

## Aus der Münchner Entomologischen Gesellschaft

### Editorial

*Traditionsgemäß wurde der Hauptvortrag des Bayerischen Entomologentages in der letzten Ausgabe des Nachrichtenblattes (59 (3/4) 2010) abgedruckt. Dieser Vortrag und dessen Publikation führte zu recht unterschiedlichen Reaktionen. Zu einem der Diskussionspunkte, dem DNA Barcoding, wollen daher die am Projekt „Barcoding Fauna Bavarica“ direkt beteiligten Wissenschaftler der ZSM einige Fakten und Ergebnisse aus erster Hand beisteuern.*

### 5 Fakten zum DNA Barcoding aus der zweijährigen Praxis des Fauna-Bavarica-Projektes (BFB)

**Axel HAUSMANN, Michael BALKE, Lars HENDRICH,  
Stefan SCHMIDT, Andreas H. SEGERER & Gerhard HASZPRUNAR**

Der im letzten Nachrichtenblatt leider kommentarlos publizierte Vortrag (zur Genese siehe das Editorial des vorliegenden Heftes) von Prof. KLAUSNITZER unter dem Titel „Entomologie – *quo vadis?*“ führte, wie nicht anders zu erwarten war, zu heftigen Diskussionen. Zu den diversen, im Vortrag kritisch beleuchteten Punkten gehörte auch der Stellenwert neuer Untersuchungsmethoden, namentlich molekulare Taxonomie und Barcoding-Verfahren. Wir leiten hier aus der nunmehr zweijährigen Praxis des Fauna-Bavarica-Projektes fünf Fakten ab, die belegen, dass DNA Barcoding einer Landesfauna sinnvoll, notwendig und möglich ist. Im Übrigen haben wir erst kürzlich in dieser Zeitschrift dargelegt, „was DNA Sequenzdaten sind, was sie können und was nicht“ (BALKE 2008, HENDRICH 2009, HASZPRUNAR 2009).

#### *(1) DNA Barcoding einer Landesfauna ist zielführend, die DNA-Bibliothek wächst rasch*

In den ersten 24 Monaten des Projektes sind für 5.000 bayerische Tierarten Barcodes generiert worden, weitere 2.500 Arten sind schon erfasst und in den Prozess eingeschleust. Von den etwa 3.200 Arten der bayerischen Schmetterlinge liegen uns bereits die Barcodes von fast 2.200 Arten (69%) vor. Bei den Wildbienen sind es 450 von den rund 500 bayerischen Arten (90%). Fast die Hälfte aller bayerischen Käferarten haben schon ihren Barcode. 2011 wird das „Jahr der Fliegen“. Durch die Kooperation mit Kanada (Universität Guelph / Genome Canada) ergriff der Freistaat Bayern bzw. die ZSM die einmalige Chance, die gesamten Laborarbeiten kostenfrei außer Haus erledigt zu bekommen sowie die hochwertige Datenbank BOLD (vgl. RATNASINGHAM & HEBERT 2007) verfügbar zu nutzen. Die detaillierten Datensätze dazu (in der laufenden Projektphase circa 50.000!) werden öffentlich zugänglich gemacht, bleiben nachhaltig, ihre Nutzung ist frei. Die Sequenzierung zum Zweck von Re-Identifikation und Monitoring (z.B. auch Kontrolle von Umweltgutachten) wird immer billiger, und liegt derzeit schon bei einigen wenigen Euro pro Probe.

#### *(2) Re-Identifikation per DNA Barcoding ‚funktioniert‘*

Erste Auswertungen, z.B. bei den Schmetterlingen, zeigen, dass 98% der Arten eindeutig re-identifizierbar sind (HAUSMANN et al. 2011). Das zeigt sowohl die hohe Qualität der in den vergangenen Jahrhunderten geleisteten taxonomischen Arbeit, aber auch die Präzision, Effektivität und

Effizienz der neuen Methodik. Nur in einigen wenigen Teilgruppen ist die Auflösungsgenauigkeit geringer, in anderen ist sie den bisher möglichen Bestimmungsverfahren überlegen. Erst jüngst wurde zum Beispiel die Bedeutung von DNA Barcoding für den Einbezug von Chironomiden-Weibchen (bisher unbestimmbar) bei Emergenz-Nachweisen herausgestellt: fast 30% mehr Artnachweise insbesondere bei seltenen Arten (EKREM et al. 2010)! In mehreren Pilotprojekten hat auch die Identifikation von Larvenstadien ihren Praxistest bestanden (z.B. GOSSNER & HAUSMANN 2009). Sogar Eier, leere Puppenexuvien oder Hautpartikel aus Raupenhäutungen genügen.

### *(3) DNA Barcoding einer Landesfauna ist sinnvoll und notwendig*

Hinter dem DNA Barcoding steckt eine hoch innovative, visionäre und gründlich durchdachte Idee, die Liste von nützlichen Entwicklungen und Anwendungen ist lang. Der Aufbau einer öffentlichen Referenz-Bibliothek des Lebens mit Georeferenzierung, Fotografie, Sammlungs- und Sequenzdaten eröffnet ungeahnte Perspektiven für Identifizierung und Monitoring, was schon unter (1) und (2) angesprochen wurde. Darüber hinaus haben die generierten Daten eine hohe Relevanz für die Zukunft der Taxonomie: Barcoding kann zwar keine Taxonomen ausbilden, aber es kann künftigen Taxonomen die Einarbeitung in eine Insektengruppe sehr erleichtern. Beim Vorliegen vollständiger Gendatenbanken kann jeder Student und Schüler, aber auch Fachleute oder Behörden, künftig die Determination von Organismen zuverlässig absichern lassen.

Doch abgesehen von solchen Zukunftsvisionen zeichnet sich schon jetzt ein weiter ganz konkreter Nutzerkreis für Barcoding-Datenbanken vor allem in der angewandten Ökologie ab. Schädlinge, Parasiten oder deren Larven lassen sich damit nämlich schnell und einfach bestimmen. Das war bisher vielfach kaum oder nur mit sehr hohem Zeitaufwand möglich. Lebensmittel- und Saatgutkontrolle, Kontrolle von Krankheitsvektoren und Einwanderern, Forensik, Zoll, Anschlussforschung zur Artenvielfalt, Ökologie und Evolution und weitere Beispiele für Nutzen und Anwendungsmöglichkeiten des Barcoding sind auf unserer Website genannt (siehe [www.faanabavarica.de](http://www.faanabavarica.de)) und fanden bereits in der Praxis sowie in vielfachen Publikationen ihren Niederschlag.

### *(4) DNA Barcoding hilft, kryptische Arten zu erkennen*

Mit zunehmender Vervollständigung der DNA-Referenzbibliothek lässt sich deren Aussagekraft bezüglich Re-Identifikation von Arten immer deutlicher bewerten. Damit einhergehend beweist die Methodik in zunehmendem Maße ihre Bedeutung zur Erkennung übersehener Arten-Vielfalt. Alleine im Jahr 2010 hat DNA Barcoding unter den bayerischen Wasserkäfern vier Fälle – durchwegs extrem häufige Arten – aufgedeckt, in denen morphologisch kryptische Arten verkannt worden waren. Dabei handelt es sich um Arten, die seit Langem beschrieben waren, aber dann – zu Unrecht – synonymisiert wurden. Derzeit arbeiten Taxonomen daran, diese irrtümlichen Synonymisierungen aufzuheben und detaillierte morphologische Wiederbeschreibungen anzufertigen.

Ähnliches gibt es von den Schmetterlingen zu berichten. Neben mehreren möglichen Kryptospezies wurden hier auch neue Faunenelemente entdeckt, die seit Jahrzehnten mit trivialen, morphologisch deutlich verschiedenen einheimischen Arten verwechselt worden waren (SEGERER et al. 2010; SEGERER et al. 2011 und weitere Publikationen in Vorber.).

Teilweise ergeben sich Hinweise auf mögliche unerkannte Arten erst unter Einbeziehung überregionaler Datensätze, wie sie Dank der zahlreichen weltweiten Barcoding-Initiativen in wachsender Menge verfügbar werden. Daraus erwachsen viele wertvolle nationale und internationale Kooperationen.

### *(5) DNA Barcoding steht in Synergie mit „klassischen Methoden“*

Die Überprüfung bestehender Hypothesen durch möglichst viele unabhängige Methoden ist ein Kernmerkmal des naturwissenschaftlichen Erkenntnisprozesses. DNA Barcoding ist ein neuartiges und erwiesenermaßen in fast allen Artgruppen extrem zuverlässiges Hilfsmittel zur Artbestimmung. In den Grenzen seines Gültigkeitsbereiches lassen sich dadurch bestehende, auf „klassischen Methoden“ basierende Arthypothesen auf ihre Robustheit testen, wie umgekehrt auch die vorhandenen „klassischen Methoden“ die Aussagekraft des Barcoding auf die Probe stellen und seine Stärken und Schwächen herausarbeiten.

Molekulare Techniken wie DNA Barcoding machen „klassische Methoden“ der Taxonomen nicht überflüssig, sondern erweitern im Gegenteil die vorhandenen Werkzeuge um eine weitere Dimension und leisten damit einen substantiellen Beitrag zu den vielfach und mit Recht eingeforderten integrativen Ansätzen in der Taxonomie (vgl. z.B. SCHLICK-STEINER et al. 2010).

Im Jahr 2011 geht das Bayerische Barcoding-Projekt in eine neue Phase, wo in vielen Insektengruppen bereits „auf Lücke“ gesucht und gearbeitet wird. Unsere Projektseite [www.faanabavarica.de](http://www.faanabavarica.de) gibt darüber im Detail Auskunft. Ungeachtet aller Querschüsse hoffen wir auch weiterhin auf Ihre Mithilfe – damit Entomologie in Bayern Spitze bleibt.

### 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** (3/4), 90-94.
- EKREM, T., STUR, E. & P. D. N. HEBERT 2010: Females do count: Documenting Chironomidae (Diptera) species diversity using DNA barcoding. – *Organisms, Diversity and Evolution* **10** (5), 397-408.
- GOSSNER, M. & A. HAUSMANN 2009: DNA barcoding enables the identification of caterpillars feeding on native and alien oak. – *Mitteilungen der Münchner Entomologischen Gesellschaft* **99**, 133-138.
- HASZPRUNAR, G. 2009: Barcoding Fauna Bavarica – eine Chance für die Entomologie. – *Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen* **58** (1/2), 45-47.
- HAUSMANN, A., HASZPRUNAR, G. & P. D. N. HEBERT 2011: DNA barcoding the geometrid fauna of Bavaria (Lepidoptera): Successes, surprises, and questions. – *PLoS Biology* (im Druck).
- HENDRICH, L. 2009: Darwins Traum und die Evolution australischer Schwimmkäfer – Vortrag zum Entomologentag der Münchner Entomologischen Gesellschaft am 13. März 2009. – *Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen* **58** (3/4), 97-105.
- RATNASINGHAM, S. & P. D. N. HEBERT 2007: BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). – *Molecular Ecology Notes* **7** (3), 355-364.
- SCHLICK-STEINER, B. C., STEINER, F. M., SEIFERT, B., STAUFFER, C., CHRISTIAN, E. & R. H. CROZIER 2010: Integrative taxonomy: A multisource approach to exploring biodiversity. – *Annual Review of Entomology* **55**, 421-438.
- SEGERER, A. H., HASLBERGER A. & T. GRÜNEWALD 2010: Occurrence of *Olethreutes subtilana* (Falkovitsh, 1959) in Central Europe uncovered by DNA barcoding (Tortricidae: Olethreutinae). – *Nota lepidopterologica* **33** (2), im Druck.
- SEGERER, A. H., GRÜNEWALD, T. & A. HASLBERGER.: Entdeckung zweier unerwarteter Schmetterlingsarten in Bayern mit Hilfe von „DNA Barcoding“ (Lepidoptera: Eriocraniidae, Tortricidae). – *Nachrichtenblatt der bayerischen Entomologen* **60** (1/2), 44-47.

### Anschriften der Verfasser:

Dr. Axel HAUSMANN, Dr. Michael BALKE, Dr. Lars HENDRICH,  
 Dr. Stefan SCHMIDT, Dr. Andreas H. SEGERER, Prof. Dr. Gerhard HASZPRUNAR  
 Alle: Zoologische Staatssammlung München  
 Münchhausenstr. 21, D-81247 München  
 Webpages: [www.zsm.mwn.de](http://www.zsm.mwn.de), [www.faanabavarica.de](http://www.faanabavarica.de)  
 E-Mail: [haszi@zsm.mwn.de](mailto:haszi@zsm.mwn.de)