

Genetische Distanz und Artabgrenzung – die Barcode-Taxonomie vertritt ihren eigenen Artbegriff

Genetic Distance and Delimitation of Species – Barcode Taxonomy has its own Species Concept

WERNER KUNZ

Zusammenfassung: Die Identifizierung von Arten aufgrund ihres Barcode-Merkmals ist auf dem Wege, Vorreiter für die gesamte Taxonomie zu werden. Diese Entwicklung wird von den Gegnern der Barcode-Taxonomie nicht verhindert werden können und sollte auch nicht verhindert werden, da angesichts der weltweiten Habitatzerstörung die Identifikation der Arten mit der Vernichtung der Arten nicht mehr Schritt halten kann. Jedoch sollte stärker bewusst werden, dass das Artkonzept des Barcoding nicht mit dem klassischen Artkonzept der Genflussgemeinschaft übereinstimmt, das vor mehr als einem halben Jahrhundert begründet wurde und bisher das dominierende Artkonzept gewesen ist. Das Artkonzept des Barcoding beruht ausschließlich auf der genetischen Distanz. Ihm liegt das Konzept zugrunde, dass zwei Populationen mit bestimmten genetischen Unterschieden zwei verschiedene Arten sein müssen. Dabei wird außer Acht gelassen, ob die zu separaten Arten erklärten Populationen noch über Genfluss miteinander verbunden sind oder nicht. Noch wichtiger aber ist, dass die Barcode-Taxonomie ein Art-Bestimmungsverfahren ist, das – wie jede Bestimmungsmethode – nur auf Organismen anwendbar ist, bei denen bereits bekannt ist, dass es sich um Arten handelt. Eine im Barcode abweichende Organismengruppe kann allenfalls den Anfangsverdacht erwecken, eine neue Art zu sein; die Begründung für eine neue Art ist durch den Barcode jedoch nicht gegeben.

Schlüsselwörter: Barcoding, Taxonomie, Artkonzept, genetische Distanz, Artbestimmung vs. Artdefinition

Summary: The identification of species based on their barcode feature is going to become the trailblazer for the entire taxonomy. Opponents of barcode taxonomy will not be able to prevent this development and they should not do this in the face of a worldwide destruction of habitats, which forces species identification to keep pace with species extinction. However, one should become aware to a greater extent that the species concept of barcoding is not concordant with the classic species concept of the gene-flow community, which was founded more than half a century ago and which has hitherto been the dominant species concept. The species concept of barcoding is based exclusively on genetic distance. The concept defines two different populations to be different species, if they differ sufficiently in certain genetic characters. The concept ignores that two populations, being declared to be different species, may still be held together by gene flow. Even more important, however, is the awareness that the barcode taxonomy is a technique for species identification, which – like every identification method – may be applied only to organisms that are already known to be species. A group of organisms with different barcode can only justify a first suspicion that this is a new species; the substantiation that this is a new species, however, is not given through the barcode.

Keywords: barcoding, taxonomy, species concept, genetic distance, species identification vs. species definition

1. Was ist Barcoding?

Die meisten Taxonomen beschäftigen sich mit der Bestimmung von Arten. Dabei wird auf phänotypische und molekulare Merkmale zurückgegriffen, an denen Arten voneinander unterschieden werden können. Erfahrene Taxonomen erkennen subtile Merkmalsdifferenzen, die der Laie gar nicht wahrnimmt. Der Fortschritt der Technologien macht Merkmale sichtbar, die ohne die heutigen technischen Hilfsmittel früher nicht erkennbar waren. Damit werden Tier- und Pflanzengruppen heute als Arten anerkannt, die früher schon genauso bekannt waren, aber nicht als Arten abgegrenzt werden konnten. Neue Arten werden also nicht nur dadurch entdeckt, dass Organismen neu aufgefunden und gesammelt werden, sondern auch dadurch, dass neue Bestimmungstechniken möglich sind. Hängt das, was in der Natur eine Art ist, also davon ab, welche Bestimmungstechniken wir einsetzen?

Die herausragende Rolle in der Anwendung neuer Bestimmungstechniken spielt heute das Barcoding (<http://www.barcodinglife.org>). Diese Technik hat erst seit einem Jahrzehnt in die Taxonomie Eingang gefunden, obwohl alle Grundlagen dieser Technik schon viel länger zur Verfügung gestanden hätten: DNA-Extraktion, Polymerase-Kettenreaktion und DNA-Sequenzierung. Barcoding ist die Erfassung eines bestimmten Genabschnittes der Mitochondrien, des COI-Gens (Cytochrom c Oxidase 1). Dieser Genabschnitt ist in allen höheren Lebewesen vorhanden. Da er mit nur 650 DNA-Nukleotiden sehr kurz ist, kann er leicht und schnell entziffert werden.

Dieser Genabschnitt unterscheidet sich zwischen allen Organismen, die stammesgeschichtlich hinreichend lange voneinander getrennt sind und in dieser Zeit der Trennung in verschiedene Richtungen mutiert sind. Anhand der Basenunterschiede in diesem Genabschnitt können die Forscher allen

erfassten Organismen einen Code zuweisen, der mit der Barcodeerkennung auf der Ware an einer Supermarktkasse zu vergleichen ist. Weichen die Codes signifikant voneinander ab, so werden daran verschiedene Arten erkannt.

Da alle Schritte zur Ermittlung dieses Barcodes inzwischen durch Maschinen ausgeführt werden und mehrere internationale und nationale Konsortien diese Arbeit aufgenommen haben, ergibt sich die Perspektive, dass innerhalb eines oder ganz weniger Jahrzehnte die gesamte Vielfalt des bekannten höheren Lebens auf der Erde in repräsentativen Stichproben erfasst sein wird (<http://www.barcodinglife.org>). Die Internetforen bieten die Barcodeidentifikation für jeden Hobbytaxonomen als Dienstleistung an, so dass jeder, der Zugang zu einer DNA-Sequenziermöglichkeit hat, seine selbst ermittelten DNA-Sequenzen zur Identifikation der Art online einschicken kann. Gegebenenfalls kann auch der molekularbiologisch nicht ausgerüstete Insekten-sammler seine Gewebeprobe einschicken, wenn er sich über die taxonomische Zugehörigkeit eines bestimmten Schmetterlings oder Käfers im Unklaren ist.

2. Ist das, was genetisch verschieden ist, eine Art?

Die meisten Anhänger der Barcodetaxonomie gehen davon aus, dass sie neue Arten entdecken (HEBERT et. al 2004; HEBERT & GREGORY 2005; MILLER 2007). Kritiker der Barcodetaxonomie bezweifeln das (WILL et al. 2005; KUNZ 2008/2009; 2012). Hier treffen Weltanschauungen aufeinander, und wie immer bei konträren Weltanschauungen erweist sich der Versuch einer Vermittlung als wohlmeinende Absicht, faktisch aber als Illusion; denn die Auffassung, was eine Art ist, gründet sich auf zwar begründbare (aber nicht beweisbare) Axiome, und bekanntlich können Axiome nicht deduktiv abgeleitet werden. Es wird also bei geteilten

Meinungen bleiben, und die wohlmeinende Bereitschaft mancher der Barcodeanhänger, sie würden auch immer wieder die „klassischen“ Taxonomen brauchen und auf diese zurückgreifen, verkennt die Unterschiede in der Grundauffassung. Zwar führt die Auffassung von der Art als genetischer Besonderheit in vielen Fällen zum gleichen Ziel wie die Auffassung von der Art als Genflussgemeinschaft (KUNZ 2012), aber in manchen Fällen auch nicht, und an diesen Fällen ist die logische Konsistenz des Barcode-Artbegriffs zu messen. Im Kontext des hier vorliegenden Artikels ist es ohne Bedeutung, dass der Barcode-Artbegriff in vielen Fällen die gleichen Arten als Einheiten abgrenzt wie andere Artbegriffe. Hier kommt es darauf an zu verstehen, was eine Art ist. Es kommt nicht darauf an, zu erkennen, dass unterschiedliche Auffassungen oft zum gleichen Ergebnis führen.

Die Barcodetaxonomie ist erst seit einem Jahrzehnt fest etabliert und wird seitdem weltweit propagiert. Sie wird enthusiastisch als „Taxonomie des 21. Jahrhunderts“ gepriesen (STEINKE & BREDE 2006). Jedoch sind die molekularen Techniken, die das Barcodeverfahren anwendet, schon zwei Jahrzehnte älter (MULLIS et al. 1986). Da alle Techniken prinzipiell schon in den Achtzigerjahren zur Verfügung standen, wurden Unterschiede in den mitochondrialen DNA-Sequenzen schon viele Jahre vor der weltweiten Propagierung durch die Hebert-Schule (HEBERT et al. 2003; HEBERT & GREGORY 2005) für taxonomische Entscheidungen eingesetzt, ohne mit dem Etikett „Barcoding“ versehen zu sein.

Zum Beispiel stand zur Debatte, ob der in Südwesteuropa lebende Berglaubsänger *Phylloscopus bonelli* und der in Südosteuropa lebende Balkanlaubsänger zu derselben Art gehören. Der DNA-Sequenzvergleich eines Abschnitts des mitochondrialen Cytochrom-b-Gens ergab eine Differenz von mehr als 8 %. Da die Unterschiede im Cytochrom-b-Gen zwischen anderen Laubsängerarten

deutlich geringer als 8 % sind, wurde daraus der Schluss gezogen, dass die westlichen und östlichen Berglaubsänger zu verschiedenen Arten gehören müssen (HELBIG et al. 1995). Dieser Schluss lässt sich vertreten. Es fehlt aber (wie in vielen ähnlichen Arbeiten auch) die Aussage, dass die Logik, die hier zur Artabgrenzung führt, allein auf der Prämisse beruht, dass hinreichende DNA-Sequenzunterschiede gleichbedeutend mit Artunterschieden sind.

Im Folgenden wird ausgeführt, dass die „klassische“ Sichtweise der Art als eine Gruppe aus reproduktiv oder über Genfluss verbundenen Individuen nicht deckungsgleich ist mit der Sichtweise der Art als genetisch abweichende Gruppe von Individuen. Es wird empfohlen, bei der Publikation von taxonomischen Artabgrenzungen einleitend immer deutlich bekannt zu machen, auf welchem Artkonzept die publizierten Art-einteilungen beruhen.

3. Artbestimmung ist nicht Artdefinition

Eine Artbestimmung ist keine Artdefinition, schon deswegen nicht, weil man nur das bestimmen bzw. diagnostizieren kann, was bereits in seiner Existenz bekannt ist. Es bringt nichts, einen bernsteinfarbenen Stein von einem weißen Stein zu unterscheiden, wenn man sich nicht die Frage stellt, was diese Steine denn überhaupt sind. Merkmale, auch DNA-Merkmale, sind Symptome für eine Art, aber die Symptome sind nicht die Art. Am phänotypischen Merkmal des Hellseins erkennt man den Tag und unterscheidet ihn von der Nacht. Aber Hellsein ist keine Definition für den Tag auf der Erde. Das geht schon daraus hervor, dass es auch manchmal in der Nacht aufgrund geologischer, meteorologischer oder menschengemachter Erscheinungen hell sein kann. Vielmehr ist es die Zuwendung einer Erdhälfte zur Sonne, was den Tag definiert. Hellsein ist nur ein ziemlich verlässliches (aber eben nicht hundertprozentiges)

Bestimmungsmerkmal für den Tag im Unterschied zur Nacht, vergleichbar mit den Artbestimmungsmerkmalen, von denen auch kein einziges auf hundert Prozent aller Individuen zutrifft (KUNZ 2012). Es darf nicht sein, dass die Symptome, an denen man eine Erscheinung (in den meisten Fällen) erkennt, mit dem verwechselt werden, was die Erscheinung selbst ist, nicht nur wegen der Irrtumsmöglichkeit, sondern hauptsächlich wegen der unterschiedlichen ontologischen Zielsetzungen. Es ist etwas anderes, das zu verstehen, was ein Begriff ist, als das zu verstehen, an welchen Kriterien man einen Begriff erkennt und von einem anderen unterscheidet (STERELNY & GRIFFITHS 1999). Am Schmerz im Knie erkennt der Arzt u. a. das Rheuma, aber der Schmerz im Knie ist nicht das Rheuma. Und selbst wenn die Schmerzsymptome so präzise sind, dass es sich bei Auftreten dieser Symptome nur um Rheuma (und um nichts anderes handeln kann), dann sind die Schmerzsymptome nicht das Rheuma.

Die Gleichheit an Bestimmungsmerkmalen ist kein absolutes Kriterium für Konspezifität, ebenso wie die Verschiedenheit in den Bestimmungsmerkmalen kein absolutes Kriterium für Artverschiedenheit ist. Wenn man bereits weiß, dass zwei Organismengruppen A und B zwei verschiedene Arten sind, dann bewähren sich Bestimmungsmerkmale, um die beiden Gruppen auseinander zu halten. Aber eine neu entdeckte Organismengruppe mit neuen Merkmalen ist noch lange keine neue Art (STERELNY & GRIFFITHS 1999). Bei einer neu entdeckten Organismengruppe können die Bestimmungsmerkmale allenfalls den Anfangsverdacht erwecken, dass es sich um eine neue Art handeln könnte (MAYR & ASHLOCK 1991; MAHNER & BUNGE 1997). Zuerst einmal muss geprüft werden, ob im Falle der Neuentdeckung einer Organismengruppe mit neuen Merkmalen nicht das Arsenal der bisher verwendeten Bestimmungsmerkmale einer Art erweitert werden muss, weil die Art wegen der

Neuentdeckung weiterer Organismen eben doch sehr viel merkmalsheterogener ist, als man bisher geglaubt hat. Auch die Barcodetaxonomie ist kein Verfahren zur Artdefinition, sondern ein Verfahren zur Artbestimmung. Eine neu entdeckte Organismengruppe mit abweichender DNA-Sequenz im Cytochrom-c-Oxidase-1-Gen ist noch lange keine neue Art, obwohl dies von den Barcodern so gesehen wird (HEBERT et al. 2004; HEBERT & GREGORY 2005). Zuerst einmal muss geprüft werden, ob im Falle der Neuentdeckung einer Organismengruppe mit abweichender Sequenz im COI-Gen nicht die bisherige Vorstellung vom Mono- oder Oligomorphismus dieser Art erweitert werden muss, weil die Art wegen der Neuentdeckung abweichender DNA-Sequenzen genetisch eben doch sehr viel polymorpher ist, als man bisher geglaubt hat.

Allerdings ist die Verwendung des Barcodes ein sehr viel effektiveres Bestimmungsmerkmal als alle phänotypischen Bestimmungsmerkmale, und zwar aus zwei Gründen. Der Barcode unterliegt nicht der intuitiven Bewertung wie die Anwendung vieler phänotypischer Bestimmungsmerkmale. Ob man der Farbnuance eines Schmetterlingsflügels eine taxonomische Bedeutung zuspricht oder stattdessen eher einen Punkt auf der Unterseite des Hinterflügels bewertet, hängt von der Erfahrung und der subjektiven Entscheidung des Taxonomen ab. Aber zwei DNA-Sequenzen sind entweder gleich oder sie sind es nicht; da ist kein Spielraum für Intuition.

Zudem sind DNA-Sequenzen nur in geringem Ausmaß anfällig für Konvergenzen (SIBLEY 1997). Jede auf phänotypischen Merkmalen beruhende Taxonomie (gleiche Merkmale = gleiche Art, ungleiche Merkmale = verschiedene Arten) ist der Gefahr ausgesetzt, von Konvergenzen getäuscht zu werden, weil die phänotypische Merkmalsähnlichkeit immer zwei verschiedene Ursachen haben kann, die nichts miteinander zu tun haben. Zwei Organismen können

merkmalsgleich sein, weil sie denselben Vorfahren haben (Homologie) oder weil sie denselben Umwelтанforderungen ausgesetzt sind (Konvergenz). Da die Evolution nicht unmittelbar sichtbar ist, kann oft nicht entschieden werden, ob eine empirisch zu beobachtende Merkmalsgleichheit auf Verwandtschaft oder auf Umwelтанpassung beruht. Die genotypischen Merkmale hingegen, die DNA-Sequenzen, werden weitgehend nicht von der Selektion wahrgenommen und können sich daher nicht parallel entwickeln. Zwei ähnliche DNA-Sequenzen hinreichender Länge sind immer homolog; sie haben immer denselben Vorfahren. Aber dieser eindeutige Vorteil der DNA-Taxonomie darf nicht darüber hinwegtäuschen, dass die DNA-Taxonomie ein Artbestimmungsverfahren ist, wie jede andere Artbestimmung nach Merkmalen auch, nur eben ein viel weniger irrtumsanfälliges Artbestimmungsverfahren. Und Artbestimmung bedeutet, dass man vorher schon wissen muss, dass es sich um verschiedene Arten handelt.

Viele Arten bestehen aus unterschiedlichen Morphen (KUNZ 2010, 2011). Die Morphen einer Art lassen sich mit genau denselben technischen Methoden bestimmen und diagnostizieren wie die Arten. Das prinzipielle Verfahren der Bestimmung nach Merkmalen ist also ungeeignet, Morphen als etwas Anderes zu erkennen als Arten. Merkmalsmäßig sind Morphen genauso verschiedene Organismen wie Arten verschiedene Organismen sind. Ob eine durch klare Bestimmungsmerkmale ausgezeichnete Organismengruppe eine Morphe ist oder eine Art, kann nicht aufgrund von Merkmalen entschieden werden. Dazu bedarf es anderer Kriterien als dem Kriterium der Merkmalsverschiedenheit. Es kommt dann auf Kriterien des Zusammenhalts der Individuen miteinander an. Zum Beispiel gehören Männchen und Weibchen nicht deshalb zu derselben Art, weil sie einander so ähnlich sind, sondern deshalb, weil sie miteinander Gene austauschen. Das ist etwas völlig

anderes als Merkmalsähnlichkeit (KUNZ 2012). Und auch die Morphe *valesina* des Kaisermantels gehört nicht deshalb zur Art *Argynnis paphia*, weil sie der Nominatmorphe so ähnlich sieht, sondern weil es einen genealogischen und sexuellen Zusammenhalt gibt, der nichts mit Merkmalsähnlichkeit zu tun hat (Abb. 1).

Genetisch allerdings sind die Morphen, so merkmalsverschieden sie auch sein mögen, einander immer sehr ähnlich, schon deswegen, weil sich ihre Genome in regelmäßigen Abständen vermischen. Auch wenn es Tausende von Unterschieden zwischen den Geschlechtern gibt, von der Morphologie über die Physiologie bis zum Verhaltensmuster und einer geschlechtsspezifischen Hirnstruktur (BRIZENDINE & VOGEL 2008), so gibt es nur wenig Unterschiede zwischen den Genomen der beiden Geschlechter. Die taxonomische Artbestimmung anhand sichtbarer (phänotypischer) Merkmale kann also durch die Existenz von Morphen irregeleitet werden, die Artbestimmung anhand von DNA-Merkmalen nicht.

Aber dieser Vorteil der Artbestimmung aufgrund von DNA-Merkmalen bedeutet nicht, dass durch Anwendung von DNA-Merkmalen die grundsätzliche Kluft zwischen einer Artdiagnose und einer Artdefinition überbrückt wäre. Auch der Nachweis von DNA-Sequenzähnlichkeit zwischen zwei Organismen ist nicht dasselbe wie Konspezifität und der Nachweis von DNA-Sequenzunterschieden zwischen zwei Organismen ist nicht dasselbe wie Artverschiedenheit.

4. Genetische Verschiedenheiten innerhalb der Art

In einem langfristig von einer Art besiedelten Kerngebiet besteht in der Regel eine hohe Vielfalt an Genotypen (GARCIA-RAMOS & KIRKPATRICK 1997; HABEL et al. 2011). Demgegenüber sind die Populationen derselben Art an der Peripherie ihres



Abb. 1: Kaisermäntel (*Argynnis paphia*) auf Wasserdost (*Eupatorium cannabinum*) (Fotomontage). Die normale Morphe ist oben und rechts dargestellt. Oben: Weibchen (Eifel 1991); rechts oben: Männchen (Pyrenäen 2004); rechts unten: Unterseite des Männchens (Bükk-Gebirge, Ungarn 2007). Die nur beim Weibchen vorkommende, in der Färbung stark abweichende Morphe *valesina* ist links dargestellt (Korsika 2007). Das Vorkommen von Morphen innerhalb einer Art macht deutlich, dass nicht die Merkmalsähnlichkeit darüber entscheidet, ob zwei Formen zu einer Art gehören, sondern genealogische und sexuelle Zusammenhalte, die primär nichts mit Merkmalsähnlichkeit zu tun haben.

Verbreitungsgebietes populationsintern genetisch oft monomorph; allerdings gibt es hier zwischen den Populationen oft starke genetische Unterschiede (HABEL et. al. 2009). Das hängt damit zusammen, dass sich bei peripheren Ausbreitungen extreme Anpassungen an suboptimale Umweltbedingungen durchsetzen und die sich ausbreitenden Populationen oft durch einen genetischen Flaschenhals (bottleneck) gehen. Vergleicht man also periphere Populationen einer Art mit den zentralen Populationen derselben Art, so kann es erhebliche genetische Unterschiede innerhalb der Art geben. Ein gut untersuchtes Beispiel dafür ist der Blauschillernde Feuerfalter (*Lycæna bella*) (HABEL et. al. 2009, 2011) (Abb. 2).

Ein weiterer Faktor ist folgender: Der Genfluss in einer sich biparental vermischenden Population sorgt im Allgemeinen dafür, dass sich innerhalb der Population keine eigenständigen abweichenden Genotypen durchsetzen können, weil genetische Abweichungen immer wieder durch Rückkreuzung verhindert werden. Das ist einer der Ursachen, warum die Individuen einer Art einander ähnlich sind. Dieser Faktor aber ist früher überschätzt worden, als in der Zeit der „Großen Synthese“ durch die Gedankengänge von THEODOSIUS DOBZHANSKY (1900 – 1975), JULIAN HUXLEY (1887 – 1975), ERNST MAYR (1904 – 2005), BERNHARD RENSCH (1900 – 1990), GEORGE GAYLORD SIMPSON (1902 – 1984) und Anderen die Taxonomie mit der Genetik verbunden wurde. Nachträgliche Untersuchungen haben mehr und mehr gezeigt, dass der Genfluss nicht die Hauptursache dafür ist, dass die Individuen einer Art einander ähnlich sehen, zumindest

nicht bei geografisch weit verbreiteten Arten (EHRlich & RAVEN 1969; LANDE 1980; MALLET 2006). Bei Arten, die ein ausgedehntes Gebiet bewohnen, reicht der Genfluss nicht aus, um genetische Anpassungen an lokale Umweltbedingungen zu verhindern. Der Hauptgrund, warum die Individuen einer Art sich auch über weite geografische Distanzen hinweg immer noch ähnlich sehen, liegt vielmehr in der Selektion. Man muss die Gesamtheit Tausender von Merkmalen, aus denen sich jedes Individuen einer Art zusammensetzt, als ein aufeinander abgestimmtes Gefüge sehen, das deutliche Abweichungen in Einzelmerkmalen nicht ohne weiteres zulässt (BOYD 1999). Trotzdem entstehen bei geografisch entfernten Populationen in begrenztem Maße lokale genetische und phänotypische Sonderentwicklungen als jeweilige Anpassungen an die örtlichen Umweltverhältnisse. Das sind die Rassen (KUNZ 2010, 2011, 2012).

Diese Beispiele zeigen, dass genetische Verschiedenheiten innerhalb einer Art aus verschiedenen Gründen ein beträchtliches Ausmaß erreichen können. Ein extremes Beispiel sind die Guppys (*Poecilia* spp.) auf Trinidad. Ein Review-Artikel über die innerartliche genetische Vielfalt der Guppys trägt den bezeichnenden Titel „Population differentiation without speciation (Verschiedenheit der Populationen ohne Artbildung)“ (MAGURRAN 1999).

Solange die biologische Art als Verbund von Organismen gesehen wird, die über Genfluss miteinander zusammenhängen, können genetische Differenzen nicht grundsätzlich als Anzeichen von Artverschiedenheit gewertet werden.

Fig. 1: Silver-washed fritillary (*Argynnis paphia*) on hemp-agrimony (*Eupatorium cannabinum*) (photo montage). The common morph is shown on the top: the female at center (Eifel mountains 1991), the male above right (Pyrenees 2004), and ventral side of the male below right (Bükk mountains, Hungary 2007). At the left of the figure the very differently looking morph *valesina* is shown, which is only found in females (Corsica 2007). The occurrence of morphs within a species makes clear that it is not trait similarity, which determines species membership, but genealogical and sexual cohesion, which primarily has nothing to do with trait similarity.



Abb. 2: Blauschillernde Feuerfalter (*Lycæna helle*) im typischen mitteleuropäischen Biotop, eine sommerkühle, sehr feuchte Talwiese mit starkem Schlangenzwurzbestand (*Polygonum bistorta*) (Fotomontage). Links zwei Männchen, in der Mitte zwei Weibchen und rechts unten die Unterseite des Falters. Alle Fotos wurden 1999 bis 2007 im Wirftal bei Stadtkyll/ Eifel aufgenommen; das Hintergrundbild stammt von MICHAEL FILUSCH aus dem Westerwald. *L. helle* ist eines der besten mitteleuropäischen Beispiele dafür, dass periphere Populationen einer Art, die isoliert vom Kerngebiet der Verbreitung der Art leben, einerseits vom Aussterben bedroht sind, weil sie genetisch monomorph

5. Zwei Artbegriffe mit unterschiedlicher ontologischer Struktur

Der Artbegriff des Barcodings beruht ausschließlich auf genetischer Verschiedenheit. Dies ist zweifellos ein logisch konsistenter Artbegriff, der ohne Widerspruch durchgehalten werden kann. Hinzu kommt der Vorteil, dass keine sekundär gleich oder ähnlich gewordenen Arten als konspezifisch eingestuft werden können, weil die DNA-Taxonomie fast nicht mit Konvergenzen täuschen kann (siehe oben). Darüber hinaus ist die Barcodingtaxonomie wegen der fortschreitenden Globalisierung und Maschinisierung außerordentlich effektiv in der Identifizierung von Arten. Das ist besonders wichtig, weil durch die zunehmende weltweite Habitatzerstörung Lebensräume mit ihren Tieren und Pflanzen z. T. unwiederbringlich vernichtet werden, bevor die dort lebenden Arten überhaupt entdeckt sind.

Alle diese Faktoren werden der Barcodetaxonomie eine erfolgreiche Zukunft bescheeren (TAUTZ et al. 2003). Aber es darf nicht vergessen werden, dass die Barcodetaxonomie auf einem Artbegriff basiert, der nicht der Artbegriff ist, der 1865 von ALFRED RUSSEL WALLACE (1823 – 1913) in die Wege geleitet wurde (siehe MALLET 2009). Es ist nicht der Artbegriff, der 1904 und 1938

von EDWARD BAGNALL POULTON (1856 – 1943) ausführlich begründet und verteidigt wurde (POULTON 1904, 1938) und der dann von den Vätern der „Großen Synthese“ DOBZHANSKY, MAYR, RENSCH und Anderen zum biologischen Spezieskonzept erklärt worden ist. Die „klassische“ Art als Reproduktionsgemeinschaft (MAYR 1942) oder in der rezenteren Sichtweise als Genflussgemeinschaft (KUNZ 2012) ist ein anderer Artbegriff, der aus logischen Gründen nicht mit dem Artbegriff der Barcodetaxonomie vereinbart werden kann.

Literatur

- BOYD, R. (1999): Homeostasis, species, and higher taxa. Pp. 141-185 in: WILSON, R. A. (ed.): Species: new interdisciplinary essays. MIT Press; Cambridge, Massachusetts.
- BRIZENDINE, L., & VOGEL, S. (2008): Das weibliche Gehirn: Warum Frauen anders sind als Männer. Goldmann Verlag; München.
- EHRlich, P.R., & RAVEN, P.H. (1969): Differentiation of populations gene flow seems to be less important in speciation than the neo-Darwinians thought. *Science* 165: 1228-1232.
- GARCIA-RAMOS, G., & KIRKPATRICK, M. (1997): Genetic models of adaptation and gene flow in peripheral populations. *Evolution* 51: 21-28.
- HABEL, J.C., FINGER, A., MEYER, M., LOUY, D., ZACHOS, F., ASSMANN, T., & SCHMITT, T. (2009):

geworden sind und daher einer Inzuchtdegeneration unterliegen könnten, andererseits aber auch große Verschiedenheiten zwischen den Populationen entwickelt haben. Die starken genetischen Unterschiede innerhalb der Art, die sich bei der peripheren Isolation durch extreme Anpassungen an suboptimale Umweltbedingungen durchgesetzt haben, könnten zur Entstehung neuer Arten führen. Die periphere Isolation ist also eine Gefahr und eine Chance gleichzeitig.

Fig. 2: Violet copper (*Lycena helle*) in its typical central European habitat: a cool, moist valley meadow with many bistort flowers (*Polygonum bistorta*) (photo montage). On the left two males, in the center two females and below right the ventral side of this butterfly. All photos were taken in the Wirft valley close to Stadtkyll/Eifel mountains; the background picture was made by MICHAEL FILUSCH in the Westerwald mountains. *L. helle* is one of the best central European examples for the fact that peripheral populations of a species, which live isolated from the core zone of the distribution area of the species, are threatened with extinction, because they may become genetically monomorphic and therefore are endangered by inbreeding, but also may have developed large genetic differences between the populations. These large intraspecific differences, which are the consequence of extreme adaptations for suboptimal environmental conditions, may lead up to the origin of new species. Hence, the isolation of populations at the periphery is both a danger and a chance.

- Unprecedented long-term genetic monomorphism in an endangered relict butterfly species. *Conservation Genetics* 10: 1659-1665.
- HABEL, J.C., MEYER, M., & SCHMITT, T. (2011): Der biologische Wert peripherer Populationen der Tagfalterarten *Lycaena helle* und *Parnassius apollo*. *Entomologie heute* 23: 93-102.
- HEBERT, P.D.N., RATNASINGHAM, S., & DEWAARD, J.R. (2003): Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 270: 596-599.
- HEBERT, P.D.N., PENTON, E.H., BURNS, J.M., JANZEN, D.H., & HALLWACHS, W. (2004): Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A.* 101: 14812-14817.
- HEBERT, P.D.N. & GREGORY, T. R. (2005): The promise of DNA barcoding for taxonomy. *System.Biol.* 54: 852-859.
- HELBIG, A.J., SEIBOLD, I., MARTENS, J., & WINK, M. (1995): Genetic differentiation and phylogenetic relationships of Bonelli's Warbler *Phylloscopus bonelli* and Green Warbler *P. nitidus*. *Journal of Avian Biology* 26: 139-153.
- KUNZ, W. (2008/2009): Ist die Technik des DNA-Barcodings wirklich die Zukunft der Taxonomie? *Acta Biologica Benrodis* 15: 101-139.
- KUNZ, W. (2010): Die Arten des Gemeinen Bläulings – niemand kann ein Argument nennen, warum *Polyommatus icarus* eine einzige Art ist. *Entomologie heute* 22: 205-210.
- KUNZ, W. (2011): Addendum zu: Die Arten des Gemeinen Bläulings – niemand kann ein Argument nennen, warum *Polyommatus icarus* eine einzige Art ist. *Entomologie heute* 23: 207-209.
- KUNZ, W. (2012): Do species exist? – Principles of taxonomic classification. Wiley-VCH/Blackwell; Weinheim.
- LANDE, R. (1980): Genetic variation and phenotypic evolution during allopatric speciation. *American Naturalist* 116: 463-479.
- MAGURRAN, A.E. (1999): Population differentiation without speciation. Pp. 160-183 in: MAGURRAN, A.E. & MAY, R.M. (eds.): *Evolution of biological diversity*. Oxford University Press; Oxford.
- MAHNER, M., & BUNGE, M. (1997): *Foundations of biophilosophy*. Springer; Berlin.
- MALLET, J. (2006): What does *Drosophila* genetics tell us about speciation? *Trends in Ecology and Evolution* 21, 7: 386-393.
- MALLET, J. (2009): Alfred Russel Wallace and the Darwinian species concept: His paper on the Swallowtail butterflies (*Papilionidae*) of 1865. *Gayana, Suplemento*, 73, 2: 42-54.
- MAYR, E. (1942): *Systematics and the origin of species*. Columbia University Press; New York.
- MAYR, E., & ASHLOCK, P.D. (1991): *Principles of systematic zoology*. McGraw Hill; New York.
- MILLER, S.E. (2007): DNA barcoding and the renaissance of taxonomy. *Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A.* 104, 12: 4775-4776.
- MULLIS, K.B., FALOONA, F., SCHARF, S., SAIKI, R., HORN, G., & ERLICH, H. (1986): Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology* 51, 1: 263-273.
- POULTON, E.B. (1904): What is a species? *Proceedings of the Entomological Society of London*: 77-116.
- POULTON, E.B. (1938): The conception of species as interbreeding communities. *Proceedings of the Linnean Society of London* 150: 225-226.
- SIBLEY, C.G. (1997): Proteins and DNA in systematic biology. *Trends in Biochemical Sciences* 22,; 364-367.
- STEINKE, D., & BREDE, N. (2006): DNA-Barcoding. *Taxonomie des 21. Jahrhunderts. Biologie in unserer Zeit* 36, 1: 40-46.
- STERELNY, K., & GRIFFITHS, P.E. (1999): *Sex and death. An introduction to philosophy of biology*. University of Chicago Press; Chicago.
- TAUTZ, D., ARCTANDER, P., MINELLI, A., THOMAS, R.H., & VOGLER, A.P. (2003): A plea for DNA taxonomy. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 70-74.
- WILL, K.W., MISHLER, B.D., & WHEELER, Q.D. (2005): The perils of DNA barcoding and the need for integrative taxonomy. *Systematic Biology* 54: 844-851.

Prof. Dr. Werner Kunz

Institut für Genetik

Heinrich-Heine-Universität

Universitätsstr. 1

D-40225 Düsseldorf

E-Mail: Kunz@uni-duesseldorf.de