

ARTEN BESTIMMEN:

Nacktscanner für Ameisen

Abertausende unbekannte Tiere und Pflanzen verstauben in den Schubladen der Museen, weil niemand Zeit hat, sie zu bestimmen. Jetzt soll High-Tech helfen. Von [Birk Grüling](#)

12. August 2013 17:49 Uhr 6 Kommentare

schließen

PDF

Speichern

Mailen

Drucken

Twitter

Facebook

Google +



Eine Bulldoggen-Ameise (Gattung: Myrmecia) | © Soeren Stache/dpa

Wer glaubt, im Gewimmel eines Ameisenhügels sähe jeder Staatsbewohner gleich aus, der irrt. Der Blick durchs Mikroskop verrät: Neben der großen Königin leben im Ameisen-Staat zum Beispiel Arbeiterinnen mit spezialisierten Mundwerkzeugen oder solche, deren dicker Kopf dazu dient, als "Türsteherinnen" den Bau vor Eindringlingen zu schützen. Entsprechend schwierig ist es, eine einzelne Ameise anhand ihres Aussehens einer Spezies zuzuordnen.

In solchen Momenten würden sich Taxonomen am liebsten aufs Raumschiff Enterprise beamen. Dort gibt es nämlich technische Super-Lösungen für derart irdische Probleme. Der spitzohrige Wissenschaftsoffizier Commander Spock zückt auf Erkundungstour auf einem fernen Planeten einfach seinen Tricorder, wenn er Flora und Fauna bestimmen will. Das handliche Gerät scannt die Körperform eines Krautes oder eines Krabbeltierchens, nimmt eine Gewebeprobe und schon erscheinen alle Informationen auf dem Display.

Anzeige

"Die Idee des Tricorders ist durchaus reizvoll", sagt Björn Rulik vom Zoologischen Forschungsmuseum Alexander Koenig (ZFMK) in Bonn – und muss dann doch lächeln. Seit Carl von Linné vor mehr als 250 Jahren die Grundlagen zur wissenschaftlichen Artbeschreibung legte, ist der Job der Taxonomen mühselige Handarbeit.

Die Vertreter dieser als etwas angestaubt geltenden Disziplin bestimmen neue Tier- und Pflanzenarten und ordnen sie Familien und Gattungen zu. "Taxonomen gibt es immer weniger, gleichzeitig besteht hoher Bedarf zur Identifikation von Arten", sagt ZFMK-Taxonom Dirk Ahrens. Inzwischen vergehen vom Einsammeln bis zur Beschreibung einer neuen Art im Durchschnitt 21 Jahre. In den Schubladen der zoologischen Museen warten abertausende noch unbekannte Spezies auf ihre Entdeckung. Können neue Technologien dies endlich beschleunigen, damit neue Arten beschrieben werden, bevor sie in der Natur schon wieder ausgestorben sind?

Die Vermessung der Ameise

Bisher werden 90 Prozent aller Arten morphologisch, also durch äußerliche Merkmale, unterschieden. Könnte das nicht ein Roboter machen? So, wie die Gesichtserkennung am Flughafen vielleicht? Per biometrischer Analyse der

Gesichtsgeometrie werden inzwischen Personen selbst aus großer Entfernung oder bei schlechten Lichtverhältnissen zuverlässig identifiziert, in Echtzeit versteht sich.

Ein Forscherteam um Bernhard Seifert vom Naturmuseum Görlitz will mit einer ähnlichen Methode staatenbildende Insekten wie Ameisen scannen. Da aber selbst die Vertreter ein- und derselben Art je nach Rang, Alter, Geschlecht und Aufgabe im Staat unterschiedlich aussehen (Polymorphismus), ist es eine gewisse Herausforderung, den Krabbeltier-Nacktscanner mit so genauen Daten zu programmieren, dass er Spezies zuordnen, unterscheiden oder als neu erkennen kann. Um zu verhindern, dass Sonderlinge gleich als neue Spezies gedeutet werden, müssen die Forscher ein Profil aus all den möglichen Körpermerkmalen erstellen, die im Nest derselben Art vorkommen können.

Dazu fotografieren die Forscher im Labor mit einem handelsüblichen Stereomikroskop, womit sich Objekte dreidimensional betrachten lassen, zunächst mehr als 200 Körpermerkmale von toten Ameisen aus einem Nest ab. Die Dichte der Behaarung, das Größenverhältnis von Kopf zu Körpergliedern, die Länge der Beine – all das wird berücksichtigt. Ein spezieller Algorithmus errechnet am Ende aus dem so erzeugten Datensatz ein typisches Profil der Art.

Für die gesamte Vermessung einer Ameise im Labor brauchen die Görlitzer Biologen knapp zwei Stunden. Die Fehlerquote dieser "Nest Centroid Clustering" getauften Methode lag bei den ersten Experimenten mit nahverwandten und damit optisch sehr ähnlichen Ameisen bei zwei Prozent.

Bis zum flächendeckenden Einsatz oder gar der Entdeckung neuer Arten mit dem Scanner werden trotzdem noch Jahre vergehen. Bisher fehlt eine Datenbank zum Abgleich gefundener Exemplare mit den bis heute bekannten rund 12.000 Ameisen-Arten. Der Ansatz funktioniert bisher auch nur bei staatenbildenden Insekten, nicht bei anderen Tieren oder sogar Pflanzen. Besonders teuer und aufwendig ist das Verfahren aber nicht: Ein tragbares und leistungsfähiges Stereomikroskop bekommt man für einen niedrigen vierstelligen Betrag. Zur mathematischen Analyse reicht ein leistungsstarkes Laptop.

Strichcodes für die Tierwelt

Ein anderer Ansatz, Tier und Pflanzen schneller zu bestimmen, ist der International Barcode of Life (iBOLD), eine Art Onlinebibliothek der Artenvielfalt. Jeder Eintrag dort besteht aus genetischen Fingerabdrücken der Art, Hintergrundinformationen sowie Verweisen auf Fundorte. Gefüllt wird das Verzeichnis von beteiligten Forschungsinstituten und Laien aus aller Welt. Die

Arbeit mit dem Barcoding erscheint unkompliziert, jedenfalls theoretisch. Aus Gewebeproben entsteht im Labor binnen einer Woche eine spezifische Abfolge der vier Erbgutbausteine – Adenin (A), Guanin (G), Thymin (T) und Cytosin (C). Gibt man die Buchstabenkette in die Onlinedatenbank ein, werden alle genetischen Übereinstimmungen mit bekannten Arten angezeigt.

So weit, so gut, leider hapert es noch an mehreren Stellen. Ein Manko ist die Zuverlässigkeit. Beim Barcoding analysiert man nur die DNA der Mitochondrien. Die Energielieferanten kommen in jeder Zelle hundertfach vor. Da sie ihr eigenes Erbgutmolekül besitzen, ist die Gewinnung und Analyse unkompliziert.

Allerdings gehören Mitochondrien mit 37 nur mütterlicherseits vererbten Genen, nicht zu dem Teil des Zellkerns mit dem größten DNA-Abschnitt. Die Untersuchung mitochondrialer DNA könnte man mit der Betrachtung einer einzelnen Szene aus einem gesamten Film vergleichen. Sie verrät einiges, aber längst nicht alles. Die Identifikation von jungen Arten, kaum älter als eine Million Jahre, fällt beispielsweise schwer. In ihren Mitochondrien stecken zu wenige Differenzierungsmerkmale für eine genaue Unterscheidung. "Mit dem Barcoding können wir nicht die gesamte Vielfalt des Lebens abbilden", sagt auch Ahrens.

WAS IST DNA?

DNA ist die aus dem Englischen stammende Abkürzung von **Desoxyribonukleinsäure**. Im Deutschen spricht man daher auch von DNS. Im Normalzustand kommt sie als Doppelhelix in jeder Zelle des Menschen vor. Auf diesem Strang ist das komplette Erbgut des Menschen als Code aus Basenpaaren gespeichert.

Diese vier Genbausteine – symbolisiert durch die Buchstaben A, T, G und C – sind die Basen Adenin, Thymin, Guanin und Cytosin. Deren Buchstaben ergeben einen einzigartigen Code, ganz ähnlich wie die Striche maschinenlesbarer Etiketten im Supermarkt.

Damit die Informationen der DNA auch umgesetzt werden, muss sie abgelesen werden. Bei diesem Vorgang entstehen **RNA Ribonukleinsäuren**, darunter bestimmte Boten-RNA, die den Bau von Proteinen regulieren – so werden Informationen aus der DNA im Organismus in die Tat umgesetzt.

Proteine wiederum steuern nicht nur die Biochemie des Körpers. Organe, Knochen, Muskeln, Haut und Gewebe des Menschen formen sich, weil Proteine in ihren Zellen das Sagen haben.

Genauere DNA-Analysen kosten deutlich mehr Geld und Zeit. Die größere Hürde für den Einsatz des Barcodes im Alltag ist aber auch hier der bisher bescheidene Umfang der Datenbank. In Deutschland wurden erst knapp 17.000 Barcodes von 5.500 Arten gesammelt. Das entspricht etwa sieben Prozent aller Arten. Weltweit ist die Quote noch niedriger.

Unter Taxonomen ist das Barcode-of-Life-Projekt wegen solcher Mängel umstritten. Einige fürchten angesichts der neuen Technologie aber auch um ihre Daseinsberechtigung. Ängste, die eng mit Forschungsgeldern verknüpft sind. Förderungen für rein taxonomische Projekte seien oft nur schwer zu beschaffen,

klagen einige. Für genetische Forschung fließe mehr – so ein häufig geäußerter Vorwurf. In Deutschland wird der Barcode of Life beispielsweise mit fünf Millionen Euro vom Bundesministerium für Bildung und Forschung gefördert.

Streit um Forschungsgeld

Die größten Fehler wurden aber wahrscheinlich in der Kommunikation zwischen den unterschiedlichen Forschungsdisziplinen gemacht. Anfangs feierten gerade Genetiker den Barcode of Life als neue Wunderwaffe, kurz darauf belegten Studien die Grenzen. "Wir haben zu wenig miteinander geredet. Die klassische Taxonomie soll durch neue Ansätze nicht ersetzt werden, es geht vielmehr um eine Arbeitserleichterung", sagt Rulik.

Dass Tiere und Pflanzen bestimmt werden, ist außerdem nicht nur Selbstzweck, um das Wissen über irdisches Leben zu mehren. Andere Disziplinen – wie etwa die Ökologie – sind darauf angewiesen, mit sicheren Daten zu arbeiten. Ökologen erforschen zum Beispiel, wie sich Veränderungen der Umwelt auf Organismen auswirken. Ist bei so einer Forschung schon die untersuchte Art falsch bestimmt, können ganze Feldstudien wertlos werden.

Langfristig wird eine Wertedebatte unter Taxonomen die Etablierung neuer Analysetechnologien kaum aufhalten, denn die langfristige Perspektive liegt auch außerhalb der puren Erfassung des irdischen Lebens. Bauern könnten dann mit mobilen Geräten schon auf dem Feld Schädlinge bestimmen und gezielt bekämpfen. Kriminaltechniker könnten anhand der Profile zermatschter Insekten auf der Windschutzscheibe rekonstruieren, wo ein Verdächtiger wann und zu welcher Jahreszeit mit seinem Auto gefahren sein muss. Lebensmittelkontrolleure könnten per Tricorder Pferdefleisch in der Lasagne aufspüren – und Commander Spock sähe dagegen ganz schön altbacken aus.

QUELLE ZEIT ONLINE