© 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

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

sie den Dank der inzwischen stattlichen Teilnehmerschar. Das erste Treffen fand am 23. Sept. 1996 im Gasthof Alte Post in Siegsdorf mit 15 Teilnehmern statt, von denen die meisten bis heute regelmäßig teilnehmen. Das Treffen ist aus dem Kalender der Entomologen nicht mehr weg zu denken. Das Konzept, einen Vortrag über ein aktuelles Thema mit ausreichender Gelegenheit für den Erfahrungsautausch zu verbinden, hat sich bewährt. Die Mitwirkung von A. SEGERER als Vertreter der ZSM berechtigt zur Hoffnung, dass das Treffen auch in die nächste Generation weiter getragen wird.

RUCKDESCHEL berichtete zunächst über das **Projekt „Schilfeulen“,** dessen Durchführung beim Frühjahrstreffen beschlossen worden war. Im Mai wurde deshalb bei der Regierung von Oberbayern Antrag auf naturschutzrechtliche Ausnahmegenehmigung für dieses Projekt gestellt. Bereits nach 2 Wochen lag die bis 31.10.2010 befristete Genehmigung vor. Dabei wurde ein neuer Weg beschritten, der den Vorschlägen der MEG zur Vereinfachung der Sammelgenehmigungen entspricht: Genehmigungsinhaber ist die MEG, die das Projekt koordiniert. Die von uns benannten Mitarbeiter sind in der Genehmigung namentlich aufgeführt und haben einen Abdruck der Genehmigung erhalten.

In diesem Jahr wurde bereits eifrig nach Schilfeulen gefahndet. KARL übergab bereits eine erste Ergebnisliste, die z.B. neue Nachweise von *Archanara sparganii* ESP. enthält. RUCKDESCHEL weist darauf hin, dass das Projekt noch 2 Jahre läuft und dass Interessenten nachgemeldet werden können. KAESSWEBER und MAI sind in der Genehmigung noch nicht aufgeführt und werden nachgemeldet.
Für die Datenmeldungen sollen die „gelben“ Meldeblätter des LfU verwendet werden, die zusammen mit einem Hinweisblatt (-nur ein Teil der Felder muss ausgefüllt werden-) verteilt wurden.

Anschließend leitete er zum **Vortrag des Abends** über:

Auch die Amateurentomologen würden immer häufiger mit Stichworten, wie „DNA-Analyse“, „Barcode-Methode“ usw. konfrontiert, deren Bedeutung zu beurteilen mit veraltetem Schulwissen schwer fällt. Glücklicherweise gehört unserem Kreis ein Entomologe an, der aufgrund eigener Forschungsprojekte (z.B. Gattung *Dioryctria*!) bereits über umfangreiche Kenntnisse und Erfahrungen verfügt: A. SEGERER übernahm den Abendvortrag mit dem Thema „**Zu viel Trara um DNA?**“. Die zahlreichen, instruktiven Bilder und Diagramme erleichterten das Verständnis der schwierigen Materie:

Einführend verwies der Referent auf die Bedeutung der modernen Methoden für die Taxonomie und Phylogenetik. In der „molekularen Taxonomie“ werden taxonomische Methoden auf Merkmale von Biomolekülen, z. B. DNA, angewandt. Grundlage von Mutationen sind genetische Unterschiede, die auf molekularer Ebene analysierbar sind. Dies lässt sich auf die Abgrenzung von Arten und die Analyse ihrer Verwandtschaft anwenden.

Der Referent stellt zunächst die biochemischen Grundlagen dar: Träger der Erbinformationen ist die DNA (Desoxyribonukleinsäure). Sie findet sich im Zellkern, aber auch in den Mitochondrien und Chloroplasten - Zellorganellen, die für die Zellatmung bzw. Photosynthese verantwortlich sind. Bei ihnen handelt es sich um ehemalige Bakterien, die in der Frühzeit der biologischen Entwicklung mehrfach von Zellen vereinnahmt wurden (sog. Endosymbiosen). Die DNA des Zellkerns befindet sich in den Chromosomen. Sie bestehen aus spiralförmig aufgerollten Riesenmolekülen, deren Struktur (Doppelhelix mit den vier organischen Basen Adenin (A), Guanin (G,) Thymin (T) und Cytosin (C)) der Referent erläuterte. Die Gene sind Abschnitte dieser Riesenmoleküle. Entscheidend für die Realisierung der Erbinformationen ist die Reihenfolge der vier Basen, die einen Code aus vier Buchstaben darstellt (genetischer Code; analog zu einer textlichen Bauvorschrift). Der Referent erläuterte dann auch die Mechanismen der Zellteilung, wobei die Tatsache entscheidend ist, dass sich in der Doppelhelix nur bestimmte Basenpaare gegenüber stehen können, nämlich A-T, T-A, G-C und C-G. Andere Paarungen sind nicht möglich. Bei der Zellteilung spaltet sich die Doppelhelix wie ein Reißverschluss in 2 Teile; jede Hälfte ergänzt sich dann wieder zu einer Doppelhelix mit gleicher A-, T-, G-, C-Abfolge. Dabei treten aber selten, mit einer Häufigkeit von 1 : 1 Mio. oder 1 : 10 Mio. „Baufehler“ auf. Dies sind Mutationen, die für das Lebewesen zumeist „negativ“ oder neutral sind, vereinzelt aber auch positive Beiträge zur Evolution leisten.

Die heute in der Zoologie gebräuchlichen Methoden der DNA-Analytik nutzen zumeist die in den Mitochondrien vorhandene DNA für Artabgrenzungen. Schlüsseltechnologie ist die 1983 von Kary MULLIS entdeckte PCR (Polymerase Chain Reaction). Hierzu wird zunächst die DNA thermisch „denaturiert“, um den Doppelstrang zu öffnen. Dann wird der für die Analyse ausgewählte Abschnitt (Standard: Abschnitt COI = „Cytochrom-Oxidase I Gen“) mittels sog. „Primer“ beidseitig auf der DNA

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

markiert. Mittels PCR kann dann der Abschnitt COI in jedem Arbeitsschritt verdoppelt werden. Nach *n* Arbeitsschritten liegen 2 exp.*n* identische Molekülabschnitte vor (für *n*= 20 z.B, über 1 Mio.), eine ausreichende Menge für die Weiterbearbeitung. Das Reaktionsprodukt wird in einem Gel unter elektrischer Spannung („Elektrophorese") in Fraktionen getrennt. Die interessierenden Fraktionen werden dann in einem „Sequencer" hinsichtlich ihrer Basenabfolge analysiert. Das Ergebnis liest sich etwa wie: ACGGTCCAGTAA……

Die Analyse des Abschnitts COI der Mitochondrien-DNA hat einige Vorzüge:

- Das Verfahren ist standardisiert,
- in den Zellen sind viele Mitochodrien,
- die passenden Primer sind erhältlich,
- die Mitochondrien-DNA weist eine relativ hohe Mutationsrate auf und ist daher gut geeignet auf Artenebene, weniger geeignet hingegen für phylogenetische Analysen auf Gattungs- oder gar Familienebene.

Zwischen verwandten Arten ergeben sich bei der Basenabfolge Differenzen im Bereich weniger Prozent! Für die phylogenetische Auswertung steht Standardsoftware zur Verfügung, die eine Ähnlichkeitsmatrix, vergleichbar den morphologisch abgeleiteten Kladogrammen, liefert.

Der Referent legte anschließend die mit der neuen Methode verbundenen Probleme dar. Der von der Software abgeleitete „Stammbaum" wird oft kritiklos als „Phylogenese" akzeptiert. Dabei werden jedoch einige Sachverhalte übersehen:

- Die „molekulare Uhr", d.h. die Mutationsrate, kann von Gruppe zu Gruppe sehr unterschiedlich sein. Dementsprechend sind Prozentunterschiede der Basenabfolge bei „stationären" oder „dynamischen" Arten biologisch unterschiedlich zu bewerten.
- Der Artbegriff ist Definitionssache. Der Referent erläuterte die verschiedenen Definitionskonzepte (bes. morphologisches Konzept / Biospezies-Konzept). Jedes Konzept hat Vor- und Nachteile. Definitionsprobleme ergeben sich z.B. bei Hybriden, bei „kryptischen" Arten, bei Arten „in statu nascendi" oder bei Arten mit asexueller Vermehrung. Genitalien erlauben oft eine aussagekräftigere Artdifferenzierung als habituelle Merkmale. Es sei im Einzelfall zu prüfen, in wie weit morphologische, morphometrische oder ökologische Unterschiede mit der Speziation einhergehen und auf welchem taxonomischen Niveau (Unterart, Art, Form…) sie sich bewegen.

Fazit: Alleine der Prozentsatz der Basen-Unterschiede auf den untersuchten DNA-Abschnitten kann eine Artentrennung nicht begründen; nur eine komplexe Analyse, die morphologisch-biologische Detailkenntnisse der Gruppe voraussetzt, ist sachgerecht!

Der Referent behandelte auch das in Kanada entwickelte, als „DNA-Barcode" bekannte Verfahren. Es wird zur Identifizierung bekannter Arten eingesetzt und ist heute schon recht preiswert. Erforderlich ist jedoch eine ausreichend große Datenbasis. Wenn z.B. die Barcodes aller bayerischen Schmetterlinge bekannt sind, könnte das Verfahren zur „Schnellbestimmung" eingesetzt werden. Auch hier gibt es aber Problemarten.

Der Referent brachte dann praktische Beispiele aus seiner Forschungsarbeit: Für die europäischen Pyraliden der Gattung *Dioryctria* konnte nur unter Einbeziehung morphologischer, ökologischer *und* molekularer Merkmale ein robuster, plausibler Stammbaum erstellt werden. Bei *Mesapamea* unterstützte die DNA-Analyse die Trennung von *M. secalis* und *M. secalella*.

Für den Sammler besonders wichtig waren die *Hinweise über die erforderliche Konservierung des Materials*. In wässriger Umgebung zersetzt sich die DNA sehr schnell. Auch mit Chloroform und Essigäther wurden keine guten Erfahrungen gemacht. Zur Tötung sollte daher vorzugsweise Zyankali verwendet werden; kurzfristiges (ca. 20 min.) Aufweichen in konzentrierter Ammoniakatmosphäre schadet nicht. Wenn eine DNA-Analyse geplant ist, sollte am besten ein Körperteil (z.B. Abdomen) bald nach der Tötung in 100% Alkohol ohne Zusätze (also kein Spiritus!) konserviert werden. Wegen der Empfindlichkeit gegenüber Wasser sollte das Material keinesfalls in eine Aufweichdose gelegt werden. Als Alternative zur Einbringung in wasserfreien Alkohol empfiehlt sich eine Schnelltrockung (Sonne, Blaugel).

Am Schluss fasste SEGERER die Voraussetzungen für eine kompetente Anwendung der neuen Methoden zusammen. Der Königsweg ist eine integrative Analytik, die neben den Ergebnissen der Mole-

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

kularbiologie auch die Erkenntnisse der Morphologie, Biologie, Ökologie und Zoogeografie anwendet. Der Entomologe, der aus den Ergebnissen der DNA-Analytik systematische oder phylogenetische Folgerungen ziehen will, sollte die betreffende Gruppe genau kennen und hierzu auf ein „genetisches Framework" zurückgreifen können.

Molekulare Marker können äußerst elegant zur Klärung taxonomischer Fragen genutzt werden und sind unter anderem sehr hilfreich zur Beurteilung von schwierigen Taxonkomplexen – aber eben nur unter Berücksichtigung und fachkompetenten Bewertung *aller* Merkmale, auch der „klassischen".

Der exzellente Vortrag stieß auf großes Interesse und löste eine lebhafte Diskussion aus. Auf eine Frage hin erklärte der Referent, dass alle Stadien der Morphogenese (Ei, Raupe, Puppe, Imago) die gleichen Ergebnisse liefern, da überall das gleiche Erbgut gespeichert ist. Eine weitere Frage bezog sich auf die morphologischen Unterschiede (Färbung), die bei alpinen Populationen auf Kalk und Urgestein auftreten. Hierzu gibt es noch keine schlüssigen Untersuchungsergebnisse, es sei aber wohl nicht zu erwarten, dass man hier relevante Unterschiede im COI-Gen finden würde – schließlich sind es adaptive Anpassungen ein- und der selben Art. Zur Frage, wann eine habituell abweichende Population als Unterart oder Art zu definieren sei, ergab die Diskussion, dass eigentlich Kreuzungsversuche erforderlich wären, die aber kaum jemand macht. Gleiche Genitalarmaturen sprechen dann eher für Subspezies-Status. Letztendlich sind die meisten Artbeschreibungen nur Arthypothesen des betreffenden Spezialisten, da die Kriterien des Biospezieskonzepts kaum untersucht werden oder untersucht werden können.

SEGERER schlägt eine Verschiebung des Veranstaltungsbeginns auf 19.30h vor, damit die Berufstätigen mit einem längeren Anfahrtsweg teilnehmen können. Dies entspräche dem früher üblichen Beginn, der aber auf Wunsch von Teilnehmern vorverlegt wurde. Man einigte sich nun auf den Kompromiss, den Beginn auf 19.30h (pünktlich! „s..t = sine tempore") festzulegen.

Die nächsten Treffen (Rohrdorf, Hotel zur Post):

26. Treffen: Di., 31. März 2009, 19.30 s.t. O. CZADEK: Lichtbildervortrag: *„Die Kanaren, ein entomologisches Abenteuer"* Teil II)

27. Treffen: Di., 27. Okt 2009, 19.30 s.t. W. RUCKDESCHEL u. E. SCHEURINGER: *„Auswertungen zu südostbayerischen Noctuiden"* (Rest Amphipyrinae, Cuculliinae, mit Lichtbildern).

Walter RUCKDESCHEL

Einladung zur ordentlichen Mitgliederversammlung 2009

Die Mitgliederversammlung 2009 der Münchner Entomologischen Gesellschaft e.V. findet wieder unmittelbar vor dem Entomologentag am Freitag, dem 13. März 2009 statt. Beginn 17.00 Uhr, im Hörsaal der Zoologischen Staatssammlung, Münchhausenstr. 21, D-81247 München. Es ergeht hiermit eine herzliche Einladung an alle Mitglieder.

Tagesordnung:

TOP 1: Eröffnung und Festlegung der Tagesordnung, **TOP 2**: Jahresbericht 2008, **TOP 3**: Bericht des Schatzmeisters und der Kassenprüfer, **TOP 4**: Planung für das kommende Jahr, Haushaltsplan für das neue Jahr , **TOP 5**: Verschiedenes.

Tagungsankündigungen

Fachtagung. „Diptera und ihre Jugendstadien in aquatischen und semiaquatischen Ökosystemen in Europa" vom 13. - 16. März 2009, Bad Bevensen, Gustav-Stresemann-Institut. Organisator: Deutsche Gesellschaft für Limnologie e.V. Arbeitsgruppe Taxonomie für die Praxis, Infos: www.ak-diptera.de. Kontakt: erik.mauch.verlag@t-online.de.

Entomologentagung der Deutschen Gesellschaft für allgemeine und angewndte Entomologie (DGaaE) vom 16. - 19. März 2009 in der Universität Göttingen. Infos: www.dgaae.de. Kontakt: svidal@gwgd.de.

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): Ruckdeschel Walter E.W.

Artikel/Article: Bericht über das 25. Treffen der südostbayerischen Entomologen (mit Kurzfassung des Vortrages von Dr. A. Segerer: Zu viel Trara um DNA?). 47-50