

Bericht über das 29. Treffen der südostbayerischen Entomologen

Das Herbsttreffen der südostbayerischen Entomologen am 16. November 2010 in Rohrdorf war mit über 30 Teilnehmern wieder sehr gut besucht. Wir konnten auch wieder mehrere Kollegen aus Salzburg und Tirol begrüßen, die regelmäßige Teilnehmer unseres Treffens sind. Erfreulich war auch die Präsenz einiger „besserer Hälften“, die immer dafür sorgen, dass die Gespräche nicht nur um unsere „Lieblingsviecherl“ kreisen.

Den Vortrag hielt diesmal Dr. Andreas SEGERER von der Zoologischen Staatssammlung München (ZSM), der unmittelbar aus seiner wissenschaftlichen Arbeit über ein sehr aktuelles Thema referieren konnte: **Barcoding der Fauna Bavarica, modischer Trend oder echter Fortschritt?**

SEGERER konnte fachlich an seinen Vortrag vor 2 Jahren anknüpfen, in dem er bereits die Grundlagen der DNA-Analytik in der Entomologie beschrieben hatte (s. NachrBl. bayer. Ent. 58 (1/2) 2009). An der ZSM wird im Rahmen einer internationalen Kooperation das Projekt „Barcoding Fauna Bavarica (BFB)“ durchgeführt. Es ist dabei beabsichtigt, von allen ca. 35000 bayerischen Tierarten (davon ca. 3200 Schmetterlingen) genetische Profile zu ermitteln, die eine eindeutige Artbestimmung erlauben. Bayern war dabei beim Projektbeginn vor 2 Jahren „bahnbrechend“.

Das Verfahren beruht auf der Untersuchung eines bestimmten Abschnittes (CO I) der Mitochondrien-DNA, von dessen ca. 1500 Basenpaaren („Buchstaben“) (A/Adenin, G/Guanin, C/Cytosin, T/Thymin) 658 „Buchstaben“ zur Zielregion der Untersuchung gehören. Das COI-Gen enthält Informationen über ein an der Zellatmung beteiligtes Protein und hat sich zumeist als ausreichend spezifisch erwiesen, um eine eindeutige Art-Identifizierung zu ermöglichen. Da dieses Gen einer relativ hohen Mutationsgeschwindigkeit unterliegt, können damit auch jüngere Artdifferenzierungen des Quartärs erfasst werden. In der Diskussion wurde die Frage aufgeworfen, wieso gerade das Erbgut der „uralten“, ursprünglich als symbionte Bakterien in die Zelle eingeschleusten Mitochondrien sich so schnell verändert, obgleich die Funktion der Mitochondrien bereits seit Urzeiten (Präkambrium) im Wesentlichen wohl unverändert blieb. Hier ist es so, dass, wie in allen anderen Teilen des Genoms auch, verschiedene Gene, Genabschnitte und Basenpositionen mit durchaus unterschiedlichen Raten mutieren; empirische Erfahrungen zeigten, dass das COI-Gen sich besonders gut zur Auflösung der Taxonomie auf Artebene eignet.

SEGERER ging ausführlich auf die Frage ein, warum sich eine Untersuchung der gesamten bayerischen Fauna lohnt, obwohl man glauben könnte, dass ausreichende Kenntnisse für eine sichere Determination vorliegen:

DNA-Taxonomie erweitert die verfügbare Werkzeugpalette der Taxonomen um eine weitere Ebene. Um allerdings anhand von DNA-Barcodes Arten sicher bestimmen bzw. potenzielle neue Arten erkennen zu können, ist vorab die Erstellung einer DNA-Referenzbibliothek notwendig, die die morphologische Bestimmung mit einem DNA-Barcode verknüpft. Zahlreiche internationale Initiativen, darunter auch BFB, wirken an der Erstellung eines Barcode-Katalogs der Lebewesen mit.

In unserer Schmetterlingsfauna gibt es verschiedene Artengruppen, die auch genitaler schwer zu trennen sind: Dies gilt z.B. für *Colias alfacariensis/hyale*, *Leptidea sinapis/reali*, *Noctua janthe/janthina*, *Aricia agestis/artaxerxes*, *Pyrgus wahrensis/alveus* etc. In manchen, aber nicht allen Fällen, lassen sich solche „Problemtaxa“ anhand des Barcodings unterscheiden.

Auch bei mikromorphologisch im Prinzip gut bestimmbar Arten bleibt ein erheblicher Zeitaufwand bei der Anfertigung von Präparaten, während der Aufwand für eine Probenahme zum Barcoding minimal ist. SEGERER sagte voraus, dass mit zunehmender Automatisierung und Verbilligung das Barcoding schon recht bald die Routinemethode zur Bestimmung äußerlich schwer bzw. nicht kenntlicher Arten werden wird.

Da im BFB-Projekt jeweils Exemplare aus verschiedenen Regionen Bayerns „gebarcodet“ werden, könnten sich Hinweise auf regionale Unterschiede ergeben. Umgekehrt könnten sich auch vermeintliche regionale Subspecies, wie z.B. bisher bei *Parnassius apollo* evident, – zumindest hinsichtlich der untersuchten Mitochondrien-DNA – als identisch erweisen.

Es besteht die Chance, in Bayern noch unerkannte oder generell neue Arten zu entdecken.

Da die DNA aller Stadien (Ei, Larve, Puppe, Imago) identisch ist, kann die Methode z.B. die Bestimmung der Raupen oder Puppen erleichtern, namentlich auch bei Schädlingsbefall.

Die Bestimmung der nur von wenigen Experten determinierbaren Parasiten wird erleichtert.

Zahlreiche „unscheinbare“ Lebewesen der Fauna Bavarica (z.B. Nematoden) sind bisher nur schwer zu bestimmen.

Wenn das Verfahren auf die heimische Flora ausgeweitet wird, kann der Mageninhalt und damit die Futterpflanze von Raupen bestimmt werden.

Last not least kann das Verfahren auch für behördliche Aufgaben (Lebensmittelkontrolle, Veterinärmedizin, Zoll usw. Informationen liefern).

SEGERER ging dann auf den aktuellen Stand des vor rund zwei Jahren gestarteten Projektes und erste Ergebnisse ein:

Von ca. 93% der bayerischen Macrolepidoptera und ca. 50% der Microlepidoptera wurden bereits erfolgreich „Barcodes“ erstellt. Die Falter werden in der ZSM dokumentiert (Foto, Etikett) und erhalten ein grünes Schildchen mit der BC-Nummer. Sie gehen dann als wissenschaftlich wertvolle „Barcode-Holotypen“ an den Sammler zurück, müssen dort aber adäquat kuratorisch betreut werden und sollten mittelfristig in öffentliche Sammlungen gelangen.

Nach bisherigem Ergebnisstand des BFB-Projektes sind 98% aller bisher untersuchten Schmetterlingsarten eindeutig identifizierbar, d.h. der Sequenzunterschied zu verwandten Arten beträgt in der Regel über 2%. Die Differenz ist jeweils gruppenspezifisch! Die Bandbreite innerhalb einer Art liegt im Allgemeinen bei etwa 0,1%. Die bisherigen taxonomischen Bemühungen der Entomologie werden damit weitgehend bestätigt. Allerdings wurden bei ca. 5% der untersuchten Falter innerhalb einer Art signifikant größere Unterschiede gefunden. 1% bis 2% der Species bleiben auch mit dieser Methode weiterhin Problemarten.

SEGERER nannte als Beispiele für Besonderheiten *Eana canescana* mit 6,2% innerartlichem Unterschied zwischen verschiedenen europäischen Populationen. Die neuerdings synonymisierten *Eupithecia absinthata/goossensata* unterscheiden sich mit 1,4% doch deutlich (hierzu Publ. im Druck). *Aricia agestis/artaxerxes* sind mit 1,6% Differenz sauber trennbar. Umgekehrt unterscheiden sich die nach äußeren Merkmalen leicht erkennbaren Crambiden-Arten *Catoptria combi-nella/petrificella* genetisch nur mit 0,5%, während andere *Catoptria*-Arten bis 8,8% Unterschied aufweisen. Die Crambiden *Scoparia basistrigalis/ambigualis* lassen sich durch Barcoding überhaupt nicht trennen.

Als Besonderheit wurde die östlich verbreitete Tortricide *Olethreutes subtilana* vorgestellt, deren Vorkommen in Mitteleuropa erst durch Barcoding (1 Stück aus der Sammlung HASLBERGER) erkannt wurde; bis dahin war die Art stets mit der als „unverkennbar“ angesehenen häufigen *O. arcuella* verwechselt worden.

SEGERER mahnte trotz der offenkundigen Erfolge des Barcode-Verfahrens zur Vorsicht: Die Interpretation der Barcode-Ergebnisse sollte sich nicht verselbständigen, sondern nur vor dem Hintergrund der bisherigen taxonomischen Erfahrung erfolgen! Da das Verfahren aber schnell durchführbar und immer billiger wird, sieht er viele zukünftige Anwendungsmöglichkeiten auch für Hobbyentomologen.

SEGERER betonte, dass das Barcoding der bayerischen Lepidopteren nur dank der vielfachen Unterstützung durch Fachamateure in so kurzer Zeit bereits so weit gedeihen konnte, und dankte ausdrücklich allen Mitgliedern, die Sammlungsstücke zur Verfügung gestellt haben. Jedes MEG-Mitglied sei eingeladen, sich am Projekt zu beteiligen.

Das Referat stieß auf großes Interesse, das sich auch in langen anschließenden Gesprächen dokumentierte.

Die nächsten Treffen (Rohrdorf, Hotel zur Post):

30. Treffen: Di., 05. April 2011, 19.30 s.t. (O. CZADEK: „Die Kanaren, ein entomologisches Abenteuer“ Teil II).

31. Treffen: Di., 18. Okt. 2011, 19.30 s.t. (voraussichtlich A. SEGERER: *Über bayerische Pyraliden*).

Walter RUCKDESCHEL

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen](#)

Jahr/Year: 2011

Band/Volume: [060](#)

Autor(en)/Author(s): Ruckdeschel Walter E.W.

Artikel/Article: [Bericht über das 29. Treffen der südostbayerischen Entomologen. 48-49](#)