

## Ornithologische Sammlungen:

# Schatzkammern genetischer Vielfalt

Biologische Vielfalt, die uns die Sammlungen der naturhistorischen Museen dokumentieren, erschließt sich zunächst über das Auge. Eine einzige Schublade in einem Vogelmagazin eröffnet mitunter eine beeindruckende Farben- und Formenfülle einer Vogelgruppe. Der Ornithologe erfasst diese Variation wissenschaftlich und interpretiert sie. Färbung und Proportionen, Flügel- und Schwanzlängen liefern ihm die nötigen Fakten, um das Einzeltier zu benennen und systematisch einzuordnen, möglicherweise sogar neu zu beschreiben. Dabei entgeht uns jedoch der Teil biologischer Information, der sich unserem unmittelbaren Blick entzieht, den wir aber seit geraumer Zeit mit modernen Verfahren sichtbar machen können: der genetische Code.

In den ornithologischen Sammlungen schlummert weltweit ein bislang kaum oder gar nicht für die Vogelsystematik oder Evolutionsforschung genutztes genetisches Potenzial.

### Immer noch Vorbehalte gegen moderne Forschungsmethoden?

Die Vorbehalte gegen eine Nutzung von Museumsmaterial für genetische Untersuchungen sind vielerorts hartnäckig, zum Teil aus Unkenntnis der modernen wissenschaftlichen Methoden, zum anderen sicherlich auch gerechtfertigt. Je nach Alter und Art der Konservierung der entspre-

chenden Präparate hält sich der Erfolg der Genanalyse nämlich durchaus in Grenzen, mitunter lässt sich gar keine „Ancient DNA“ mehr aus alten Vogelbälgen isolieren oder nur sehr kurze DNA-Bruchstücke, die in langwieriger Laborarbeit einzeln sequenziert und zusammengepuzzelt werden müssen.

Dazu kommen natürlich die Bedenken, einem möglicherweise seltenen und wertvollen Vogelpräparat Haut, z. B. an den Tarsensohlen, oder Federproben zu entnehmen und das Sammlungsstück durch so genanntes „destructive sampling“ zu entstellen oder wesentliche morphologische Merkmale zu zerstören.

Diese Scheu darf man mittlerweile guten Gewissens ablegen, denn die Empfindlichkeit molekularer Methoden ist heutzutage deutlich höher als in den Anfängen der DNA-Forschung. Heute reichen oft kleinste Mengen von Gewebe, ja sogar Blutgerinnsel aus dem Federschaft, für eine Analyse aus, so dass die Sammlungsexemplare nicht über die Maßen beschädigt werden.

Immer häufiger werden Gewebeproben von Vogelpräparaten und Bälgen für phylogenetische Studien verwendet, oftmals um taxonomische Vollständigkeit der zu bearbeitenden Vogelgruppe zu gewährleisten. Schließlich stehen dem Ornithologen nicht immer Frischmaterial oder tiefgekühlte Blut- und Gewebeproben aus allen Ecken des Verbreitungsgebietes einer Art zur Verfügung, und oft sind es die entlegenen, kaum bereisten Gebiete, aus denen Belegexemplare in den Vogelsammlungen aufgespürt werden.

### Untersuchungen an seltenen und ausgestorbenen Arten

Noch dankbarer ist man in der Forschung um Museumsmaterial von extrem bedrohten oder gar ausgestorbenen Tierarten, bei denen die Neubeschaffung von Proben für genetische Studien schnell an ihre



Belegexemplare zweier Formmorphen der Kohlmeise (*Parus major*): gelbbäuchiges Exemplar der *major*-Subspezies-Gruppe (links, Tschechische Republik/Böhmerwald) und weißbäuchiges Exemplar der *minor*-Gruppe (rechts, China/Gansu).

Grenzen stößt. Dabei erweisen sich die Museen tatsächlich als Schatzkammern, mitunter sogar als einzige verbliebene Quelle zur Entschlüsselung ehemaliger genetischer Vielfalt.

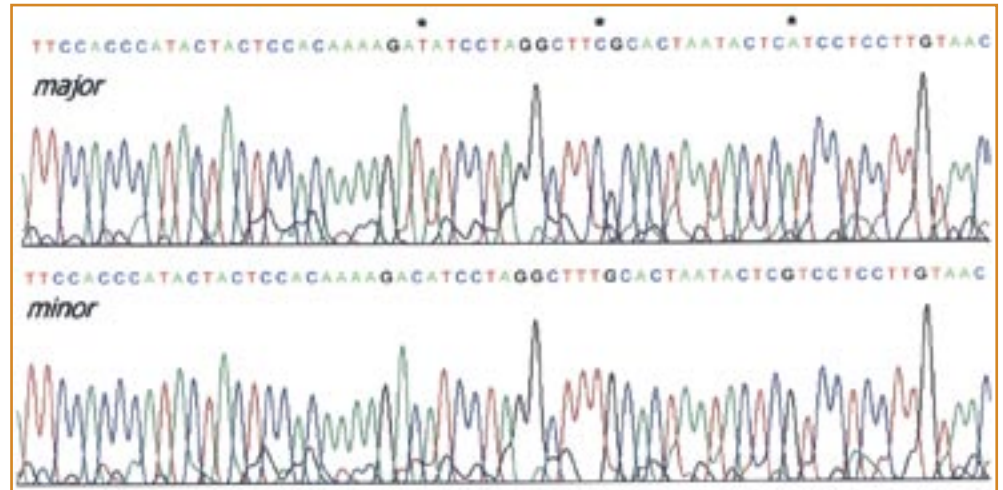
Gewebeproben von Museumspräparaten ermöglichten die Aufklärung von Verwandtschaftsverhältnissen zwischen ausgestorbenen und heute lebenden Tieren. So konnten beispielsweise das Quagga oder das Mammut in den genetischen Stammbaum ihrer heute lebenden nahen Verwandten eingeordnet werden. Selbst aus subfossilen Knochen von Moas konnten Forscher Reste von DNA isolieren und anhand von DNA-Sequenzen eine molekulare Phylogenie dieser ausgestorbenen Riesenlaufvögel und ihren rezenten Verwandten rekonstruieren.

Manchmal treibt die genetische Forschung am ausgestorbenen Tier auch seltsame Blüten, wie im Falle des ausgestorbenen Tasmanischen Beutelwölfes (*Thylacinus cynocephalus*). In einem ebenso ehrgeizigen wie fragwürdigen Projekt soll am Australischen Museum, Sydney, aus Alkoholpräparaten Beutelwolf-DNA entnommen, geklont und – ähnlich wie im Fall des Klonschafs Dolly – Beutelwölfe „nachgezüchtet“ werden. Auf lange Sicht träumt man sogar ernsthaft von einer Wiedereinbürgerung des ausgestorbenen Raubbeutlers in der Tasmanischen Wildnis, nachzulesen auf der Internetseite des „Thylacine Project“.

### Ein zukunftssträchtiges Programm: Museumsornithologie und Molekulargenetik

Abgesehen von solchen Extrembeispielen, in denen die Grenze zwischen Science und Fiction zu verschwimmen scheint, fließen Proben von Museums-DNA immer häufiger mit Erfolg in ornithologische Studien ein.

Dabei stehen Museumsornithologie und Molekulargenetik durchaus in wechselseitigem Nutzen, denn mittlerweile finden molekulare Methoden zunehmend Anwendung insbesondere in der systematischen Einordnung von Sammlungsexemplaren. Für Untersuchungen zur molekularen Systematik der Vögel werden meist die Basensequenzen mito-



Basensequenzen des mitochondrialen Cytochrom b der westlichen und der östlichen Subspezies-Gruppe der Kohlmeise (*major* und *minor*-Gruppe). \* = Basenunterschiede zwischen den beiden Sequenzen.

chondrialer Gene wie des Cytochrom b oder der Control Region herangezogen, für die es in den verschiedenen Gendatenbanken mittlerweile eine Fülle von Referenzdaten gibt. So deckten die Analysen von Museums-DNA tropischer Kuckucksarten (der Gattungen *Cuculus*, *Cacomantis* und *Chrysococcyx*) verschiedene Fälle von Fehlbestimmung auf – bei den meisten handelte es sich um juvenile Vögel. Nachdem eingehende morphologische Nachbestimmungen die genetischen Ergebnisse bestätigten, konnte den zweifelhaften Exemplaren schließlich die jeweils korrekte Artzugehörigkeit zugewiesen werden.

Von hohem wissenschaftlichen Interesse ist eine solche genetische Artzuweisung im Vergleich mit rezent gesammelten Material natürlich für Typusexemplare. Ebenso verlässliche Resultate liefert die Molekulargenetik bei der Geschlechtsbestimmung von nicht eindeutig bestimmten Individuen. Selbst an den zuvor erwähnten Knochenfunden der Moas konnte anhand der aus ihnen extrahierten DNA nachträglich das Geschlecht der entsprechenden Individuen festgestellt werden.

Die Themenstellung der DNA-Analyse von Museumsmaterial neben der reinen Art- und Merkmalsbestimmung ist durchaus vielfältig. Balgserien von Vögeln, die unter einer bestimmten wissenschaftlichen Fragestellung gesammelt wurden, lassen sich mittlerweile auf ihre genetische Identität durchleuchten. Ein interessantes Beispiel bieten

fernöstliche Kohlmeisen. In Ostsibirien am Mittleren Amur treffen zwei Farbmorphen der Kohlmeise aufeinander: die gelbbäuchigen, auch in Europa heimischen *major*-Kohlmeisen und die im ostasiatischen Raum verbreiteten, weißbäuchigen *minor*-Kohlmeisen. Studien an Museumsbälgen, die schon Anfang des 20. Jahrhunderts am Amur gesammelt wurden, gaben erste Hinweise auf Kreuzung zwischen den zwei Unterartgruppen in Form von vielen Belegexemplaren mit eindeutig intermediären Merkmalen zwischen den beiden Extremen der Gefiederproportion und -färbung. Wie treffsicher die Bestimmung von Kohlmeisen-Mischlingen (*major* x *minor*) anhand der morphologischen Merkmale ist, kann und hat letztlich nur die DNA-Analyse verraten. Mitochondriale Gene sind für solche Hybridnachweise weniger geeignet, da sie nur von einem Elternteil, nämlich über die mütterliche Linie, vererbt werden. Analysen von Kerngenen, z. B. anhand von Mikrosatelliten sind aufschlussreicher. Ähnliche genetische Hybridnachweise wurden auch für verschiedene Prachtfinken der Gattung *Lonchura* anhand von Museumsexemplaren geführt. In beiden Beispielen stehen die genetischen Untersuchungen zwar noch in den Anfängen, die ersten Resultate versprechen jedoch bereits weitere Einblicke in die Verbreitungsgeschichte und Artbildungsprozesse innerhalb der erforschten Vogelgruppen.

Martin Päckert