



---

## Aktueller Begriff

### Barcoding of Life - ein Instrument der modernen Taxonomie

---

Die Vereinten Nationen haben den Zeitraum 2011-2020 zur **UN-Dekade der biologischen Vielfalt** ausgerufen. Dadurch soll das Bewusstsein für den Wert der Biodiversität gestärkt und die Verantwortung für deren Bewahrung und nachhaltige Nutzung gefördert werden. Durch den Schutz der biologischen Vielfalt werden nicht nur biologische Ressourcen erhalten, sondern auch unverzichtbare Ökosystemdienstleistungen der Natur für den Menschen sichergestellt, wie beispielsweise die Regulierung des Wasserhaushaltes oder die Bestäubung von Blütenpflanzen. In Ergänzung des UN-Übereinkommens über die biologische Vielfalt wurde 2012 der [Weltbiodiversitätsrat IPBES](#) (Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services) als Schnittstelle zwischen Wissenschaft und Politik gegründet. In Deutschland selbst gibt es seit 2007 eine **Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt**.

Man schätzt heute die Gesamtzahl aller auf der Erde vorkommenden Arten auf 15 Millionen, davon sind kaum mehr als 10 % identifiziert. **Voraussetzung** für den Schutz der biologischen Ressourcen in definierten Lebensräumen oder **für die Erfassung von Verlust oder Einwanderung von Organismen sind eine profunde Artenkenntnis** und eine gründliche Bestandsaufnahme. Dieses **Spezialwissen von Taxonomen** geht aber in Ermangelung qualifizierter Ausbildung und entsprechender Lehrstühle und Arbeitsplätze immer mehr verloren. Gleichzeitig warten noch rund 90 % aller Arten auf ihre Entdeckung. Man vermutet, dass mehr bisher unbekannte Arten aufgrund der Veränderung von Lebensräumen aussterben, als im gleichen Zeitraum durch Spezialisten neu bestimmt werden können. Solange die **Taxonomie als Wissenschaft zur Bestimmung und systematischen Einordnung von Lebensformen** sich in vergangenen Jahrhunderten hauptsächlich mit der Beschreibung der äußeren Gestalt einzelner Arten und ihrer Klassifizierung befasste, wurde sie innerhalb der Biowissenschaften zunehmend als altertümlich und schließlich im Zeitalter der molekularen Genetik und Analytik schon fast als entbehrlich angesehen. Durch die Übernahme moderner Techniken zur Entschlüsselung von Genen, Eiweißmolekülen und anderen Bausteinen des Zellstoffwechsels wandelte sich inzwischen aber der vormals vorwiegend beschreibende Wissenschaftszweig zu einer **integrativen Taxonomie** mit völlig neuen Erkenntnis- und Einsatzmöglichkeiten.

Im Jahr 2003 entwickelte der kanadische Insektenforscher Paul Hebert die Idee, alle derzeit bekannten Arten zusätzlich mit Hilfe eines kurzen standardisierten Genfragmentes zu charakterisieren. Nachdem dann eine Art bestimmt und der genetische Code dieses Fragments entschlüsselt und ihr zugeordnet ist, sollte das Ergebnis in einer Datenbank verfügbar gemacht werden. Jeder sollte dann darauf zugreifen können, um eine Art mit Hilfe eines Abgleichs der genetischen „Barcodes“ zu bestimmen – vielleicht auch ohne selbst ein ausgewiesener Experte dafür zu sein. Dank vieler Unterstützer wurde schließlich **das Projekt iBOL ([International Barcode of Life](#))** an der University of Guelph in Kanada gegründet mit dem Ziel, Gencodes eindeutig klassifizierter Arten zu analysieren, um diese in der **Online-Datenbank BOLD ([Barcode of Life Data Systems](#))**

---

Forschern zur Verfügung zu stellen. Dabei übernimmt iBOL die Koordination der weltweit teilnehmenden Projektgruppen wie z.B. der Fish Barcode of Life Initiative (FISH-BOL) oder der All Birds Barcoding Initiative (ABBI) und leistet technische Hilfe, indem es auf Wunsch auch die Sequenzierung eingeschickter Gewebeprobe übernimmt. Dem schwarz-weißen Strichcode auf einer Ware im Handel, dem Universal Product Code, entspricht beim „Barcoding of Life“ der natürlicherweise vorhandene genetische Code aus den vier Grundbausteinen der Erbsubstanz, symbolisiert durch die Abfolge der Buchstaben C, G, A und T. Standardmäßig wird dafür bei Tieren eine kurze Sequenz analysiert, die für ein bestimmtes Enzym codiert, für pflanzliche Organismen oder Pilze mussten andere für das Barcoding geeignete Genabschnitte gesucht werden. Um als „genetischer Fingerabdruck“ zur Unterscheidung einzelner Arten geeignet zu sein, muss der entsprechende genetische Code von einzelnen Individuen **innerhalb einer Art** weitgehend übereinstimmen und dabei gleichzeitig **zwischen verschiedenen Arten** charakteristische Unterschiede aufweisen – den sog. "barcode gap".

Auch in Deutschland wurde 2012 ein **German Barcode of Life-Projekt (GBOL)** ins Leben gerufen, das vom BMBF gefördert wird. In Bayern gibt es bereits seit 2009 das Projekt Barcoding Fauna Bavarica mit dem Ziel, für alle etwa 34.000 in Bayern beheimateten Tierarten einen genetischen Bestimmungsschlüssel zu erstellen. **Dabei ist das Barcoding keinesfalls ein Ersatz für die klassische Taxonomie, sondern eine Ergänzung und dient in erster Linie der weltweiten Vernetzung und Nutzbarmachung taxonomischen Wissens.** Ein Code muss zuerst einmal durch einen spezialisierten Taxonomen zweifelsfrei einer definierten Art zugeordnet sein, bevor er von anderen Forschern als Referenz sinnvoll genutzt werden kann. Für die Aufnahme in die Datenbank BOLD sind neben dem Namen der Art und den Barcodes, die von mehreren Individuen einer Art und von verschiedenen Fundorten in weitgehender Übereinstimmung vorliegen müssen, auch Fotos, Fundstellen und -daten und der Nachweis für die Hinterlegung von Belegexemplaren oder Gewebeprobe erforderlich.

Der Barcode des Lebens kann nicht nur zum Monitoring der Artenvielfalt und zum Artenschutz eingesetzt werden, sondern beispielsweise auch in der **Lebensmittelüberwachung**, beim Zoll oder für medizinische Fragestellungen. So kann man - nachdem der genetische Barcode analysiert ist - die korrekte Deklaration von Fleisch- oder Fischprodukten mit Hilfe eines Abgleichs schnell überprüfen und war beim sog. „Pferdefleischskandal“ innerhalb kurzer Zeit in der Lage, die Lebensmittelprobe gleichzeitig auf eine Vielzahl möglicher Tierarten zu testen. Ähnliches gilt für die **Einfuhrkontrolle** fragwürdiger Heilpflanzen oder geschützter Tierarten, selbst wenn sie nur in Teilen oder als verarbeitete Produkte vorliegen. Bei der **Schädlingsbekämpfung** bietet der Barcode die Chance, Insekten bereits als Ei oder im Larvenstadium sicher zu bestimmen, was bisher taxonomisch nicht möglich war, und entsprechend früh zu reagieren. Neue Möglichkeiten ergeben sich auch für die schnelle Identifizierung eingewanderter, in Deutschland bisher unbekannter, Insektenarten, die z.B. im Verdacht stehen, gefährliche Krankheiten zu übertragen.

#### Quellen:

- Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina (2014). Herausforderungen und Chancen der integrativen Taxonomie für Forschung und Gesellschaft. [http://www.leopoldina.org/uploads/tx\\_leopublication/2014\\_Stellungnahme\\_Taxonomie\\_LANG\\_final.pdf](http://www.leopoldina.org/uploads/tx_leopublication/2014_Stellungnahme_Taxonomie_LANG_final.pdf)
- Steinke, Dirk; Brede, Nora (2006). DNA Barcoding. Taxonomie des 21. Jahrhunderts. In: Biologie in unserer Zeit, Jahrgang 36, Nr. 1, S. 40 - 46