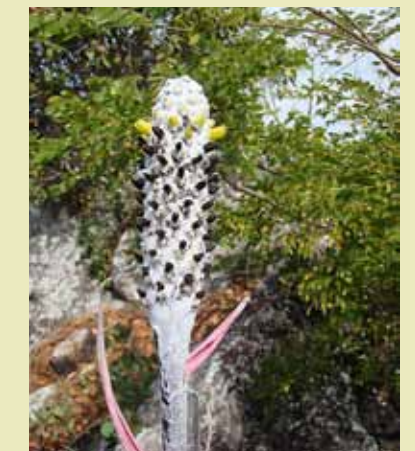
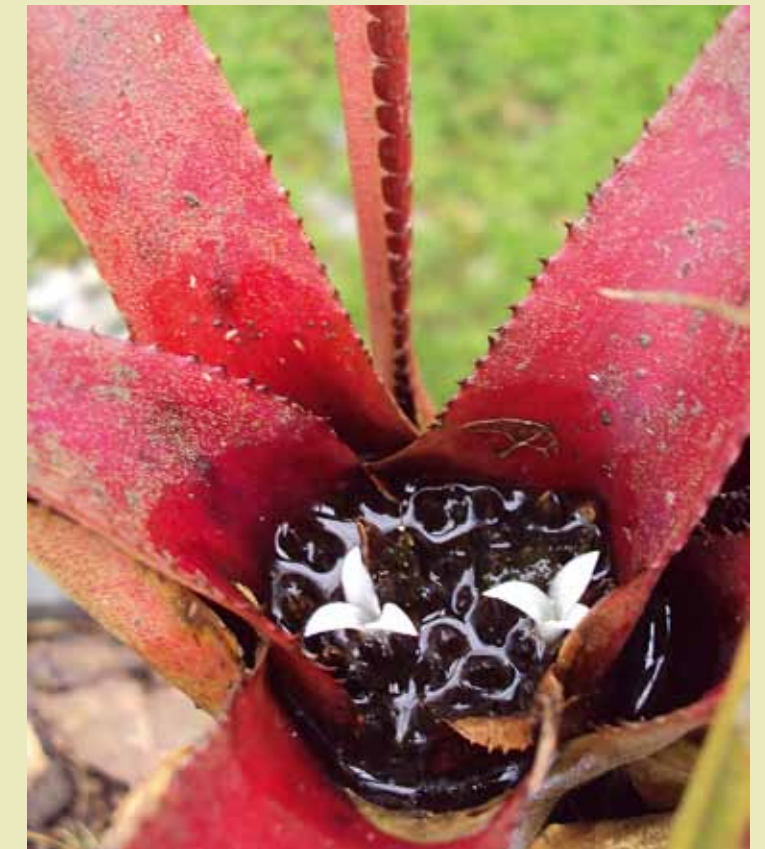




Ohne die klassische Taxonomie ist nichts zu machen

Am Beispiel der Bromeliaceae werden Notwendigkeit und Probleme der Taxonomie diskutiert

von Georg Zizka, Ingo Michalak, Sascha Heller & Marco Schmidt



Der Wettlauf der Taxonomen mit dem Artensterben ist in vollem Gange. Wie die Vielfalt retten, wenn wir gar nicht alle Arten kennen? Junge Wissenschaftler, die ihren Weg suchen im schwierigen Feld der internationalen Reputationen, brauchen eigene Publikationen in möglichst hochrangigen Fachjournalen. Sie müssen sich entscheiden, ob sie sich der sehr wichtigen, jedoch meist zeitaufwändigen konventionellen Taxonomie widmen wollen, deren Ergebnisse zurzeit noch seltener in renommierten Zeitschriften Platz finden. Dabei sind sich eigentlich alle einig: Ohne die althergebrachte Taxonomie helfen uns auch DNA-Analysen nicht weiter.

▲ Abb. 1 Blütenstand einer Bromelie (*Ananas nanus*), die mit der kultivierten Ananas eng verwandt ist. Als Fruchtstand entwickelt sich eine „Mini-Ananas“. Foto: Sascha Heller

Die Ananasgewächse (Bromeliaceae) sind eine fast ausschließlich im tropisch-subtropischen Amerika verbreitete Pflanzenfamilie, die 58 Gattungen und 3352

Arten umfasst (Luther 2012). Die Familie kommt in Trockengebieten und auch in tropischen Wäldern vor und sie stellt einen wesentlichen Teil der Vielfalt von im Kronen-

dach lebenden Arten, den sogenannten Aufsitzerpflanzen oder Epiphyten. Bromelien sind sehr anpassungsfähig – das macht sie für die Biodiversitätsforschung besonders interessant. Die Verfügbarkeit von DNA-Daten der Familie ist in den letzten Jahren rasch angestiegen und hat zu bedeutenden neuen Erkenntnissen über Verwandtschaftsverhältnisse und Evolution geführt (siehe z. B. Barfuss et al. 2005, Givnish et al. 2011). Das wichtigste Nachschlagewerk zur Unterscheidung der Arten und Abgrenzung von Gattungen ist aber nach wie vor die Monografie zu dieser Pflanzenfamilie von Smith & Downs (1974, 1977, 1979), die auf morphologischen Merkmalen und der Untersuchung der Herbarsammlungen beruht.

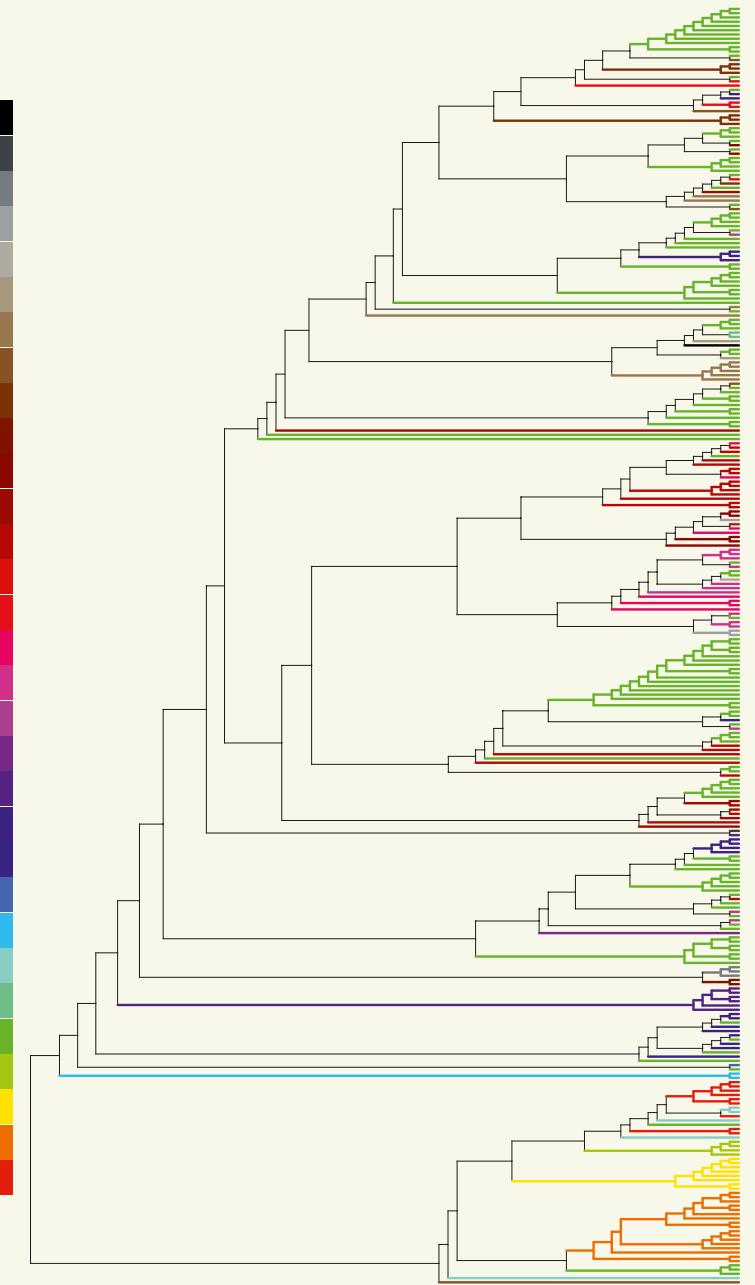
Umfassende Monografien sind ebenso wichtig wie Molekulargenetik

Trotz der zahlreichen Defizite dieser Monografie (z. B. sind seit ihrem Erscheinen mehrere Hundert neue Arten beschrieben worden) ist sie heute noch unverzichtbar, neuere, ähnlich umfassende Bearbeitungen gibt es nicht. Was zeichnet solche betagten Nachschlagewerke gegenüber aktuellen, rein molekularen Untersuchungen aus? Sie beziehen alle bekannten Sippen einer Gruppe und das dazu verfügbare Sammlungsmaterial ein, sie charakterisieren Arten und Gattungen mithilfe möglichst vieler Merkmalsbereiche, sie erstellen Bestimmungshilfen und klären mit der Bearbeitung des Typusmaterials, welche wissenschaft-

▲ Abb. 2–6 Blütenstände einiger Bromelioideae-Arten. Die große Vielfalt und Variabilität in der Ausgestaltung der Blütenhülle und der Blütenstände hat die taxonomische Bearbeitung der Gruppe erschwert und offensichtlich auch zu Fehleinschätzungen bezüglich der Relevanz einiger Merkmale geführt. Fotos: Sascha Heller.



- Hohenbergiopsis* (1)
- Lapanthus* (1)
- Orthophytum* (3)
- Witrockia* (3)
- Eduandrea* (1)
- Androlepis* (2)
- Lymania* (9)
- Portea* (5)
- Araeococcus* (7)
- Acanthostachys* (3)
- Edmundoa* (6)
- Quesnelia* (7)
- Billbergia* (21)
- Canistropsis* (1)
- Canistrum* (5)
- Nidularium* (8)
- Neoregelia* (11)
- Ronnbergia* (3)
- Neoglaziovia* (1)
- Cryptanthus* (7)
- Hohenbergia* (11)
- Ananas* (7)
- Pseudananas* (1)
- Fernseea* (2)
- Fascicularia* (5)
- Ursulaea* (2)
- Aechmea* (129)
- Deinacanthon* (4)
- Greigia* (8)
- Bromelia* (17)
- Ochagavia* (9)



▲
Abb. 7–11
Wuchsformen und Lebensraum einiger Bromelioideae-Arten. Es sind ganz überwiegend im Kronenbereich als Aufsitzer (epiphytisch) lebende Arten, einige wenige wachsen im Erdreich oder auf blankem Fels. Fotos: Daniel Caceres & Georg Zizka.

lichen Namen zu verwenden sind. Auffällig ist, dass es zwar für einige kleine und mittlere Gattungen neuere Monografien gibt, diese aber für die großen, artenreichen Gattungen weitestgehend fehlen. Am Beispiel einer Teilgruppe der Bromelien, der Unterfamilie Bromelioideae, soll dies illustriert und diskutiert werden.

Die „Problemgattung“ *Aechmea*

Die Unterfamilie Bromelioideae umfasst rund ein Drittel der gesamten Bromelienvielfalt (33 Gattungen, 935 Arten) und ist besonders in Brasilien verbreitet. In diesem Verwandtschaftskreis sind aktuell Stammbäume publiziert worden

und es liegen auch neuere Monografien für kleinere und mittlere Gattungen vor (z. B. Leme 1997, 1998, 2000). Dabei hat sich rasch gezeigt, dass es nicht genügt, die Arten ausschließlich anhand äußerer Gestaltmerkmale zu beschreiben – die Variabilität ist einfach zu groß (Abb. 1 bis 11). Molekulare Untersuchungen allein stoßen aber ebenfalls schnell an ihre Grenzen: Meist steht nur von einem Teil der Arten DNA-Material zur Verfügung, sodass man sich keinen vollständigen Überblick verschaffen kann. Zudem lassen sich anhand der Sequenzen allein keine Daten zur morphologischen und ökologischen Variabilität, zu Verbreitung (Abb. 12) und korrekter wissenschaftlicher Benennung ableiten – dazu müssen Exemplare aus Sammlungen herangezogen werden.

Konventionelle Taxonomie wird unterbewertet

Stabile überzeugende neue Art- und Gattungskonzepte können erst dann erarbeitet werden, wenn die Verbindung von taxonomischen Bearbeitungen und molekularen Daten gelingt. Während sich Letztere aber immer schneller und billiger generieren lassen, hat sich der Zeit- und Arbeitsaufwand für die Erstellung taxonomischer Monografien kaum verringert. In der Regel lässt sich ein wissenschaftlicher Ertrag in Form von Publikationen schneller erzielen, wenn man molekulare Daten auswertet. Obwohl die zentrale Bedeutung taxonomischer Monografien von vielen anerkannt wird, werden sie doch nach den derzeit gängigen

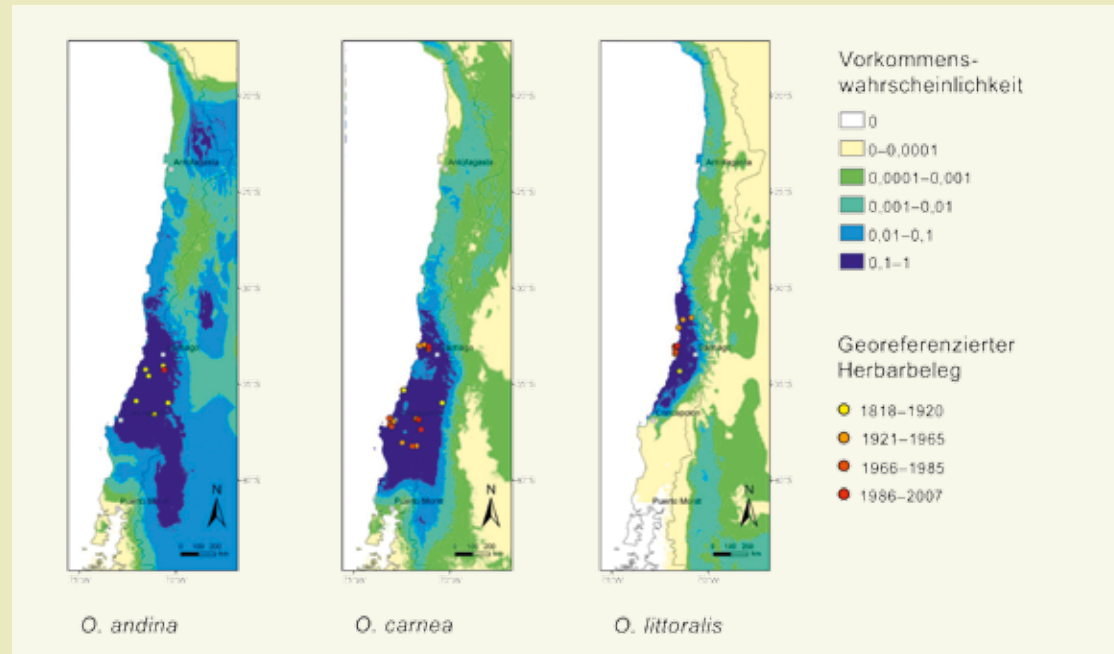
Leistungskriterien in der Wissenschaft grundsätzlich unterbewertet. Besonders problematisch ist dies bei Gattungen mit vielen Arten, deren Bearbeitung eine langjährige Einarbeitung erfordert.

Expertise erwerben dauert oft viele Jahre

Im Falle der Bromelioideae ist die Gattung *Aechmea* ein solches Beispiel. Sie umfasst insgesamt 276 Arten, die fließende Übergänge zu benachbarten Gattungen zeigen. Schon seit den 1990er Jahren hat sich die Erkenntnis durchgesetzt, dass sowohl die Umgrenzung von *Aechmea* und nah verwandter Gattungen als auch die Einteilung von Unterगत-

▲
Abb. 12
Stammbaum der Unterfamilie Bromelioideae auf der Basis von im Internet (GenBank) verfügbaren molekularen Daten (enthalten sind 189 von 935 Arten in 31 von 33 Gattungen). Die Zahlen in Klammern geben die Anzahl der untersuchten Individuen an. Die heute zur Gattung *Aechmea* gestellten Arten (grüne Farbe) sind nahezu auf allen Ästen zu finden. Grafik: Ingo Michalak

Abb. 13
Diese Verbreitungskarte dreier Arten der Bromelien-Gattung *Ochagavia* wurde anhand von Sammlungsbelegen und Geländebeobachtungen erstellt (aus Zizka et al. 2002). Jeder Punkt steht für einen überprüften Beleg oder eine eigene Beobachtung. Das potenzielle Verbreitungsgebiet einer Art wurde auf der Grundlage der Fundpunkte und unter Verwendung von Umweltdaten modelliert. Nur wenige wissen, dass Informationen über die Verbreitung von Organismen meistens aus taxonomisch-systematischen Monografien stammen, denen solche Auswertungen zugrunde liegen.
Grafik: Marco Schmidt



tungen innerhalb von *Aechmea*, wie sie von Smith & Downs (1979) publiziert wurden, künstlich sind, also keine natürlichen Verwandtschaftskreise umfassen. Die molekularen Untersuchungen haben wichtige Erkenntnisse hervorgebracht und den Problemfall *Aechmea* begründet: Die Arten finden sich über fast alle Verwandtschaftskreise (Äste des Stammbaums) der Bromelioideae verstreut (Abb. 13). Da wir inzwischen auf immer größere Mengen molekularer Daten zurückgreifen und auch mehr Arten in unsere Auswertungen einbeziehen, vertieft das zwar unsere Kenntnisse über diese Pflanzengruppe – doch um ein dauerhaftes, breit verwendbares Gattungs- und Artkonzept zu entwickeln, ist die taxonomisch-systematische Bearbeitung unumgänglich.

Wie geht es weiter?

Biodiversitätswandel und Artensterben machen es dringend erforderlich, die globale Biodiversität systematisch-taxonomisch zu bearbeiten, umfassend zu dokumentieren und zu erhalten. Dies fordert auch die „Globale Strategie zum Schutz der Pflanzenvielfalt“ (Global Strategy for Plant Conservation, GSPC; Näheres unter „www.cbd.int/gspc“). Um auf dem Sektor der Biodiversitätsforschung Fortschritte zu erzielen, brauchen wir als Grundlage also dringend taxonomisch-systematische Bearbeitungen, die eine gründliche Untersuchung von Sammlungsmaterial – insbesondere der Typen – einschließen, die Arten auch morphologisch charakterisieren, Bestimmungsschlüssel bereitstellen, die wissenschaftlichen Namen festlegen und Synonymien erstellen. Dazu gehört heute auch die Untersuchung der DNA-Sequenzvariabilität an möglichst großen Stichproben. Bei den Bromelioideae wird derzeit in Zusammenarbeit mehrerer Arbeitsgruppen versucht, umfassende, also alle relevanten Methoden einschließende Bearbeitungen für die natürlichen Verwandtschaftskreise auf den Weg zu bringen. Gerade weil die Zeit drängt, ist es heute eine besondere Herausforderung für die Taxonomie, ihre traditionellen Methoden zur Identifikation und Beschreibung von Objekten zu optimieren, zu ergänzen und wo möglich zu automatisieren (z. B. durch moderne Methoden der Bilderkennung), um mit der sich stetig beschleunigenden Entwicklung in der Molekulargenetik Schritt zu halten.

Dennoch wird die Biodiversitäts- und Naturschutzforschung weiterhin unter dem Fehlen umfassender taxonomischer Bearbeitungen – gerade von großen Gattungen wie *Aechmea* – leiden, wenn es nicht gelingt, den Wert solcher Monografien stärker zu vermitteln und für die Wissenschaftlerkarriere anzuerkennen.

Abb. 14
Bromelioideen wachsen häufig als sogenannte Aufsitzerpflanzen (Epiphyten), dabei benötigen sie keinen lebenden Wirt.
Foto: Ingo Michalak



Die Autoren

Prof. Dr. Georg Zizka studierte Biologie mit Schwerpunkt Botanik an der Goethe-Universität Frankfurt. Nach seiner Promotion (1988) und Habilitation (1994) wurde er im Jahr 1995 Professor für „Diversität und Evolution der Höheren Pflanzen“ am Institut für Ökologie, Evolution und Diversität der Goethe-Universität. Seit diesem Jahr leitet er auch die Abteilung „Botanik und molekulare Evolutionsforschung“ am Senckenberg Forschungsinstitut. Zu seinen Arbeitsgebieten gehören die Systematik, die Evolution und Biogeografie der Höheren Pflanzen, die Erfassung und Analyse des Diversitätswandels sowie Biodiversitätsdatenbanken.



Ingo Michalak studierte Biologie an der Freien Universität Berlin. In seiner Doktorarbeit bei Senckenberg in Frankfurt beschäftigte er sich schwerpunktmäßig mit der Erforschung der Populationsstruktur einer *Fosterella*-Art (Bromeliaceae). Derzeit untersucht er an der Universität Leipzig die Auswirkungen der Hebung des Tibet-Plateaus auf Diversifikationsraten verschiedener Organismengruppen. Sein besonderes Interesse gilt Artbildungsprozessen im Zusammenspiel mit Verbreitung, Ausbreitung, sowie klimatischen und geologischen Veränderungen.



Im Fokus der Forschung von Sascha Heller steht die Gattung *Aechmea* aus der Familie der Ananasgewächse (Bromeliaceae), die nachweislich keine direkte Verwandtschaftslinie darstellt. Er sequenziert verschiedene Abschnitte der DNA, um daraus einen Stammbaum abzuleiten und die zweifelhaften Arten anderen Gattungen zuzuordnen. Bereits auf drei Reisen nach Brasilien hatte er die Gelegenheit, seine Untersuchungsobjekte an ihren natürlichen Standorten zu sehen. Zu einer der Reisen wird demnächst ein Bericht in dieser Zeitschrift veröffentlicht.



Dr. Marco Schmidt arbeitet in der Abteilung Botanik und molekulare Evolutionsforschung, koordiniert Forschungsprojekte in Westafrika (z. B. BIOTA, SUN, UNDESERT) und entwickelt und betreut Biodiversitätsdatenbanken wie etwa die „Tropical African Plants“ (www.westafricanplants.senckenberg.de). Neben der Erfassung der Biodiversität und Tropenökologie beschäftigt er sich auch mit biogeografischen Fragen.



Kontakt (korresp. Autor): Prof. Dr. Georg Zizka, Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum, Senckenberganlage 25, D-60325 Frankfurt a. M.; georg.zizka@senckenberg.de

Schriften

Barfuss, M. H. J., Samuel, R. Till, W. & Stuessy, T. F. (2005): Phylogenetic relationships in subfamily Tillandsioideae (Bromeliaceae) based on DNA sequence data from seven plastid regions. – *Am. J. Bot.* 92(2): 337–351. Givnish, T. J., Barfuss, M. H. J., Van Ee, B., Riina, R., Schulte, K., Horres, R., Gonsiska, P. A., Jabaily, R. S., Crayn, D. M., Smith, J. A. C., Winter, K., Brown, G. K., Evans, T. M., Holst, B. K., Luther, H., Till, W., Zizka, G., Berry, P. E. & Sytsma, K. J. (2011): Phylogeny, adaptive radiation, and historical biogeography in Bromeliaceae: Insights from an eight-locus plastid phylogeny. – *Am. J. Bot.* 98(5): 1–24. Leme, E. M. C. (1997): *Canistrum* – Bromeliads of the Atlantic Forest. Salamandra, Rio de Janeiro, Brazil. Leme, E. M. C. (1998): *Canistropsis* – Bromeliads of the Atlantic Forest. – Salamandra, Rio de Janeiro, Brazil. Leme, E. M. C. (2000): *Nidularium* – Bromélias da Mata Atlântica. – Sextante Artes, Rio de Janeiro, Brazil. Luther, H. E. (2012): An alphabetical list of bromeliad binomials. – Edited by Holst, B. K. & Rabinowitz, L. Marie Selby Botanical Gardens & Bromeliad Society International; Sarasota Florida. Smith, L. B. & Downs, R. J. (1974): *Flora Neotropica*. Monograph No. 14, 1: Pitcairnioideae (Bromeliaceae). – Hafner Press/The New York Botanical Garden; New York. Smith, L. B. & Downs, R. J. (1977): *Flora Neotropica*. Monograph No. 14, 2: Tillandsioideae (Bromeliaceae). – Hafner Press/The New York Botanical Garden; New York. Smith, L. B. & Downs, R. J. (1979): *Flora Neotropica*. Monograph No. 14, 3: Bromelioideae (Bromeliaceae). – Hafner Press/The New York Botanical Garden; New York. Zizka, G., Trumpler, K. & Zöllner, O. (2002): Revision of the genus *Ochagavia* (Bromeliaceae, Bromelioideae). – *Willdenowia* 32: 331–350.