



NEWSLETTER

NETWORK OF BIOLOGICAL SYSTEMATICS

Liebe NOBISSten!

NOBIS Austria setzt sich für alle Belange der Erforschung der Artenvielfalt, deren evolutionäre, phylogenetische und ökologische Zusammenhänge und natürlich auch für den Erhalt und Schutz der Lebensräume und der Arten ein. Wir wollen ein hörbares Sprachrohr der Biosystematiker in Österreich und ein kommunizierendes Bindeglied zu ähnlichen nationalen und internationalen Netzwerken sein.

Die Zahl der Mitglieder ist nicht nur hinsichtlich der Mitgliedsbeiträge eine Stärkung einer Gesellschaft. Die Zahl der Kompetenten, die in einer Gesellschaft organisiert sind, macht auch den Grad ihrer Wahrnehmbarkeit, Wirksamkeit und Gewichtung aus. Gemeinsame Ziele wollen wir gemeinsam anstreben. Die Aufwertung biosystematischer und taxonomischer Grundlagenbildung wollen wir aktiv betreiben.

Dafür brauchen wir Ihre/Eure Hilfe. Die bereits bei uns sind: Bitte werben Sie/werbt Mitglieder für NOBIS Austria in der Kollegenschaft. Jene, die unsere Anliegen und Ziele unterstützen, aber noch nicht Mitglied bei NOBIS Austria sind: Bitte treten Sie/tretet bei! <http://www.nobis-austria.at/>

- NOBIS Austria wurde in den letzten 3 Jahren als wissenschaftliche Gesellschaft erfolgreich etabliert.
- Das „Netzwerk für Biologische Systematik“ hat bereits eine vorzeigbare Anzahl aktiver Mitglieder.
- NOBIS Austria veranstaltet jährlich Tagungen, Seminare und Workshops.
- NOBIS ist seit 2008 Teil des Europäischen Dachverbandes BioSyst.EU.
- NOBIS Austria hat bei der ersten Europäischen BioSyst.EU-Tagung 2009 in Leiden einen wesentlichen und viel beachteten Beitrag geleistet.

Herzlich willkommen bei NOBIS Austria!

Ulrike Aspöck

Systematik ist der Schlüssel zur Art
Systematik ist der Schlüssel zur Biodiversität
Systematik ist der Schlüssel zur Evolution

Beiträge für den nächsten Newsletter können bis 1. März 2010
an andreas.kroh@nhm-wien.ac.at gesendet werden!

Newsletter #4 – Inhalt

Berichte

- Österreichische Kustodentagung 2009
- BioSyst.EU News
- BioSyst.EU – Memorandum of Understanding
- Taxon oder Taxi?
- BHL – Biodiversity Heritage Library
- Darwins bunte Schnecken
- NOBIS 3 – Jahrestagung von NOBIS Austria 2009
- Evolutionsbiologie – Trends und Perspektiven

NOBIS 3 - Jahrestagung von NOBIS Austria 2009 SYSTEMATICS OPEN

Die nächste NOBIS Austria Jahrestagung findet am
4. Dezember 2009 im Naturhistorischen Museum in Wien statt.

Poster: Din A0, hochkant, Kurzvorstellung (~3 min) mit 2 Powerpoint-Folien
Abstracts: englisch, bitte verwenden Sie das NOBIS-Abstract-Formular (Homepage)

Teilnahmegebühr: für NOBIS-Mitglieder kostenlos,
für Nicht-Mitglieder 15€

Termine: Abstracts bis 31. Oktober 2009, Teilnahme bis 29. November 2009

Anmeldung auf www.nobis-austria.at oder per E-Mail an franziska.anderle@nhm-wien.ac.at

NOBIS-Logos und Grafiken stehen im Download-Bereich unserer Homepage bereit - setzen Sie ein Zeichen und bekennen Sie sich zu NOBIS Austria!

Impressum

Eigentümer, Herausgeber & Verleger:
NOBIS Austria c/o Naturhistorisches Museum Wien, Burgring 7, 1010 Wien
Redaktion & Layout: Andreas Kroh (andreas.kroh@nhm-wien.ac.at)
Schriftleitung: Dominique Zimmermann (dominique.zimmermann@nhm-wien.ac.at)

Der Inhalt wurden mit größter Sorgfalt erstellt, ist jedoch nur zur allgemeinen Information gedacht. Die Zuverlässigkeit für bestimmte Verwendungszwecke sowie die Richtigkeit und Vollständigkeit werden in keiner Weise garantiert.

Für Inhalt und Richtigkeit beigefügter Einladungen haften die jeweiligen Herausgeber bzw. Veranstalter.

Österreichische Kustodentagung – Botanik-Paläontologie-Zoologie 2009 14. Oktober 2009 im Biologiezentrum in Linz

ein Bericht von Helmut Sattmann, NHM Wien

Der Österreichische Kustodentag 2009 fand im Vorfeld des Österreichischen Museumstages statt. Begrüßt und beherbergt wurden die Kustoden von Gerhard Aubrecht und seinen Kollegen aus dem Biologiezentrum. Den Reigen der Beiträge begann Gerhard Tarmann von den Tiroler Landesmuseen. An den Beispielen der Hochwasserkatastrophe an den Naturwissenschaftlichen Sammlungen in Innsbruck und der Kriegsschäden am Landesmuseum in Sarajewo erläuterte Tarmann anschaulich den „Weg zu einem Katastrophenplan für Museumssammlungen“. Bernd Moser vom Landesmuseum Joanneum schilderte unter dem Titel „Rote Fäden, bunte Fahnen, neue Viertel. Umsiedelung, Neupositionierung und Zukunftskonzepte der naturwissenschaftlichen Sammlungen des Joanneums in Graz“ die wechselvolle Geschichte und die spannenden Zukunftspläne. Ernst Vitek von der Botanischen Abteilung des NHM Wien berichtete über „Europäische und internationale Kooperationsprojekte und deren Entwicklung an Naturmuseen“, speziell über SYNTHESYS, Biodiversity Heritage Library (siehe Seite 7) etc. Thomas Nichterl von der Geologisch-Paläontologischen Abteilung des Naturhistorisches Museum Wien referierte über „Die Geologisch-Paläontologische Sammlung des NHM – Sammlungspolitik & Strategien“ und ging ausführlich auf die Problematik großer Datenbanken ein. Gerhard Aubrecht vom Biologiezentrum der Oberösterreichischen Landesmuseen sprach abschließend „Über die differenzierte Wahrnehmung naturwissenschaftlicher Sammlungen am Beispiel der Oberösterreichischen Landesmuseen“ und thematisierte die einseitige Wahrnehmung unserer Arbeit durch Öffentlichkeit, Bürokratie und Politik, die die didaktischen Aufgaben der Museen sehen, nicht aber den Aspekt des Dokumentierens und Forschens.

Anschließend wurden wir von den Linzer Kollegen durch die neue Dauerausstellung „Natur Oberösterreich“ am Linzer Schlossmuseum geführt. Wir gratulieren zur gelungenen und eindrucksvollen Schau. Der Kustodentag 2009 war anregend, informativ und verlief in sehr konstruktiver Stimmung. Dank allen Teilnehmern und den Organisatoren.

Teilnehmer:

Gerhard Aubrecht, Fritz Gusenleitner, Stefan Weigl, Martin Pfosser, Ernie Aescht, Björn Berning (Linz), Gerhard Tarmann (Innsbruck), Bernd Moser (Graz), Erich Steiner (St. Pölten), Stefan Gratzner (Ebensee), Christoph Hörweg, Anita Eschner, Robert Illek, Dominique Zimmermann, Thomas Nichterl, Ernst Vitek, Helmut Sattmann (Wien).



Bildquellen: Schlossmuseum Linz.

BioSyst.EU News

ein Bericht von Dominique Zimmermann, NHM Wien



Bio-Systematiker aus ganz Europa trafen sich von 10.-14. August in Leiden, Niederlande, bei der ersten Tagung von BioSyst.EU, dem europäischen Dachverband der Gesellschaften für biologische Systematik. Neben offenen Sessions gab es auch Symposien zu folgenden Themen:

„The importance of being small: Does size matter in biogeography?“

„Flowers on the Tree of Life“

„Evolution of plant-pollinator interactions“

„Application of information technology in systematics“

„Progress since Darwin: Deep phylogenies in the Eukaryotes“

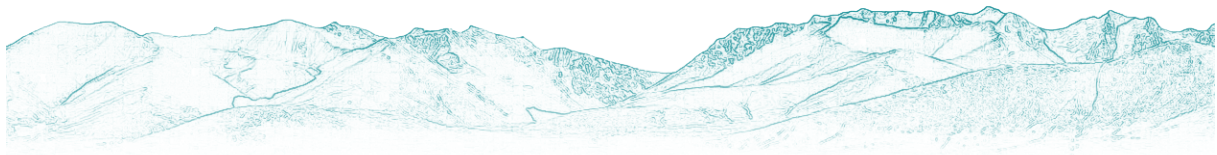
„Evolutionary response of high mountain biota to climate change – migration, adaptation or extinction?“

Das Symposium über „climate change in high mountain biota...“ wurde von Peter Comes und Andreas Tribsch (Uni Salzburg) im Namen von NOBIS Austria organisiert. Das Thema und die Beiträge stießen auf großes Interesse.

Darüber hinaus gab es in Leiden zwei Treffen der Vorstände der Gesellschaften von BioSyst.EU, bei denen folgende Punkte beschlossen wurden:

- Es soll zukünftig einen Vorstand von BioSyst.EU geben, der aus je einem Repräsentanten der vertretenen Gesellschaft besteht.
- BioSyst.EU Tagungen werden alle 4 Jahre stattfinden. Den Veranstaltungsort der nächsten Tagung beschließt der BioSyst.EU Vorstand.
- Es wurde ein Memorandum of Understanding (MoU) entworfen (siehe unten), das inzwischen ratifiziert wurde.
- Mitglied von BioSyst.EU kann zukünftig jede Europäische Systematische Gesellschaft werden, indem sie das MoU unterzeichnet.

NOBIS Austria wird zukünftig in der BioSyst.EU durch Helmut Sattmann (Stv. Dominique Zimmermann) vertreten sein.



Evolutionary response of high mountain biota to global climate change – migration, speciation or extinction.

Conveners: Andreas Tribsch & Hans-Peter Comes

BioSyst.EU Memorandum of Understanding

the Federation of Biological Systematics Societies in Europe



Research in the fields of taxonomy and systematics is the basis for all aspects of biological research and for the conservation of biodiversity. In view of the global biodiversity crisis and the lack of taxonomic expertise, international cooperation is necessary to arouse awareness, to improve our knowledge about the global species richness, its function and threat. To coordinate European research, BioSyst.EU (www.biosyst.eu) was founded at the Natural History Museum Vienna on 3 October 2006 by representatives of the Systematics Association (UK), Société Française de Systématique (F), Gesellschaft für Biologische Systematik (D), Swiss Systematics Society (CH); the Network of Biological Systematics Austria (A) joined in 2007; the Swedish Systematics Association (S) joined in 2009.

During the first joint BioSyst.Eu Congress at Leiden, Netherlands, representatives of all above members agreed this Memorandum of Understanding to provide a European platform to:

1. hold joint meetings on a regular basis;
2. promote research, teaching, and training in all areas of systematic biology, including phylogenetic, taxonomic, and biodiversity research;
3. encourage collaboration and interchange among researchers, both individually and through their respective societies and institutions;
4. coordinate national and international efforts without infringing on the autonomy of the member societies;
5. encourage formation of additional national systematic societies, while continuing to represent systematists in countries still lacking formal societies;
6. increase the profile and funding of systematic biology in the European parliament.

BioSyst.EU represents European scientists dealing with topics of systematic biology. It considers itself as a collaborative counterpart to the Consortium of European Taxonomic Facilities (CETAF) where European Natural History Institutions have joined, whereas in BioSyst.EU individual scientists are to be represented via their national or regional societies.

Leiden, 14 August 2009

SystAss (Richard Bateman, Juliet Brodie)

SFS (Valery Malecot)

GfBS (Regine Jahn, Wolfgang Wägele, Gerhard Haszprunar)

SSS (Jean Mariaux, Reto Nyffeler, Seraina Klopstein)

NOBIS (Dominique Zimmermann, Peter Comes, Helmut Sattmann)

SSA (Bengt Oxelman)

Note: Alessandro Minelli attended for the potential Italian Systematic Society

Taxon oder Taxi?

ein Bericht von Dominique Zimmermann, NHM Wien

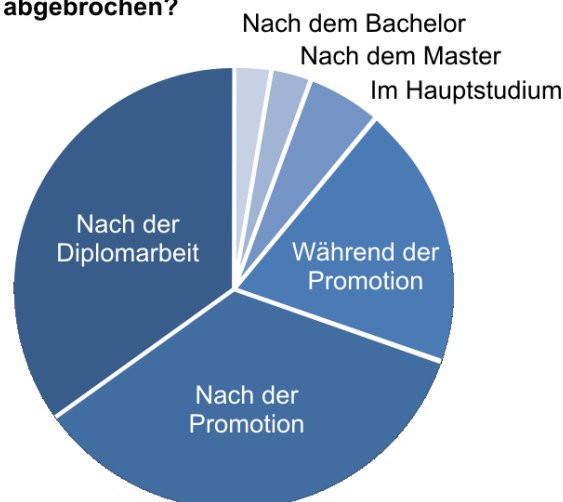
Was sagt ein Biologe ohne Job zu einem Biologen mit Job? „Einmal Pommes mit Ketchup, bitte.“ Diesem Klischee, zugespitzt auf Taxonomen, wollten Michael Braun und Alexander Gruhl von den JuSys der Gesellschaft für Biologische Systematik auf den Zahn fühlen – wie sehen denn die Berufschancen der Taxonomen wirklich aus? An welcher Stelle steigen die meisten aus der Wissenschaft aus? Und gleichzeitig – was müsste man ändern, um dem Mangel an gut ausgebildeten Experten entgegenzuwirken?

Die Umfrage dauert nur wenige Minuten und richtet sich an Biologen, die ihr Studium nach 1990 beendet haben. Bisher haben sich über 200 Personen an der Studie beteiligt. 78 % der Befragten sind nach wie vor in der organismischen Biologie tätig, doch nur weniger als ein Drittel haben eine feste Anstellung. Der Großteil befindet sich nach wie vor in der wissenschaftlichen Qualifikationsphase. Als Ausbildungsort für das Grundstudium steht Wien nach Berlin übrigens an zweiter, für die Promotion an dritter Stelle.

Etwa 20 % der Befragten haben der systematischen Biologie endgültig abgesagt. Der vorherrschende Ausstiegsgrund sind die Berufsperspektiven, welche von den Teilnehmern durchgehend als schlecht bewertet werden. Viele der Aussteiger aus der Systematik konnten jedoch in einem anderen biologischen Fachgebiet unterkommen, wie beispielsweise der Mikrobiologie, Bioinformatik, Physiologie oder Verhaltensforschung, einige sind auch auf eine Tätigkeit im Wissensmanagement oder als Lehrer umgestiegen.

Die meisten Aussteiger entscheiden sich erst nach der Promotion zu einem Wechsel in ein anderes Berufsfeld. Qualifizierte Taxonomen sind also durchaus vorhanden. Wir sollten daher verstärkt versuchen, auf Entscheidungsträger in Wissenschaft und Politik einzuwirken, damit Mittel für diesen wichtigen Zweig der Biologie bereitgestellt werden.

Wann wurde das Studium abgebrochen?



Auswertung der Umfrage

Aufteilung nach Geschlecht (196 Teilnehmer):

- männlich: 117 (59.7 %)
- weiblich: 78 (39.8 %)
- keine Angabe: 1 (0.5 %)

Aufteilung nach dem Zeitpunkt, an dem die Entscheidung für die Organismik geschlossen wurde:

- Während des Hauptstudiums: 42 (21.4 %)
- Während des Grundstudiums: 56 (28.6 %)
- Während der Promotion: 1 (0.5 %)
- Während der Diplom-/Masterarbeit: 8 (4.1 %)
- Vor dem Studium: 85 (43.4 %)
- keine Angabe: 2.0 %

Bewertung der Zukunftsaussichten für das eigene Fachgebiet:

- Männer: Note 3,8
- Frauen: Note 4,0

Bewertung der Zukunftsaussichten außerhalb des eigenen Fachgebiets:

- Männer: Note 3,2
- Frauen: Note 3,0

Durchschnittsalter:

- Männer: 38,4 Jahre
- Frauen: 33,4 Jahre

Einen ausführlicheren Bericht gibt es im Newsletter #22 der Gesellschaft für Biologische Systematik unter www.gfbs-home.de

BHL – Biodiversity Heritage Library



ein Bericht von Dominique Zimmermann, NHM Wien

BHL – die Biodiversity Heritage Library – ist ein Projekt, bei dem digitalisierte Biodiversitäts-Literatur einer breiten Öffentlichkeit zugänglich gemacht wird. Ursprünglich kam dieses Projekt aus dem anglo-amerikanischen Raum, 2009 startete BHL Europe <http://www.bhl-europe.eu/>, ein Parallelprojekt, das im speziellen europäische Literatur aufnehmen und über BHL verfügbar machen soll. Zum Zeitpunkt der Verfassung dieses Artikels sind auf der Hauptseite <http://www.biodiversitylibrary.org/> bereits über 16 Millionen Seiten online verfügbar, und in den kommenden 3 Jahren sollen durch das Gesamtprojekt 40 Millionen Seiten online gehen.

Bevor Sie also das nächste Mal ein Werk in der Bibliothek suchen, lohnt sich ein Blick auf die Seite <http://www.biodiversitylibrary.org/> - mit Sicherheit kann man sich zukünftig den einen oder anderen Weg sparen!

Darwins bunte Schnecken

ein Bericht von Helmut Sattmann, NHM Wien
(helmut.sattmann@nhm-wien.ac.at)



Evolution MegaLab ist ein transeuropäisches Schnecken-Portal, die Teilnehmer können mittels einer Datenbank dazu beitragen, Evolutionsmechanismen darzustellen und evolutionsbiologische sowie umweltrelevante Fragen zu stellen und diese vielleicht auch zu beantworten.

Die Schalen der leuchtend bunten Bänderschnecken (Schwarzmäundige und Weißmäundige Bänderschnecke) sind in Farbe und Musterung sehr variabel, ein klassischer Fall von Polymorphismus. Die Häufigkeit bestimmter Varianten korreliert vermutlich stark mit dem Lebensraum. Tarnung schützt die Schnecken vor Fressfeinden. Zu diesen gehört die Singdrossel. In Wald und Wiese findet man mitunter so genannte Drosselschmieden. Das sind meist flache Steine, wo die Vögel die Schalen der Schnecken zertrümmern, um an die Weichkörper zu gelangen. Eine andere mögliche Erklärung für die hohe farbliche Variabilität der Bänderschnecken ist, dass die Farbe auch den Temperaturhaushalt der Schnecke beeinflusst. Dunkle Schalen absorbieren Sonnenstrahlung, während helle Schalen sie reflektieren. Beide Phänomene gäben gute Beispiele für das Prinzip der natürlichen Auslese oder Selektion, eines der Hauptprinzipien der Darwin'schen Evolutionstheorie.

Die Fragen, die **Evolution MegaLab** stellt und beantworten will: Wie sind die Farbvarianten ökologisch, wie geographisch verteilt? Wie ändern sich die Muster in Regionen, wo die Singdrossel selten geworden ist? Spiegelt sich die globale Erwärmung in den Häufigkeiten der Farben der Schneckenschalen wider?

Europaweit war die Beteiligung an dem Projekt sehr groß, England und in Deutschland wurden sehr viele Daten. Zwischen April und September wurden in ganz Europa fast 4.000 Datensätze eingegeben, in Österreich waren es im gleichen Zeitraum immerhin knapp 70, wobei in ähnlicher Weise wie im untersuchten Gesamttraum die Zahlen im August und September stark rückläufig waren. Das liegt vermutlich daran, dass die Schnecken im Spätsommer und im Herbst viel schwerer zu finden sind.

besonders in
eingegeben.



Für faunengeschichtliche Vergleiche werden auch historische Daten in die Untersuchung einbezogen. Zu diesem Zweck wurden Datensätze aus der Molluskensammlung des Naturhistorischen Museums dem Projekt zur Verfügung gestellt. Die Auswertung von **Evolution MegaLab** wird zum Ende des Jahres erwartet.



Bildquellen: (1) *Cepaea nemoralis* - Al Geer / Evolution MegaLab; (2) *Cepaea hortensis* und *Cepaea nemoralis* - André Künzelmann / Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung GmbH (UFZ)

Dieser Versuch einer wissenschaftlichen Erhebung unter unkontrollierter Einbeziehung von Laien hat viel Kritik hervorgerufen. Einerseits ist die Unterscheidung der fraglichen zwei *Cepaea*-Arten sowie ihre Abgrenzung zu ähnlichen Arten für Laien schwierig. Weiters ist die Unterscheidung der Farbvarianten nicht immer klar nachvollziehbar. Vor allem aber scheint mir, dass bei unsystematischer, flüchtiger Suche die schlechter getarnten eher gefunden werden, ein Drosseleffekt sozusagen. Weiters basiert die Untersuchung auf unserem visuellen Urteil, nicht dem der Drossel.

Die ganze Geschichte beruht in erster Linie auf den Klassikern von Cain & Sheppard in den 1960er Jahren. Die wurden und werden allerdings kontroversiell diskutiert und in Teilen ihrer Aussagen korrigiert. Vermutlich ist wohl in komplexen Lebensräumen doch alles viel komplizierter.

Trotz aller Unkenrufe glaube ich, dass **Evolution MegaLab** ein (vielleicht nicht streng wissenschaftliches, aber) didaktisch sehr wertvolles Projekt ist. Die Teilnehmer lernen, was man unter Polymorphismus versteht, das Prinzip der natürlichen Auslese wird an einem gut verständlichen Beispiel anschaulich gemacht. Und die Existenz unterscheidbarer, aber doch ähnlicher Arten mit definierten Verbreitungsgebieten und unterschiedlichen Lebensraumsansprüchen wird ebenfalls vermittelt. Idee und Prinzip von **Evolution MegaLab** eignen sich bestens für Schulprojekte und Demonstrationen für geführte Gruppen in Naturmuseen und Nationalparks. Man kann die Phänome Polymorphismus und Selektion anhand von Leerschalen zweier häufiger Tierarten demonstrieren. Es passieren keine gravierenden Eingriffe in natürliche Lebensräume. Nachdem die Erbgänge der Farben und Muster der Schneckenschalen gut bekannt sind, kann man zudem recht anschaulich und spielerisch genetisches Grundverständnis vermitteln. In der langen Nacht der Museen haben wir das im Naturhistorischen Museum auch getan. Das Projekt **Evolution MegaLab** geht mit der Schneckensaison 2009 zu Ende. Die Ergebnisse der Auswertungen sollen im Anschluss daran publiziert werden.

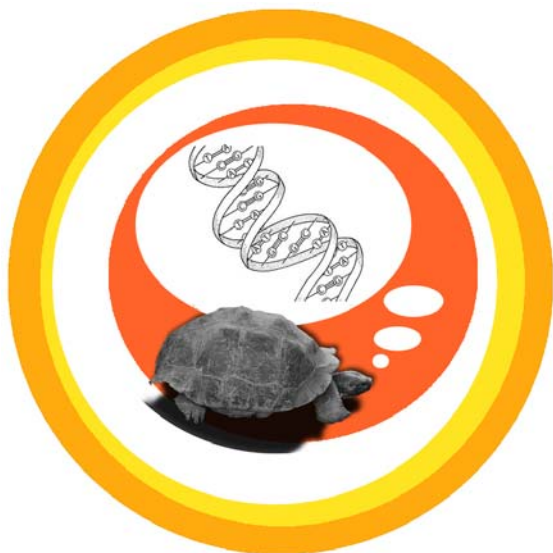
Weitere Details erfahren Sie auf der Homepage: www.evolutionmegalab.org



Bildquellen: Helmut Sattmann, NHM Wien. Links: *Cepaea hortensis*; Rechts: *Cepaea nemoralis*

Evolutionsbiologie – Trends und Perspektiven

Symposium am Naturhistorischen Museum Wien



6. November 2009
15:00 bis 20:00
Vortragssaal NHM
Eintritt frei
Vortragssprache Deutsch

Information aus erster Hand!

Allgemeinverständlich werden neue Erkenntnisse und aktuelle Forschungstrends der Evolutionsbiologie vorgestellt. ReferentInnen aus führenden wissenschaftlichen Institutionen werden mit kurzen Vorträgen in ihre speziellen Fachgebiete einführen. Anschließend werden im Diskurs untereinander und mit dem Publikum Fragen und Kontroversen der modernen Evolutionsbiologie erörtert.

Programm

15:00 – 15:15 Begrüßung und Einführung

Prof. Dr. Renée Schroeder, *Max F. Perutz Laboratories, Universität Wien*

Die RNA Welt: ein Modell zur Entstehung des Lebens

Prof. Dr. Lutz Bachmann, *NCB Universität Oslo*

Genomsequenzierung fossiler Funde – Neue Möglichkeiten für die Evolutionsbiologie

Dr. Claus Rueffler, *Inst. für Mathematik, Universität Wien*

Wie entstehen neue Arten?

17:00 – 17:30 Kaffeepause

Dr. Ines Hellmann, *Max F. Perutz Laboratories, Universität Wien*

Die Evolution des Menschen: Vergangenheit und Zukunft

Dr. Monika Lachner, *Max-Planck-Institut für Immunbiologie, Freiburg*

Epigenetik – Die Variation des Lebens

18:30 Podiumsdiskussion

Vorträge und Podiumsdiskussion werden von **Oliver Lehmann** (*Institute of Science and Technology Austria, Gugging*) moderiert.

Organisation

Dr. Helmut Sattmann, Dr. Elisabeth Haring, Dr. Luise Kruckenhauser
NHM Wien



Vorträge

DIE RNA WELT: EIN MODELL ZUR ENTSTEHUNG DES LEBENS

Renée Schroeder

GENOMSEQUENZIERUNG FOSSILER FUNDE – NEUE MÖGLICHKEITEN FÜR DIE EVOLUTIONS BIOLOGIE.

Lutz Bachmann

Seit ca. 20 Jahren ist es möglich, verlässliche genetische Daten aus historischen Funden zu gewinnen. Zunächst war die Entwicklung der alten DNA Methodik ein Gebiet für Spezialisten, aber mit mehr und mehr standardisierten Verfahren hat die Paläogenetik breitere Anwendung gefunden, und ist trotz anfänglicher Fehler und Rückschläge zu einer zuverlässigen wissenschaftlichen Disziplin herangereift. Neue Sequenzierungstechniken – oft auch als *next-generation sequencing* bezeichnet – haben sich für die genetische Analyse alter Proben als besonders geeignet erwiesen. So konnten kürzlich z.B. große Teile des Mammut- und des Neandertaler-Genoms entschlüsselt werden. In meinem Vortrag fasse ich neuere Forschungsergebnisse zusammen und werde die Möglichkeiten aber auch die Grenzen der Genomsequenzierung fossiler Funde für die Evolutionsbiologie diskutieren.

WIE ENTSTEHEN NEUE ARTEN?

Claus Rueffler

Die Erde wird von einer atemberaubenden Anzahl von Arten besiedelt. Die Frage, wie neue Arten aus bestehenden entstehen, beschäftigt Evolutionsbiologen seit Darwin. Besonderes Augenmerk erhält dabei die Frage, ob eine Art aufspaltung nur dann stattfinden kann, wenn eine Art durch einen geologischen Vorgang in zwei getrennte Populationen aufgespalten wird (allopatrische Artbildung) oder ob eine Art sich auch ohne solch eine räumliche Trennung in neue Arten aufspalten kann (sympatrische Artbildung). Darwin glaubte, dass sympatrische Artbildung möglich ist, wenn ein Lebensraum mehrere ungenutzte Nischen enthält, eine Idee die seither ebenso populär wie umstritten ist. In meinem Vortrag präsentiere ich neue empirische und theoretische Forschungsergebnisse, denen zufolge die sympatrische Artbildung in der Tat möglich ist.



DIE EVOLUTION DES MENSCHEN: VERGANGENHEIT UND ZUKUNFT

Ines Hellmann

In wenigen Jahren wird es für jedermann erschwinglich sein, sein eigenes Genom sequenzieren zu lassen. Eine Reihe verschiedener Firmen bietet bereits die Genotypisierung genetischer Marker an, die z.B. darüber Aufschluss geben, ob man ein Zungenroller ist, aus welchem Teil der Welt man stammt oder eine höhere Wahrscheinlichkeit hat, Brustkrebs zu bekommen. Populationsgenetiker können aus Gensequenzen auch ablesen, welche Gene in der jüngeren Geschichte der Menschheit eine adaptive Veränderung erfahren haben und damit, wo Evolution im Menschen heute noch stattfindet. Ich möchte Ihnen hier einen kleinen Einblick geben, wie Genetiker zu solchen Schlussfolgerungen kommen und welchen Einfluss diese Schlussfolgerungen auf Medizin und Gesellschaft haben könnten.

EPIGENETIK – DIE VARIATION DES LEBENS

Thomas Jenuwein und Monika Lachner

Sind wir mehr als die Summe unserer Gene und wie können Umwelteinflüsse die Genexpression verändern? Antworten auf diese Fragen bietet eine neue zukunftsweisende Forschungsrichtung, die Epigenetik. Im Gegensatz zur Genetik, beschäftigt sich die Epigenetik mit Ausprägungen, die nicht durch die DNA Sequenz bedingt sind (Epigenetik = zusätzlich zur DNA Sequenz). (Fast) alle Zelltypen (ca. 200) des Menschen besitzen zwar die gleiche genetische Information, verhalten sich jedoch sehr unterschiedlich in ihrer Umsetzung. So kann z.B. eine Stammzelle nicht allein aufgrund der DNA Sequenz erkannt werden und nur eines der beiden X Chromosomen in weiblichen Zellkernen ist aktiv. Darüber hinaus können genetisch identische Zwillinge verschiedene Krankheitsbilder erleiden, vor allem wenn sie unterschiedlichen Umweltfaktoren ausgesetzt sind. Der DNA Faden liegt nicht nackt im Zellkern vor, sondern ist über Proteinkugeln (Histone) verpackt und geschützt. Das DNA-Histon Polymer wird Chromatin genannt. Ein hoher Verpackungsgrad (geschlossenes Chromatin) legt Gene still, wogegen ein geringer Verpackungsgrad (offenes Chromatin) Genaktivität ermöglicht. Über diese plastischen Chromatinzustände kann daher ein menschliches Genom mit seinen ca. 20,000 Genen eine Vielzahl epigenetischer Varianten (Epigenome) darstellen. Die Etablierung und Aufrechterhaltung dieser Epigenome ist äußerst wichtig für die Embryonalentwicklung, Zelltypidentität und Zelldifferenzierung. In der Tat beruhen viele Krankheiten (z.B. Krebs, neurodegenerative Erkrankungen) nicht nur auf DNA Mutationen, sondern können auch das Resultat epigenetischer Fehlfunktionen sein. Insofern hat die epigenetische Forschung weitreichende Auswirkungen für neue Formen der Therapie und Diagnose dieser komplexen Krankheiten. Des Weiteren ermöglichen epigenetische Änderungen auch angemessene Reaktionen auf Umwelteinflüsse wie Nährstoffe, Stress und Hormone. So können sich Umwelteinflüsse über mehrere Generationen im Genom niederschlagen - eine Form der Vererbung, die man lange Zeit nicht für möglich gehalten hatte und die fast an Lamarck's These von der Vererbung umweltbedingter Anpassung erinnert.



ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Newsletter NOBIS Austria](#)

Jahr/Year: 2009

Band/Volume: [4](#)

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: [Nobis 4 1](#)