

Integrative Art oder Barcode-Art – welche ist die richtige Art? Ergänzende Bemerkung zum Artikel „Integrative Taxonomie, ein neuer Ansatz, Fragen der Biosystematik zu beantworten“ von H. RAJAEI

Integrative Species or Barcode-Species – What is the Correct Species?
Additional Note to the Article “Integrative Taxonomy, a New Approach
to Answer the Questions in the Biosystematics” by H. RAJAEI

WERNER KUNZ

Summary: The above mentioned article of H. RAJAEI (see this issue, p. 25) advocates for the integrative taxonomy as new approach to answer questions in biosystematics. It is important to emphasize that the integrative taxonomy differs distinctly from the likewise pushed barcode taxonomy. The barcode approach considers only a single principle of biological diversity and defines the species as a group of organisms, which are evolutionary sufficiently distant from a related group of organisms. In contrast, the concept of the integrative species unites biological information from different species concepts into a monistic species concept. The integrative species includes reproductive connections as well as evolutionary relationships and other relations among organisms and, therefore, considers a maximum of biological reality. As a consequence, however, the integrative species has to be regarded as an artificial construct, because it combines different multifarious natural units into a single element for pragmatic reasons.

In den letzten Jahren hat sich die „integrative Taxonomie“ immer mehr durchgesetzt (DAYRAT 2005; PADIAL et al. 2010; SCHLICK-STEINER et al. 2010), und ihre Anwendung kommt zu Ergebnissen, die der Biodiversität in vollständigerem Maße gerecht werden als andere Taxonomien, wie auch die vorhergehende Arbeit von H. RAJAEI über das Genus *Gnopharmia* zeigt. Der Autor stellt am Beispiel der Geometriden-Gattung *Gnopharmia* vor, welche Vorteile die integrative Taxonomie gegenüber Taxonomien bietet, die auf anderen Artkonzepten, vor allem dem Barcode-Konzept, aufbauen. Die integrative Taxonomie verbindet mehrere Artbegriffe miteinander und integriert sie zu einem monistischen Artbegriff.

Ein Plädoyer für die integrative Taxonomie

darf jedoch nicht verschweigen, dass der integrierte Artbegriff ein Kunstgebilde ist, das sich zwar an verschiedene in der Natur existierende Organismengruppen annähert, das jedoch kein reales Gegenstück in der Natur hat. Andere Artbegriffe haben ein reales Gegenstück in der Natur, haben aber den Nachteil, dass sie stets nur eines oder wenige Kriterien des Zusammenhalts der Organismen berücksichtigen, wie z. B. die Reproduktionsgemeinschaft (MAYR 1942), die die Einteilung der Lebewesen nur nach den reproduktiven Verbindungen vornimmt, oder die Barcode-Art, die nur auf der stammesgeschichtlichen Distanz der Organismen zueinander aufbaut (HEBERT et al. 2003). Das wirft die Frage auf, welche dieser Arten die „richtigen“ sind.

Das grundlegende Problem, vor dem die

taxonomische Einteilung der Organismen steht, besteht darin, dass die Organismen in der Natur durch verschiedene Verbindungen zusammengehalten werden. Es ist nicht derselbe biologische Mechanismus, der die Organismen reproduktiv oder als Abstammungsgemeinschaft zusammenhält. Will die Taxonomie nun versuchen, alle Mechanismen des Zusammenhalts zu berücksichtigen, so steht sie vor dem Problem, dass die Organismengruppen, die über (potenziellen) biparentalen sexuellen Genaustausch miteinander verbunden sind, nicht genau dieselben Organismengruppen sind, die auch über die stammesgeschichtliche Verwandtschaft miteinander verbunden sind. Es gibt Organismen, die nahe miteinander verwandt sind, die aber trotzdem reproduktiv getrennt sind, und es gibt starke genetische Unterschiede zwischen Populationen, die aber alle (noch) reproduktiv miteinander verbunden sind. Wenn man nach Abstammungsgemeinschaften einteilt, dann kommt man bei diesen Beispielen zu anderen Artabgrenzungen, als wenn man nach Reproduktionsgemeinschaften einteilt. Die Natur gibt nicht vor, dass alle Organismen, die über (potenziellen) Genaustausch miteinander verbunden sind, dieselben Organismen sind, die auch eine monophyletische Einheit bilden. Zwar überschneiden sich beide Gruppen miteinander, es sind aber keine identischen Gruppen. Das Problem ist das gleiche wie bei der taxonomischen Einteilung nach Ähnlichkeiten oder Unterschieden in den Merkmalen. Gruppieren man die Organismen nach Merkmalsähnlichkeiten, so findet man Gruppen, die nicht dieselben sind wie die Gruppen, die sich aus gleichrangiger Verwandtschaft ergeben.

So kann z. B. eine Art wie der Schwalbenschwanz (*Papilio machaon*) sowohl als Abstammungsgemeinschaft als auch als Reproduktionsgemeinschaft betrachtet werden. Aber dies sind nicht Betrachtungsweisen ein und desselben Dings. Die Art

Schwalbenschwanz als Abstammungsgemeinschaft und die Art Schwalbenschwanz als Reproduktionsgemeinschaft sind ontologisch zwei verschiedene Dinge (REYDON 2008). Die beiden Arten erfüllen nicht das Kriterium der Gleichheit. Das geht u. a. daraus hervor, dass die Art als Abstammungsgemeinschaft und die Art als Reproduktionsgemeinschaft nicht wechselseitig austauschbar sind. Die Organismen, die Teil der Abstammungsgemeinschaft sind, sind nicht notwendigerweise auch Teil der Reproduktionsgemeinschaft.

Während LINNÉ sein System nur nach Übereinstimmungen und Unterschieden in bestimmten Merkmalen begründet hat, ist seit dem durch DARWIN verursachten Paradigmenwechsel deutlich geworden, dass die Organismen zur Umwelt und zueinander in unterschiedlichen Verbindungen stehen. Es gelang nur unvollkommen und unter Widersprüchen, eine Art zu finden, die aus Organismen besteht, die gleichzeitig über die Abstammung, über den (potenziellen) sexuellen Zusammenhalt und über Merkmalsgemeinsamkeiten miteinander verbunden sind. Der Begriff „Art“ erwies sich als ein homonymes Wort, das simultan auf verschiedene Dinge angewendet wird, die beide in der Natur vorliegen, die aber voneinander unabhängig sind (REYDON 2005; KUNZ 2012a). Dieses Dilemma ist eine der Ursachen dafür, dass seit fast hundert Jahren ein Spezies-Problem besteht, das darin liegt, dass verschiedene Autoren sich aus den unterschiedlichen Verbindungen, mit denen die Organismen zusammenhängen, eine Verbindung ausgesucht und dieser den Vorzug gegeben haben. Das führte unter anderen zum Artbegriff der Reproduktionsgemeinschaft (MAYR 1942), zum „generellen Konzept der Art als stammesgeschichtliche Linie“ („general lineage concept of species“) (DE QUEIROZ 1999) und zum Begriff der Barcode-Art (HEBERT et al. 2003). In mehreren Fällen nahmen die Autoren an, in der Auswahl eines bestimmten Artkonzepts eine endgültige Lösung gefunden zu haben:

„Eine radikale Lösung des Artproblems“ („A radical solution to the species problem“) (GHISELIN 1974).

Seit etwa 15 Jahren hat sich in der Taxonomie der Barcode-Artbegriff durchgesetzt (HEBERT et al. 2003; HEBERT & GREGORY 2005). Darunter versteht man die Abgrenzung zweier Populationen als valide Arten, die sich in einem Referenzgen hinreichend voneinander unterscheiden. Dieser Artbegriff hat gegenüber anderen Artbegriffen zwei deutliche Vorteile. Jede Artabgrenzung, die die Barcode-Taxonomie vornimmt, beruht auf einer reproduzierbaren, quantitativen Messung und ist nicht auf subjektive Bewertungen angewiesen. Die Arteinteilung nach Merkmalen setzt zwangsläufig voraus, dass die taxonomische Relevanz von Merkmalen zumindest teilweise subjektiv abgeschätzt wird. Zweitens können mit der Barcode-Methode alle Arten mit technischen Mitteln maschinell diagnostiziert und erfasst werden. Dies beschleunigt im heutigen Zeitalter des Artensterbens die Registrierung der Arten, ein enormer Vorteil, besonders wenn man bedenkt, dass dadurch manche Arten gerade noch rechtzeitig erfasst werden, bevor sie von der Erde verschwunden sind. Folglich wurde das Barcoding fast euphorisch als die Taxonomie des 21. Jahrhunderts gepriesen (TAUTZ et al. 2002, 2003; STEINKE & BREDE 2006; MILLER 2007).

Was in den meisten Publikationen jedoch nicht einmal erwähnt wird, ist die Tatsache, dass sich die Barcode-Taxonomie auf einen einzigen Artbegriff beschränkt, nämlich auf die stammesgeschichtliche Distanz. Alle anderen Artbegriffe, wie z. B. reproduktive Verbindungen, werden außer Acht gelassen. Die biologische Vielfalt ist in der Natur aber auch durch andere Erscheinungsformen realisiert und nicht nur durch die stammesgeschichtliche Distanz. Dies wurde mehrfach kritisiert (LIPSCOMB et al. 2003; KUNZ 2006; KUNZ 2009; KUNZ 2012b).

Dieses Problem versucht die integrative Taxonomie zu vermeiden. Ihr Vorteil liegt

darin, dass sie sehr viele Beziehungen berücksichtigt, mit denen die Organismen zur Umwelt und zueinander in Verbindung stehen. Dies ist der Vorteil gegenüber der Barcode-Taxonomie (WILL et al. 2005; DAY-RAT 2005; DAMM et al. 2010; PADIAL et al. 2010; SCHLICK-STEINER et al. 2010). Die integrative Taxonomie verwertet Informationen aus vielen Artbegriffen und berücksichtigt Verwandtschaften, (potenzielle) sexuelle Verbindungen und Merkmalsgemeinsamkeiten. Aus allen diesen Beziehungen wird dann die „Art“ als gemeinsamer Begriff gebildet, der auf möglichst viele Formen der Biodiversität zugeschnitten ist. Der integrative Ansatz ist gegenwärtig dabei, die gesamte Einteilung in der Systematik der Vögel zu verändern und aus den bisher anerkannten ca. 10.000 Arten mehr als 11.000 Arten zu „machen“ (TOBIAS et al. 2010; DEL HOYO & COLLAR 2014).

Die integrative Taxonomie kommt den verschiedenen Formen von Gruppenverbindungen, die in der Natur vorkommen, sehr nahe und wird daher in zunehmendem Maße befürwortet (PADIAL et al. 2010; SCHLICK-STEINER et al. 2010). Dies kommt auch in der vorhergehenden Arbeit von H. RAJAEI über das Genus *Gnopharmia* zum Ausdruck. Der Begriff der integrativen Art wird einem Maximum an biologischen Gruppenabgrenzungen gerecht, die in der Natur vorliegen. Der Begriff der integrativen Art ist ein monistischer Artbegriff, der sich vom Pluralismus (MAYDEN 1997) der Anwendung eines Nebeneinanders mehrerer Artbegriffe absetzt, wie z. B. der Reproduktionsgemeinschaft neben der Barcode-Art.

Es fehlt aber in vielen Publikationen der Hinweis darauf, dass die integrative Taxonomie nicht die in der Natur real existierende Art beschreibt. In der Natur liegt keine monistische Art vor. Stattdessen existieren Reproduktionsgemeinschaften, Abstammungsgemeinschaften und weitere Gruppen von Organismen. MAYDEN (1997) zählt ins-

gesamt 22 verschiedene Artbegriffe auf, die alle verschieden sind, weil die Organismen in diesen Gruppen durch unterschiedliche biologische Eigenschaften oder Prozesse miteinander verknüpft sind. Da aber andererseits eine Taxonomie, die mehrere verschiedene Artbegriffe nebeneinander gleichermaßen als berechtigt anerkennt, nicht praktikabel wäre, werden die verschiedenen Artbegriffe in der integrativen Taxonomie künstlich zusammengelegt. Es wäre wünschenswert, dass die zukunftsweisende integrative Taxonomie deutlicher betonen würde, dass sie zum Zwecke der pragmatischen Handhabung einen künstlichen Artbegriff geschaffen hat, der jedoch der unterschiedlichen Vielfalt, mit der die Organismen zueinander und zu ihrer Umwelt ausgestattet sind, unter allen bisher verwendeten Artbegriffen am nächsten kommt.

Literatur

- DAMM, S., SCHIERWATER, B. & HADRY, H. (2010): An integrative approach to species discovery in odonates: from character-based DNA barcoding to ecology. *Molecular Ecology* 19: 3881-3893.
- DAYRAT, B. (2005): Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society* 85: 407-415.
- DE QUEIROZ, K. (1999): The general lineage concept of species and the defining properties of the species category. Pp. 49-89 in: WILSON, R.A. (ed.): *Species: new interdisciplinary essays*. MIT Press; Cambridge, Massachusetts.
- DEL HOYO, J., & COLLAR, N.J. (2014): *Illustrated Checklist of the Birds of the World - Non-Passerines*. Lynx Edicions; Barcelona.
- GISELIN, M. (1974): A radical solution to the species problem. *Systematic Zoology* 23: 536-544.
- HEBERT, P.D.N., & GREGORY, T.R. (2005): The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic Biology* 54: 852-859.
- 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, London, B, Biological Sciences* 270: 596-599.
- KUNZ, W. (2006): DNA barcoding in taxonomy and the perception of species in nature. *BioScience*: 56: 93.
- KUNZ, W. (2009): Ist die Technik des DNA-Barcodings wirklich die Zukunft der Taxonomie? *Acta Biologica Benrodis* 15: 101-139.
- KUNZ, W. (2012a): Do species exist? – Principles of taxonomic classification. Wiley-VCH/Blackwell; Weinheim.
- KUNZ, W. (2012b): Genetische Distanz und Artabgrenzung – die Barcode-Taxonomie vertritt ihren eigenen Artbegriff. *Entomologie heute* 24: 277-286.
- LIPSCOMB, D., PLATNICK, N., & WHEELER, Q.D. (2003): The intellectual content of taxonomy: a comment on DNA taxonomy. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 65-66.
- MAYDEN, R.L. (1997): A hierarchy of species concepts: the denouement in the saga of the species problem. Pp. 381-424 in: CLARIDGE, M.F., DAWAH, H.A., & WILSON, M.R. (eds.): *Species: the units of biodiversity*. Chapman & Hall; London.
- MAYR, E. (1942): *Systematics and the origin of species*. Columbia University Press; New York.
- MILLER, S.E. (2007): DNA barcoding and the renaissance of taxonomy. *Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A.* 104: 4775-4776.
- PADIAL, J.M., MIRALLES, A., DE LA RIVA, I., & VENCES, M. (2010): The integrative future of taxonomy. *Frontiers in Zoology* 7: 16.
- REYDON, T.A.C. (2005): On the nature of the species problem and the four meanings of 'species'. *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* 36: 135-158.
- Reydon, T.A.C. (2008): Species in three and four dimensions. *Synthese* 164: 161-184.
- SCHLICK-STEINER, B.C., STEINER, F.M., SEIFERT, B., STAUFFER, C., CHRISTIAN, E., & CROZIER, R.H. (2010): Integrative taxonomy: a multisource approach to exploring biodiversity. *Annual Review of Entomology* 55: 421-438.
- STEINKE, D., & BREDE, N. (2006): DNA-Barcoding. *Taxonomie des 21. Jahrhunderts. Biologie in unserer Zeit* 36: 40-46.
- TAUTZ, D., ARCTANDER, P., MINELLI, A., THOMAS, R.H., & VOGLER, A.P. (2002): DNA points the way ahead in taxonomy. *Nature* 418: 479.

- 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.
- TOBIAS, J.A., SEDDON, N., SPOTTISWOODE, C.N., PILGRIM, J.D., FISHPOOL, L.D.C., & COLLAR, N.J. (2010): Quantitative criteria for species delimitation. *Ibis* 152: 724-746.
- 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
Institute für Genetik
Heinrich-Heine-Universität
Universitätsstr. 1
D-40225 Düsseldorf
Germany
E-mail: Kunz@hhu.de