© Münchner Ent. Ges., download www.biologiezentrum.at

Barcoding Fauna Bavarica - eine Chance für die Entomologie

Gerhard HASZPRUNAR

Einleitung

Der dramatisch schnell voran schreitende Verlust der Artenvielfalt hat neben ethischen Aspekten auch substanzielle ökonomische Auswirkungen. Globale Initiativen wie die Konvention über biologische Diversität, die inzwischen von 168 Staaten, darunter auch von Deutschland ratifiziert wurde, demonstrieren die Dringlichkeit der Anstrengungen zum Erhalt der biologischen Vielfalt auf unserem Planeten. Es gibt keinen Zweifel daran, dass Bayern sich dem globalen Klimawandel nicht entziehen kann. Viel tiefgreifender als die direkten Auswirkungen durch die Temperaturerhöhung, wie z. B. die Zunahme von Naturkatastrophen, wirken sich die wesentlich komplexeren Veränderungen der Biosphäre aus, welche die Menschen unmittelbar beeinflussen, wie z.B. die Land- und Forstwirtschaft, Parasiten, Krankheitsvektoren oder Schädlinge. Jede Analyse der zu erwartenden quantitativen und qualitativen Veränderungen erfordert aber eine möglichst genaue Kenntnis des aktuellen Zustandes. Erst die detaillierte Kenntnis der Artenvielfalt eines Gebietes macht es möglich, Veränderungen in der Faunenzusammensetzung zu registrieren und gezielte Schutzmaßnahmen einzuleiten. Europa hat eine stark verankerte, seit Jahrhunderten bestehende entomologische Tradition, aber selbst hier existiert für kein Land eine auch nur annähernd vollständige Faunenliste. Die bereits jetzt festellbaren Auswirkungen der Klimaveränderung machen eine schnelle Gesamtinventarisierung der Fauna Bavarica zum Gebot der Stunde.

In diesem Zusammenhang ist der eklatante Mangel an Spezialisten und insbesondere Taxonomen von zentraler Bedeutung. Dieses Problem wird von der Konvention über biologische Diversität als „taxonomic impediment" – taxonomisches Hindernis – bezeichnet und stellt global eines der gravierendsten Probleme dar, die den Maßnahmen zum Erhalt der biologischen Vielfalt entgegen steht. Seit über 20 Jahren wird dieses Thema auch international mit zunehmender Dringlichkeit diskutiert und dokumentiert. Inzwischen ist deutlich geworden, dass klassische Arteninventare in Anbetracht des rasanten Artenschwundes bei weitem zu lange dauern und nicht mehr finanzierbar sind.

Eine neue Ära

DNA-Barcoding (gemeint ist hier nicht DNA-Taxonomie!) ist ein in den letzten Jahren etablierter methodischer Ansatz (z.B. STEINKE & BREDE 2006, STÖCKLE & HEBERT 2008), welcher der hoch effizienten *ad hoc* Re-Identifizierung von Arten dient. Bereits kleinste Gewebeproben (oder etwa Magen- oder Fäcesproben) sind für dieses Verfahren ausreichend (analog etwa zu Vaterschafts- oder Tätertests), und sämtliche Lebensstadien (z.B. Larven) sind identifizierbar. In den allermeisten Fällen hat sich für Tiere (Metazoen) eine Teilsequenz des mitochondrialen COI-Gens (cytochrom *c* oxidase I) als geeignet für die Artunterscheidung erwiesen. Ausnahmen, die zusätzliche molekulare Merkmale erfordern würden, sind sehr junge Artenradiationen, wie sie etwa für Inseln typisch sind.

Es sei hier betont, dass DNA-Barcoding die Fachtaxonomen keineswegs überflüssig macht, sondern im Gegenteil deren außerordentlich wertvolle und seltene Expertise weit effizienter zum Einsatz kommen lässt (s.u.), indem sie von der Routinearbeit entlastet werden (siehe auch BALKE 2008). Zudem ist allgemein anerkannt, vor allem auch von Molekularbiologen, dass Arterkennung und somit der Aufbau von genetischen Datenbanken ohne Taxonomen unmöglich ist.

Ende 2008 hat die Bayerische Staatsregierung ein Großprojekt (2009–2013) bewilligt, welches die wissenschaftliche Grundlage für eine bayerische Gesamtinventur substanziell verbessern soll. „Barcoding Fauna Bavarica" will auf Internet-Datenbank-Basis einen Atlas mit artspezifischen Sequenzen für alle bayerischen Tierarten schaffen. Laut ENTOMOFAUNA GERMANICA (1998-2003) hat Bayern im Mittel 80-85% aller deutschen Arten auf seinem Staatsgebiet. Wir rechnen mit insgesamt 32.000–35.000 Tierarten, davon sind etwa 90% Insekten.

© Münchner Ent. Ges., download www.biologiezentrum.at

Ausgehend von mehreren Pilotstudien vor allem an Schmetterlingen unter der Leitung von Dr. Axel HAUSMANN sowie tropischen Wasserkäfern durch Dr. Michael BALKE und Dr. Lars HENDRICH (alle ZSM) wird der geplante DNA-Barcoding-Atlas Bayern eine innovative Datengrundlage jeder zukünftigen, eindeutigen Re-Identifikation Bayerischer Tierarten darstellen. Dies ist der Ausgangspunkt für (zu erwartende) Neubeschreibungen (so genannte „kryptische Arten") quer über alle Gruppen hinweg und vielfältigste wissenschaftliche Studien, z. B. zur Larvenbiologie, und zur genetischen Diversität Bayerischer Tierarten. Darüber hinaus dienen sie der unabhängigen Qualitätssicherung bei faunistischen Studien aller Art mit hoher Relevanz für die Biosphären-Veränderung auf Grund des Klimawandels sowie aller anderen anthropogenen Einflüsse.

Durchführung – wir brauchen Ihre Mithilfe

„Barcoding Fauna Bavarica" ist eingebettet in die internationale Initiative iBOL (International Barcode of Life, siehe <www.dnabarcoding.org/>) und kooperiert eng mit der University of Guelph in Kanada, wo ein gigantisches Sequenzier- und Barcodingzentrum aufgebaut wurde. Auch die Datenbank von iBOL, BOLD (Barcode of Life Data Systems; siehe RATNASINGHAM & HEBERT 2007) wird direkt genutzt. Dies reduziert nicht zuletzt auch die Gesamtkosten der Bayerischen Initiative ganz außerordentlich.

Die Kernaufgabe verlagert sich daher auf die Materialfrage. Um Systemfehler auszuschalten, werden pro Art vier Proben unterschiedlicher Herkunft (aber immer aus Bayern) sequenziert. Die Sammlungen der ZSM umfassen zwar die überwältigende Mehrzahl aller bayerischen Tierarten, allerdings ist das Material aufgrund des Alters bzw. der Präparationsweise nur teilweise für Sequenzierung geeignet. Wir brauchen daher möglichst frisches Material (meist genügt ein Bein, so dass der Körper ganz erhalten bleibt; z.B. KNÖLKE et al. 2005, ROWLE et al. 2007, HUNTER et al. 2008) von möglichst vielen Arten mit möglichst gestreuter Herkunft – hier sind die MEG und alle bayerischen Taxonomen mit all ihrem Wissen und Können gefragt. Es muss nicht extra betont werden, dass die Identifikation gesichert sein muss, auch benötigen wir genaue Fundortdaten und ein Digitalfoto für jedes Belegstück. Dies genügt als Mindestanforderung, auch wenn natürlich weiteres Bildmaterial, z. B. Lebendfotos, Abbildungen von Details oder Genitalstrukturen hinzugefügt werden können und sollen. Konkret werden unsere Kollegen gezielt auf MEG-Mitglieder zugehen, von denen bekannt ist, dass sie über jüngere, artenreiche und interessante Aufsammlungen verfügen. Darüber hinaus bitten wir aber auch um Meldung solcher Sammlungen bei der ZSM. Je nach Einzelfall können ZSM-Mitarbeiter die nötige Arbeit durch Besuche vor Ort selbst erledigen oder auch, wenn möglich, nach einer kurzen Schulung mit Einführung in die (einfachen!) Arbeitsschritte die Arbeit dem Sammlungsbesitzer selbst überlassen[1]. Letzteres hat den Vorteil, dass der Partner in Zukunft kontinuierlich interessantes Material ‚nachschieben' kann, z. B. auch als Ersatz für das zeitaufwändige Anfertigen von Genitalpräparaten.

Natürlich werden alle „Zulieferer" auf der im Entstehen begriffenen Webseite entsprechend gewürdigt, und natürlich stehen die entsprechenden Sequenzdaten den beteiligten Fachleuten dann auch sofort kostenfrei zur Verfügung. Allerdings muss das „Voucher"-Exemplar (das verbleibende Belegstück) verfügbar sein, um bei auftretenden Diskrepanzen schnell überprüft werden zu können. Es wird vorgeschlagen, das Belegtier der ZSM zu übereignen, um die öffentliche Verfügbarkeit dauerhaft zu sichern, wobei ein Verbleib in der Privatsammlung durch ‚Rück-Dauerleihe' bewerkstelligt werden kann. Auch die Rest-DNA wird nicht verworfen, sondern in unserer DNA-Bank (<www.zsm.mwn.de/dna-bank>) dauerhaft gelagert. Damit kann bei Bedarf „nachgelegt", d.h. zusätzliche Sequenzstudien können durchgeführt werden.

Bayern bzw. die ZSM wollen mit dem „Barcoding Fauna Bavarica"-Projekt Initialzünder und Vorreiter für die gesamte Region werden. Daher sind wir auch an Proben der angrenzenden Länder interessiert – dies stabilisiert letztlich auch die Ergebnisse aus Bayern. Allerdings bedarf es dazu einer Zusatzfinanzierung von 5 (nur fünf!) Euro pro Probe.

---

[1] Näheres zur Arbeitsweise siehe auch bei den Ausführungen auf Seite 48 ff. (Anm. d. Red.).

© Münchner Ent. Ges., download www.biologiezentrum.at

Ich möchte Sie (ja genau, Sie!) daher motivieren, sich in den Dienst der guten Sache zu stellen und sich in das „Barcoding Fauna Bavarica"-Projekt einzubringen – zum Wohle der bayerischen Entomologie (siehe auch BEHURA 2006). Für nähere Auskünfte steht der Autor, aber auch die Kollegen der Entomologie an der ZSM gerne zur Verfügung.

Literatur

BALKE, M. 2008: Taxonomische Revolutionen 250 Jahre nach LINNÉ: Was DNA-Sequenzen sind, was sie können und was nicht. – Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen **57**, 90-94.

BEHURA, S. K. 2006: Molecular marker systems in insects: current trends and future avenues. – Molecular Ecology **15**, 3087-3114.

EKREM, T., WILLASSEN, E. & E. STUR 2007: A comprehensive DNA sequence library is essential for identification with DNA barcodes. – Molecular Phylogeny and Evolution **43**, 530-542.

HEBERT, P. D. N. & T. R. GREGORY 2005: The promise of DNA barcoding for taxonomy. – Systematic Biology **54**, 852-859.

HUNTER S. J., GOODALL, T. I., WALSH, K. A., OWEN, R. & J. C. DAY 2008: Nondestructive DNA extraction from blackflies (Diptera: Simuliidae): retaining voucher specimens for DNA barcoding projects. – Molecular Ecology Resources **8**, 56-61.

ENTOMOFAUNA GERMANICA 1998-2003: www.entomofaunistische-gesellschaft.de.

KNÖLKE, S., ERLACHER, S., HAUSMANN, A., MILLER M. A. & A. H. SEGERER 2005: A procedure for combined genitalia dissection and DNA extraction in Lepidoptera. – Insect Systematics and Evolution **35**, 401-409.

PADIAL, J. M. & I. DE LA RIVA 2007: Integrative taxonomists should use and produce DNA barcodes. – Zootaxa **1586**, 67-68.

RATNASINGHAM, S. & P. D. N. HEBERT 2007: BOLD: The Barcode of Life Data System. – http://www.barcodinglife.org. Molecular Ecology Notes **7**, 355-364.

ROWLE, D. L., CODDINGTON, J. A., GATES, M. W., NORRBOM, A. L., OCHOAM, R. A., VANDENBERG, N. J. & M. H. GREENSTONE 2007: Vouchering DNA-barcoded specimens: test of a nondestructive extraction protocol for terrestrial arthropods. – Molecular Ecology Notes **7**, 915-924.

STEINKE, D. & N. BREDE 2006: Taxonomie des 21. Jahrhunderts. DNA-Barcoding. – Biologie in unserer Zeit **36**, 40-46.

STOECKLE, M.Y. & P. D. N. HEBERT 2008: Barcode of life. – Scientific American **299**, 82-88.

Anschrift des Verfassers:

Prof. Dr. Gerhard HASZPRUNAR,
Zoologische Staatssammlung München
Münchhausenstrasse 21, D-81247 München
e-mail: haszi@zsm.mwn.de

Aus der Münchner Entomologischen Gesellschaft

Bericht über das 25. Treffen der südostbayerischen Entomologen

(mit Kurzfassung des Vortrages von Dr. A. SEGERER: *Zu viel Trara um DNA?*)

Das Herbsttreffen der südostbayerischen Entomologen in Rohrdorf fand am 14. Okt. 2008 mit etwa 20 Teilnehmern statt. RUCKDESCHEL wies eingangs auf die Jubiläumszahl hin und erinnerte an die Anfänge des Treffens: Die Mitgründer, E. SCHEURINGER und der leider bald verstorbene L. WIHR, hatten den Mut, sich für diese Unternehmung zu engagieren, deren Erfolg damals keineswegs sicher war. Dafür verdienen

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen

Jahr/Year: 2009

Band/Volume: 058

Autor(en)/Author(s): Haszprunar Gerhard

Artikel/Article: Barcoding Fauna Bavarica - eine Chance für die Entomologie. 45-47