„EINERSEITS BENÖTIGT EINE UMFASSENDE AUSWERTUNG GROßER SEQUENZDATENSÄTZE TAXONOMISCHE EXPERTISE, ANDERERSEITS SIND TAXONOMEN HEUTE FÜR IHRE ARBEITEN AUF OMICS-TECHNOLOGIEN ANGEWIESEN. DIE LEOPOLDINA EMPFIEHLT DIE SCHAFFUNG EINES KOMPETENZNETZWERKS FÜR INTEGRATIVE TAXONOMIE, DAS ALS ANSPRECHPARTNER FÜR POLITIK, INDUSTRIE UND GESELLSCHAFT DIENT.“

Rudolf Amann

Eine integrative Taxonomie für das 21. Jahrhundert

10.1007/s12268-014-0491-5
© Springer-Verlag 2014

■ Die Taxonomie ist eine grundlegende Teildisziplin der Biologie. Viele Bereiche der Lebenswissenschaften sind auf taxonomisches Wissen angewiesen: die Medizin bei der Identifizierung von Krankheitserregern, die Ökologie bei der Beobachtung der Biodiversität und viele Bereiche der pharmazeutischen Industrie, der Biotechnologie und der Lebensmittelherstellung in der Auswahl und Nutzung von Pilzen und Bakterien für die industrielle Produktion.

Da bei Mikroorganismen phänotypische Merkmale keine stabile Klassifizierung erlauben, hielt die Molekularbiologie hier früh ihren Einzug in die Taxonomie. Heute sind die Methoden der Hochdurchsatzsequenzierung auch für die Pflanzen- und Tiersystematik unersetzlich. Mit der Paläogenomik können selbst ausgestorbene Tierarten bis hin zu den nächsten Verwandten des Menschen klassifiziert werden. Jede Nukleinsäure- oder Proteinsequenz enthält neben funktioneller immer auch taxonomische Information. So zeigen vergleichende Analysen von „Metagenomen“ und „Mikrobiomen“ immer wieder, dass die Wissenschaft auch zu Beginn des 21. Jahrhunderts erst den kleineren Teil der Artenvielfalt entdeckt und beschrieben hat. Dabei ist die Wechselwirkung von Taxonomie und *Omics* reziprok: Einerseits benötigt eine umfassende Auswertung großer Sequenzdatensätze taxonomische Expertise, andererseits sind Taxonomen heute für ihre Arbeiten auf *Omics*-Technologien angewiesen. Ihr Ziel ist es dabei nicht, die Beschreibung etablierter phänotypischer Merkmale zu ersetzen, sondern durch eine Integration klassischer Verfahren mit genotypischer Information die Art und ihre Evolution umfassen-der zu beschreiben.

Zu den Chancen und Herausforderungen einer modernen integrativen Taxonomie im

Omics-Zeitalter hat die Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina nun Stellung genommen (www.leopoldina.org/de/taxonomie). Für die taxonomische Infrastruktur und Datenanalyse ergeben sich durch die *Omics*-Technologien und die zunehmende Nutzung weiterer Hochdurchsatzmethoden für die morphologische, ultrastrukturelle, biochemische oder physiologische Charakterisierung neuartige Herausforderungen. Während der Anhörungen und Diskussionen der Arbeitsgruppe der Leopoldina wurde deutlich, dass die Vermittlung der Artenkenntnis und der Prinzipien taxonomischer Forschung über die letzten Jahre immer mehr in den Hintergrund gedrängt wurde. Dazu hat nicht zuletzt auch die „Optimierung“ der Biologielehrpläne an den Schulen und Universitäten beigetragen. Zudem ist es zu einer zunehmenden Verlagerung der taxonomischen Forschung aus dem universitären Bereich an Naturkundemuseen und Staatssammlungen gekommen. Die Leopoldina empfiehlt deshalb die Schaffung eines Kompetenznetzwerks für integrative Taxonomie, das als Ansprechpartner für Politik, Industrie und Gesellschaft dient. Hier sollen gemeinsam Forschungsschwerpunkte identifiziert und der Aufbau einer international wettbewerbsfähigen Infrastruktur koordiniert werden. Durch eine verstärkte Kooperation von Museen und Sammlungen mit Universitäten und die Einrichtung von Graduiertenprogrammen in integrativer Taxonomie sollte es möglich sein, Forschung und Lehre nachhaltig zu stärken.

In der Stellungnahme der Leopoldina werden die folgenden Prioritäten genannt, aus denen sich international eingebettete Forschungsprojekte entwickeln können: Auf der Basis der Verfügbarkeit und der sinkenden Kosten von *Omics*-Technologien wird eine vollständige Erfassung der Arten Mitteleuropas unter Einbeziehung von Algen, Pilzen, Bakterien und Archaea zu einem realistischen Pro-

jekt, das auf breite gesellschaftliche Unterstützung hoffen kann. Durch eine „digitale“ Innenrevision der großen naturkundlichen Sammlungen unter Einbeziehung molekularbiologischer Methoden sollen neue Arten entdeckt und die Tore der Museen für die nationale und internationale Forschung geöffnet werden. Der breite Einsatz der Genomsequenzierung in der Taxonomie wird zu einer Standardisierung beitragen und die traditionell sehr unterschiedlichen Arbeitsweisen und Merkmalssätze in der Beschreibung von Pflanzen-, Tier- und Mikroorganismen zusammenführen. Auch hier wird die Zukunft der Taxonomie in einer stärkeren Integration liegen. ■

Rudolf Amann

Rudolf Amann,
Direktor der Abteilung Molekulare Ökologie
des Max-Planck-Instituts für Marine Mikrobiologie, Bremen

Korrespondenzadresse:

Prof. Dr. Rudolf Amann
Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie
Celsiusstraße 1
D-28359 Bremen
Tel.: 0421-2028930
Fax: 0421-2028-790
ramann@mpi-bremen.de