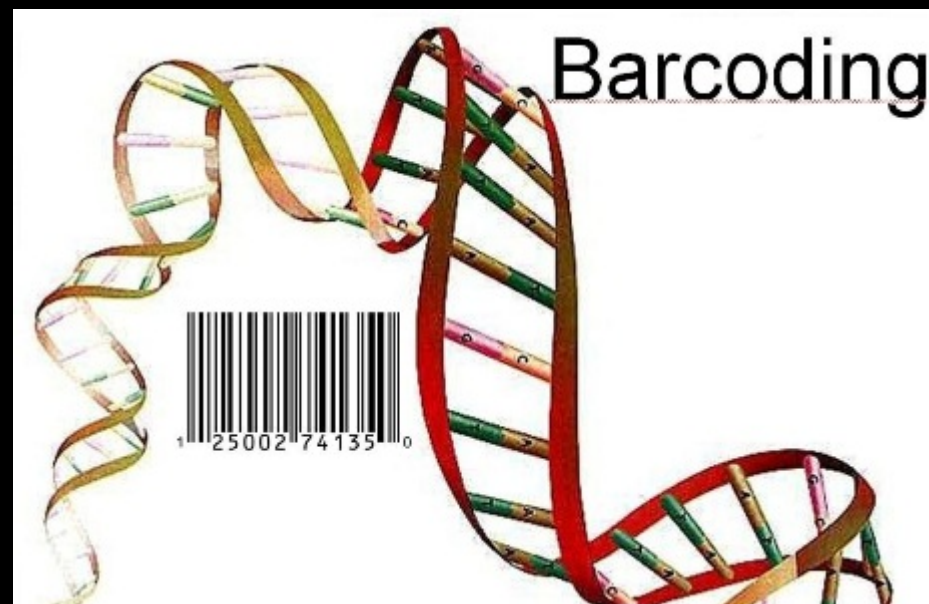


Wohin steuert die **Taxonomie** in der Ära des  
**Barcodings?**

Haben bald **Netz und Bestimmungsbuch** keine  
**Zukunft mehr?**

Werner Kunz [www.Kunz.hhu.de](http://www.Kunz.hhu.de)

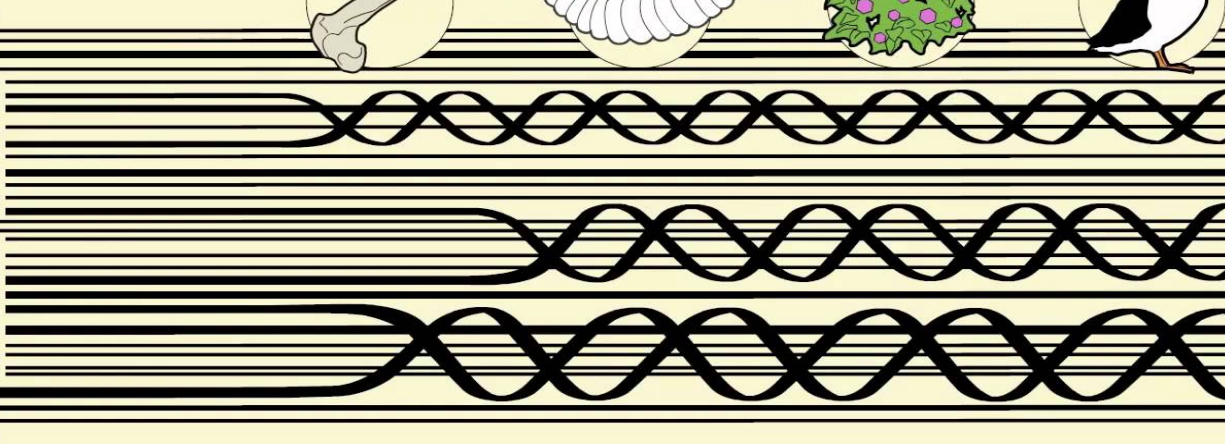




# DNA BARCODES



1  
SPECIES OF EARTH  
0



**Diese Botschaft war auf der VBiol-Tagung im Okt 2016  
im Alexander-Koenig-Museum zu sehen:**



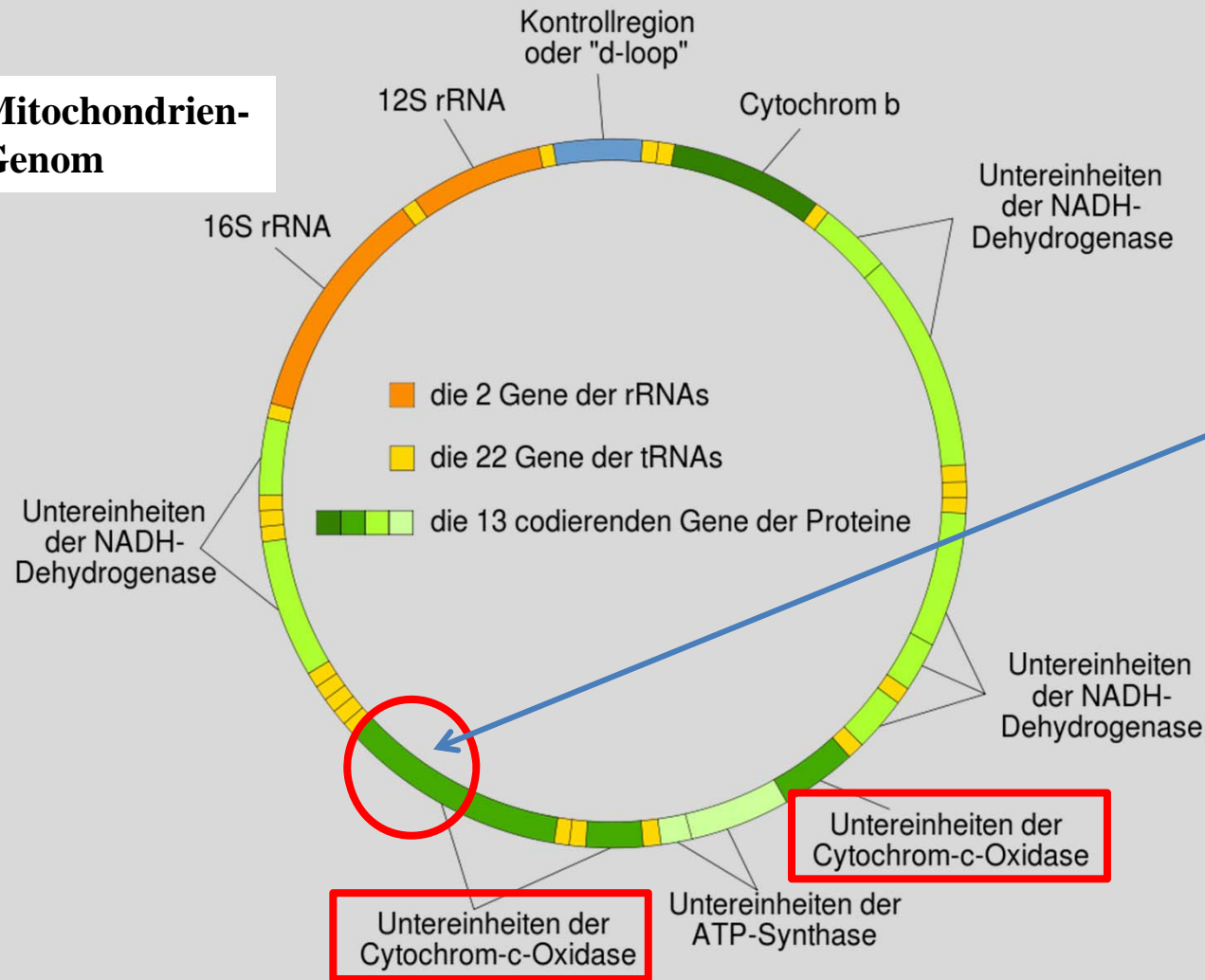
**ineffizient...**

## Die Ermittlung der Art durch den „Barcode“



# Was ist „Barcode“-Taxonomie?:

## Mitochondrien-Genom



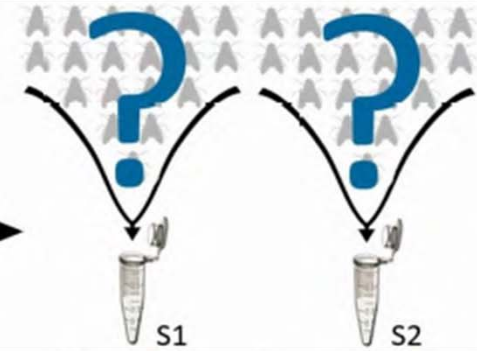
## Barcoding:

Sequenzierung eines ca. 650 bp langen Fragments aus dem **CO1-Gen**

**Barcoding** = Automatisierung der genetischen Detektion der Arten

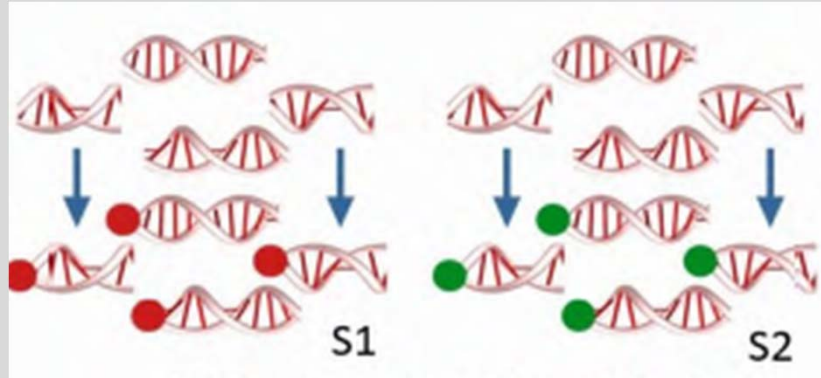


Massenfang von Insekten in der  
Malaise-Falle

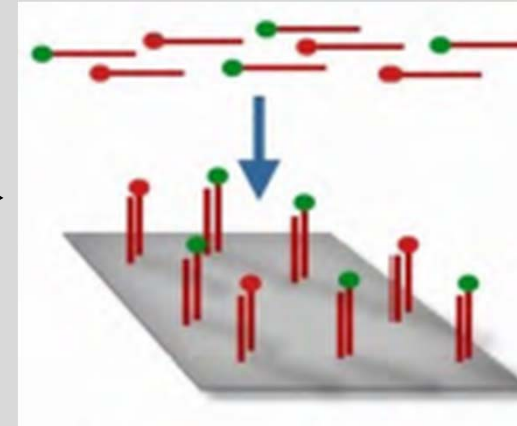


Extraktion der DNA aus Massen  
von Insekten





spezifische Markierung  
(Tagging) der DNA aus vielen  
Insekten-Arten



Vor-Sortierung der DNA nach  
Gruppen



automatische Sequenzierung der  
DNA aller gesammelten Arten

S1  
AATTTGAATGC...  
AATTTGATAGC...  
AATTTGAATGC...  
S2  
ATATTGAATGC...  
TAATGTAATGC...

Ermittlung der **Barcode-**  
**Sequenzen**

AATTTGAATGC... 🐛 Species A  
AATTTGATAGC... 🐛 Species B  
AATTTGAATGC... 🐛 Species C  
ATATTGAATGC... 🐛 Species D  
TAATGTAATGC... 🐛 Species E

**Art-Bestimmung** durch  
Abgleich mit  
**online-Daten-Banken**

Die Barcode-Taxonomie versteht sich als  
**„die Taxonomie der Zukunft“**  
und wird werbeträchtig propagiert.

Binnen weniger Jahrzehnte soll der  
Artenbestand ganzer Tierklassen erfasst sein  
(und bald auch **alle Tierarten der Welt**)

# BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT

Taxonomie des 21. Jahrhunderts

## DNA-Barcoding

DIRK STEINKE | NORA BREDE

Von wegen „antiquiert“:

## Taxonomie im Wandel

MICHAEL J. RAUPACH | THOMAS KNEBELSBERGER



Ist die  
**„klassische Taxonomie“**

**minderwertig** und hat sich **abgenutzt**?

Es gibt auch Zweifel und Gegenstimmen:

ZOOLOGIA 27 (2): 165–178, April, 2010 Malte C. Ebach<sup>1, 3</sup> & Marcelo R. de Carvalho<sup>2</sup>  
doi: 10.1590/S1984-46702010000200003

OPINION<sup>1</sup>

**Anti-intellectualism in the DNA Barcoding Enterprise**

“The whole enterprise, however, is **anti-intellectual** and is characterized by **non-scientific aims and methods**”

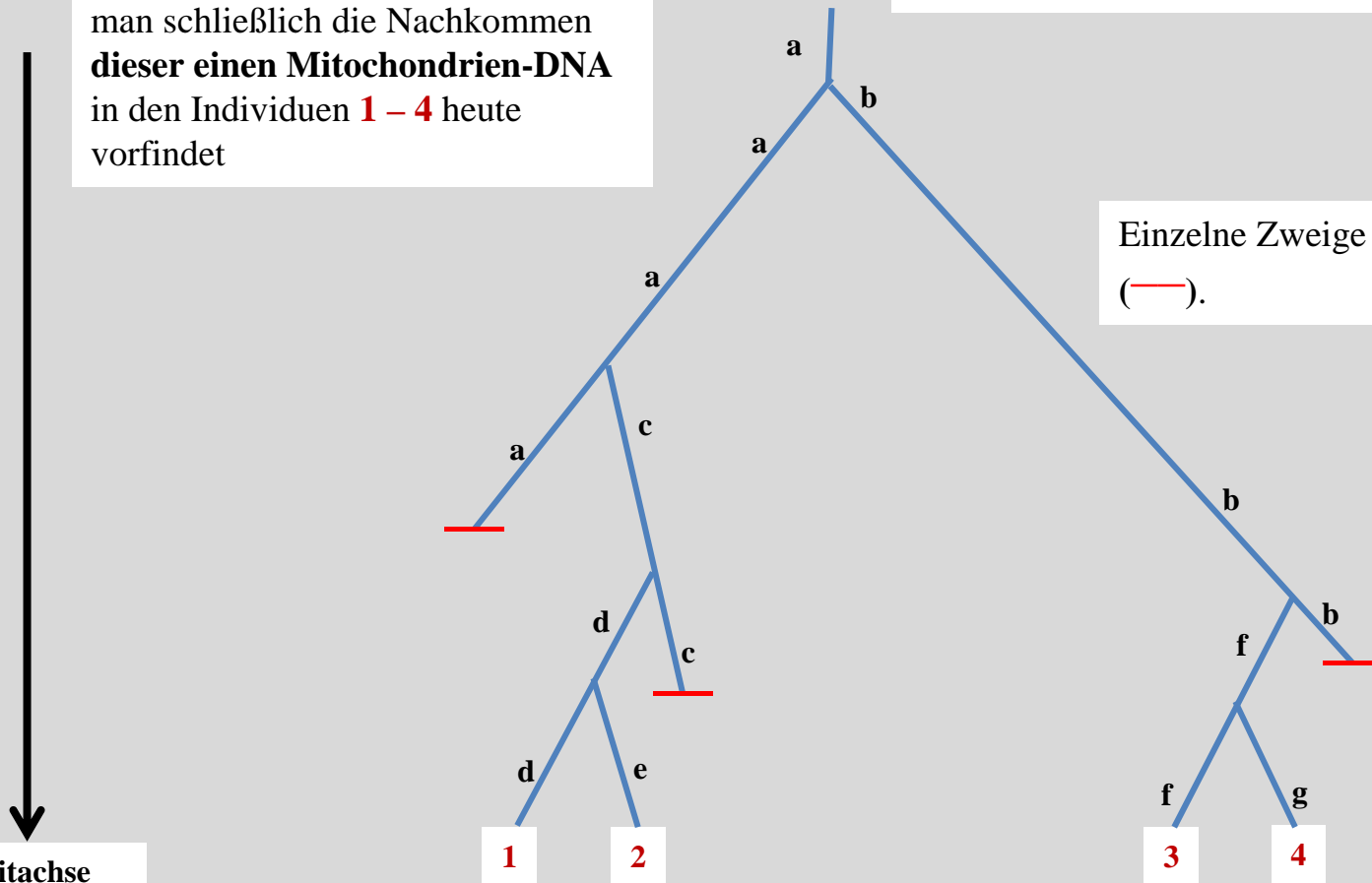
Misof: “Taxonomy as a discipline is often **surprisingly ignorant of theoretical issues behind species** definitions and the process of speciation.”

Was steckt dahinter?

Was sind die: “**theoretical issues behind Barcoding**” ?

ein **Ur-Mitochondrien-Genom** mit der Punktmutation **a** zweigt sich im Laufe der Zeit fortlaufend auf, bis man schließlich die Nachkommen **dieser einen Mitochondrien-DNA** in den Individuen **1 – 4** heute vorfindet

Im Lauf der Zeit ereignen sich kontinuierlich **Neumutationen (a – g)**.  
Jede Mutation definiert eine **Abzweigung**.



die Mitochondrien-Genome der Individuen **1** und **2** sowie **3** und **4** unterscheiden sich durch nur **wenige** Mutationen voneinander und zeigen eine **erst kurz zurückliegende Trennung** an

die Mito-Genome der Individuen **1+2** im Vergleich zu **3+4** unterscheiden sich durch **viele** Mutationen und zeigen eine **weit zurückliegende Trennung** an

Also kann man aus der **Zahl der Mutations-Unterschiede** auf die **Zeit der Aufspaltung** der Mitochondrien-Linien rückschließen

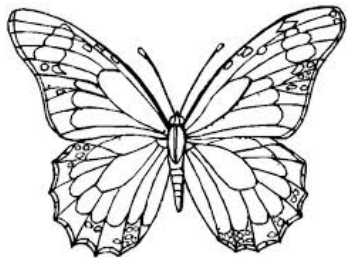
Die **Barcode-Taxonomie** setzt das Alter der **Mitochondrien-Aufspaltung** mit dem **Alter der Arten** gleich



Art 1

Individuum 1: AAATTGGGCC ...  
Individuum 2: ACATTGGGCC ...  
Individuum 3: AAATTAGGCC ...  
Individuum 4: AAATTGGTCC ...  
Individuum 5: AAATTGGGCC ...

**Innerartliche  
Variabilität: 0 – 1%**

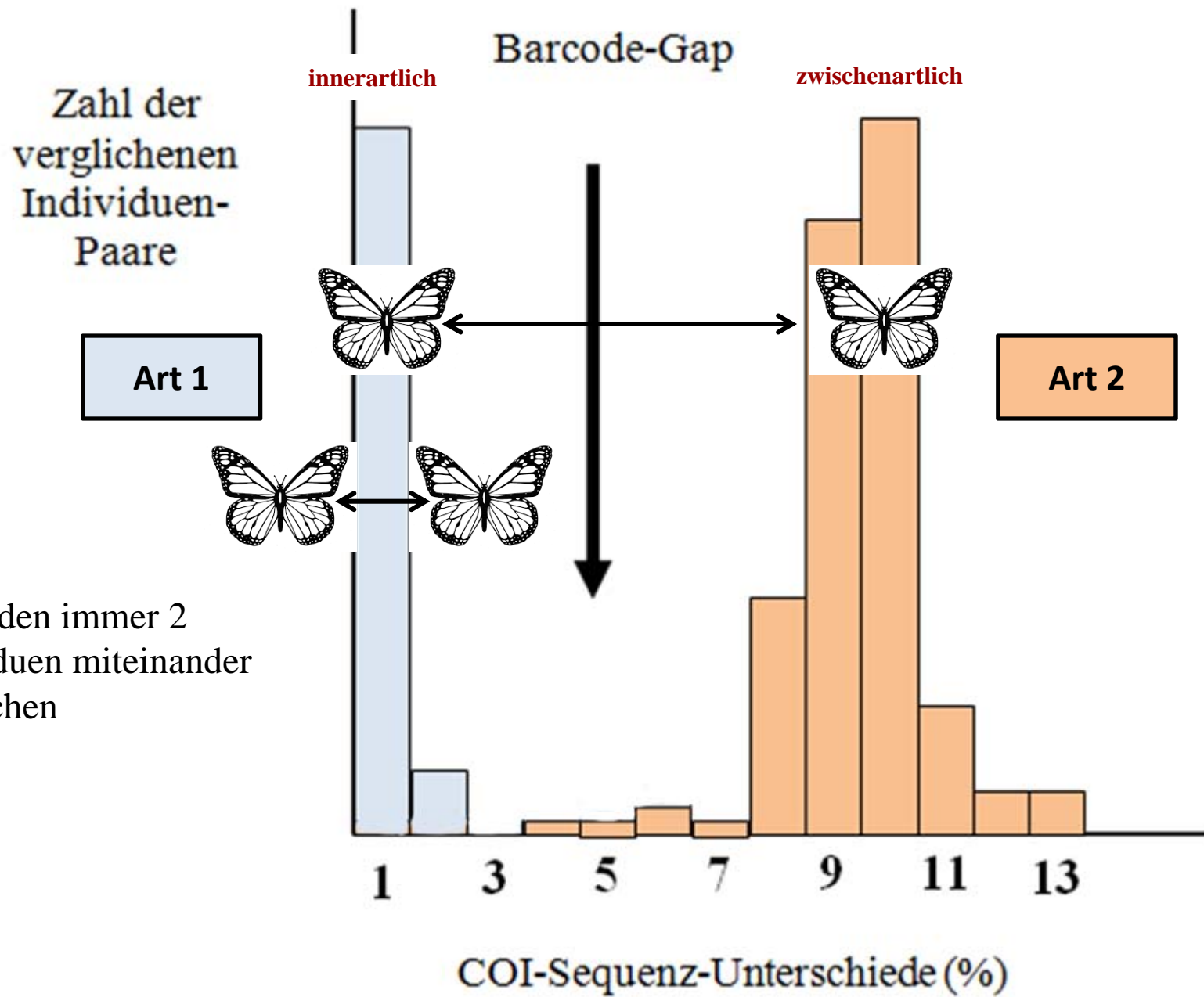


Art 2

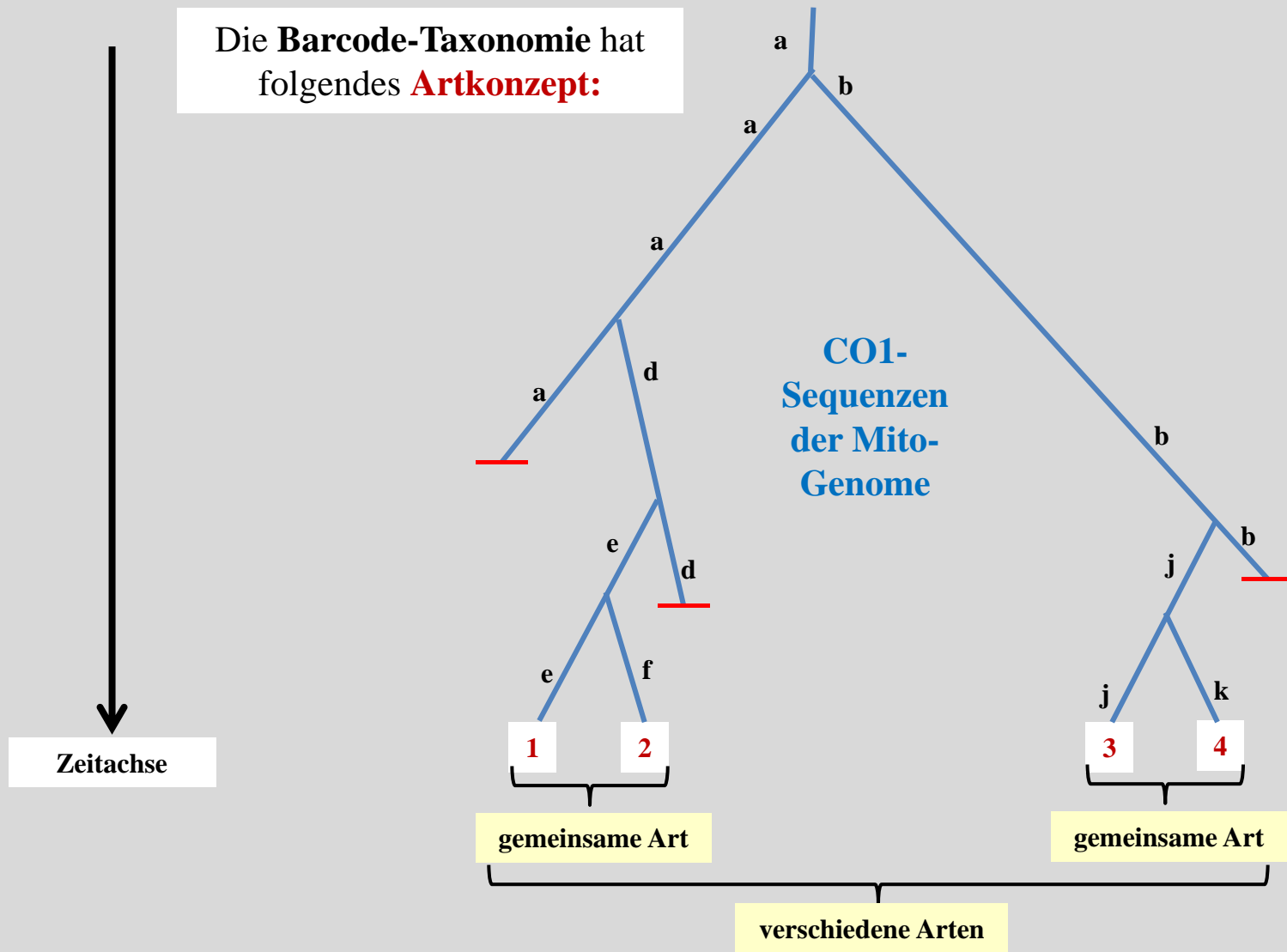
Individuum 1: CTATTGAGCAC ...  
Individuum 2: CTATTCGAGCCT ...  
Individuum 3: CTATTAGAGCGC ...  
Individuum 4: CTCCTTGAGCAC ...  
Individuum 5: CTCCTTGAGCAA ...

**Innerartliche  
Variabilität: 0.5 – 1.7%**

**Zwischenartliche Variabilität:  
ab 8 - 10%**



Die Barcode-Taxonomie hat folgendes **Artkonzept**:



- was sich wenig unterscheidet (1 und 2 oder 3 und 4), gehört zu jeweils **einer Art**
- was sich stark unterscheidet (Individuen 1+2 gegenüber 3+4), gehört zu **verschiedenen Arten**

Die **Barcode-Taxonomie** setzt das Alter der **Mitochondrien-Aufspaltung** mit dem **Alter der Arten** gleich

Das kann man machen, und das ist logisch **widerspruchsfrei**.

Aber damit liegt der **Barcode-Taxonomie** eine eigene **Art-Definition** zugrunde:

- was sich durch wenige Mutationen unterscheidet, ist **ein und dieselbe Art**
- was sich durch viele Mutationen unterscheidet, sind **verschiedene Arten**

Diese **Art-Definition** soll hier in diesem Referat untersucht werden



Hier ein Beispiel, dass der Barcode tatsächlich benutzt wird, um Arten als neu entdeckte Arten zu **definieren**:

***Astraptes fulgerator***



eine der ersten Publikationen, die der Barcode-Taxonomie zum Durchbruch verholfen haben (immerhin in **PNAS**) vom Gründer der Barcode-Taxonomie **Paul Hebert**:

der Barcode zur **Definition** neu entdeckter Arten

Ten species in one: **DNA barcoding reveals cryptic species** in the neotropical skipper butterfly *Astraptes Fulgerator*



In



*Paul Hebert, Erin Penton, John Burns, Daniel Janzen & Winnie Hallwachs*

Proceedings of the National Academy of Sciences  
2004

Was steckt hinter der **Logik der Barcode-Taxonomie?**:

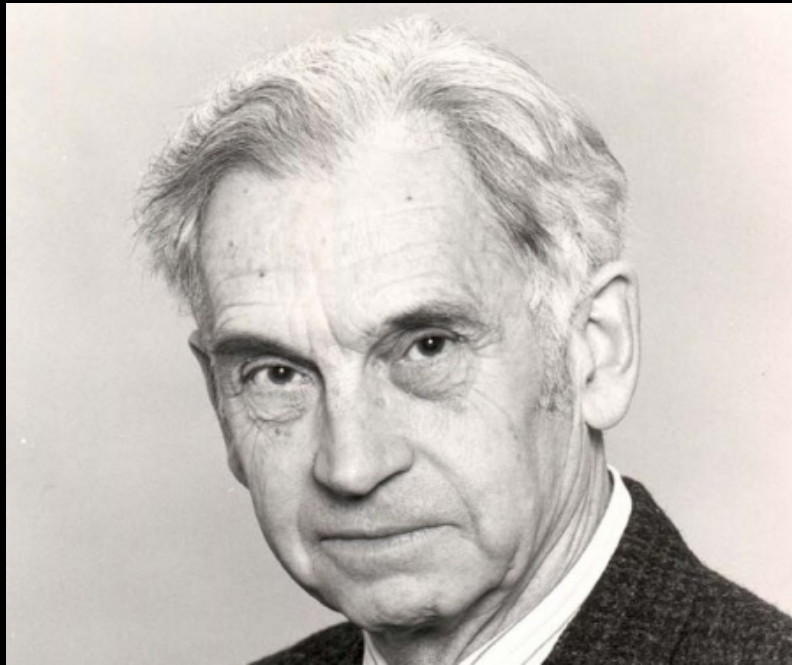
- was sich durch wenige Mutationen unterscheidet, ist **ein und dieselbe Art**
- was sich durch viele Mutationen unterscheidet, sind **verschiedene Arten**

**Daraus folgt:**

alle Arten sind (grob gesagt) **evolutionär gleich alt**

denn sehr **junge** Aufzweigungen können keine verschiedenen Arten sein, und sehr **alte** Aufzweigungen **müssen** verschiedene Arten sein

Damit ist die **Barcode-Taxonomie** logisch unvereinbar mit dem Artkonzept der **Reproduktionsgemeinschaft**:



- Alle Individuen, die miteinander **reproduktiv verbunden** sind, gehören zu einer Art
- Alle Individuen, zwischen denen eine **reproduktive Barriere** besteht, gehören zu verschiedenen Arten

Nach dem Artkonzept der **Reproduktionsgemeinschaft** sind die Arten also **nicht gleich alt**:

Es gibt Arten der Tiefsee, die ein **sehr hohes evolutionäres Alter** haben, wo die Individuen aber **reproduktiv miteinander verbunden** sind, also zu einer **Reproduktionsgemeinschaft** (= „**Reproduktiv-Art**“) gehören.

Im **Barcode** aber differieren sie voneinander und müssen daher verschiedenen „**Barcode-Arten**“ angehören

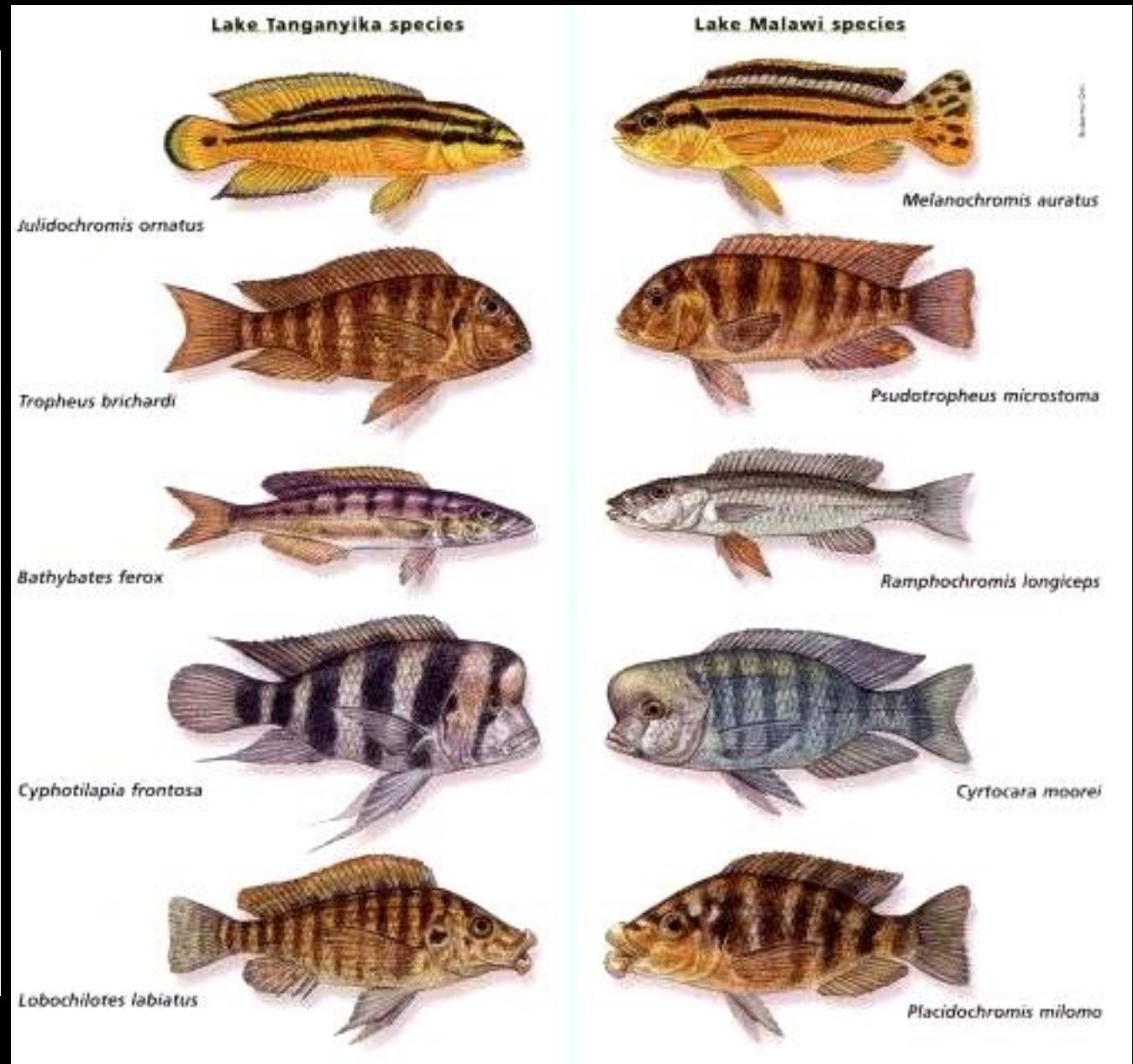


### Quastenflosser

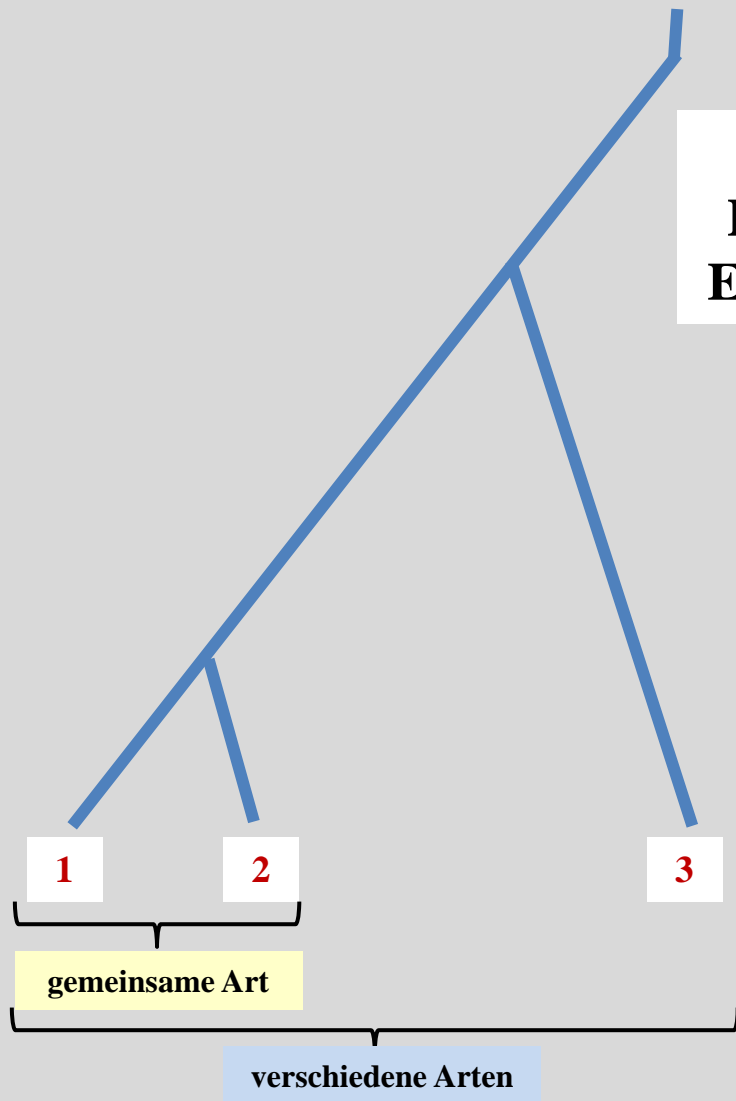
- Tiefseefisch (Madagaskar)
- seit mindestens 60 Millionen Jahren kaum verändert

Und umgekehrt gibt es die bekannten **Cichliden-Arten** der ostafrikanischen Seen, die alle ein **sehr junges evolutionäres Alter** haben, aber **reproduktiv voneinander getrennt** sind und daher verschiedenen „**Reproduktiv-Arten**“ angehören.

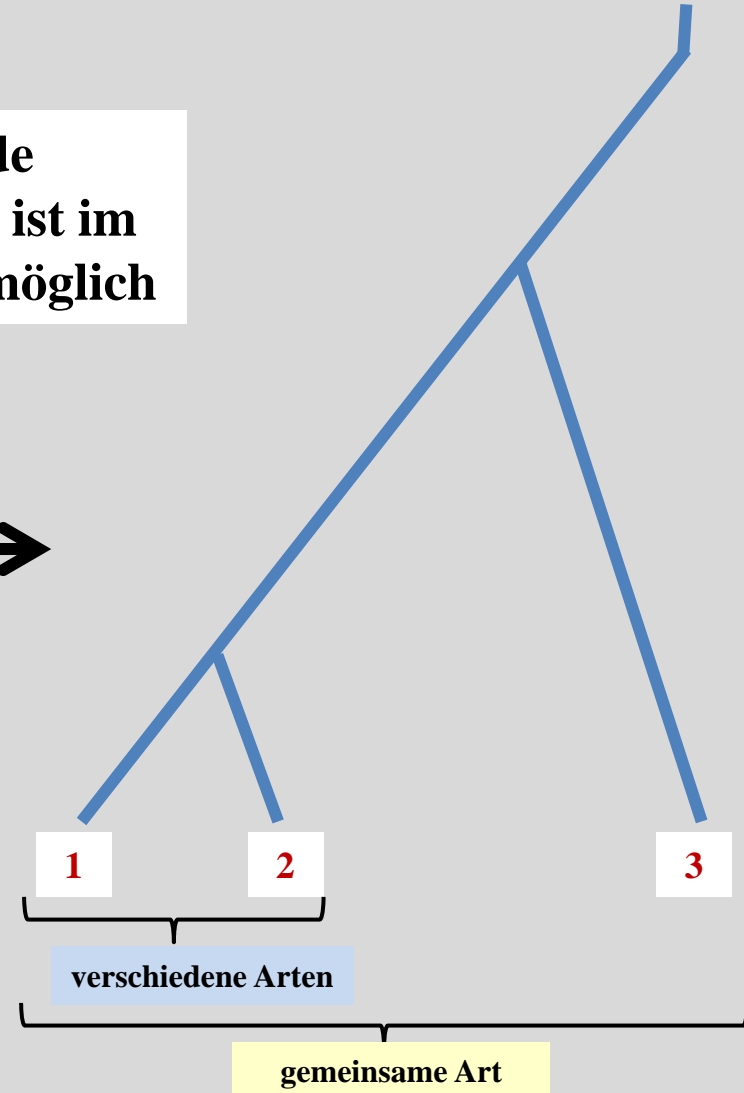
Im **Barcode** aber differieren sie **nicht** voneinander, und daher müssen viele ein und derselben „**Barcode-Art**“ angehören



folgende  
Diskrepanz ist im  
Extremfall möglich

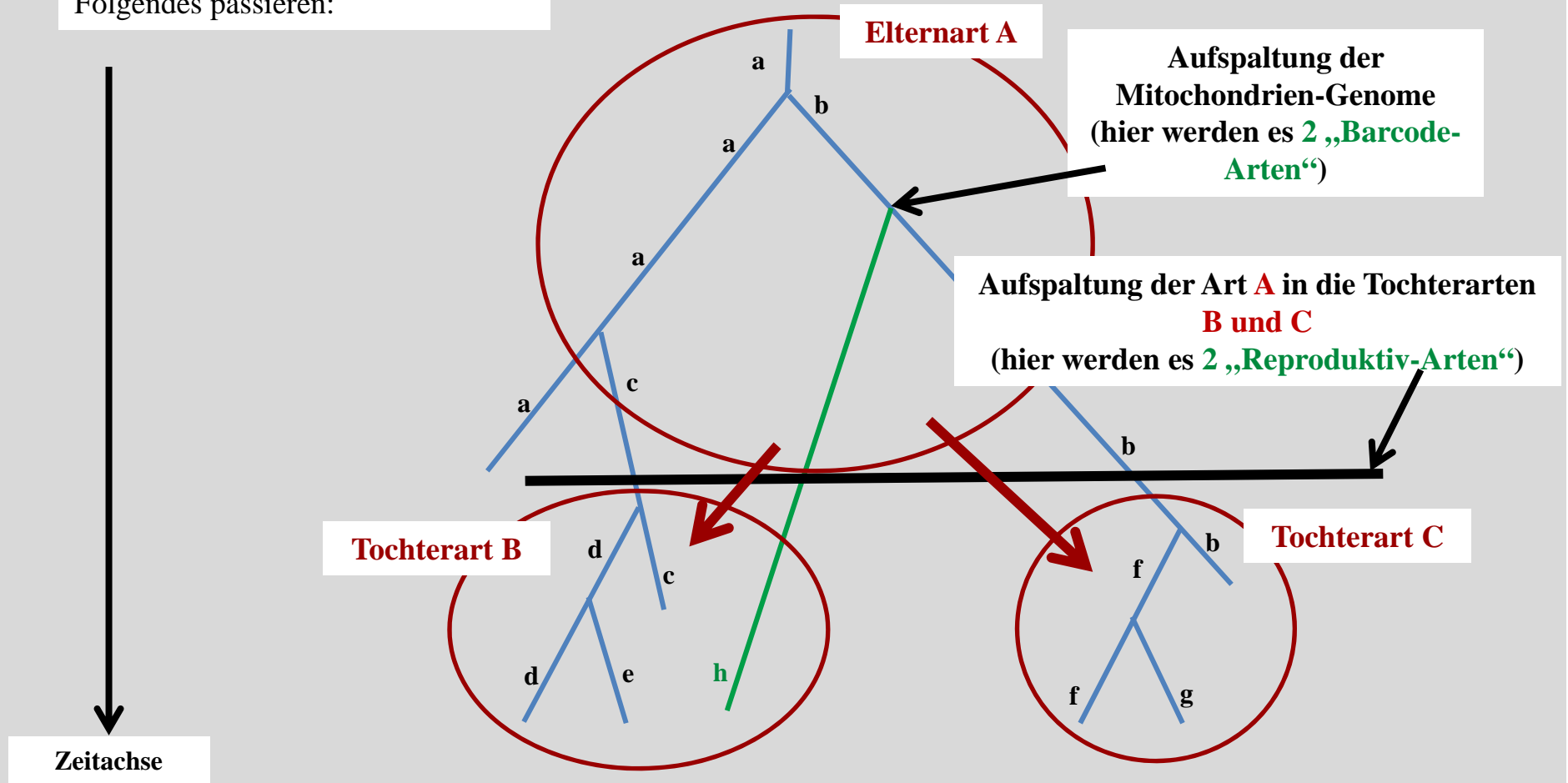


**Barcode-Artkonzept =**  
**„Barcode-Art“**



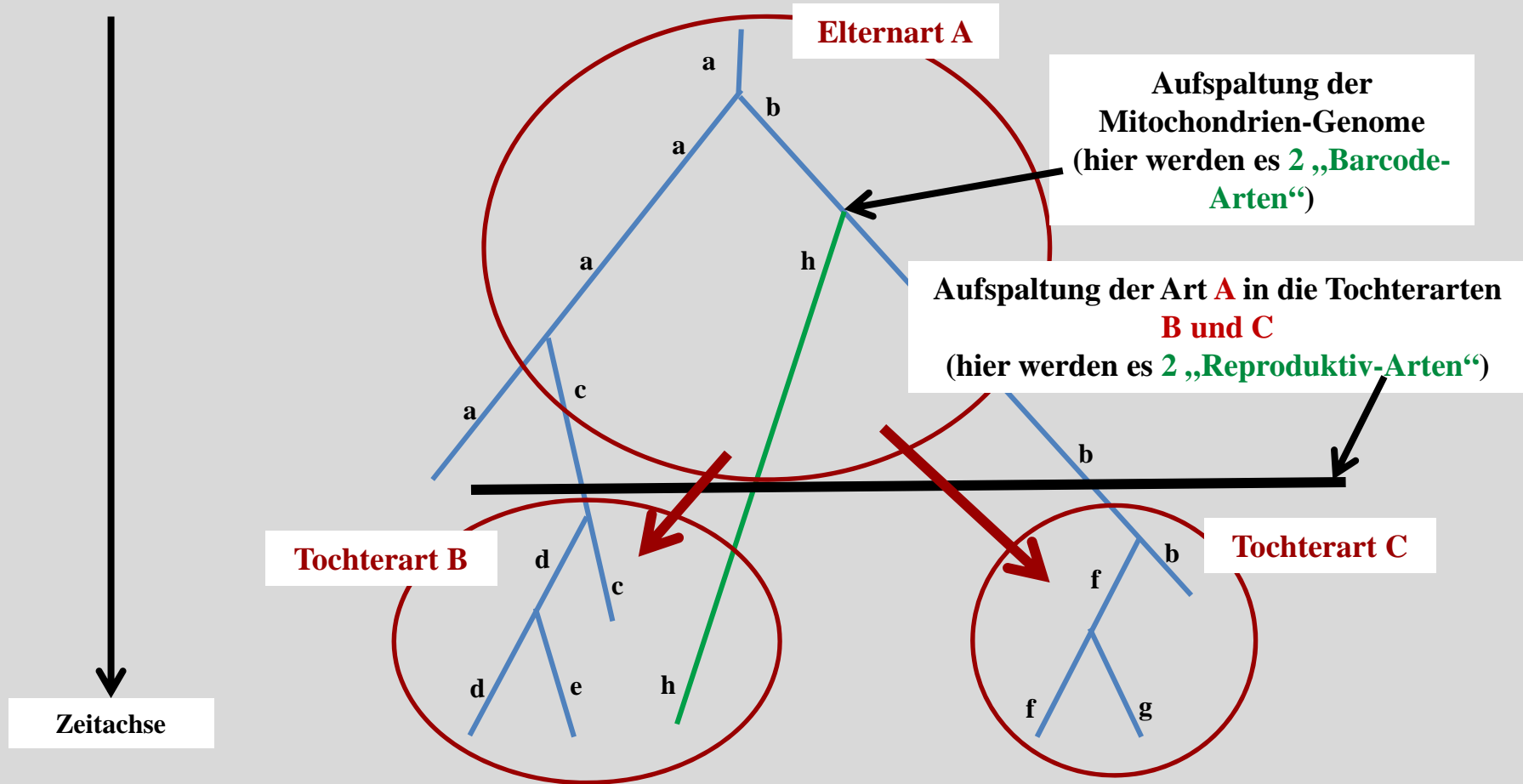
**Reproduktionsgemeinschaft –**  
**Artkonzept = „Reproduktiv-Art“**

Legt man die beiden Artkonzepte  
übereinander, dann kann  
Folgendes passieren:



Die Aufspaltung einer Art in 2 getrennte **Reproduktionsgemeinschaften** („**Reproduktiv-Arten**“) (**A** in **B** und **C**) folgt nicht dem Muster der sich aufspaltenden **Mitochondrien-Genome**

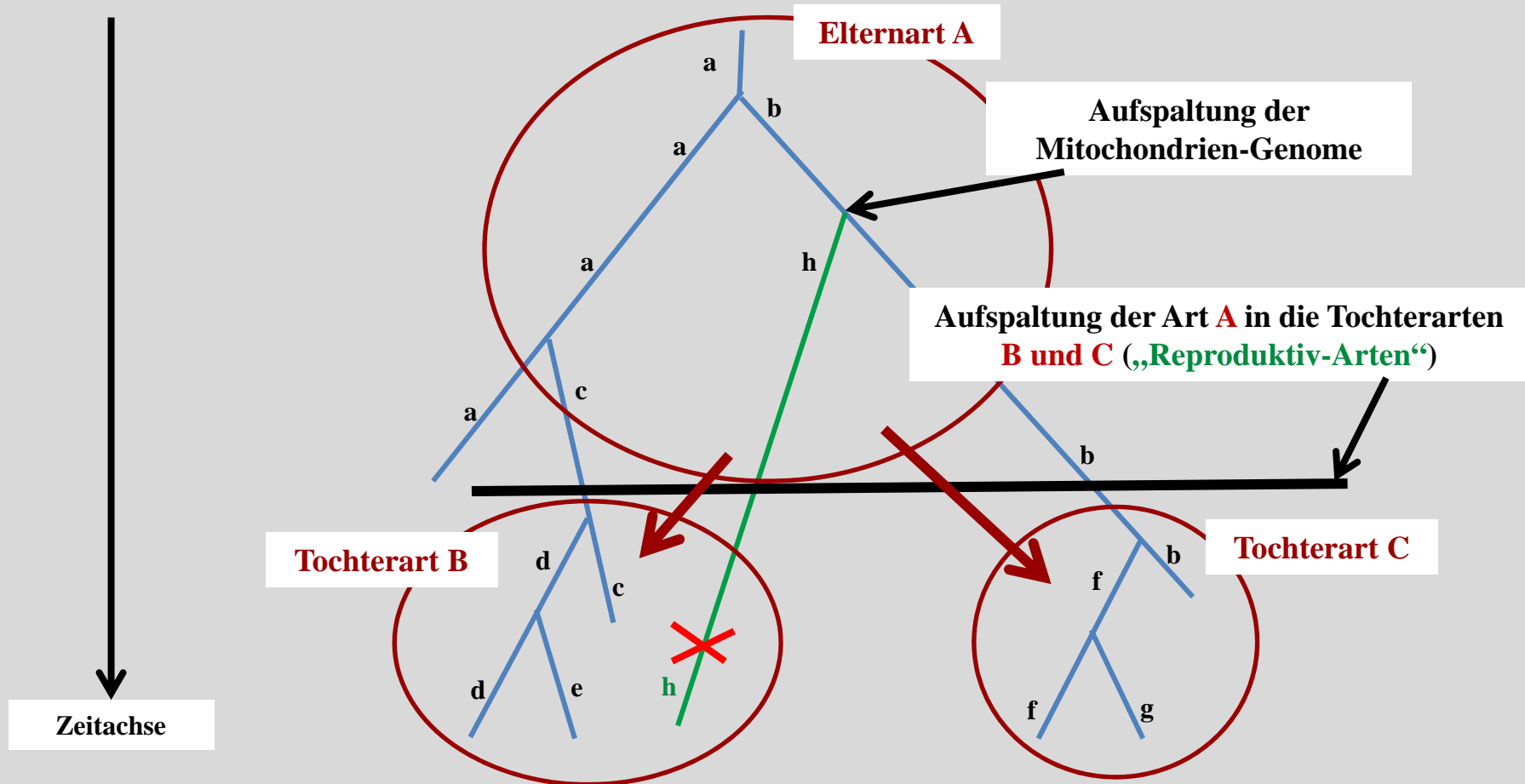




Die **Elternart A** spaltet sich in die **Tochterarten B und C** erst zu einem Zeitpunkt auf, wenn die **Mitochondrien-Linien in der Art A** längst aufgespalten sind

Eine **paraphyletische Aufzweigung (grün)** ist mit der „**falschen Art**“ verbunden.  
 Die Zweige **d** und **h** innerhalb der **Art B** geben beim paarweisen Vergleich der Mitochondrien-DNA ein Alter der **Art-Aufzweigung** wider, das nicht das Alter der **Reproduktiv-Art** ist

Man kann also vom Alter der **Mitochondrien-Aufzweigungen** (= „**Barcode-Arten**“) nicht in allen Fällen auf das Alter der „**Reproduktiv-Arten**“ schließen



**Erst nach 4 Mio Generationen** (bei kleinen Populationen früher) sind die Mito-Zweige korrekt mit den Arten **sortiert**, weil dann der Zweig **h** durch „**genetische Drift**“ verschwunden ist. Erst dann ist **reziproke Monophylie** erreicht

# Die «molekulare Revolution» und ihre Folgen für die ornithologisch-taxonomische Forschung

Dorit Liebers-Helbig

Grundsätzlich ist zu bedenken, dass Gen-Bäume lediglich die Geschichte eines DNA-Abschnitts oder Gens widerspiegeln, nicht aber zwangsläufig den Spezies-Baum abbilden. Eine Annäherung an den

Zusammenfassung:

Der Barcode gibt das Alter der **Mitochondrien-Aufzweigungen** wider

Man kann die **Mitochondrien-Aufzweigungen** zur **Definition von „Art“** machen.  
Das wäre dann die **„Barcode-Art“**.

Das gäbe keine **Widersprüche**.

Aber dann ignoriert man die **„Art“ als Reproduktionsgemeinschaft**

Man muss sich also entscheiden:

Will man die Art als **(1) „Barcode-Art“**  
oder will an die Art als **(2) „Reproduktionsgemeinschaft“** ?

Das erläutere ich zunächst an **ornithologischen** Beispielen

Ginge es nach dem Barcode, dann hätten wir in Deutschland **2 Gartenrotschwanz-Arten**.

Aber diese sind weder reproduktiv voneinander getrennt noch typologisch unterscheidbar



Autor des Fotos: Sven Johnsen; Naturgucker.de

Ginge es nach dem Barcode, dann wären **Mauersegler und Fahlsegler** ein und dieselbe Art.

Aber diese sind eindeutig reproduktiv voneinander getrennt und typologisch gut unterscheidbar



Autoren der Fotos: Michael Neubauer, Matthias Entelmann; beide Naturgucker.de

Ginge es nach dem Barcode, dann wären mehrere nordatlantische **Möwenarten** ein und dieselbe Art.

Aber diese sind eindeutig reproduktiv voneinander getrennt und typologisch gut unterscheidbar



Autoren der Fotos: Carolin Zimmermann, Hermann Daum, Roland Schlegel, Hannah und Jessy Loranger; alle Naturgucker.de



Aber es gibt auch **Tagfalter**-Beispiele:

# Frontiers in Zoology



Research

**Open Access**

**Does the DNA barcoding gap exist? – a case study in blue butterflies  
(Lepidoptera: Lycaenidae)**

Martin Wiemers\* and Konrad Fiedler

We present an analysis of intra- and interspecific variation in the butterfly family Lycaenidae which includes a well-sampled clade (genus *Agrodiaetus*) with a peculiar characteristic: most of its members are karyologically differentiated from each other which facilitates the recognition of species as reproductively isolated units even in allopatric populations.

at least 16% of specimens with conspecific sequences in the profile were misidentified. This is due to paraphyly or polyphyly of conspecific DNA sequences probably caused by incomplete lineage sorting.

Although high differences in DNA sequences can help to identify cryptic species, a high percentage of well-differentiated species has similar or even identical *COI* sequences and would be overlooked in an isolated DNA barcoding approach.

Es gibt nun **2 Möglichkeiten**, mit der Barcode-Technik umzugehen

1.) Entweder man **akzeptiert die Barcode-Art als Barcode-Art** und ignoriert andere Artkonzepte, z.B. die **Reproduktionsgemeinschaft („Reproduktiv-Art“)**

2.) Oder man lebt mit **mehreren Artkonzepten nebeneinander**.

Dann braucht man aber auch **parallele Bestimmungsbücher** nebeneinander

3.) Oder **[das empfehle ich]** man **verzichtet** darauf, die Barcode-Technik zur **Definition von Arten** zu nutzen, sondern lediglich als eine zusätzliche (allerdings überragende) **Bestimmungshilfe**

Die Barcode-Technik sollte demnach nicht dazu benutzt werden, Arten **als neu entdeckte Arten zu definieren,**

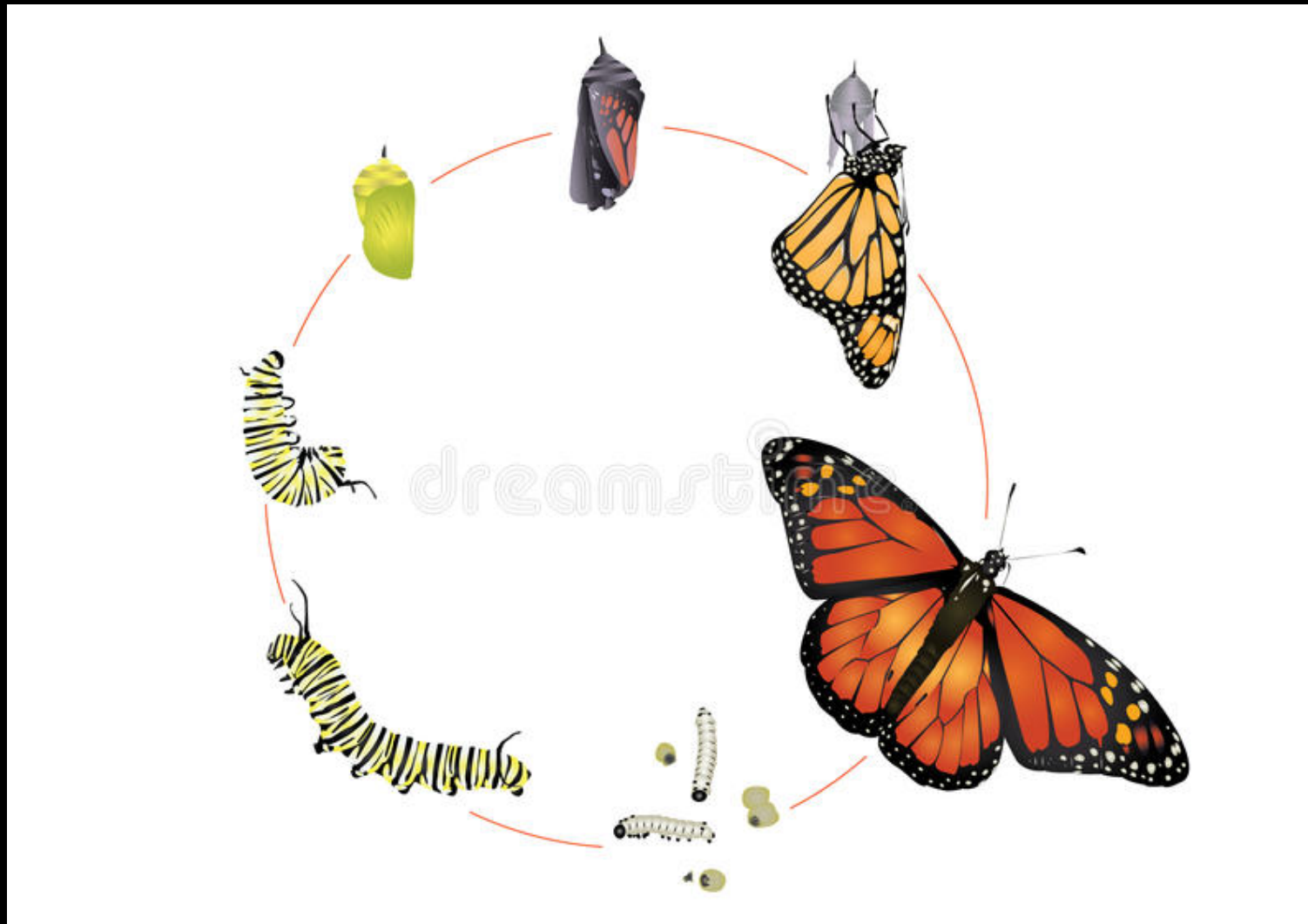
nach dem Schema:

**„Diese Population weicht im Barcode ab; also muss es eine eigene Art sein“**

Als **Bestimmungshilfe** ist die Barcode-Technik allerdings **überragend**

Aber dazu muss **bereits bekannt** sein, dass es eine Art **IST**, z.B. als **Reproduktionsgemeinschaft**

Die Artbestimmung nach dem Barcode identifiziert  
die Art **unabhängig vom Entwicklungs-Stadium**  
(egal ob Ei, Raupe, Puppe oder Falter)



der Barcode bestimmt die Art verlässlich  
(egal ob **Wurst, Kotelet** oder **Gulasch**)

**Wie viel davon ist  
vom Schwein, Pute oder Huhn?**

