

Thomas von Rintelen
Frank Köhler

Schnecken auf der Überholspur

Über die rasante Entstehung neuer Arten
in Seen und Flüssen Südostasiens

Die faszinierende Vielfalt des Lebens auf der Erde und die Frage nach ihrer Entstehung gehört zu den Schwerpunkten der neu gestalteten Ausstellungen des Museums für Naturkunde. Eines der größten Rätsel ist dabei noch immer die Frage, wie genau und in welchem Zeitraum neue Arten entstehen. Am Museum arbeitet unter anderem die von Dr. Matthias Glaubrecht gegründete Arbeitsgruppe zur Evolutionsökologie und Systematik von Schnecken an der Erforschung jener evolutiven Prozesse, die zur Artenbildung beitragen. Am Beispiel tropischer Süßwasserschnecken untersucht sein Forscherteam den wechselseitigen Beitrag von genetischen, räumlichen und ökologischen Faktoren zur Entstehung neuer Arten. Gerade der Einfluss ökologischer Faktoren wird in der aktuellen Forschung stark diskutiert. Die Arbeit der Forschergruppe soll helfen, besser zu verstehen, unter welchen Umständen und in welchen Zeiträumen Artenbildung in Form explosiver Auffächerungen, sogenannten Radiationen, stattfindet. Die Schnecken erweisen sich in dieser Hinsicht als weit weniger behäbig, als man ihnen landläufig unterstellt.

Das Leben auf unserem Planeten hat eine schier unvorstellbare Vielfalt an Lebensformen hervorgebracht. Seit Carl von Linné vor fast 250 Jahren die noch heute gültige Benennungsweise von Arten eingeführt hat, arbeiten Heerscharen von Taxonomen an der Katalogisierung und Beschreibung des Lebens auf der Erde. Es ist umso erstaunlicher, dass auch heute, zu Beginn des 21. Jahrhunderts, kein Ende dieser Tätigkeit abzusehen ist. Je nach Art der Hochrechnung gehen Schätzungen davon aus, dass etwa 5, 30 oder gar 100 Millionen Arten von Tieren, Pflanzen, Pilzen, Einzellern und Bakterien auf der Erde leben – aber genau weiß das niemand. Noch bemerkenswerter ist allerdings, dass wir nicht einmal wissen, wie viele Arten bisher beschrieben wurden und wie viele davon unter Umständen mehrfach »entdeckt« und mit Namen versehen wurden. Ein zentrales Register aller beschriebenen Arten existiert bislang nicht. Das Ziel, solch einen vollständigen Katalog des Lebens zu erstellen oder – wie es ein Projekt amerikanischer Wissenschaftler nennt, den *Tree of Life* zu rekonstruieren – ist eine Aufgabe, deren Bewältigung noch viel Mühe und Zeit kosten wird. Angesichts des von uns Menschen verursachten massenhaften Aussterbens von Tieren und Pflanzen ist Zeit allerdings eine besonders knappe Ressource in der Biodiversitätsforschung.

Wie aber ist diese Fülle von Arten überhaupt entstanden? Unter welchen Bedingungen bilden sich aus bereits existierenden Arten neue heraus? Und in welchen Zeiträumen spielen sich solche Artbildungsprozesse ab? Das sind nur einige Fragen, die Gegenstand einer anderen Disziplin sind – der Evolutionsbiologie. Wie so oft, sind es aber gerade die einfachen und elementaren Fragen, die Zündstoff in sich bergen. Und obwohl sich Menschen schon immer mit der Beobachtung und Untersuchung der Natur beschäftigten, gehörten der Ursprung und die Entfaltung des Lebens für Jahrhunderte allein in die Deutungshoheit der Kirche, die argwöhnisch über derart zentrale weltan-



schauliche Aspekte wachte. Für Naturforscher hingegen war eine unvoreingenommene Beschäftigung mit diesem Thema lange Zeit praktisch unmöglich. Es ist daher eines der großen Verdienste Charles Darwins, offen mit der Schöpfungslehre gebrochen zu haben. Seit er vor knapp 150 Jahren die Entstehung neuer Arten als das »Rätsel der Rätsel« bezeichnete, wurde die Erforschung der Mechanismen, die der Entstehung neuer Arten zugrunde liegen, ein zentrales Anliegen der evolutionsbiologischen Forschung. Wer aber meint, die Evolutionsbiologie hätte seitdem an weltanschaulicher Brisanz und Signifikanz verloren, sei an dieser Stelle nur an die brandaktuelle Debatte zum Kreationismus erinnert, einer clever durchgestylten, aber dennoch erzkonservativen Verkündungslehre, die derzeit aus den USA auch nach Europa überschwappt (siehe auch das Interview in diesem Heft).

Evolutionenbiologen kämpfen in dieser Auseinandersetzung, in welcher die einen mit Überzeugungen und Glauben argumentieren, mit einem entscheidenden Handicap. Evolution vollzieht sich als ein allmählicher, nicht wiederholbarer historischer Prozess. Das vorläufige Ergebnis sehen wir zwar überall um uns herum und in uns selbst, seinen Verlauf können wir aber weder unmittelbar beobachten noch experimentell nachstellen. Die einzige Möglichkeit, die Entstehung neuer Arten – *Speziation* – zu untersuchen, ist daher das Sammeln von Indizien, die eine Rekonstruktion der bisher abgelaufenen Prozesse nach dem aktuellen Stand unseres Wissens ermöglichen. Es liegt auf der Hand, dass derartige Untersuchungen am einfachsten anhand ausgewählter, ganz konkreter Organismengruppen durchgeführt werden können. Die gewählten Gruppen liefern uns dann Modellvorstellungen, deren allgemeine Gültigkeit in weiteren Schritten an anderen Lebewesen überprüft werden. Eine wichtige Grundlage ist ferner, dass wir eine präzise Vorstellung von der Anzahl und den Eigenschaften der zu untersuchenden Arten in der jeweils betrachteten



Abb. 1
Die morphologische Vielfalt der Pachychilidae. Auswahl von Schalen verschiedener Arten.

Modellgruppe haben müssen. Die Untersuchung von Speziationsprozessen beginnt daher oft mit einer (Neu-)Inventarisierung der zur Betrachtung stehenden Organismen. Der Aufwand, der für diese grundlegende taxonomische Arbeit nötig ist, hängt wesentlich von der Komplexität des verwendeten Modellsystems ab. Natürlich ist es einfacher, alle 14 Arten von Galapagosfinken umfassend taxonomisch zu bearbeiten, als die mehreren hundert oft nicht einmal beschriebenen Arten von Buntbarschen in den ostafrikanischen Seen. Daher werden in vielen Fällen nur einige Arten herausgegriffen, um an ihnen Differenzierungsprozesse genauer zu untersuchen.

Vor ähnlichen Problemen stehen wir in unserer 1997 von Dr. Matthias Glaubrecht gegründeten Forschergruppe in der Kustodie für Weichtiere des Berliner Museums für Naturkunde bei der Untersuchung tropischer Süßwasserschnecken. Schnecken sind aus einer Reihe von Gründen sehr gut geeignete Modelle für evolutionsbiologische Studien. Sie repräsentieren die nach den Insekten arten- und formenreichste Tiergruppe der Erde. Von uns untersuchte Schnecken gehören zur Familie der Pachychilidae, die mit etwa 300 Arten weltweit in den Tropen verbreitet sind. Besonderes Interesse haben die Arten aus Südostasien geweckt, die durchgehend lebendgebärend (vivipar) sind – im Gegensatz zu ihren eierlegenden Verwandten im Rest der Welt. (Abb. 1)

Bisher wissen wir noch zu wenig darüber, welchen Einfluss verschiedene Reproduktionsmodi auf den Ablauf von Speziationsprozessen haben. Allerdings wurden in den letzten Jahren gleich zwei Fälle explosiver Arten-

bildung eben bei den lebendgebärenden Schnecken Südostasiens gefunden. Diese sogenannten Artenschwärme – also Gruppen von noch jungen, nahe miteinander verwandten und teilweise noch nicht vollständig auseinander entwickelten Arten – stellen, wie auch bei den bereits erwähnten Galapagos-Finken bzw. afrikanischen Buntbarschen, ausgezeichnete evolutionsbiologische Untersuchungsobjekte dar. Hier lässt sich die Evolution auf kleinem Raum in die Karten schauen und macht es uns möglich, die jeweiligen Anpassungen verschiedener Arten an die spezifischen ökologischen und geographischen Gegebenheiten zu studieren. Vor der eingehenden Beschäftigung mit den evolutiven Mustern stand aber auch in unserem Fall – und damit sind wir wieder beim eingangs dargestellten Problem – die Schaffung der taxonomischen Grundlagen.

Zunächst galt es herauszufinden, anhand welcher Merkmale Arten und Artengruppen zuverlässig voneinander unterschieden werden können. Bis vor wenigen Jahrzehnten (und teilweise noch heute) wurden Schneckenarten nahezu ausschließlich anhand ihrer Schale beschrieben. Unsere Untersuchungen von weiteren Organen, etwa den Geschlechtsorganen, Brutbeuteln, Embryonalgehäusen und der für Schnecken charakteristischen Raspelzunge, der *Radula*, zeigten aber, dass Schneckenschalen allein nicht für eine zuverlässige Artdiagnose geeignet sind. Vielmehr hat sich herausgestellt, dass zum Verwechseln ähnliche Schalen sogar zu Arten aus äußerst unterschiedlichen Gattungen gehören können, und umgekehrt. Die Evolution hat also bei den Pachychilidae bestimmte Schalentypen mehrmals parallel hervorgebracht, und zwar

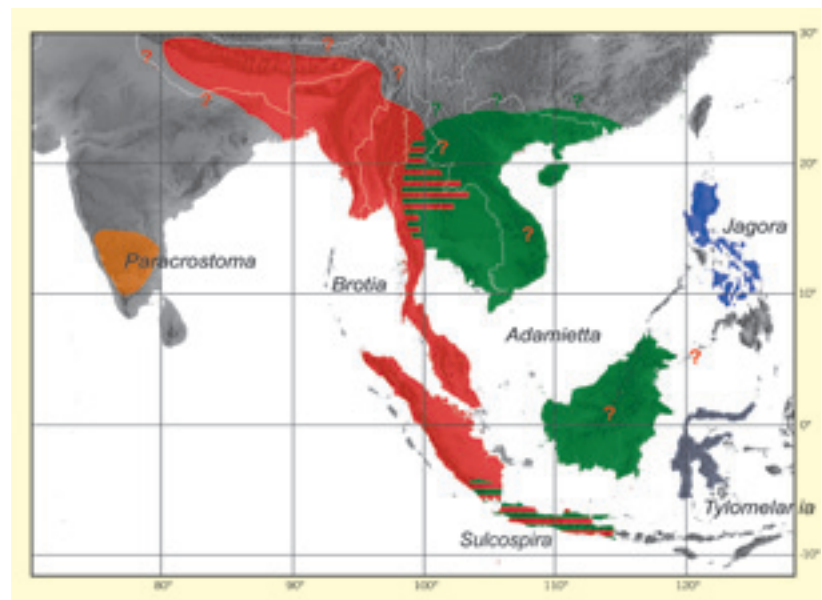


Abb. 2
Verbreitung der Pachychilidae in Südostasien. Farbig markiert sind die Verbreitungsgebiete einzelner Gattungen: Orange – Paracrostoma, rot – Brotia, grün – Adamietta und Sulcospira auf Java, blau – Jagora, grau – Tylomelania.

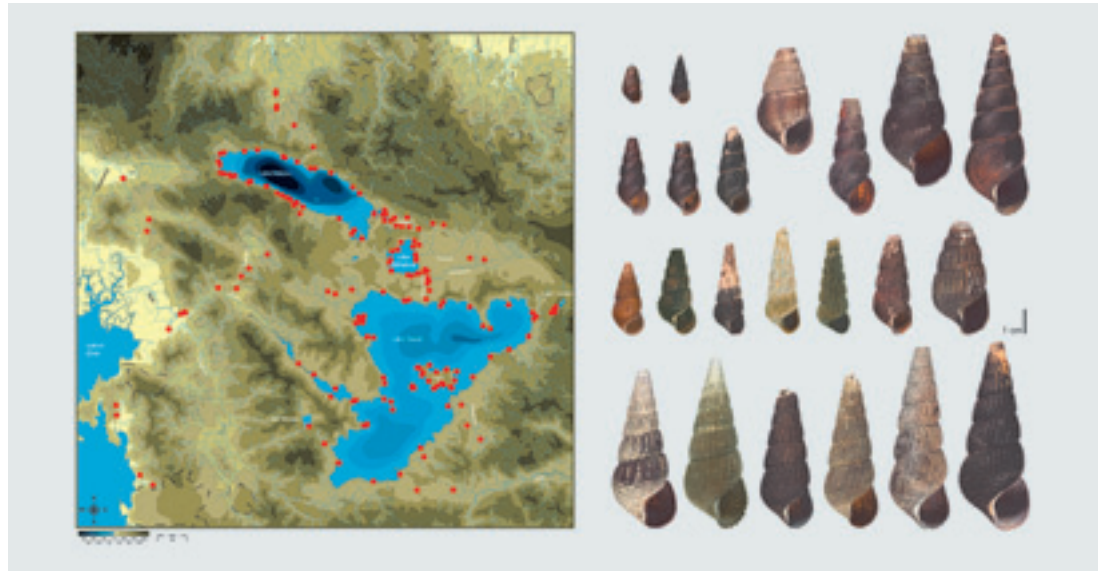


Abb. 3
Das Malili-Seensystem in Zentral-Sulawesi und einige seiner charakteristischen Tylomelania-Arten. Die roten Punkte in der Karte zeigen unsere Sammelpunkte in den Seen und umliegenden Flüssen an.

in Anpassung an das jeweils besiedelte Habitat. So besitzen beispielsweise Arten, die ausschließlich auf Felsen in Stromschnellen und schnell fließenden Bächen leben, generell sehr kräftige, glatte und gedrungene Schalen, während Arten, die auf Schlammflächen in ruhigem Wasser zu finden sind, oft mit lang ausgezogenen Schalen und teils verschwenderisch ausgeprägter Skulptur aufwarten. Für das Erkennen der natürlichen Verwandtschaftsgruppen,

also zum Beispiel von Gattungen, haben sich – anders als die Schale – vor allem Unterschiede in der Reproduktionsbiologie und in den DNA-Sequenzen als aussagekräftig erwiesen. So fanden wir heraus, dass sich unter den in Bezug auf ihre Vermehrungsweise bisher homogen geglaubten asiatischen Pachychilidae in Wirklichkeit sechs verschiedene Gattungen verbergen. Jede von ihnen ist durch eine besondere Reproduktionsstrategie gekennzeichnet und ist nur in einer bestimmten geographischen Region zu finden. So wissen wir heute, dass die Arten aus Südindien eine eigene Gattung bilden (*Paracrostoma*), genauso wie jene der Philippinen (*Jagora*), Javas (*Sulcospira*) und Sulawesi (*Tylomelania*). Auf dem asiatischen Festland kommen zwei Gattungen vor: *Brotia* in einem Gebiet,

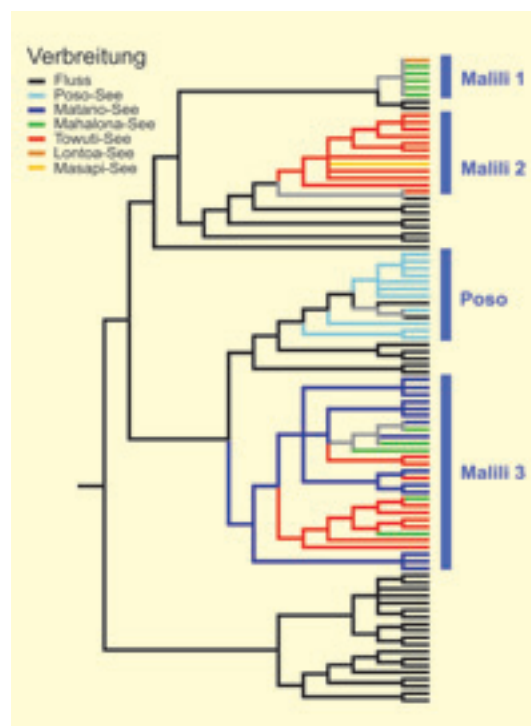


Abb. 4
Genetischer Stammbaum der Tylomelania-Arten Sulawesi, basierend auf mitochondrialen DNA-Sequenzen. Jeder einzelne Ast des Baumes auf der rechten Seite repräsentiert ein untersuchtes Individuum. Die vertikalen Balken rechts davon markieren diejenigen Arten, die in den Seen Sulawesi, entweder dem Malili-Seensystem oder dem Poso-See, vorkommen. Arten ohne einen solchen Balken besiedeln Flüsse. Die sich dichotom verzweigenden Linien des Stammbaumes verbinden die Individuen entsprechend ihrer genetischen Verwandtschaft miteinander. Ihre Farbe gibt Aufschluss darüber, aus welchem Gewässer die einzelnen genetischen Linien stammen. Nach links hin laufen alle Linien in einen Punkt zusammen, der die allen Arten gemeinsame, hypothetische Stammart markiert, die in der Vergangenheit existiert haben muss. Anhand der Wechsel der Linienfarbe ist zu sehen, an welchem Punkt einzelne Linien des Artenschwarms in der Vergangenheit die Seen aus Flüssen heraus besiedelt haben müssen (eine Reihe von Arten leben auch heute noch in Flüssen – schwarze Linienenden).

das von Bangladesch bis Sumatra reicht, und *Adamieta*, die in Südchina, Vietnam, Kambodscha und auf Borneo anzutreffen ist. (Abb. 2)

Diese Gattungen unterscheiden sich aber auch in Hinblick auf ihre Artenvielfalt. So ist lediglich eine *Sulcospira*-Art bekannt, die seit über hundert Jahren nicht mehr gefunden wurde und möglicherweise längst ausgestorben ist. Auf den Philippinen gibt es nur zwei Arten von *Jagora*, während etwa zwanzig *Adamieta*-Arten und dreißig *Brotia*-Arten bekannt sind. Die Gattung *Tylomelania* umfasst sogar mindestens 50 bekannte Arten. Da alle asiatischen Pachychilidae unter mehr oder weniger vergleichbaren Umweltbedingungen leben, stellt sich die Frage, wie solche gravierenden Unterschiede in der Anzahl der Arten erklärt werden können.

Neuere Erkenntnisse zeigen, dass die artenreichen Gruppen in der Tat überwiegend aus Radiationen hervorgegangen sind. Als Radiationen bezeichnet man die explosive Genese biologischer Diversität. Durch die Auffächerung von einer oder wenigen Stammarten in zahlreiche Tochterarten führen Radiationen zur Entstehung von Artenschwärmen. Doch unter welchen Umständen treten Radiationen auf? Und in welchen zeitlichen Dimensionen spielt sich die Entstehung der Artenschwärme ab?

Um diese Fragen zu beantworten, haben wir uns eingehender mit Artenschwärmen von Pachychiliden befasst, die bereits vor mehr als 100 Jahren in Seen des zentralen Berglandes auf der indonesischen Insel Sulawesi entdeckt wurden, und diese erneut mit Hilfe moderner Methoden untersucht. Unsere Forschungen erweckten diese Schnecken aus einem beinahe 90 Jahre währenden Dornröschenschlaf in Bezug auf ihre wissenschaftliche Bearbeitung, was einige erstaunliche Einblicke in die Verursachung und den Ablauf von Radiationen gewährte. Damit liefern unsere Beobachtungen nun auch eine Erklärung, warum nicht in allen Regionen genauso schnell und zahlreich Arten entstanden sind, wie etwa in den alten Seen auf Sulawesi.

Nach der letzten Bearbeitung durch Zoologen im Jahr 1913 waren insgesamt 24 *Tylomelania*-Arten aus diesen Seen bekannt. Seit 1999 gehen wir nun der Frage nach, ob diese Arten tatsächlich in Folge einer adaptiven Radiation entstanden sind. Von einer adaptiven Radiation spricht man dann, wenn die Tochterarten infolge einer anatomischen und ökologischen Differenzierung aus einer Ursprungsart hervorgegangen sind. Um eine solche Differenzierung nachzuweisen, sind gründliche morphologische Untersuchungen, etwa der

Radula und der Embryonalschalen, aber auch genetische Arbeiten nötig, die Aussagen zur Abstammung der einzelnen Arten liefern.

Dank unserer molekulargenetischen und anatomischen Studien können wir nachweisen, dass allein in den sechs Hochlandseen Sulawesi mehr als 37 verschiedene Schneckenarten der Gattung *Tylomelania* leben (Abb. 3 und 4). Das sind in unmittelbarer Nachbarschaft zueinander mehr eng verwandte Arten als in irgendeinem anderen Seensystem der Erde. Davon leben im Matano-See acht, im Mahalona-See elf und im Towuti-See sogar zwölf Arten. Aus dem etwas weiter abseits gelegenen Poso-See sind noch weitere zwölf Arten bekannt. Die anhand genetischer Stammbäume (Abb. 4) rekonstruierten Verwandtschaftsverhältnisse zeigen, dass alle diese *Tylomelania*-Arten in den Seen entstanden sind und auf nur vier Ursprungsarten zurückgehen, die zuvor unabhängig voneinander in die

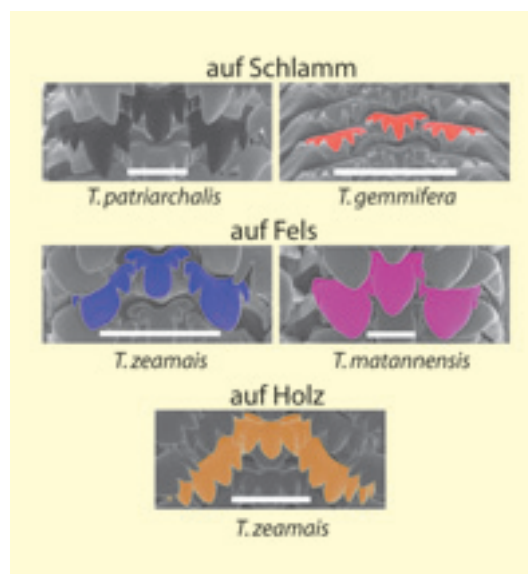


Abb. 5
Unterschiedliche Radulatyphen von vier *Tylomelania*-Arten aus dem Matano-See und die von ihnen jeweils bevorzugten Substrattypen.

Seen eingewandert sein müssen. In allen Fällen haben sich die neuen Arten morphologisch und ökologisch deutlich voneinander differenziert. Jede Art besiedelt beinahe ausschließlich ein bestimmtes Substrat, also beispielsweise Fels, Holz oder Schlamm. Damit einher gehen Unterschiede im Bau der Radula (Abb. 5); das wiederum lässt auf eine Spezialisierung der Arten auf verschiedene Nahrungsquellen schließen. Arten, die auf dem gleichen Substrat leben, unterscheiden sich besonders deutlich im Bau ihrer Radula, in ihrer Größe oder in ihrer Verbreitung in den Seen.

Diese Spezialisierung ermöglicht es, dass in den Seen bis zu sieben Arten sympatrisch, also im gleichen

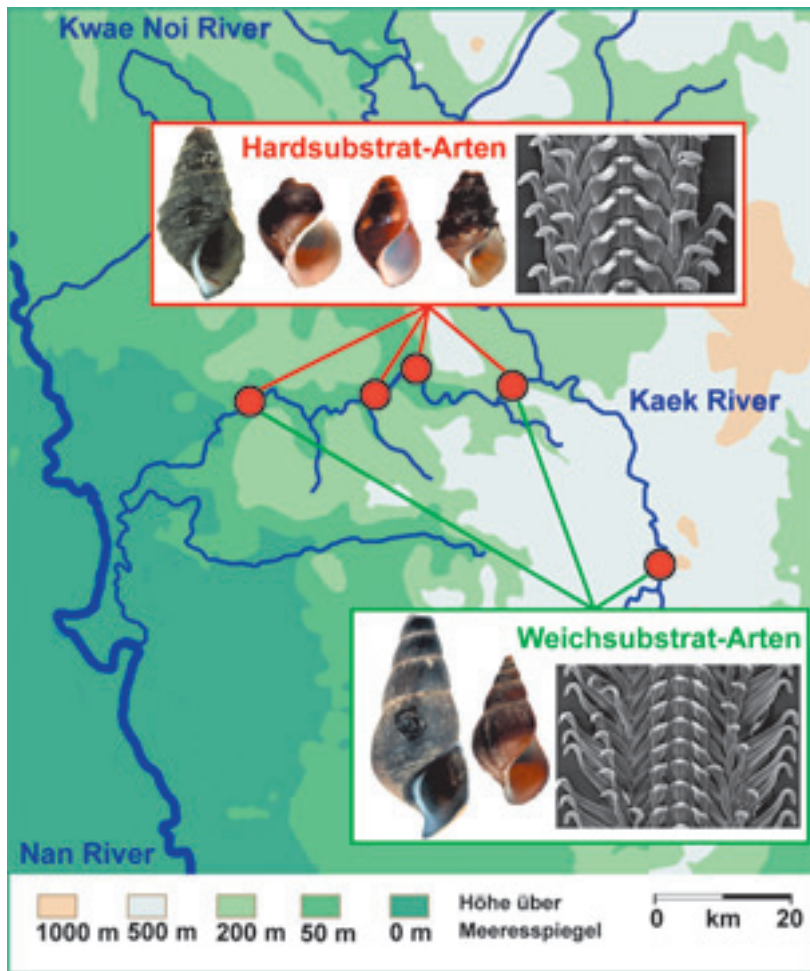


Abb. 6
Karte des Kaek-Rivers in Zentral Thailand mit den Fundpunkten verschiedener Arten
(oben: vier Hartsubstrat-Arten mit typischer Radula; unten: zwei Weichsubstrat-arten mit typischer Radula).

Gebiet vorkommen, ohne sich gegenseitig den Lebensraum streitig zu machen. Unterstützt wird dies durch die hohe Habitatvielfalt der Seen mit Flach- und Tiefwasserbereichen sowie vielen unterschiedlichen Substraten wie Sand, Schlamm, Fels, Holz usw. Besonders interessant ist hierbei, dass in einigen Fällen äußerlich gleiche Arten, die an einem Fundort sowohl auf Fels als auch auf Holz vorkommen, auf den jeweiligen Substraten unterschiedliche Radulaformen aufweisen. Möglicherweise ist dies die erste Stufe einer beginnenden Artenbildung durch ökologische Spezialisierung. Sollte diese Schlussfolgerung stimmen, dann beobachten wir in genau diesen Fällen die Evolution in Aktion – nämlich die Genese neuer Arten durch die beiläufige Entstehung von Fortpflanzungsbarrieren zunächst innerhalb einer Art aufgrund von Spezialisierung auf unterschiedliche Nahrungsquellen. Dabei spielen die bevorzugten Substrate offenbar eine wichtige Rolle. Wenn sich also einzelne Schneckenpopulationen etwa auf das Holz untergetauchter Urwaldbäume, andere auf felsigen Untergrund spezialisieren und sich

die Tiere untereinander nicht mehr verpaaren, dann leben sie sich – auch ohne räumliche Trennung – in Laufe der Zeit so weit auseinander, dass am Ende reproduktiv isolierte Tochterarten entstehen. Auf diese Weise wären aus einer Elternart zwei neue Arten entstanden, die sich ihren Lebensraum und die darin verfügbare Nahrung aufteilen. Mit diesem Szenario sind wir einem noch umstrittenen Evolutionsmechanismus auf der Spur. Denn nach der bisher gängigen Lehrbuchmeinung bilden sich neue Arten nur infolge ausreichend langer und klarer räumlicher Trennung. Noch fehlen uns leider wichtige Details in diesem Puzzle. Denn wir wissen nicht, wie die Unterschiede in der Radula entstehen und ob die Paarungsschranken zwischen den einzelnen Formen tatsächlich auch über evolutive Zeiträume aufrecht erhalten werden.

Aber gibt es Hinweise auf Radiationen wirklich nur in den Seen Sulawesi? Viele Pachychilidae, ob auf Sulawesi oder anderswo, sind ausgesprochene Flussbewohner. Im Vergleich zu Seen weisen Flüsse als Lebensräume einige Besonderheiten auf, aber einen Mangel an unterschiedlich strukturierten Bereichen mit spezifischen Eigenschaften sollte es zwischen den oft reißenden Oberläufen, den abwechslungsreichen Mittelläufen und den träge dahinfließenden Unterläufen der meisten Flüsse eigentlich nicht geben. Trotzdem gibt es nach den bisherigen Beobachtungen in ganz Südostasien jeweils nur eine oder wenige Arten in jedem Flusssystem. Zwar zeigte sich nach Sammlungen in Flüssen auf Sulawesi und in Thailand, dass auch deren Fauna diverser ist, als bisher bekannt. So wurden beispielsweise allein in Sulawesi in den letzten Jahren etwa 15 neue Arten entdeckt, die alle in Flüssen leben. Aber da diese Arten jeweils geographisch fein säuberlich getrennt leben und sich auch nicht auf bestimmte Substrate spezialisiert haben, fehlten zunächst Hinweise darauf, dass auch in Flüssen Radiationen auftreten können. Eine Erklärung dafür könnte sein, dass Flüsse im Vergleich zu Seen in zeitlichen und räumlichen Dimensionen gesehen instabilere Ökosysteme darstellen, und dass die stärker fluktuierenden Fluss-Lebensräume ihren Bewohnern nicht genügend Zeit für eine ökologische Trennung in beschränkten Arealen lassen. Möglicherweise sehen sich Fluss-Schnecken mit stetig veränderlichen Habitatstrukturen konfrontiert, die eine Spezialisierung auf ganz spezifische Bedingungen nicht zulassen.

Erst im Jahre 2003 legten unerwartete Beobachtungen, diesmal an Schneckenarten aus Thailand, den Schluss nahe, dass auch in Flüssen Artenschwärme vorkommen: Der Kaek-River, ein eher kleinerer Fluss in Zentralthailand, beherbergt einen kleineren Arten-

schwarm von mindestens acht *Brotia*-Arten, während bisher üblicherweise nur ein bis zwei Arten in einzelnen Flüssen gefunden wurden. Eine weitere Besonderheit des Kaek-Rivers ist, dass die Arten hier ebenso deutlich morphologisch differenziert sind, wie die Bewohner der Seen auf Sulawesi, und das, obwohl sie sehr eng miteinander verwandt sind, wie genetische Analysen belegen. Da diese Arten nirgendwo sonst außerhalb des Flusses vorkommen, müssen sie hier aus einer allen gemeinsamen Stammform entstanden sein – wir haben es also tatsächlich mit einer Radiation im Kaek-River zu tun. Zu prüfen bleibt jedoch noch, ob es sich auch um eine adaptive Radiation handelt, also gewissermaßen um ein Fluss-Pendant zu den Radiationen in den alten Seen Sulawesis. Das entscheidende Kriterium dafür wäre der Nachweis, dass die einzelnen Arten tatsächlich aufgrund unterschiedlicher ökologischer Spezialisierungen entstanden sind und nicht, wie eine alternative Erklärung lauten könnte, in eventuell nur zeitweise voneinander isolierten Abschnitten oder Nebenarmen des Flusses. (Abb. 6)

Erste Untersuchungen zeigen, dass einzelne Arten zum Teil deutlich voneinander abweichende Radulaformen besitzen. Allerdings fehlen bisher noch klare Anzeichen für eine Präferenz der einzelnen Arten für einzelne Substrate, wie Fels oder Schlamm, die als Hinweis auf damit einhergehende ökologische Spezialisierung der Arten gewertet werden können. Durch gezielte, nach Substraten getrennte Aufsammlung in verschiedenen Jahreszeiten versuchen wir derzeit herauszufinden, ob ein solcher Zusammenhang tatsächlich existiert.

Es sei dahingestellt, ob der Artenschwarm im Kaek River nun wirklich das Produkt einer adaptiven Radiation ist oder doch »nur« Folge einer komplexen, bisher noch unzureichend bekannten geologischen Geschichte. Die beiden hier vorgestellten Fälle legen jedenfalls die Vermutung nahe, dass Artenbildung infolge ökologischer Spezialisierung weit häufiger vorkommt, als dies bisher angenommen wurde. Somit käme nicht allein der Geographie eine entscheidende Rolle in der Speziation zu, sondern auch der Ökologie, wie es bereits Charles Darwin geahnt hat. Wir hoffen, dass unsere Untersuchungen an den Schnecken von Sulawesi und Thailand dazu beitragen, den Einfluss der Ökologie insbesondere auf Speziationen zu belegen. Erst dann wäre das oben erwähnte Darwinsche Geheimnis um den Ursprung der Arten wirklich gelöst.



Dr. Thomas von Rintelen

Jg. 1970, arbeitet seit 1997 über die Evolution und molekulare Systematik von tropischen Süßwasserorganismen am Museum für Naturkunde. Im Mittelpunkt stehen dabei Artbildungsprozesse bei Schnecken in alten Seen der indonesischen Insel Sulawesi, die auch Thema seiner Promotion (2003) an der Humboldt-Universität waren. Daneben beschäftigt er sich generell mit der Aufdeckung von Evolutionsmustern in limnischen Artenschwämen, wie neben den Schnecken beispielsweise Muscheln, Garnelen und Schwämmen. Hierbei interessieren ihn besonders Phänomene zwischenartlicher Hybridisierung im Kontext von Arterkennung und Artenbildung.



Dr. Frank Köhler

Jg. 1971, beschäftigt sich seit 1998 mit evolutionsbiologischen und biogeographischen Fragestellungen am Museum für Naturkunde. Der Schwerpunkt seiner Arbeiten liegt auf dem Gebiet der Systematik und Evolution von Süß- und Brackwasserschnecken. Zu diesem Thema wurde er auch 2003 an der Humboldt-Universität promoviert. Zur Zeit untersucht er in einem von der Deutschen Forschungsgemeinschaft geförderten Projekt die Evolution eines Artenschwarms von Süßwasserschnecken in Thailand. Darüber hinaus interessiert er sich für die Evolution und Biogeografie einer anderen Gruppe von an das Süßwasser gebundenen Tieren – von Fröschen. Hier interessieren ihn insbesondere die Entstehung reproduktiver Isolationsmechanismen bei europäischen Wasserfröschen und die Verwandtschaftsverhältnisse der Frösche Papua Neuguineas.

Kontakt

Museum für Naturkunde
der Humboldt-Universität
zu Berlin
Invalidenstr. 43
D-10115 Berlin

Tel.: +49 30 2093-8404
Fax: +49 30 2093-8565
E-Mail:
Frank.koehler@
museum.hu-berlin.de
thomas.rintelen@
museum.hu-berlin.de