscht. Der Posidonienschiefer wurde im Unterjura (vor 180 Millionen Jahren) in einem Flachmeer mit schwachen oder keinen Strömungen und sauerstoffarmem Bodenwasser abgelagert. Wegen der ruhigen Ablagerungsbedingungen und einem Mangel von Aasfressern liefert der Posidonienschiefer eine große Anzahl Meereswirbeltierfossilien, die in Museen auf der ganzen Welt untergebracht sind. Diese geologische Formation hat Tausende spektakulär erhaltener Ichthyosaurier-Skelette hervorgebracht. Sieben Arten sind bekannt, deren Größe zwischen zwei und mehr als zehn Metern liegen und die versteinerte Weichteile, Mageninhalte und sogar

Embryonen umfassen. Die Entdeckung einer neuen Art wurde nach so vielen Jahren der Forschung und Sammlung als unwahrscheinlich angesehen.

Über die Verwandtschaftsverhältnisse der Ichthyosaurier-Arten ist wenig bekannt, besonders bei Arten aus dem Unterjura. Um diese phylogenetische Frage zu erklären, beschrieben Dr. Erin Maxwell (Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart) und Dirley Cortés (Doktorandin der McGill University, Kanada) die Anatomie von *Hauffiopteryx typicus*, einer zwei Meter langen Ichthyosaurier-Art aus dem Posidonienschiefer Baden-Württembergs. *H. typicus* war vor 90 Jahren erstmals in Holzmaden entdeckt worden und wurde zu *Stenopterygius*, der häufigsten Ichthyosaurier-Gattung des Posidonienschiefers, zugeordnet. Erst 2008 war sie als eine eigenständige Gattung erkannt worden, aber ihre phylogenetischen Beziehungen waren noch unklar. *H. typicus* war geografisch weit verbreitet und wurde auch in gleichalten Gesteinsschichten in Deutschland und England gefunden, die 1000 km voneinander entfernt liegen. Zu klären ist, ob die britischen und deutschen Funde tatsächlich dieselbe Art darstellen. Einige frühere Arbeiten deuten darauf hin, dass es zwischen den Populationen von *H. typicus* möglicherweise ausreichend anatomische Unterschiede gibt, die die Aufteilung in zwei unterschiedliche Arten rechtfertigen. Die Untersuchungen



Lectotyp, *Hauffiopteryx typicus* und Rekonstruktion. Das Fossil ist Teil der Paläontologischen Sammlungen der Universität Tübingen | Fotos: Dirley Cortés; Rekonstruktion: Erin Maxwell.

werden durch die unterschiedlichen Erhaltungsbedingungen der Fossilien erschwert. Während die britischen Funde dreidimensional erhalten sind, wurden die deutschen Fossilien durch die Gesteinsauflast verdrückt und liegen größtenteils nur zweidimensional vor. Um festzustellen, ob zwei geografische getrennte Arten von *Hauffiopteryx* vorhanden waren, wurde sämtliches bekanntes Material von *Hauffiopteryx* aus Deutschland untersucht. Das Material umfasste sieben vollständige Skelette und drei Schädel, von denen einer dreidimensional erhalten war. Die Fossilien stammen überwiegend aus der Gegend um Holzmaden und befinden sich in den Sammlungen des Staatlichen Museums für Naturkunde Stuttgart und der Universität Tübingen. Der dreidimensional erhaltene Schädel

wurde 80 km südlich von Holzmaden in Dotternhausen gefunden und ist im Werkforum und Fossilienmuseum Holcim ausgestellt.

Zuerst wurde der dreidimensionale Schädel aus Dotternhausen untersucht, da er durch seine Erhaltungsform den britischen *Hauffiopteryx*-Fossilien am ähnlichsten war, wodurch vorläufige Vergleiche vereinfacht wurden. Es wurde schnell festgestellt, dass sich die Anordnung der Knochen in diesem Schädel deutlich von den englischen *Hauffiopteryx*-Fossilien unterscheidet. Besonders große Unterschiede wurden am Knochen zwischen Auge und Nasenöffnungen gefunden und ebenso in der Augenform. Dieser Schädel unterscheidet sich aber auch von den verbleibenden neun deutschen

Exemplaren, die keine wesentlichen Unterschiede zum britischen Material zeigten. Diese Beobachtungen wurden durch nachfolgende phylogenetische Analysen gestützt. Aufgrund den Unterschiede zwischen dem dreidimensionalen Schädel und dem übrigen Material wird er als eine neue Art angesehen. Die neue Art wird *Hauffiopteryx altera* (lateinisch = andere) benannt, in Anspielung auf die anatomische Abweichung von *Hauffiopteryx typicus* (lateinisch = typisch). Phylogenetische Analysen stellen *Hauffiopteryx* in die nahe Verwandtschaft der Gruppe, der auch *Stenopterygius* und die spätojura- und kreidezeitlichen Fische angehören.

Nach den Analysen und den anatomischen Untersuchungen war eine genaue Diagnose möglich, wie sich *Hauffiopteryx* von anderen frühjurassischen Ichthyosauriern unterschieden. Infolgedessen konnte ein kleiner Ichthyosaurier-Schädel aus der Schweiz ebenfalls *Hauffiopteryx* zugeordnet werden. Diese Entdeckung ist unerwartet, da das Schweizer Exemplar etwa zwei Millionen Jahre älter als der Posidonienschiefer und damit der älteste dokumentierte Fund dieser Gattung ist.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass es anscheinend keine wesentlichen geografischen Unterschiede zwischen den englischen und deutschen Ichthyosaurier-Populationen im Unter-



Hauffiopteryx altera sp. nov. Das Fossil ist Teil der Sammlung des Werkforum und Fossilienmuseum Dotternhausen | Fotos: Dirley Cortés.

jura gab. Dies deutet auf eine homogene europäische Fauna von Meeresreptilien hin. Jedoch kamen in diesem Zeitraum im Südwesten Deutschlands zwei Arten von *Hauffiopteryx* vor, was beweist, dass selbst gut untersuchte fossile Ablagerungen für Überraschungen gut sind.

Unsere Autorin:
Erin E. Maxwell, Staatliches Museum für Naturkunde
Stuttgart, 70191 Stuttgart

Kompetenter Partner für Auftragsforschung
Molekulare Taxonomie - Phylogenie - Publikation

Unsere Serviceleistungen (schon ab 25 €)



DNA-Barcoding

Identifikation einzelner Individuen

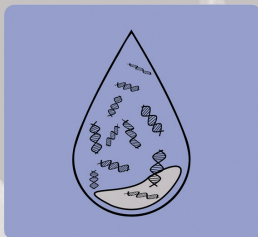
Tiere, Pflanzen, Algen, Pilze,
Entwicklungsstadien (Eier, Larven etc.)
sowie Teile von Organismen



DNA-Metabarcoding

Erstellung von Artenlisten

Zooplankton, Phytoplankton, Benthos und
Infauna sowie Mageninhalte und Fallen-
fänge (Insekten etc.)



eDNA-Analyse

**DNA-Spuren im Wasser, Boden
und Sediment**

Erfassung spezifischer Gruppen (Amphibien,
Fische etc.) oder einzelner Arten

**Kontaktieren Sie uns bei Fragen zur Projektplanung
oder zur Erstellung eines Angebots**

biome-id Barco & Knebelberger GbR - Südstrand 44 - 26382 Wilhelmshaven

Tel: +49 4421 9475 172 - **Email:** identify@biome-id.com - **Web:** www.biome-id.com

Ein Dinosaurier aus der Schweiz und der Ursprung der Riesensaurier

Ein alter Fund von Dinosaurierresten aus der Schweiz konnte nun als neue Gattung & Art identifiziert werden

Obwohl wir bei dem Namen „Dinosaurier“ unwillkürlich an riesige Tiere denken, ist es hauptsächlich eine Entwicklungslinie dieser Gruppe, die wirklich gigantische Formen hervorbrachte, die Sauropoden. Diese „Langhalsosaurier“ sind die bekannten Dinosaurier mit einem massigen Körper, langen Hälsen und Schwänzen und einem winzigen Kopf, deren Vertreter in der Jura- und Kreidezeit Größen von bis zu 40 m Körperlänge und mehr als 70 t Gewicht erreichten und somit die größten Landwirbeltiere in der Erdgeschichte darstellen. Allerdings treten diese Riesenformen erst ab etwa dem Ende des unteren Jura im Fossilbericht auf (vor etwa 180 Mio Jahren) und somit ca. 50 Mio Jahre nachdem die ersten Vertreter der übergeordneten Entwicklungslinie, der Sauropodomorphen, bekannt sind. Wie die frühe Evolution der Sauropodomorphen aussah und wie es zur Entwicklung und dem Erfolg der gigantischen Sauropoden kam, ist immer noch Thema von intensiver Forschung.

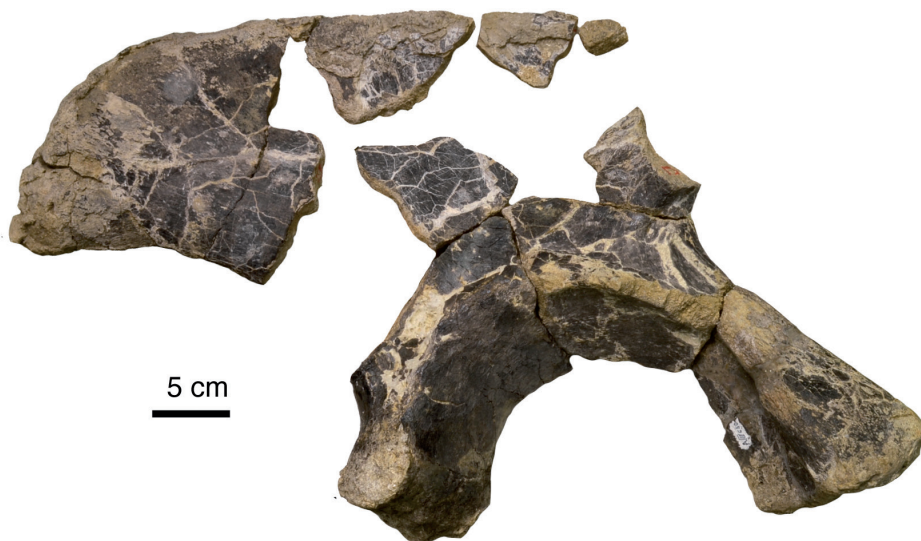
Die Evolution der Dinosaurier begann mit ihrem Ursprung von frühen Archosaurier-Gruppen in der Zeit der mittleren bis oberen Trias, vor etwa 235 Mio Jahren. Zu den ältesten bekannten Dinosauriern gehören bereits Vertreter der Sauropodomorphen, wie etwa *Buriolestes*, *Saturnalia* oder *Pampadromeus*, deren Skelette im südlichen Brasilien gefunden wurden. Diese Vertreter sind noch eher kleine Tiere, etwa von der Größe eines Schäferhundes,



Voluntär der Grabung in Schleithelm 2016 mit einem neu gefundenen Schwanzwirbel eines Sauropodomorphen | Foto: Heinz Furrer.

die sich auf zwei Beinen fortbewegten und in ihrer Morphologie noch sehr den frühen Raub-Dinosauriern ähneln; wie jene waren sie vermutlich auch eher noch Fleisch- oder Insektenfresser. Schon zur Zeit der späten Trias entwickelten sich dann jedoch bereits größere Tiere in mehreren Entwicklungslinien, bei denen ein klarer Trend zur herbivoren Ernährung und einer generellen Zunahme der Körpergröße erkennbar ist (Rauhut et al. 2011).

In der oberen Trias, vor etwa 220 bis 210 Mio Jahren, haben Sauropodomorphen bereits eine globale Verbreitung erreicht und sind in einigen Fundgebieten bereits sehr häufig. In Mitteleuropa kennt man aus jener Zeit mehrere Massenfundstellen, so etwa bei Trossingen (Baden-Württemberg), Ellingen (Bayern) oder Halberstadt (Sachsen-Anhalt) in Deutschland oder



Teilweise erhaltenes Darmbein (Ilium) von Schleithemia schutzi aus der Obertrias von Schaffhausen, Schweiz | Foto: Oliver Rauhut.

auch bei Frick (Kanton Aargau) in der Schweiz, die insgesamt Hunderte von Skeletten geliefert haben. Obwohl auch andere Sauropodomorphen zu jener Zeit in Mitteleuropa vorkommen, sind diese Fundstellen insbesondere von einem Taxon dominiert, der Gattung *Plateosaurus*. *Plateosaurus* war bereits ein vermutlich überwiegend herbivores Tier, das in seltenen Fällen Längen von bis zu 10 m erreichte (durchschnittlich so etwa 6-7 m) und mit einem langen Hals, langen Schwanz und kleinem Kopf bereits den Sauropoden ähnelt. Allerdings waren diese Tiere vermutlich immer noch überwiegend biped, und sie lebten mit einer diversen Fauna anderer Archosaurier zusammen, von denen viele der Entwicklungslinie in Richtung der heutigen Krokodile angehörten, wie etwa die Aetosaurier, oder verschiedene

Gruppen der Pseudosuchier. Viele dieser anderen Archosauriergruppen starben gegen Ende der Triaszeit, vor etwa 201 Mio Jahren, aus, und man nahm lange an, dass dieses Aussterben den Startschuss für die rasche Evolution der Dinosaurier und ihrer Rolle als die dominierenden Landwirbeltiere im späteren Erdmittelalter darstellte. Echte Vertreter der Sauropoden kennt man bis heute aus der Trias nicht; die frühesten eindeutig dieser Gruppe zuzuordnenden Taxa stammen aus dem späten unteren Jura (von vor etwa 180-170 Mio Jahren).

Neben den oben erwähnten Massenfundstellen von *Plateosaurus* gibt es auch zahlreiche Einzelfunde von Resten von Sauropodomorphen aus der mitteleuropäischen Trias. Unter anderem sind solche Reste auch im Schweizer

Kanton Schaffhausen gefunden worden, wo der Privatsammler Emil Schutz bereits in den 1950iger Jahren fragmentarische Reste aus verschiedenen Fundstellen ausgrub und diese dankenswerterweise später verschiedenen Schweizer Institutionen - der Universität Zürich und dem Museum zu Allerheiligen in Schaffhausen - überließ. Nur das Züricher Material fand im Folgenden wissenschaftliche Beachtung, wobei es in einer kurzen Übersichtsarbeit über triassische Sauropodomorphenfunde aus der Schweiz zu der Gattung *Plateosaurus* gestellt wurde (Galton 1986).

Bei einem Besuch an der Universität Zürich im Jahre 2009 stellte ich fest, dass dieses Material jedoch einige Unterschiede zu *Plateosaurus* aufweist, die eine Zuordnung zu jener Gattung unwahrscheinlich machen. Somit war eine genauere Untersuchung des Materiales notwendig, die wir dann 2015 zusammen mit meiner damaligen Doktorandin Femke Holwerda und dem Züricher Kollegen Heinz Furrer durchführten. Dabei stellte sich heraus, dass ein Großteil des von Schutz in der Fundstelle Schleithcim gefundenen Materiales einem neuen Taxon zuordnen ließ, das wir, nach der Fundstelle und zu Ehren des inzwischen verstorbenen Finders, letztendlich als *Schleithimia schutzi* publizierten (Rauhut et al. 2020).

Trotz der sehr fragmentarischen Natur des verfügbaren Materiales - neben einigen Wirbelkörpern sind Reste eines Oberarmes, des Beckens und des Oberschenkels vorhanden - erwies sich *Schleithimia* als ein interessanter Vertreter der Sauropodomorphen.

Das Tier war mit einer geschätzten Länge von etwa 10 m größer als ein durchschnittlicher *Plateosaurus*, und der offenbar eher gerade und gestreckte Oberschenkelknochen deutet darauf hin, dass es sich vermutlich bereits um ein eher quadrupedes Tier handelte. Unsere phylogenetische Analyse bestätigte dann, dass *Schleithimia* dem Ursprung der Sauropoden sehr nahe steht - was darauf hindeutet, dass auch Sauropoden vermutlich bereits in der oberen Trias entstanden sind.

Neben diesen Ergebnissen ergab eine weitere Grabung in der Fundstelle Schleithcim, die unter der Leitung von Heinz Furrer 2016 stattfand, sowie die Untersuchung von weiterem Material von Schutz am Museum zu Allerheiligen weitere Erkenntnisse zur triassischen Sauropodomorphen-Fauna der Schweiz. Neben *Schleithimia* konnte auch *Plateosaurus* in dieser Fundstelle nachgewiesen werden, und fragmentarische Reste aus der nahegelegenen Fundstelle Hallau deuten zudem auf ein weiteres, großes und robust gebautes Taxon hin. Somit ist auch hier die Diversität der Sauropodomorphen zu jener Zeit beträchtlich.

Eine weitere Erkenntnis aus der phylogenetischen Untersuchung war, dass die Sauropodomorphen das Aussterben am Ende der Triaszeit offenbar ohne größere Verluste überlebt haben: Die meisten aus dem unteren Jura bekannten Gruppen - darunter nun wohl auch die Sauropoden, oder zumindest die direkt zu ihnen führende Entwicklungslinie - kommen auch



Lebendrekonstruktion von Schleitheimia (Mitte) mit anderen aus der Obertrias von Schaffhausen nachgewiesenen Tieren, darunter auch Plateosaurus (Hintergrund) | Zeichnung: Beat Scheffold.

bereits in der oberen Trias vor. Warum sehen wir dann die rasche Entwicklung der Sauropoden erst gegen Ende des unteren Jura, und was passierte mit all den anderen Gruppen der Sauropodomorphen, die im unteren Jura noch eine weite Verbreitung hatten, aber ab dem Ende dieser Zeit im Fossilbericht nicht mehr auftreten?

Neue Erkenntnisse dazu gibt es aus dem unteren Jura von Patagonien. Während die meisten unterjurassischen Dinosaurierfundstellen weltweit aus der Zeit des frühen unteren Jura stammen, gibt es dort mit der Cañadón Asfalto Formation in der argentinischen Provinz

Chubut einen Fundkomplex, der die letzten wenigen Millionen Jahren dieser Zeit repräsentiert. Die Cañadón Asfalto Formation hat bereits mehrere Vertreter der echten Sauropoden geliefert, und hilft nun auch, den Kontext dieser Fund besser einzugrenzen.

Schon seit einiger Zeit ist bekannt, dass vor etwa 180 Mio Jahren ein weiteres Aussterbeereignis stattgefunden hat, das vermutlich durch verstärkte Vulkanaktivität ausgelöst wurde, von denen z. B. die Drakensberg-Vulkanablagerungen im südlichen Afrika zeugen (Wignall 2005). Obwohl jedoch die Auswirkungen dieses Ereignisses

auf marine Faunen bereits recht gut untersucht ist, wissen wir immer noch recht wenig darüber, was zu jener Zeit bei den terrestrischen Faunen passierte. Allerdings fanden sich in letzter Zeit bereits Hinweise darauf, dass dieses Aussterbeereignis bei den Raub-Dinosauriern offenbar zu einem Faunen-Umbruch und einer raschen Radiation neuer Gruppen geführt hat (Rauhut und Pol 2019).

Der Fund eines neuen Sauropoden in der Cañadón Asfalto Formation, der den Namen *Bagualia alba* erhielt (Pol et al. 2020), ließ sich nun sehr präzise auf 179 Mio Jahre datieren. Zudem lassen Pflanzenfunde aus den Schichten unter der Cañadón Asfalto Formation und aus der Nähe der Fundstelle von *Bagualia* Schlüsse auf das Klima und die Paläoökologie zu. Es stellte sich heraus, dass sich, mit der verstärkten Vulkantätigkeit offenbar das Klima schnell und recht drastisch geändert hat, von einem warm gemäßigten und eher feuchten zu einem heißen, trockenen und stark saisonal geprägtem Klima. Dies führte zu einer Änderung der Vegetation, von einer üppigen, diversen und überwiegend zartblättrigen Flora hin zu einer kargen, wenig diversen und an trockene Verhältnisse angepassten Flora. Während die meisten Sauropodomorphen offenbar an die eher zarte Flora des frühen Jura angepasst waren, hatten die Sauropoden deutlich robustere Bezahnungen, die auch mit der neuen Vegetation gut klarkam - somit überlebte diese Gruppe und konnte sich unter den neuen Bedingungen rasch ausbreiten, während die anderen Entwicklungslinien

der Sauropodomorphen ausstarben. Offenbar war der Klimawandel also auch schon im unteren Jura ein Thema!

Unsere Autoren:

Oliver Rauhut (SNSB-Bayerische Staatssammlung für Paläontologie und Geologie und Ludwig-Maximilians-Universität München)

Literatur:

Galton, P.M. 1986. Prosauropod dinosaur Plateosaurus (=Gresslyosaurus) (Saurischia: Sauropodomorpha) from the Upper Triassic of Switzerland. *Geologica et Palaeontologica*, 20: 167-183.

Pol, D., Ramezani, J., Gomez, K., Carballido, J.L., Carabajal, A.P., Rauhut, O.W.M., Escapa, I.H. and Cúneo, N.R. 2020. Extinction of herbivorous dinosaurs linked to Early Jurassic global warming event. *Proceedings of the Royal Society of London B* 287: 20202310. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2020.2310>

Rauhut, O.W.M., Fechner, R., Remes, K. and Reis, K., 2011. How to get big in the Mesozoic: the evolution of the sauropodomorph body plan. In: N. Klein, K. Remes, C.T. Gee and P.M. Sander (Editors), *Biology of the sauropod dinosaurs: understanding the life of giants*. Indiana University Press, Bloomington and Indianapolis, pp. 119-149.

Rauhut, O.W.M., Holwerda, F.M. and Furrer, H., 2020. A derived sauropodiform dinosaur and other sauropodomorph material from the Late Triassic of Canton Schaffhausen, Switzerland. *Swiss Journal of Geosciences*, 113: 8.

Rauhut, O.W.M. and Pol, D., 2019. Probable basal allosauroid from the early Middle Jurassic Cañadón Asfalto Formation of Argentina highlights phylogenetic uncertainty in tetanuran theropod dinosaurs. *Scientific Reports*, 9: 18826.

Wignall, P., 2005. The link between large igneous province eruptions and mass extinctions. *Elements*, 1(5): 293-297.



SOMSO®
MODELLE
SEIT 1876



Unser Vorbild ist die Natur

Mit diesem Leitspruch setzt SOMSO® die Maßstäbe für Form und wissenschaftliche Exaktheit bis ins kleinste Detail bei der Entwicklung und Herstellung seiner Modelle.

Die Serie „Lurche und Kriechtiere Mitteleuropas“ wird wissenschaftlich von Studiendirektor Christian Groß betreut, umfasst mittlerweile 140 Modelle und wird laufend erweitert.

Die neuen Modelle des Kleinen Wasserfrosches ZoS 1021 - 1021/7 veranschaulichen die ausgeprägte Färbungs- und Zeichnungsvariabilität dieser Grünfroschart. Zusammen mit der Fähigkeit das Grün der Grundfärbung „situationsbedingt“ aufzuhellen oder abzudunkeln, ergeben sich vielfältige Tarnungsmöglichkeiten für die von zahlreichen Beutegreifern (Prädatoren) bedrohten Frösche.



*Sonderkatalog
A 75/SV-VII und
Poster A 187 auf
Anfrage erhältlich*

MARCUS SOMMER SOMSO MODELLE GMBH

Friedrich-Rückert-Straße 54, 96450 Coburg

Telefon (0 95 61) 8 57 40 • Telefax (0 95 61) 85 74 11

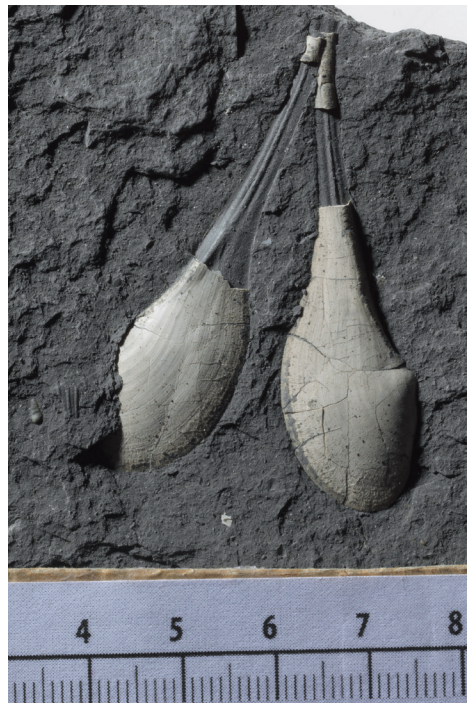
somso@somso.de • www.somso.de

Blähtonkügelchen oder Holotyp

57 Jura-Muschelarten in fränkischer Tongrube entdeckt

Fast alle Fossilien in Tongruben oder Steinbrüchen fallen dem traurigen Schicksal der Vernichtung anheim, werden zu Schotter, Zement, Ziegeln oder eben Blähtonkügelchen verarbeitet, die wir aus Blumenkübeln kennen oder die Baustoffen zugeschlagen werden. Und dies, obwohl Fossilien seit einiger Zeit als Kulturgüter gelten, was streng genommen zur sofortigen Einstellung jeglicher Abbautätigkeit führen müsste. Dann fände man allerdings fast keine Fossilien mehr, denn im Abbau befindliche Tongruben und Steinbrüche sind für Paläontologen die wichtigsten Fossillieferanten. Glücklicherweise gibt es in Deutschland eine begeisterte Sammlerszene; diese emsigen Sammler bewahren Fossilien vor ihrer Zerstörung.

Die Tongrube Buttenheim, gelegen in Oberfranken zwischen Bamberg und Forchheim erschließt fossilreiche, tonige Meeresablagerungen des Unteren Juras, den dort etwa 40 m mächtigen Amaltheenton, benannt nach der Ammonitengattung *Amaltheus*. Die Grube wird kontinuierlich von Privatsammlern abgesammelt und von Wissenschaftlern beprobt. Nicht zuletzt dank der Sammler wurden in den vergangenen Jahren zahlreiche Arbeiten über die marinen Invertebraten aus der Tongrube Buttenheim veröffentlicht. Die Sammler überließen ihr Material der Forschung und trugen zu Publikationen bei – Citizen Science im besten Sinn. Die Firma Liapor betreibt die Tongrube bei Buttenheim und ermöglicht



*Abb. 1: Die geschnabelte Muschel *Ryderia doris*, eine charakteristische Muschel der Buttenheim-Fauna. Fragile Fossilien wie dieses müssen rechtzeitig geborgen werden, um der Zerstörung durch Abbau und Verarbeitung zu entgehen | Foto: Manuela Schellenberger.*

durch Sammelgenehmigungen die Zusammenarbeit von Bürgern, Wirtschaft und Wissenschaftlern.

Die Muscheln

Deutschland gilt als paläontologisch gut durchforscht und dennoch kommt



Abb. 2: Die Tongrube bei Buttenheim, aus der bislang weit über Hundert fossile Arten beschrieben wurden, darunter alleine 57 Arten von Muscheln in einer jüngst erschienen Monographien | Foto: Alexander Nützel.

es immer wieder zur Entdeckung neuer Arten. In den letzten Jahren wurden in der Tongrube Buttenheim zahlreiche Neufunde gemacht. Ein Paläontologen-Team von der Bayerischen Staatssammlung für Paläontologie und Geologie (SNSB-BSPG) und dem Geozentrum Nordbayern (Erlangen) hat nun die etwa 185 Millionen Jahre (Unterer Jura) alte, artenreiche Muschelfauna aus der Tongrube Buttenheim monographisch bearbeitet (Abb. 2). Die detaillierte Beschreibung der Fossilien veröffentlichten die Forscher in der Fachzeitschrift *Palaeontographica*. Mit 57 Arten von Meeresmuscheln aus einer einzigen Fundstelle gehört diese Fauna zu den artenreichsten, die aus der Zeit

des Unteren Jura weltweit bekannt sind. Die Wissenschaftler untersuchten rund 7.000 Muschelexemplare. Unter den Muschelfossilien aus der Buttenheimer Tongrube konnten zwei neue Gattungen (*Paracuspidaria*, *Eothyasira*) und zwei neue Arten (*Rollieria franconica* sp. nov., *Nicaniella schoberti* sp. nov., Abb. 3) identifiziert werden. Außerdem ließen sich aufgrund der hervorragenden Erhaltung der Fossilien nun einige Arten viel detaillierter beschreiben sowie stammesgeschichtlich und ökologisch exakter einordnen. *Eothyasira* ist der älteste Vertreter der Familie Thyasiridae (Abb. 4), deren lebende Vertreter chemoautotropher Bakterien in den Kiemen besitzen.

Dieses *first appearance date* interessierte bereits Kollegen, die Datierungen für molekulargenetische Stammbäume suchen. Merkwürdigerweise ist dies auch die einzige Muschel, die regelmäßig naticidenartige Bohrlöcher aufweist, was für einen eng eingemischten, spezialisierten infaunalen Täter spricht, wie in einer Nachfolgepublikation diskutiert wird (Karapınar et al. 2020b). Im frühen Jura waren Schalenanbohrungen im Gegensatz zu heute noch eine Seltenheit und Raubschnecken der Naticidae und Muricidae, die in rezenten Meeren häufig zu finden sind, gab es damals noch nicht. Ein weiteres Highlight ist die geschnabelte Muschel *Ryderia* (Abb. 1) mit ihrem langen Fortsatz, der die Siphonen beherbergte. Eine der häufigsten Muscheln ist der bestachelte *Harpax spinosus* mit konvex-konkaver Schale, dessen Autökologie Gegenstand einer weiteren Publikation war (Fürsich et al. 2020). Das jugendliche Tier ist an ein Substrat zementiert, z.B. an eine Schneckenschale, und paust dieses ab (Abb. 5). Bei weiterem Wachstum wird die Muschel zur Liegeform (secondary soft bottom recliner) und auf der rechten, funktionell unteren Klappe wachsen radiale Stacheln. Diese Stacheln dienen der Verhinderung des Einsinkens in den weichen, schlammigen Untergrund sowie der Stabilisierung (Schneeschuhrategie).

Die Fossilien des Fränkischen Juras fanden schon im 19. Jahrhundert Bearbeiter, z. B. den Grafen Georg zu Münster, einen der großen Sammler seiner Zeit. Er war Mitautor der in Fachkreisen berühmten *Petrefacta Germaniae* (Goldfuss 1826-1844), in der Mitte des

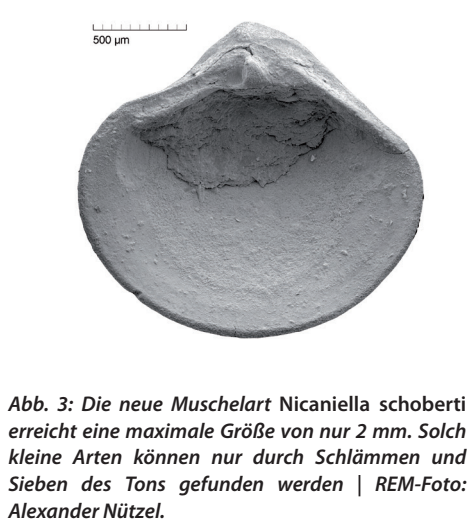


Abb. 3: Die neue Muschelart *Nicaniella schoberti* erreicht eine maximale Größe von nur 2 mm. Solch kleine Arten können nur durch Schlämmen und Sieben des Tons gefunden werden | REM-Foto: Alexander Nützel.



Abb. 4: *Eothyasira antiqua* (Münster) der früheste Vertreter der Familie Thyasiridae, angebohrt, wahrscheinlich von einer noch unbekannten Schnecke | Foto: Baran Karapınar.

19. Jahrhunderts alle damals bekannten Fossilien Deutschlands abgebildet und beschrieben wurden. Der Ankauf dieser Sammlung durch König Ludwig I. war ein wesentlicher Schritt in der Entwicklung der Bayerischen Staatssammlung für Paläontologie und Geologie (SNSB-

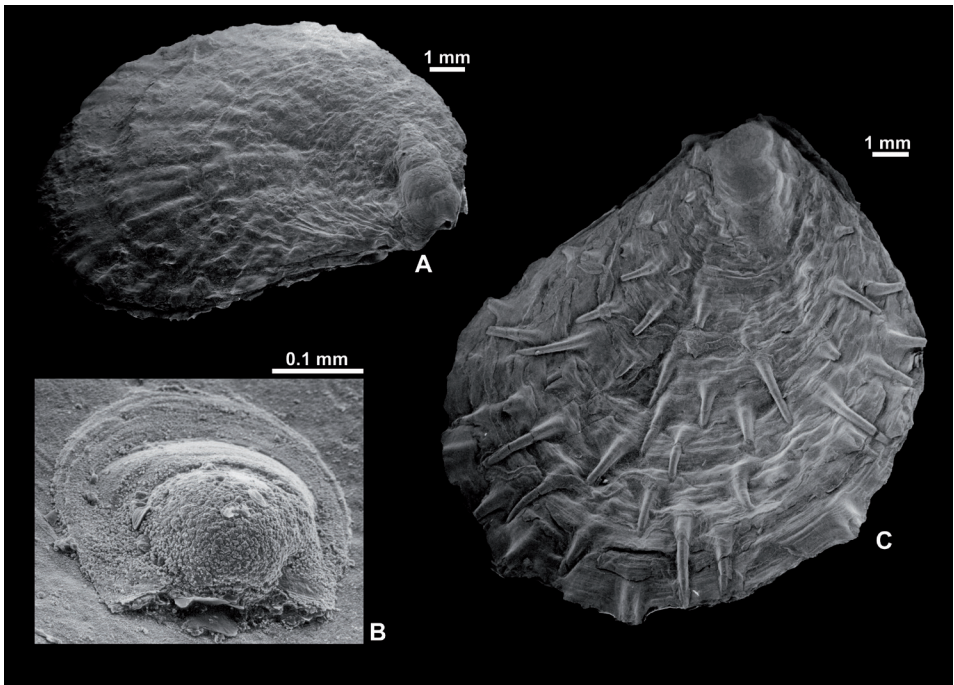


Abb. 5: Die bestachelte Muschel *Harpax spinosus*; A. obere (linke) Klappe mit durchgepauster Schnecke als Anwachsfläche für Juvenilstadium; C. untere (rechte) Klappe mit radialen Stacheln; B. postlarvales Exemplar, zementiert auf Substrat mit Larvalschale | Fotos: REM-Fotos: Alexander Nützel (aus Fürsich et al. 2020).

BSPG). Glücklicherweise sind Münsters Typusexemplare dort noch erhalten (Abb. 6). Dies erleichterte die Identifikation der Buttenheimer Muscheln sehr. Die Autoren ergriffen nun die Gelegenheit, dieses wichtige Typusmaterial erstmals mit modernen fotografischen Methoden zu dokumentieren und zu publizieren.

Ökologie und Bedeutung der Fauna

Das dunkle Tongestein des Amaltheentons zeigt, dass der Meeresboden feinkörnig und schlammig war. Die

Wassertiefe – deren Rekonstruktion immer ein heikles Thema in der Paläontologie ist – betrug mindestens einige Zehner Meter; es war vielleicht schon dys- oder aphotisch, da photosynthetisierendes Benthos fehlt. Die Muscheln lebten in und auf dem schlammigen Meeresboden. Sie filterten Nahrung aus dem Meerwasser oder pipettierten die nahrungsreiche Oberfläche des Meeresbodens ab. Eine Art, der jetzt entdeckte früheste Vertreter der Cuspidariidae, ernährte sich wie die rezenten Verwandten wohl



Abb. 6: Der Holotyp von *Venus antiqua* Münster, 1841, Typusart der neuen Gattung *Eothyasira*. Der direkte Vergleich mit Typusmaterial an der BSPG erleichtert die Identifikation der Buttenheimer Muscheln. Münsters Originaletikett links oben | Foto: Manuela Schellenberger.

microcarnivor. Daneben lebten einige infaunale Muscheln auch in Symbiose mit Bakterien, um sauerstoffarme Phasen im Meeresboden zu überstehen.

Neben den Muscheln lieferte Buttenheim eine vergleichsweise diverse Fauna mariner Invertebraten, davon sind Schnecken mit etwa 50 Arten

am artenreichsten (Nützel & Gründel 2015). Die große Häufigkeit isolierter Skelettelemente von Schlangensterne in Sedimentproben zeigt, dass diese eine wichtige Rolle im Buttenheimer Ökosystem gespielt haben. Die Brachiopodenfauna ist artenarm, aber individuenreich. Weiterhin wurden Scaphopoden, Asseln, Serpuliden,

Seelilien, Seegurken, Seeigel und anderes nachgewiesen. Das Nekton ist reichlich mit Ammoniten und Belemniten vertreten. Das Benthos wird ausgeprägt von Mollusken dominiert. Auffallend ist, dass die meisten benthischen Arten klein sind, in der Regel deutlich weniger als 2 cm. Dies mag vor allem der weichen Substratbeschaffenheit und der fluktuierenden Sauerstoffkonzentration als limitierenden Faktoren geschuldet sein.

Buttenheim im erdgeschichtlichen Kontext

Es ist am Platz, die Buttenheimer Fauna in einen erdgeschichtlichen Kontext zu setzen. Nach dem großen Massenaussterben am Ende der Trias-Zeit (vor 200 Millionen Jahren) kam es zu großen geotektonischen Umwälzungen: Der Atlantik öffnete sich, einhergehend mit intensivem Vulkanismus und klimatischen Änderungen. Somit zerbrach der Superkontinent Pangäa. Der Tethysozean und seine epikontinentalen Randmeere (denen auch Buttenheim zuzurechnen ist) bestanden fort. Nach einer terrestrischen Entwicklung in der Oberen Trias transgredierte das Jura-Meer im Unteren Jura in Deutschland, so dass in der Folge der gesamte Jura Deutschlands weitgehend marin entwickelt ist. Anfangs kam es weltweit noch zu Krisen in der Sauerstoffverfügbarkeit, die sich limitierend auf das Tempo der Erholung auswirkten. Die Fauna des Buttenheimer Amaltheentons lebte unter ausreichend günstigen Bedingungen, wie die für einen Offshore-Weichboden beträchtliche Diversität zeigt. Dem Amaltheenton folgt der wesentlich artenärmere

Posidonienschiefer, der auch in der Tongrube Buttenheim aufgeschlossen ist. Es ist ein typischer Schwarzschiefer, der unter anoxischen bis dysoxischen Bedingungen abgelagert wurde. Dieser Übergang reflektiert das Pliensbachium/Toarcium-Massenaussterben, das sich überregional, vielleicht sogar global auswirkte. Die Fauna des Amaltheentons, die in Buttenheim zutage trat, starb fast vollkommen aus. Das Studium von Massenaussterben ist einer der wichtigsten Beiträge der Paläontologie zu den life sciences. Sie sind echte game changer - die heutige Biosphäre sähe ohne sie völlig anders aus.

Unsere Autoren:

Alexander Nützel und Winfried Werner, SNSB - Bayerische Staatssammlung für Paläontologie und Geologie

Literatur:

Fürsich, F.T., Karapınar, B., Werner, W., Nützel, A. (2020) Ecology of the Lower Jurassic bivalve Harpax spinosus (J. Sowerby, 1819). Neues Jahrbuch für Geologie und Paläontologie Abhandlungen 297/2 (2020), 227–243

Goldfuss, G.A. (1826-1844) Petrefacta Germaniae. Düsseldorf (Arnz)

Karapınar, B., Werner, W., Fürsich, F.T., Nützel, A. (2020a) Taxonomy and palaeoecology of the Early Jurassic (Pliensbachian) bivalves from Buttenheim, Franconia (Southern Germany). Palaeontographica Abteilung A 318: 1–127.

Karapınar, B., Werner, W., Fürsich, F. T., Nützel, A. (2020b) Predatory drill holes in the oldest thyasirid bivalve, from the Lower Jurassic of South Germany. Lethaia, <https://doi.org/10.1111/let.12399>.

Nützel, A., Gründel, J. (2015) Early Jurassic (Pliensbachian) gastropods from Franconia, South Germany. Palaeontographica A 305: 1–87.

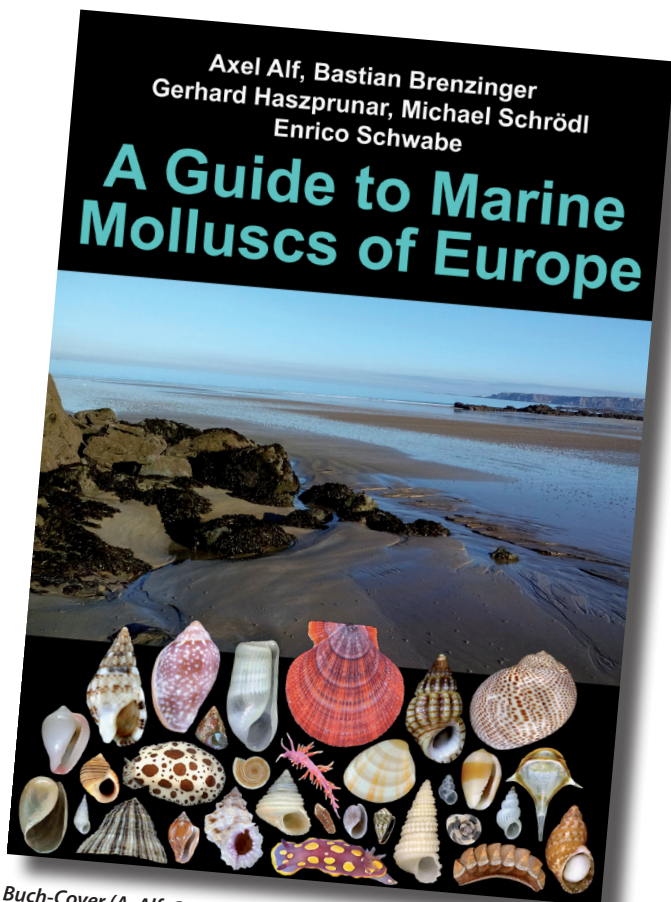
A Guide to Marine Molluscs of Europe

Was sind Mollusken überhaupt? Welche Rolle spielen sie für den Menschen, für Nahrungsnetze und Ökosysteme? Was hat es mit der oft wunderschönen Schale auf sich? Wo findet man sie und wie erkennt und bestimmt man die Arten? Molluskenforscher der Zoologischen Staatssammlung München (SNSB-ZSM) stellen nun in einem kürzlich erschienenen Buch über 1400 Arten von Weichtieren aus den Meeren Europas samt ihrer Variationen, Verbreitungen und Ökologie vor. Anschaulich illustriert und nach aktuellem Kenntnisstand ihrer Verwandtschaftsbeziehungen, zu dem die Autoren in etlichen Gruppen auch selbst beigetragen haben. Das Buch zeigt die meisten der an der Küste häufigen Arten, und gibt einen Überblick über die Vielzahl der Gruppen von Muscheln und Schnecken, aber auch Chitonen und anderen Weichtieren. Also die kleinen, versteckt oder im tieferen Wasser lebenden Tiere, die man bei entsprechender Suche finden könnte – noch, denn die Bestände gehen vielfach zurück. Hauptgrund ist das Verschwinden

artenreicher Lebensräume (z.B. Seegraswiesen, Kalkalgenriffe oder Maerlgründe) und die Umweltbelastung etwa durch nährstoffreiche oder gar giftige Abwässer. „Wir hoffen, dass unser Buch Lust macht, die Fauna europäischer Küsten zu erkunden und zu schützen!“, so Prof. Michael Schrödl, Kurator für Weichtiere an der ZSM.

Alf, A., Brenzinger, B., Haszprunar, G., Schrödl, M. & Schwabe, E. A Guide to Marine Molluscs of Europe. Conchbooks, Hackenheim. 803pp, davon 355 prächtige Farbtafeln mit etwa 1400 Arten europäischer Meeresmollusken. ISBN 978-3-948603-00-7

Zu beziehen von www.conchbooks.de



Buch-Cover (A. Alf, Conchbooks)



Der Direktlink zum Verlag

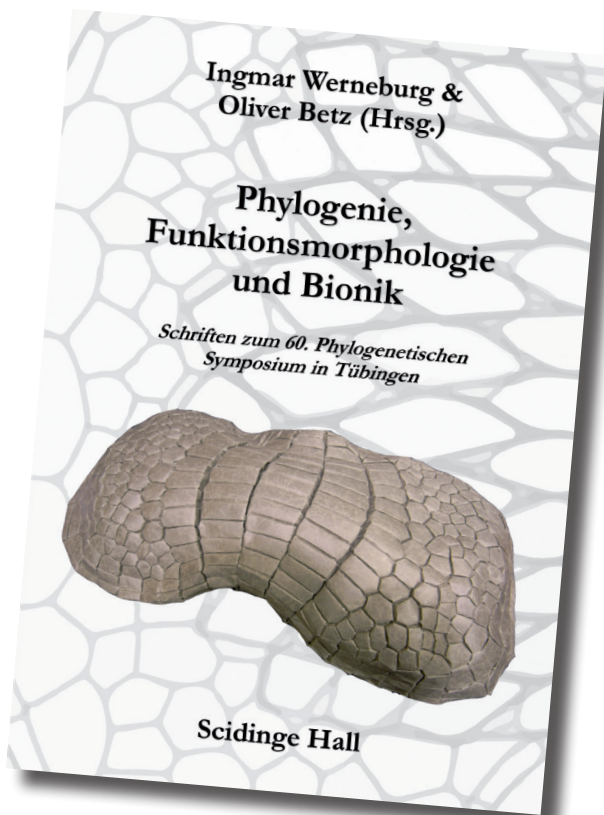
Phylogenie, Funktionsmorphologie und Bionik

Der Bionik liegt die Annahme zugrunde, daß die belebte Natur durch evolutionäre Veränderungen optimierte Strukturen und Prozesse entwickelt, von denen der Mensch für seine Technik lernen kann. Um die Funktionalität einer biologischen Struktur für die Bionik umfangreich zu durchschauen und nutzbar zu machen, ist es notwendig, sowohl die phylogenetischen Zusammenhänge als auch die Verflechtung organischer Strukturen und ihrer Funktionen in Zeit und Raum (Ontogenese, Phylogenese) im Sinne eines ganzheitlichen Organismuskonzeptes zu ergründen. So können Fehlinterpretationen in der Bionik umgangen und die Effizienz technischer Umsetzungen verbessert werden. Umgekehrt ist die technische Seite auch für die Biologie von größtem Nutzen, indem physikalische Begrifflichkeiten und grundlegende Prinzipien glossarisch in die Biologie eingeführt werden. Solche abstrakt formulierten Wirkprinzipien zwingen den Biologen zu einem objektivierte n Zugang an seinen

Studienorganismus, was dabei helfen kann, neue funktionsmorphologische Zusammenhänge zu erkennen und stammesgeschichtlich begründete Ableitungen neu zu überdenken.

Der Tagungsband „Phylogenie, Funktionsmorphologie und Bionik - Schriften zum 60. Phylogenetischen Symposium in Tübingen“ erschien vor kurzem im Scidinge Hall Verlag. Der GfBS-Newsletter berichtete ausführlich über die Tagung (Bd. 34: S. 47, Bd. 36: S. 8-12). Nach mehreren theoretischen Aufsätzen zu grundlegenden Fragestellungen des Natur-Technik-Vergleichs folgt ein spezieller Teil, der sich mit fossilen und rezenten Pflanzen, mit Insekten und Seeigeln sowie der Färbung, den Zähnen und dem Skelett bei Wirbeltieren beschäftigt. Hinzu kommen Beiträge zur Funktionsmorphologie und ein Abschnitt, der sich mit den Anpassungen der Schildkröten – Panzer, Atemapparat und Halsbewegung – als Ideengeber für die Technik auseinandersetzt.

Die Beiträge des Bandes stammen von Oliver Betz, Alexander Blanke, Christine



Böhmer, Jindřich Břejcha, Gerardo Antonio Cordero, Manfred Drack, Martin Ebner, Tobias B. Grun, Rosana Keil, Karel Kleisner, Markus Lambertz, Stephan Lautenschlager, Wolfgang Maier, Tom Masselter, Tatiana Miranda, Werner Nachtigall, James H. Nebelsick, John A. Nyakatura, Fernando Poli, Rainer Radtke, Anita Roth-Nebelsick, Thomas Speck, Ingmar Werneburg, Ulrich Witzel und Jan Wölfer.

Ingmar Werneburg & Oliver Betz (2020, Hrsg.). Phylogenie, Funktionsmorphologie und Bionik - Schriften zum 60. Phylogenetischen Symposium in Tübingen. Scidinge Hall Verlag Tübingen. Zahlreiche farbige Abbildungen, Softcover, 20 €, ISBN: 978-3-947020-10-2.



Der Direktlink zum Verlag

Increase efficiency in your laboratory.



ZEISS Laboratory Microscopes

Enjoy the convenience of ZEISS laboratory microscopes for your daily checks, every day. Choose a microscope, that is easy to use, has a long lifetime, and provides outstanding image quality. Revolutionize your digital documentation with smart microscopy, and simply speed up your daily routines.

zeiss.com/routine



Seeing beyond