

Ideen für die Inventur der Vielfalt

Biodiversität bedeutet Nahrung, Rohstoffe, Medizin und ökologische Stabilität, aber auch kulturelle und ästhetische Erfahrung. Jedoch reduziert menschliches Handeln seit Jahrhunderten die biologische Vielfalt immer schneller. Die Vereinten Nationen haben das Jahr 2010 zum „Internationalen Jahr der Artenvielfalt“ erklärt. Aber nach wie vor sind viele Fragen auf dem Gebiet der Biodiversitätsforschung offen – auch weil es an der Bündelung und Integration neuer Forschungsansätze mangelt.

TEXT RUDOLF AMANN, ANTJE BOETIUS UND DIETHARD TAUTZ

Nach mühevollen Expeditionen und jahrzehntelanger Arbeit gelang es Charles Darwin und einigen seiner Zeitgenossen durch Beobachtungen von Variation, Selektion und räumlicher Verteilung eine Theorie zur Evolution des Lebens zu entwickeln. 150 Jahre danach sind viele Biodiversitätsforscher noch immer Entdecker und Beschreiber. Sie hoffen aus den

Wir leben in einer Epoche des Massenaussterbens

räumlichen und zeitlichen Mustern der ungeheuren Vielfalt des Lebens auf der Erde Regeln abzuleiten, welche die Prozesse der Anpassung und Evolution von Arten und Gemeinschaften erklären.

Bisher war dies ein aufwendiger und oft wenig effizienter Prozess. Jetzt eröffnen Fortschritte bei der Sequenzierung von Erbinformation und in der Bioinformatik große Chancen für ein wesentlich besseres Verständnis von Biodiversität. Die Untersuchung der unermesslichen Vielfalt des Lebens schreitet in gro-

ßen Schritten voran – und dafür ist es höchste Zeit: Denn im Rahmen der Convention on Biological Diversity (CBD) und als Strategie zum Umgang mit dem globalen Wandel hat sich Deutschland verpflichtet, bis zum Jahr 2010 dem Artensterben und dem Verlust von Lebensräumen mit gesellschaftspolitischen, kulturellen und ökonomischen Maßnahmen entgegenzutreten – unter anderem auch mit der Förderung der Biodiversitätsforschung.

Eine einfache, aber noch immer nicht beantwortete Frage ist die nach dem „Wieviel“: Die Schätzungen über die Anzahl der Arten, die gegenwärtig unseren Planeten bevölkern, schwanken zwischen zehn Millionen und zehn Milliarden. Wie viele verschiedene Arten von Tieren, Pflanzen, Pilzen, einzelligen Protozoen oder Bakterien gibt es auf der Erde? Diese Fragen tauchen in der öffentlichen Diskussion vor allem im Zusammenhang mit dem Befund auf, dass wir uns in einer Epoche des Massenaussterbens von Arten befinden.

Die Beschäftigung mit der Vielfalt des Lebens entspringt aber auch der natürlichen Neugier des Menschen auf die Beschaffenheit seiner Umwelt – getreu dem Kinderlied *Weißt Du, wie viel Sternlein stehen*. In der Astronomie ist die systematische Erfassung der Sterne in der Tat eine entscheidende Komponente des



Die Vielfalt der Arten auf unserem Planeten ist lebenswichtig, ihre Erforschung braucht neue Impulse.

Forschungsansatzes. In der Biologie ist die Erfassung der Diversität zwar auch seit Jahrhunderten ein zentrales Thema. Aber gerade heute, wo wir den Wert der Biodiversität zu verstehen suchen, rückt sie eher in den Hintergrund.

Gegenwärtig ist die Biologie sehr funktional ausgerichtet. Sammeln und Beschreiben wird als hypothesenfrei abgetan. Damit läuft die Biologie aber Gefahr, sich selbst einer ihrer Grundlagen zu berauben.

ßen Erkenntnisgewinn. Das wird beim Thema Biodiversität nicht anders sein. Durch die systematische Erforschung der Lebensvielfalt werden wir die Muster erkennen, die auf eine Anpassung der Organismen und ihrer Gemeinschaften an die sich ändernde Umwelt schließen lassen, aber auch Konsequenzen für Stoffflüsse und Nahrungsnetze haben können.

Neben der Frage nach dem „Wieviel“ stellen sich die Fragen nach dem „Wo“ und dem „Wann“, also der räumlichen und zeitlichen Dynamik in der Anzahl und der relativen Häufigkeit von Lebewesen in ihrem Lebensraum, ihrer Beziehung zueinander und zur unbelebten Umwelt. Dabei wird sich der Blick zunehmend von Einzelorganismen hin zu Lebensgemeinschaften weiten, vom Verständnis der biologischen Nische hin zu den Dimensionen der Lebensräume und den Verbreitungswegen. Von dem modernen Biodiversitätsforscher wird deshalb erwartet, nicht nur molekulare Daten miteinander zu vergleichen, sondern sie auch mit Daten aus Erdbeobachtungen zu verknüpfen, um daraus Trends und Regeln abzuleiten.

In der Zusammenarbeit mit anderen Zweigen der Erd- und Lebenswissenschaften sollte es möglich sein, auch die schwierigste Frage, nach dem „Warum“, zu beantworten. Was bedeutet es ökologisch, wenn eine taxonomische Gruppe eine enorm hohe Vielfalt zeigt? Wie sehr ist Biodiversität für die Funktion und Produktivität von Ökosystemen wichtig? Sind auch seltene Arten bedeutend für die Lebensgemeinschaft? Wie viel ist uns Artenvielfalt wert? Und was passiert mit der Lebensgemeinschaft, wenn nur ein einziges Mitglied verschwindet? Kann das zur Instabilität des Systems führen, analog dem Schmetterlingseffekt in der Chaostheorie?

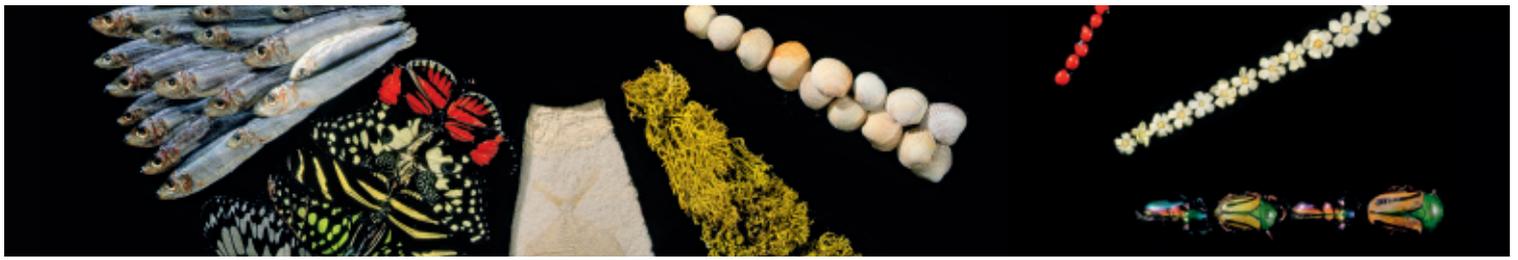
Es besteht in der Öffentlichkeit und in der Politik bereits Einigkeit über die große Bedeutung der Biodiversität und der ihr zugrunde liegenden genetischen Ressourcen für das menschliche Leben. Biodiversität bedeutet Nahrung, Rohstoffe, Medizin und ökologische Stabilität, aber auch kulturelle und ästhetische Erfahrung. Jedoch reduziert menschliches Handeln die biologische Vielfalt seit Jahrhunderten immer schneller. So gehen die inhärenten Werte biologischer Organismen unwiderruflich verloren.

Die systematische Erfassung von Biodiversität muss zu einem Ziel der Grundlagenforschung werden

Die systematische Erfassung von Biodiversität muss wieder zu einem akzeptierten Ziel der biologischen Grundlagenforschung werden.

Dazu müssen aber auch neue Konzepte entwickelt werden, um der Herausforderung der schieren Menge an Arten gerecht zu werden. Zurzeit werden jedes Jahr etwa 20 000 Arten wissenschaftlich beschrieben – wobei den größten Anteil die Tiere ausmachen. Selbst bei der konservativsten Schätzung von zehn Millionen Arten würde es bei der gegenwärtigen Geschwindigkeit weitere 400 Jahre dauern, eine vollständige Inventur allein der Tiere und Pflanzen auf der Erde zu erhalten. Wir müssen den Prozess, Arten wissenschaftlich zu identifizieren, zu beschreiben und auch zu benennen um mindestens eine Größenordnung beschleunigen. Nur so erhalten wir in einem angemessenen Zeitraum eine Enzyklopädie des Lebens.

Eine systematische Methode der Biodiversitätsforschung ist der „Zensus“ – mit dem zentralen Ziel, auf allen taxonomischen und organisatorischen Stufen Biodiversität quantitativ zu erfassen und so für die Forschung, aber auch für Erhaltungskonzepte von Lebensräumen fundierte Grundlagen zu schaffen. Der Übergang zu einer quantitativen Beschreibung bedeutet in der Grundlagenforschung stets einen gro-



Für die rasch wachsende Weltbevölkerung werden immer neue Flächen landwirtschaftlich nutzbar gemacht, wozu mehr und mehr auch die Flächennutzung für Energiepflanzen beiträgt. Es wird nach Lösungen für die negativen Wirkungen des Klimawandels gesucht. Wenn wir aber für den Klimaschutz natürliche Vegetation in Plantagen zur Kohlendioxid-Fixierung umwandeln, wird so die nächste Welle der Artauslöschung nicht nur legitimiert, sondern geradezu staatlich gefördert.

Die aktuelle Diskussion um den Klimawandel zeigt, dass sich die Umwelt regional erheblich schneller ändern kann als gedacht. Manche Ereignisse wie die Schmelze von Gletscher- und Meereis, die zunehmenden Überflutungen von Flussdelta-Regionen oder die Ausbreitung neuer Krankheiten laufen auf zeitlichen Skalen ab, wie sie in Laborexperimenten zugänglich sind, um das Leben und seine Anpassungsfähigkeiten zu untersuchen. Dennoch gibt es erstaunlich wenig biologische Klimafolgen-Forschung, die sich dieser Phänomene annimmt. Vor diesem Hintergrund werden die bisher spärlichen ökologischen Langzeitbeobachtungen an Land und im Meer für die Wissenschaft immer wertvoller.

Auch um die theoretische, konzeptionelle und infrastrukturelle Basis dieser Disziplin ist es nicht gut bestellt. Die Gründe dafür sind historisch und kulturell bedingt und liegen etwa in der Trennung taxonomischer Forschung von anderen Lebens- und Umweltwissenschaften oder am Mangel der Integration molekularer und klassischer Methoden der Biologie in universitären Abteilungen und Museen.

Wir glauben, dass sich der multidisziplinäre Wissenschaftszweig „Biodiversitätsforschung“ als Teil der Umweltforschung und Erdbeobachtung in einem Umbruch befindet – so wie auch die medizinische Forschung seit dem Zeitalter der Hochdurchsatz-Sequenzierung völlig neue Wege der Untersuchung des Menschen und der Vielfalt seiner Symbionten, Parasiten und Krankheitserreger beschritten hat. Die neuen technischen Möglichkeiten zur Biodiversitätserfassung reichen weit über eine reine Fortschreibung traditioneller Taxonomie hinaus: Es geht darum, eine alte Disziplin neu zu erfinden, ohne ihre Wurzeln zu vergessen.

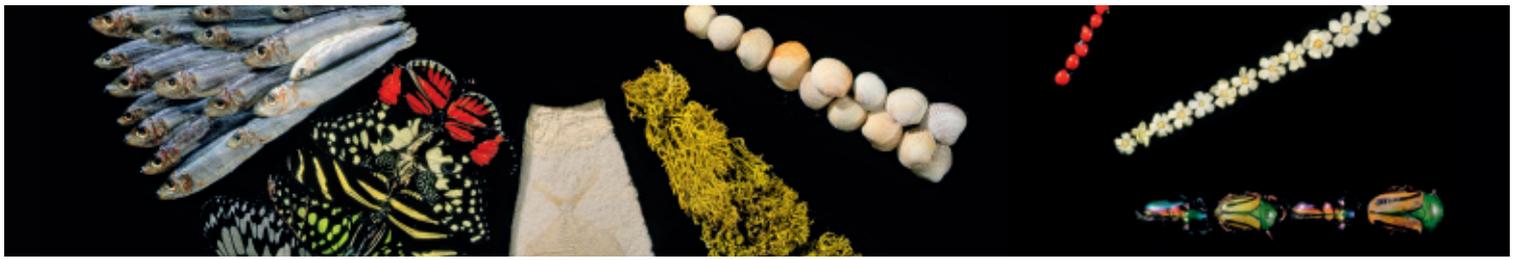
Eines der dringendsten Probleme, das von jeher alle Teile der Biodiversitätsforschung betrifft, ist die Charakterisierung und Zählung der Arten. Derzeit existieren viele und für jede Organismengruppe spezialisierte Artkonzepte. Das biologische Artkon-

Es geht darum, eine alte Disziplin neu zu erfinden, ohne ihre Wurzeln zu vergessen

zept von Ernst Mayr, wonach eine Art als „Gruppe von sich untereinander fortpflanzenden Lebewesen definiert ist, die reproduktiv von anderen solchen Gruppen isoliert sind“, lässt sich nur auf die höheren Tiere und Blütenpflanzen einigermaßen anwenden, kaum jedoch auf die Pilze, Protozoen und die beiden Reiche der Prokaryonten, die Bacteria und Archaea.

Einzellige Organismen wie auch die meisten der hochdiversen kleinen wirbellosen Tiere, die in Böden, Sedimenten und aquatischen Lebensräumen sowie als Parasiten oder Symbionten an Pflanzen und Tieren existieren, bergen viele kryptische Arten, die sich phänotypisch nicht unterscheiden lassen, oft aber völlig verschiedene Funktionen in der Umwelt haben. In den vergangenen Jahren setzt sich daher zunehmend das *General Lineage* genannte Artkonzept durch, wonach Arten als eigenständige evolutive Stammlinien aufgefasst werden. Die Identifizierung solcher Stammlinien erfordert dabei die Integration unterschiedlicher Merkmalsätze anstatt der alleinigen Anwendung klassischer morphologischer Verfahren.

DNA-basierte Techniken versprechen einen Ausweg aus diesem Dilemma, haben sie sich in den vergangenen Jahren doch rapide entwickelt. Hochdurchsatz-Technologien (wie etwa *Next Generation Sequencing*, NGS) ermöglichen es jetzt, die Biodiversität jenseits der engen Grenzen von biologischen Fachgruppen mit ihren speziellen Artkonzepten



quantitativ zu erfassen. Die vergleichende Sequenzanalyse wird außerdem eine genauere Analyse der Artbildung erlauben und kann auf Basis populationsgenetischer Modelle zu einer dringend gebotenen Vergleichbarkeit der Artkonzepte beitragen.

Bei Kleinstlebewesen wie den Bacteria und Archaea, die mit mehreren tausend taxonomischen Einheiten pro Liter Wasser oder Sediment auftreten

verstehen bisher viel zu wenig von den Mechanismen, die es einer Art ermöglichen, sich an veränderte Bedingungen und neue Lebensräume anzupassen. In einer Kombination von Methoden aus quantitativer Genetik und der Genomanalyse von Mikroorganismen ergeben sich derzeit neue Ansätze, die funktionalen Grundlagen zu entschlüsseln.

Die Kenntnis der Biodiversität ist bei der hohen Anzahl und Vielfalt von Mikroorganismen auch in den extremsten Lebensräumen eine wichtige Grundlage und eventuell sogar ein wichtiger funktioneller Parameter von Ökosystemen. Die ersten Datensätze zur phylogenetischen Vielfalt von Mikroorganismen in der Umwelt zeigen, dass die beobachteten Muster weder zufälliger Natur sind, noch dass sie sich einfach durch die Selektion von Populationen – etwa durch Energieverfügbarkeit oder andere Umweltbedingungen – erklären lassen. Vielmehr weisen sie auf eine starke Rolle biologischer Interaktionen sowie räumlich begrenzter Verbreitungswege, genetischer Evolution und anderer historischer Bedingungen hin. Dabei ist es noch völlig unklar, ob die Theorien der Diversität von Pflanzen und Tieren ebenso für Mikroorganismen gelten.

Die Bedeutung artspezifischer Mikrobiome und ihre Rolle in der Biologie von Lebewesen werden zunehmend klarer. Beim Menschen wird derzeit das „Humanmikrobiom“ untersucht, um alle mit dem Menschen verbundenen Mikroorganismen kennenzulernen und Rückschlüsse auf Krankheiten zu ziehen. Es gilt aber auch bei jedem anderen Lebewesen, spezifische Assoziationen mit Kleinstlebewesen zu entdecken. Hierzu gehört das Darmmikrobiom von Tieren ebenso wie die Wechselwirkung von Pflanzen mit den Organismen der Rhizo- und Phyllosphäre (Wurzeln und Blätter) und der faszinierenden Welt der Pilze.

Wie sich verschiedene Arten zusammen entwickeln und aneinander anpassen, sodass gerichtete Veränderungen im Geno- und Phänotyp auftreten – bis hin zu einem gemeinsamen Lebenszyklus –, bleibt eine der spannendsten Fragen der Biologie. Hier liegt möglicherweise der Schlüssel zum Verständnis der Evolution des Immunsystems. Ebenso erhoffen wir Antworten auf Fragen nach der Entstehung des Lebens und seiner Anpassungsfähigkeit an die Umwelt.

Das Metagenom liefert viele neue Erkenntnisse über Kleinstlebewesen

und von denen wir erst wenige Prozent kennen, erlauben nur die Hochdurchsatzmethoden der Molekularbiologie eine Erforschung auf verschiedenen räumlichen und zeitlichen Skalen. Im Zusammenhang mit hoch aufgelösten Messungen weiterer Umweltparameter ermöglicht es die vergleichende Sequenzanalyse auch, Regeln der Assoziation von Organismen untereinander und mit speziellen Nischen oder Habitaten zu untersuchen sowie durch Umweltfaktoren gesteuerte Änderungen in der Vielfalt zu quantifizieren. Ein wichtiges Ergebnis solcher Forschungen kann es sein, die klassische Systematik, mit der einst Carl von Linné Ordnung in die belebte Natur brachte, neu zu überdenken.

Bei ersten Versuchen, alle in einem Habitat vorkommenden Genome – das sogenannte Metagenom – zu sequenzieren, hat man bereits viele neue Erkenntnisse über die dominanten Kleinstlebewesen erhalten. In vielen Lebensräumen scheinen einige wenige Arten von Bakterien oder Archaea-Bakterien einen bedeutenden Anteil der Biomasse der Gemeinschaft zu dominieren. Was macht diese Arten so erfolgreich? Oder handelt es sich vielleicht doch um heterogene Ansammlungen vieler verschieden angepasster ökologischer Typen?

Die Rolle von genetischer und epigenetischer Anpassung in einer sich verändernden Umwelt ist von besonderer Bedeutung für schnelle Reaktionen, wie wir sie im Rahmen des Klimawandels erwarten. Wir

Die Rolle und Rückwirkung der Biodiversität auf geochemische und klimatologische Rahmenbedingungen sowie die Nahrungsnetze und organischen Stoffflüsse durch das Ökosystem stehen weit oben auf der Skala der Themen des globalen Wandels. Wir wissen derzeit sehr wenig darüber, wie das Netzwerk interagierender Organismen die Veränderungen einzelner Umweltparameter, etwa die CO₂-Konzentration oder die Temperatur, aufnimmt und puffert. Auf der Basis einer soliden Kenntnis dieser wichtigsten Komponenten der Biodiversität in bestimmten Lebensräumen wird es möglich sein, sich mit Modellen und Experimenten diesen Fragen zu nähern.

Die vergleichende Untersuchung von Ökosystemfunktionen in der Rückkopplung mit Biodiversität und Umwelt kann von der Frühgeschichte der Erde bis zu biologischen Modellen reichen und hat ihren Schwerpunkt in der Verknüpfung und Synthese von Felddaten und experimentellen Ergebnissen mit Ökosystemmodellen.

Eine solche Biodiversitätsforschung kann dazu beitragen, genauere Antworten zu geben auf die Urfragen nach dem „Woher“ (Evolution) und dem

Die Biologie benötigt Strukturen wie bei großen Experimenten der Physik oder Astronomie

„Wohin“ (Zukunft des Lebens auf der Erde) und damit die ökologische Beziehung des Menschen zu seiner Umwelt in den Mittelpunkt stellen. Dazu benötigt die Biologie aber auf Dauer Strukturen, wie wir sie heute von großen internationalen Experimenten der Physik oder Astronomie kennen. Die Erforschung der Evolution, Funktion und Ökologie der Lebensvielfalt auf der Erde sind für die Menschheit so grundlegend, dass wir vor dieser neuen Größenordnung nicht zurückschrecken sollten. ◀

DIE AUTOREN



Rudolf Amann, Jahrgang 1961, leitete am Max-Planck-Institut für marine Mikrobiologie in Bremen die Selbstständige Nachwuchsgruppe „Molekulare Ökologie“. Seit 2001 ist er Direktor und Wissenschaftliches Mitglied am Institut sowie Professor der Universität Bremen.



Antje Boetius, Jahrgang 1967, wurde 2003 Leiterin der Forschungsgruppe „Mikrobielle Habitate“ am Bremer Max-Planck-Institut für marine Mikrobiologie. Seit März 2009 ist sie Professorin für Geomikrobiologie an der Universität Bremen, im selben Jahr erhielt sie den Leibniz-Preis.



Diethard Tautz, Jahrgang 1957, war Gruppenleiter am Institut für Genetik der Universität München, dann Professor am Zoologischen Institut derselben Hochschule und schließlich Professor am Institut für Genetik der Universität Köln. Seit 2007 ist er Direktor am Max-Planck-Institut für Evolutionsbiologie.