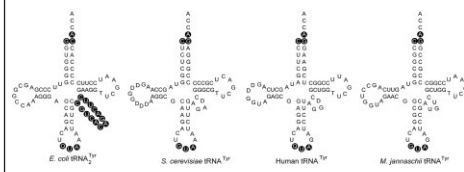


1 | 2006

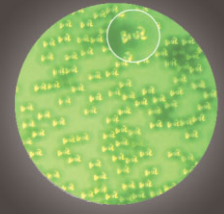


Barcode of Life

SPECIMEN DATA: *Adiantum sepium* complex (2004)

Barcode Information	Barcode Analysis
Species Name: <i>Adiantum sepium</i> Barcode Length: 1000 bp Barcode Region: trnK Barcode Position: 1-1000 bp Barcode Quality: 99.9% Barcode Type: DNA Barcode Source: GenBank Barcode Accession: F59491.1	Barcode Match: 100% Barcode Distance: 0.0% Barcode Clade: <i>Adiantum</i> Barcode Order: <i>Adiantum sepium</i> Barcode Family: <i>Adiantaceae</i> Barcode Class: <i>Polypodiaceae</i> Barcode Phylum: <i>Polypodiopsida</i> Barcode Kingdom: <i>Plantae</i>

The block includes a small world map showing the distribution of the specimen and a photograph of a butterfly.



**ZWISCHEN EVOLUTION
UND ENGINEERING**
Der genetische Code im Wandel

**TAXONOMIE DES
21. JAHRHUNDERTS**
DNA-Barcoding

MIKROSKOPIE
Sammellinsen und
Lichtleiter in Pflanzen

BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT

Molekulare Evolutionsforschung



Taxonomie des 21. Jahrhunderts

DNA-Barcoding

DIRK STEINKE | NORA BREDE

Die Steigerung in der Leistungsfähigkeit automatischer DNA-Sequenzierer, einhergehend mit deren sinkenden Betriebskosten, erlaubt die routinemäßige Produktion von großen Mengen an molekularen Daten. Das internationale "Consortium for the Barcode of Life" will diese Möglichkeit nutzen, um ein standardisiertes DNA-Fragment aller Organismenarten der Welt zu sequenzieren. Dieser „Barcode“ soll dazu dienen, Arten schnell und eindeutig zu bestimmen.

Nach aktuellen Schätzungen gibt es zehn bis 100 Millionen Arten von Organismen auf unserem Planeten. In 250 Jahren überwiegend morphologisch-systematischer Arbeit konnten nur etwa 1,7 Millionen Arten beschrieben werden. Ein grundlegendes Problem bei der Beschreibung der Artenvielfalt stellt unsere limitierte Fähigkeit dar, morphologische Variationen zu erkennen und sich daran zu erinnern. So kann man davon ausgehen, dass ein Spezialist etwa 1000 Arten verlässlich identifizieren kann und bei größeren Organismengruppen auf Vergleiche mit der Literatur oder auf Sammlungen zurückgreifen muss. Die Unterscheidung der Arten erfolgt dann sehr oft nach mikroskopischen Details, eine Arbeit, die zeitaufwändig ist und Routine erfordert.

Ausgehend von den oben genannten Schätzungen der Artenvielfalt würde es 10.000 bis 100.000 solcher Experten brauchen, um allein die vorhandenen Arten zu erfassen. Weltweit gibt es jedoch für viele Lebensformen nur noch wenige Spezialisten, die aufgrund des hohen Bedarfs an Identifikationen bereits jetzt schon völlig überfordert sind. Dem Laien bleibt dieses Wissen aber fast immer verschlossen. Dabei ist durchaus Eile geboten: Die Beschreibung der Artenvielfalt ist eine dringende Aufgabe, denn der Rückgang der Biodiversität ist dramatisch und nicht mehr umkehrbar. Schon heute ist sicher, dass künftige Generationen über spürbar geringere biologische Ressourcen verfügen werden. Der Prozess des Artensterbens verläuft zudem völlig unbeobachtet, da es derzeit keine Möglichkeit gibt, Stichproben aus Ökosystemen schnell und möglichst umfassend auszuwerten. Was wir sehen, ist die fortschreitende Zerstörung von Biotopen und immer wieder das Verschwinden einzelner auffälliger Arten, die wahrscheinlich nur die Minderheit der tatsächlichen Zahl ausgerotteter Arten darstellen. Es gilt also, die Artenvielfalt unseres Pla-

neten zu erfassen, damit effektive Schutzmaßnahmen ergriffen werden können.

Forscher diagnostizieren der klassischen Taxonomie schon lange eine schwere Krise, vor allem, weil die Fördermittel immer geringer werden. Der britische Evolutionsbiologe Charles Godfray fordert: „Die Disziplin muss sich neu erfinden“. Es gelte, die Taxonomie in eine „Informatikwissenschaft des 21. Jahrhunderts“ zu verwandeln [2].

Aber auch aus anderen Gründen wächst der Bedarf an schnelleren, verlässlichen Identifikationen. Es geht in heutiger Zeit auch darum, gezielt nach Nützlingen und Schädlingen zu suchen. Im Zuge der Globalisierung benötigen wir Möglichkeiten, um Krankheitserreger, Parasiten und ökologisch relevante Eindringlinge frühzeitig aufzuspüren und dies unter Umständen auch nur anhand von Haaren, Knochen, Sekreten oder Gewebe. Hierbei wären Verfahren wünschenswert, die es auch Nicht-Fachleuten ermöglichen, eine verlässliche Identifikation vorzunehmen, was nicht nur wertvolle Zeit sparen würde, sondern auch ökonomischer wäre.

Die mögliche Lösung: DNA-Barcoding

Eine viel versprechende Lösung ist die so genannte DNA-Barcoding-Technologie [9]. Jeder von uns kennt die industriellen Strichcodes des UPC (Universal Product Code), die aus dem täglichen Einkauf nicht mehr wegzudenken sind. Dieser Strichcode verfügt über elf Stellen mit jeweils zehn Variationsmöglichkeiten, wodurch 100 Milliarden verschiedene Strichcodes ermöglicht werden. Genauso wie UPC-Barcodes sind die DNA-Sequenzen jeder Art einzigartig. Allein eine Strecke von 15 Basen mit vier Möglichkeiten je Position (A, G, C und T) kann in einer Milliarde verschiedener Versionen dargestellt werden. Natürlich sind einige Positionen innerhalb eines solchen DNA-Fragmentes durch natürliche Selektion konserviert. Aber in der Praxis ist es nicht notwendig, so kurze Fragmente heranzuziehen, da aktuelle Techniken der Molekulargenetik die Sequenzierung von DNA-Fragmenten mit einer Länge von 400 bis 800 Basenpaaren kostengünstig und schnell ermöglichen. Die Anzahl an genetischen Unterschieden zwischen Arten wächst mit der Anzahl der zur Verfügung stehenden Nucleotide und so gilt es, ein sinnvolles Verhältnis zwischen technischem Aufwand, Finanzierbarkeit und Diagnostizierbarkeit zu finden.

Wenn man von einer durchschnittlichen, moderaten Veränderungsrate (2 % pro einer Million Jahre) einer Sequenz ausgeht, kann man beispielsweise mindestens zwölf

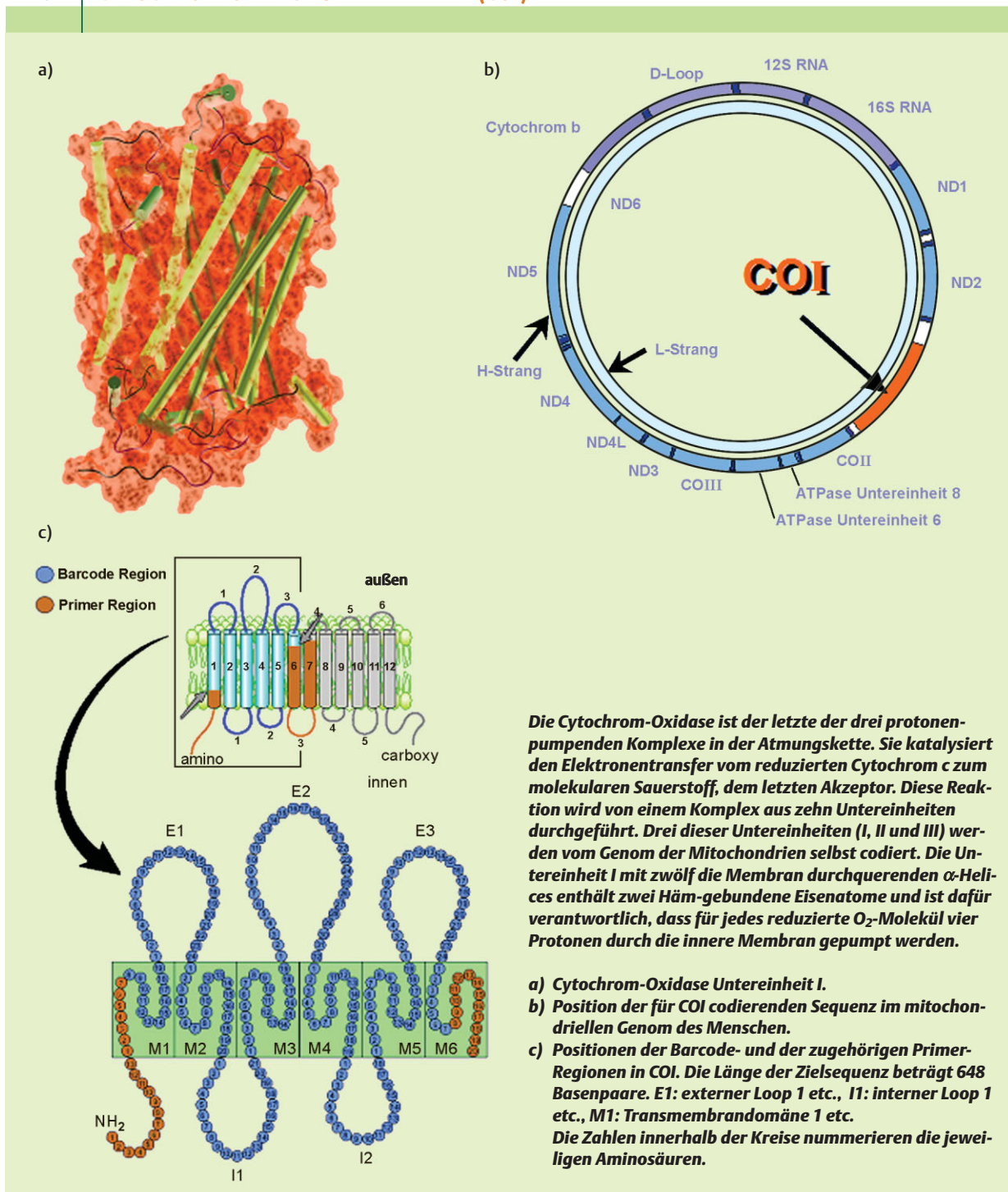
Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 43 erklärt.

genetische Unterschiede zwischen Arten in einer Sequenz aus 600 Basenpaaren erwarten. Es gilt als sicher, dass die Mehrzahl der Arten, selbst innerhalb von Gattungen, länger als eine Million Jahre genetisch voneinander isoliert sind. Somit können wir davon ausgehen, dass die Sequenzierung eines DNA-Fragmentes dieser Länge durchaus reicht, um die meisten Arten verlässlich voneinander zu unterscheiden.

Das Molekül der Wahl: Cytochrom-Oxidase Untereinheit I

Auch wenn es bisher noch keinen Ansatz zur Einführung eines genetischen Identifikationssystems in dieser Größenordnung gegeben hat, gibt es doch genügend Erfahrung, um geeignete DNA-Fragmente im Genom der Mitochondrien zu suchen. Dort sind zum einen in der Regel keine ▶ Introns vorhanden und zum anderen wird das Genom

ABB. 1 | CYTOCHROM-OXIDASE UNTEREINHEIT I (COI)



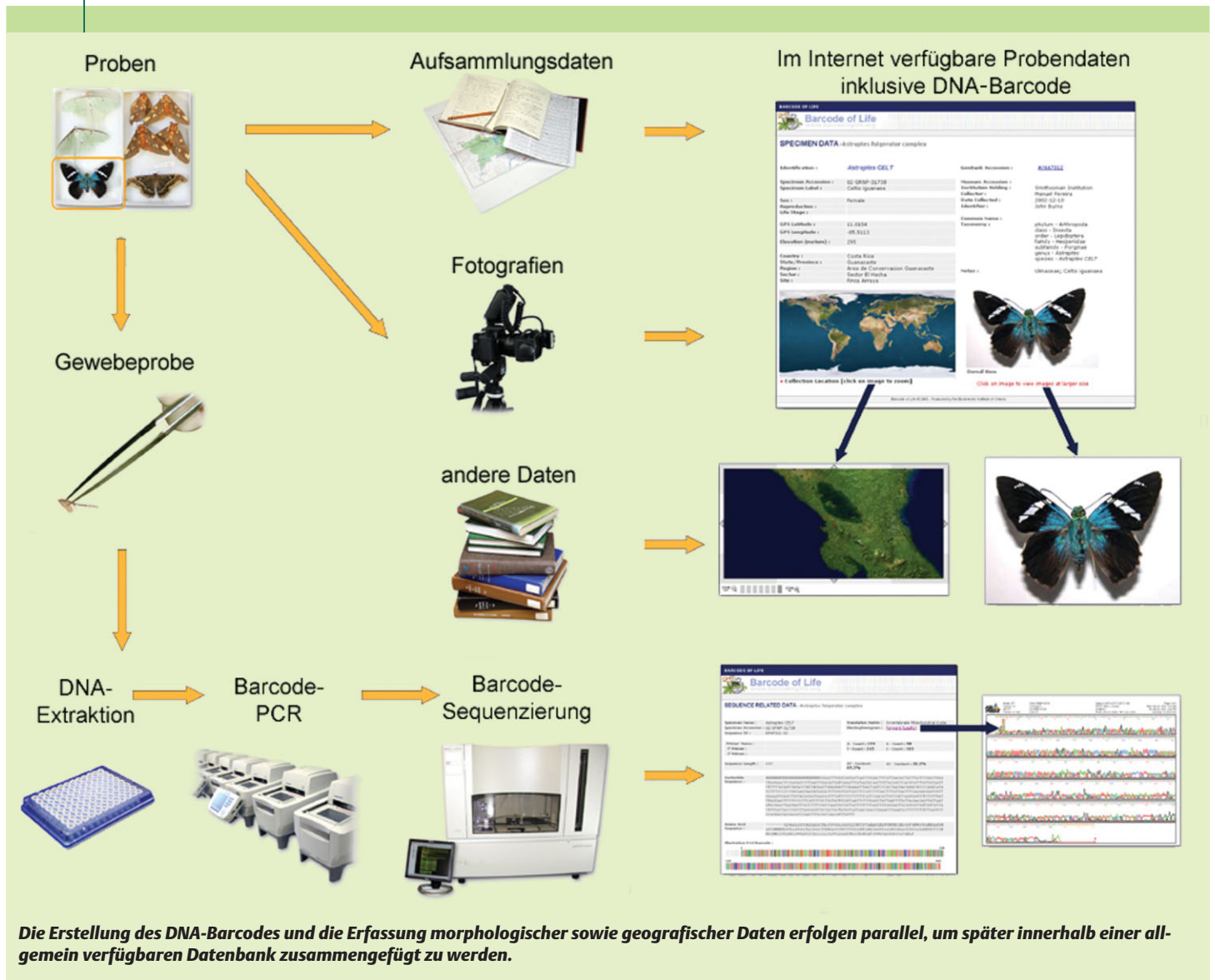
Die Cytochrom-Oxidase ist der letzte der drei protonen-pumpenden Komplexe in der Atmungskette. Sie katalysiert den Elektronentransfer vom reduzierten Cytochrom c zum molekularen Sauerstoff, dem letzten Akzeptor. Diese Reaktion wird von einem Komplex aus zehn Untereinheiten durchgeführt. Drei dieser Untereinheiten (I, II und III) werden vom Genom der Mitochondrien selbst codiert. Die Untereinheit I mit zwölf die Membran durchquerenden α -Helices enthält zwei Häm-gebundene Eisenatome und ist dafür verantwortlich, dass für jedes reduzierte O₂-Molekül vier Protonen durch die innere Membran gepumpt werden.

- a) Cytochrom-Oxidase Untereinheit I.
 - b) Position der für COI codierenden Sequenz im mitochondrialen Genom des Menschen.
 - c) Positionen der Barcode- und der zugehörigen Primer-Regionen in COI. Die Länge der Zielsequenz beträgt 648 Basenpaare. E1: externer Loop 1 etc., I1: interner Loop 1 etc., M1: Transmembrandomäne 1 etc.
- Die Zahlen innerhalb der Kreise nummerieren die jeweiligen Aminosäuren.

meist mütterlich vererbt und unterliegt aus diesem Grunde keiner ▶ Rekombination. Darüber hinaus gibt es aus phylogenetischen Studien eine große Anzahl bereits etablierter ▶ Primer. Eine Vielzahl dieser Arbeiten nutzte vorwiegend mitochondriale Gene, die für ▶ ribosomale RNA codieren (12S und 16S). Allerdings ermöglicht die Sekundärstruktur der ribosomalen RNA ▶ Insertionen und ▶ Deletionen (Indels), die eine weitere Analyse erschweren. Die 13 proteincodierenden Gene im tierischen mitochondrialen Genom stellen eine bessere Alternative dar. Innerhalb dieser Sequenzen würden Indels zu Verschiebungen im Leseraster führen, was äußerst selten beobachtet wird, da dadurch die Funktionalität des Proteins stark beeinträchtigt würde. Es gibt *a priori* keinen besonderen Grund, eines der proteincodierenden Gene zu bevorzugen, aber die Cytochrom-Oxidase Untereinheit I (COI) verfügt über zwei praktische Vorteile: Zum einen gibt es bereits einige gut funktionie-

rende Primer, die beispielsweise für die meisten Tierarten Sequenzdaten liefern. Zum anderen zeigt COI ein gutes phylogenetisches Signal, d.h. die Anzahl und die Verteilung der diagnostischen Unterschiede reichen aus, um zwischen der Mehrzahl der Arten zu unterscheiden. Innerhalb einer Länge von 648 Basenpaaren findet sich die größte Variabilität an den jeweils dritten Positionen der Codons. Letzteres ist eine Gemeinsamkeit von allen proteincodierenden Genen. Für viele Aminosäuren gibt es mehrere Codierungen, die sich meist nur an der dritten Position des Codons unterscheiden. Verschiedene Studien in unterschiedlichen Gruppen [3, 4] haben bereits die Verwendbarkeit von COI zeigen können. Obwohl COI als ein Molekül der Atmungskette eine wichtige Rolle im Metabolismus einnimmt und aus diesem Grunde innerhalb aller Organismen stark konserviert ist, verfügt es aber in seiner Aminosäure-Zusammensetzung über hohe Variabilität. Wie in Abbildung 1 zu

ABB. 2 | ERSTELLUNG EINES DNA-BARCODES UND ARCHIVIERUNG ZUGEHÖRIGER RELEVANTER DATEN



sehen ist, besitzt das Molekül zwölf ▶ Transmembrandomänen. Die vergleichsweise größte Variabilität zeigt sich im ▶ 5'-Ende des Gens und in den Sequenzen, die für die Transmembrandomänen M1, M3, M4 und den internen ▶ Loop I2 codieren.

Ausnahmen bestätigen die Regel

Natürlich sind dem System des DNA-Barcoding Grenzen gesetzt. So gut geeignet COI für die Mehrzahl der Arten des Tierreiches auch erscheint, lassen sich auch Beispiele finden, bei denen die Arten zu jung sind, um mit COI ausreichend unterschieden werden zu können. Ein gutes Beispiel hierfür sind die Buntbarsche der ostafrikanischen Seen, deren Arten zum Teil weitaus jünger als eine Million Jahre sind und damit über zu wenige diagnostische Merkmale verfügen [7]. Ebenso problematisch ist die Situation bei den Landpflanzen. Die Rate der molekularen Evolution ihrer mitochondrialen Gene ist zu gering, so dass erste Studien auf Chloroplasten-DNA (▶ *rbcL* oder ▶ *trnH-psbA*) oder Fragmente aus dem nuklearen Genom (▶ *Internal transcribed spacer* – ITS) zurückgreifen [6]. Die mitochondriale DNA von Pilzen hingegen enthält Introns, was die DNA-Amplifikation von Fragmenten erschweren könnte. Es wird klar, dass ein System, das ausschließlich auf mitochondrialen Daten beruht, nicht in der Lage ist, die gesamte Vielfalt des Lebens zu erfassen. Gene, die nur mütterlich vererbt werden, können keine Information über eine mögliche ▶ Hybridisierung oder ▶ Introgression liefern.

Eine weltweite Initiative: das „Consortium for the Barcode of Life“

Es erscheint sinnvoll, sich bei der Erfassung von DNA-Barcodes nicht nur auf ein Fragment zu verlassen, sondern nach einer ersten Sequenzierung von COI noch andere geeignet erscheinende Genabschnitte zu untersuchen [10]. Dennoch stellt COI einen gut gewählten Startpunkt dar, mit dem das „Consortium for the Barcode of Life“ die dringend gebotene Katalogisierung aller pro- und eukaryotischen Organismen unseres Planeten vorantreiben möchte. Dieses Konsortium wurde 2004 gegründet und besteht inzwischen aus 65 Mitgliedsorganisationen aus 31 Ländern. Darunter befinden sich Museen, Herbarien, Zoologische Gärten, Forschungseinrichtungen und staatliche Institutionen. Alle befassen sich mit taxonomischen/systematischen Fragestellungen, der Biodiversitätsforschung und praktischen Anwendungen der Artidentifizierung. Die Hauptaufgabe des Konsortiums besteht neben dem Bündeln von Informationen in der Entwicklung von Strategien zur Erzeugung und Anwendung von DNA-Barcodes. So entwickelt das Konsortium in Zusammenarbeit mit traditionellen Institutionen wie Museen und Herbarien Strategien zur Identifizierung und Datenerfassung (Abbildung 2).

Verschiedene Arbeitsgruppen entwickeln kostengünstige und einfache Laborverfahren, die auch die „Schätze“ der Museen – riesige Arten-Sammlungen – nutzen sollen. Dabei geht es um effektive Techniken zur DNA-Extraktion

aus Bälgen, Alkohol- und Trockenpräparaten und sogar aus formalinkonservierten Exemplaren. Zudem sollen in Zusammenarbeit mit der NCBI GenBank Datenbanksysteme und Suchalgorithmen entwickelt werden, die die zu erwartende große Datenmenge verarbeiten können, indem sie allen Anwendern schnelle und zuverlässige Identifizierungen

GLOSSAR

5'-Ende: „Vorderes Ende“ eines DNA-Stranges. Codierende Stränge werden entsprechend der Leserichtung der Ribosomen bei der Translation aufgeschrieben. Dadurch ist das 5'-Ende „vorn“ und das 3'-Ende „hinten“.

Deletion: Verlust eines Chromosomen- bzw. DNA-Segments.

Distanz: Maß für den Unterschied zwischen zwei homologen DNA-Sequenzen. Im einfachsten Fall die Anzahl der Unterschiede in Relation zur Länge des Fragmentes.

Hybridisierung: Kreuzung verschiedener Zuchtlinien, Rassen oder Arten.

Insertion: Einbau eines zusätzlichen Chromosomen- bzw. DNA-Segments.

Internal transcribed spacer: Zweigeteilte Region zwischen den ribosomalen DNA-Elementen 18S, 5,8S und 28S, die nicht codiert.

Introgression: Einführung bestimmter genetischer Eigenschaften aus fremdem Erbgut durch wiederholte Rückkreuzungen von Hybriden mit deren Elternarten.

Intron: Abschnitt der DNA innerhalb eines Gens, der nicht codierend ist, das heißt, dass er für das produzierte Protein oder den Proteinabschnitt keine Information enthält.

Loop: Schlaufenstruktur in Sekundärstrukturen von Proteinen und RNA.

Microarray: Die Microarray-Technik basiert auf der Hybridisierung von Nukleinsäuren. Dabei lagern sich zwei komplementäre Nukleinsäure-Einzelstränge über Wasserstoffbrückenbindungen zwischen ihren hydrophoben Purin- und Pyrimidin-Basen zusammen. Nach Abwaschung der nicht gebundenen Nukleinsäuren wird das Fluoreszenzsignal jeder Position des Microarrays mittels eines Lasers ausgelesen. Microarrays ermöglichen die parallele Analyse von mehreren tausend Proben. Es gibt verschiedene Formen von Microarrays, die manchmal auch als „Genchips“ oder „Biochips“ bezeichnet werden, weil sie wie ein Computerchip viele Informationen auf kleinstem Raum enthalten können.

Primer: Die Polymerase-Kettenreaktion (Polymerase Chain Reaction, PCR) ist eine Methode, um DNA zu vervielfältigen. Der zu vervielfältigende Teil wird durch die Primer – kurze, künstliche DNA-Stücke von etwa 20-40 Nukleotiden Länge – festgelegt, welche genau mit dem Anfang bzw. dem Ende des zu kopierenden Strangs übereinstimmen.

rbcL: Gen, das für die große katalytische Untereinheit der Ribulose-1,5-bisphosphat Carboxylase/Oxygenase, kurz Rubisco, codiert. Das Gen befindet sich im Chloroplastengenom.

Rekombination: Bei der geschlechtlichen Vermehrung werden männliche und weibliche Gene neu zusammengestellt.

ribosomale RNA: Die ribosomale Ribonukleinsäure ist eine RNA, die in Ribosomen vorkommt. Die rRNA trägt zwar genetische Information, codiert aber nicht für ein Enzym. Sie ist am Aufbau des Ribosoms beteiligt und stellt mit mehr als 60 % den größten Anteil der ribosomalen Strukturmoleküle.

Transmembrandomäne: Proteinbereiche, die in Zell- oder Organellenmembranen eingebettet sind.

trnH-psbA: Nichtcodierende Region auf dem Chloroplastengenom zwischen den Genen, die für die tRNA-Histidin und für das Photosystem II-Protein D1 codieren.

liefern. Die Datenbank BOLD steht bereits mit den ersten Funktionen zur Verfügung (Abbildung 3). Am Ende der zukunftsorientierten Pläne des Konsortiums soll aber ein Gerät stehen, das handlich, mobil und in der Lage ist, kostengünstig kleine Proben eines Organismus mit Hilfe von DNA-Barcoding einer Art zuzuordnen.

ABBI und FISH-BOL: die Modellprojekte

Auf der ersten weltweiten Konferenz für DNA-Barcoding im Februar 2005 in London wurden zwei ambitionierte Projekte angekündigt, um erstmals vollständige Organismengruppen zu erfassen und mit DNA-Barcodes zu versehen. Dies geschieht in Zusammenarbeit mit den jeweiligen Spezialisten, um traditionelle Taxonomie und DNA-Taxonomie von Beginn an zusammen zu bringen und um Belegexemplare (Voucher) der staatlichen Sammlungen sowie Feldaufsammlungen untrennbar und gesichert mit DNA-Barcodes zu verknüpfen.

Ziel von ABBI (All Birds Barcode Initiative) ist es, bis zum Jahre 2010 alle etwa 10.000 Vogelarten der Welt zu erfassen. Für die meisten der etwa 900 nordamerikanischen Arten ist dies bereits geschehen. Dabei wurden in der Regel Proben von fünf verschiedenen Tieren sequenziert, um eventuelle Varianzen innerhalb einer Art erkennen oder ausschließen zu können. Erste Studien im Rahmen von ABBI haben bereits die Stärken von DNA-Barcoding unter Verwendung von COI zeigen können [5]. Das Verfahren ist in der Lage, neben der puren Erfassung von bekannten Arten auch bisher unbekannt zu identifizieren. Paul Hebert und seine Kollegen von der Universität Guelph in Kanada konnten eine innerartliche Distanz zwischen mehreren Vertretern des Amerikanischen Waldwasserläufers (*Tringa solitaria*) finden, die für das Vorhandensein zweier Arten spricht (Abbildung 4).

FISH-BOL (Fish Barcode of life Initiative) ist das bisher größte Projekt zur Sammlung von DNA-Barcodes. In zwei

PROJECT MANAGEMENT - Astraptes fulgerator complex [EPAF]

Options	Project Data	Start Date	Sequences/Specimens
Submit Specimens	Select	2003-09-03	466/466
Upload Sequences	Download		
Modify Project Properties			
Analysis (selected items)			
Sequence Composition			
Distance Summary (Fast)			
Distance Summary (Full)			
Taxon ID Tree			
Amino Acid Tree			
Taxon Congruence (tree)			
Taxon Congruence (dist)			
Compare Images			
Distribution Map			
Recent Projects			

SPECIMEN DATA - Astraptes fulgerator complex [EPAF]

Identification: **Astraptes CELT**

GenBank Accession: **AY666879**

Specimen Accession: 94-SRNP-9389
 Specimen Label: Celtis iguanaea

Museum Accession: 94-SRNP-9389
 Institution Holding: Smithsonian Institution
 Collector: gusaneros
 Date Collected: 1994-11-16
 Identifier: John Burns

Sex: Female
 Reproduction: Sexual
 Life Stage: Adult

Common Name: **phylum - Arthropoda**
 Taxonomy: class - Insecta
 order - Lepidoptera
 family - Hesperidae
 subfamily - Pyrginae
 genus - Astraptes
 species - Astraptes CELT

Notes: Ulmaceae; Celtis iguanaea

Country: Costa Rica
 State/Province: Guanacaste
 Region: Area de Conservacion Guanacaste
 Sector: Sector Cacao
 Site: Estacion Gongora

Collection Location [click on image to zoom]

Dorsal View
 Click on image to view images at larger size

©2003 Hebert Lab - Produced by Cyberfactual Software

ABB. 3 Die Datenbank BOLD, die neben den sequenzierten DNA-Barcodes auch Daten zum Fundort, der Probe und weitere relevante Informationen (Taxonomie, Fotografien, Aufbewahrungsort und Literatur) bereithält. BOLD ermöglicht auch Analysen zur taxonomischen Einordnung, zur Phylogenie und zur Sequenz.

Schritten sollen alle circa 29.000 bekannten Fischarten der Welt gesammelt, traditionell identifiziert und sequenziert werden. Im ersten Schritt sollen bis 2010 alle etwa 20.000 marinen Fischarten erfasst werden. Dazu zeitversetzt startet die Katalogisierung der Süßwasserfische, die ein bis zwei Jahre später abgeschlossen sein soll. Während bei ABBI die Quantifizierung der Biodiversität der Vögel und deren Gefährdungsgrad im Mittelpunkt steht, sind die Ziele von FISH-BOL auch ökonomisch und politisch motiviert. Bereits 2001 haben australische Fischbiologen einen Katalog zur Identifizierung von Fischfilets anhand von Fotografien und Proteinfingerprinting entwickelt, um die Einfuhrkontrollen zu verbessern und den Fischfang zu kontrollieren [11]. DNA-Barcoding stellt eine Weiterentwicklung dar, denn Fischfragmente (Filets, Flossen, Gewebe in Dosenfisch, Mageninhalt von räuberischen Meeresbewohnern) und Larven [8] können schneller und effizienter identifiziert werden. Bei 35 Millionen Arbeitsplätzen und einem jährlichen weltweiten Umsatz von circa 200 Milliarden Euro ist verständlicherweise auch das Interesse der Fischindustrie und staatlicher Organisationen an effektiven Kontrollmethoden sehr groß. Darüber hinaus kann durch Barcoding-Analysen auch sinnvoll Artenschutz betrieben werden, da zum einen eine genaue Kenntnis über vorhandene Arten vorliegen würde und zum anderen eventuelle Verstöße gegen Fangverbote schnell und kostengünstig auch ohne Fachleute geprüft werden könnten. Eine europäische Initiative (FISH and CHIPS) arbeitet seit 2004 parallel an modernen, dem DNA-Barcoding ähnlichen Methoden durch Nutzung der ► Microarray-Technologie.

Der Untergang der klassischen Taxonomie?

Die Zahl der Kritiker an der Methode des DNA-Barcoding ist nicht unerheblich. Dabei ist eine Befürchtung, dass Fördergelder künftig vor allem in die Molekularbiologie fließen könnten und die ohnehin angespannte Situation der klassischen Taxonomen noch kritischer werden könnte [1]. Hier ist vor allem Kooperation gefragt: Beide Seiten der Taxonomie müssen versuchen, gemeinsam Fördergelder einzuwerben. DNA-Barcoding-Projekte bieten die Chance, Mittel zu erhalten, die bisher für taxonomische Forschung nicht zugänglich waren. Es sind aber auch die Förderer gefragt, denn sie müssen erkennen, wie wichtig eine Erfassung der Artenvielfalt heute geworden ist. Mittel in Millionenhöhe werden zurzeit vor allem in Nordamerika investiert, wo bereits seit zwei Jahren am Aufbau von Datenbanken und großen Laboreinheiten gearbeitet wird.

DNA-Taxonomie ist die Zukunft, aber sie ist kein Ersatz für die klassische Taxonomie. DNA-Barcoding funktioniert nicht ohne die wirklichen Spezialisten in einzelnen Organismengruppen, denn nur so kann ein Barcode vernünftig definiert werden. Eine Seite kann ohne die andere keine entscheidenden Fortschritte machen. Der Taxonom trifft die Entscheidung, was als Art bezeichnet wird. DNA-Barcoding ist ein neues Werkzeug, dessen Stärken vor allem in der schnellen Identifizierung bereits bekannter Arten

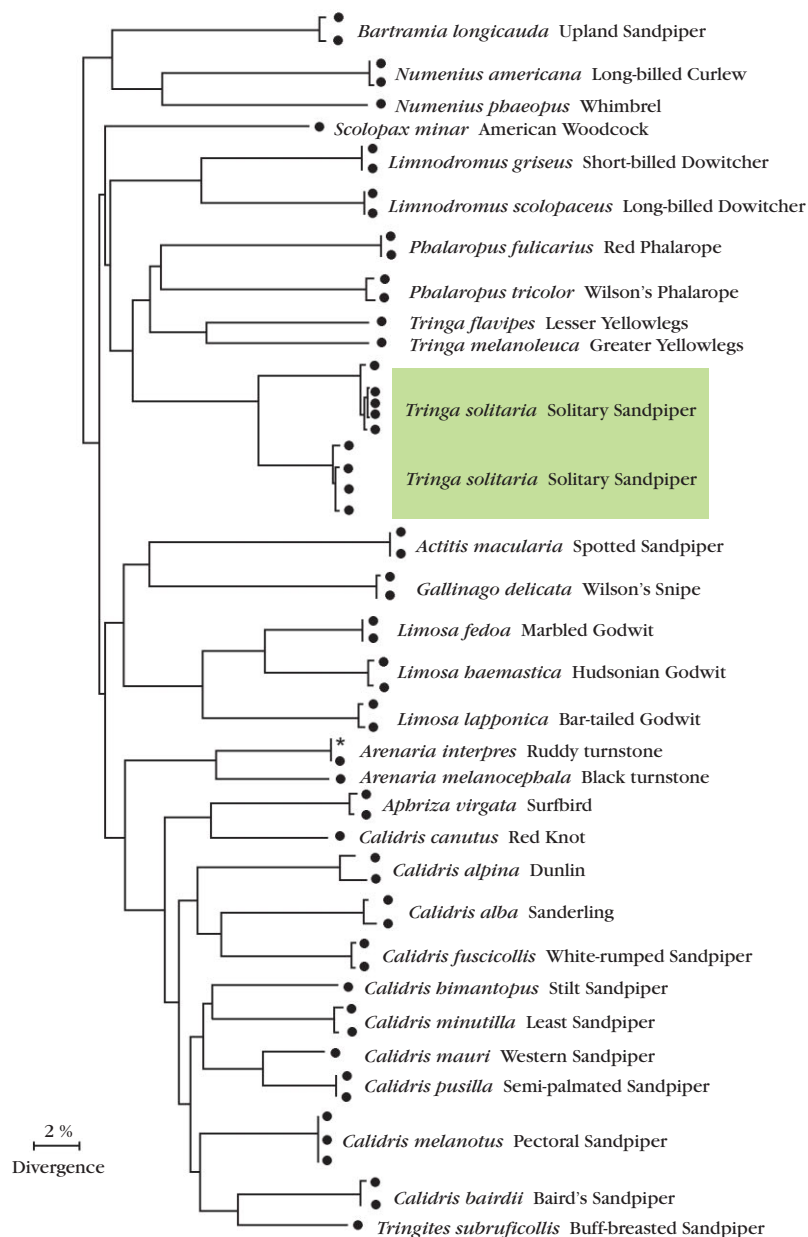


ABB. 4 COI-Phylogramm von 30 nord-amerikanischen Arten der Familie Scolopacidae (Schnepfenvögel). Die beiden grün unterlegten Bezeichnungen weisen darauf hin, dass Vögel der Art *Tringa solitaria* (Amerikanischer Waldwasserläufer, kleines Bild unten) genetisch zu zwei verschiedenen Arten gehören. Aus [5].

liegen. Ziel ist daher nicht, einen bewährten Zweig der Biologie abzuschaffen, sondern ihn um neue Technologien zu ergänzen.

INTERNET

Allgemeine Informationen und Zugang zu BOLD:
www.barcodinglife.com/

Die offizielle Seite des Konsortiums:
http://barcoding.si.edu/index_detail.htm

Der Barcode Partner Rockefeller University:
<http://phe.rockefeller.edu/BarcodeConference/index.php>

FISH-BOL:
www.fishbol.org

Fish and Chips:
www.fish-and-chips.uni-bremen.de/PostNuke/html/

Zusammenfassung

Das internationale „Consortium for the Barcode of Life“ will ein standardisiertes DNA-Fragment aller Organismenarten der Welt sequenzieren. Dieser „Barcode“ soll dazu dienen, Arten schnell und eindeutig zu bestimmen. Ziel ist neben der Katalogisierung des Lebens auf unserem Planeten auch die Entwicklung eines handlichen Geräts, das in der Lage ist, kostengünstig kleine Proben eines Organismus einer Art zuzuordnen. Profitieren können von diesem Ansatz nicht nur die Grundlagenforschung, sondern auch gesellschaftliche und politische Institutionen. Zudem stellt DNA-Barcoding einen sehr wichtigen Beitrag zur Beschreibung der Artenvielfalt dar, da es diesen Prozess stark beschleunigen kann.

Literatur

- [1] M. C. Ebach, C. Holdrege, DNA barcoding is no substitute for taxonomy, *Nature*, 2005, 434, 697.
- [2] H. C. Godfray, Challenges for taxonomy, *Nature*, 2002, 420, 461.
- [3] P. D. N. Hebert, A. Cywinska, S. L. Ball, J. R. deWaard, Biological identifications through DNA barcodes, *Proc. R. Soc. Lond. B Biol. Sci.*, 2003, 270, 313-321.
- [4] P. D. N. Hebert, E. H. Penton, J. Burns, D. H. Janzen, W. Hallwachs, Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly, *Astraptes fulgerator*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2004, 101, 14812-14817.
- [5] P. D. N. Hebert, M. Y. Stoeckle, T. S. Zemlak, C. M. Francis, Identification of birds through DNA barcodes, *PLOS Biology*, 2004, 2, e312.
- [6] W. J. Kress, K. J. Wurdack, E. A. Zimmer, L. A. Weight, D. H. Janzen, Use of DNA barcodes to identify flowering plants, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2005, 102, 8369-8374.
- [7] A. Meyer, T. D. Kocher, P. Basasibwaki, A. C. Wilson, Monophyletic origin of Lake Victoria cichlid fishes suggested by mitochondrial DNA sequences. *Nature*, 1990, 347, 550-553.
- [8] D. Steinke, W. Salzburger, M. Vences, A. Meyer, Taxl – A software tool for DNA barcoding using distance methods, *Phil. Trans. R. Soc. Lond. Ser. B.*, 2005, 380, 1975-1980.
- [9] D. Tautz, P. Arctander, A. Minelli, R. H. Thomas, A. P. Vogler, A plea for DNA taxonomy. *Trends Ecol. Evol.*, 2003, 18, 70-74.
- [10] M. Vences, M. Thomas, A. van der Meijden, Y. Chiari, D.R. Vietes, Comparative performance of the 16S rRNA gene in DNA barcoding of amphibians, *Frontiers in Zoology*, 2005, 2, 5.
- [11] G. K. Yearsley, P. R. Last, R. D. Ward, *Australian Seafood Handbook (Domestic Species)*, FRDC/CSIRO Marine Research, Australia, 2001.

Die Autoren



Nora Brede, geb. 1977, Studium der Biologie an der Johann-Wolfgang-Goethe Universität Frankfurt/Main. Diplom 2003; 2004 Verleihung des Procter & Gamble Förderpreises für Diplomarbeiten auf dem Gebiet des Umweltschutzes, Promotion seit 2004 als Stipendiatin des Ministeriums für Wissenschaft und Kunst, Hessen, in der Abteilung Ökologie & Evolution. Forschungsschwerpunkte: Interspezifische Hybridisierung und Introgression bei *Daphnia*-Arten; molekulargenetische Rekonstruktion mikroevolutiver Prozesse bei *Daphnia* anhand von Dauerstadien aus Sedimentkernen, Art-Klassifizierung von *Daphnia*-Dauerstadien in Europa.



Dirk Steinke, geb. 1965, Studium der Biologie an der Johann-Wolfgang-Goethe Universität Frankfurt/Main. Diplom 2002; Promotion seit 2002 an der Universität Konstanz, Abteilung Evolutionsbiologie. Forschungsschwerpunkte: Vergleichende Genomik von Vertebraten; bioinformatische Methoden zur Analyse großer genomischer Datenmengen; DNA-Barcoding (Mitarbeit bei FISH-BOL) in Kooperation mit Prof. Paul Hebert, Guelph, Kanada.

Korrespondenz:

Dirk Steinke
Universität Konstanz
Evolutionärsbiologie
Universitätsstrasse 10
78457 Konstanz
Email: Dirk.Steinke@uni-konstanz.de