© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.zobodat.at

Acta ZooBot Austria **153**, 2016, 155–161

DNA-Analysen von Sammlungsmaterial – Sammeln und Konservieren für ABOL

Elisabeth Haring

Im Rahmen des ABOL-Projekts wird in beträchtlichem Ausmaß bereits vorhandenes Material in den biologischen Sammlungen von Museen verwendet werden. Andererseits wird für ABOL eine Fülle von neu gesammeltem Material in wissenschaftlichen Museumssammlungen als Referenzexemplare hinterlegt werden. Im vorliegenden Beitrag wird thematisiert, wo das Potenzial, aber auch die Grenzen von DNA-Analysen von bereits vorhandenem (und teilweise sehr altem) Museumsmaterial liegen. Des Weiteren wird zusammengefasst, welche Aspekte beim Sammeln von Museumsmaterial im Hinblick auf die möglichst gute Konservierung der DNA zu beachten sind, um diese für zukünftige Analysen langfristig zur Verfügung zu stellen.

Haring E., 2016: DNA analyses of collection material – Collecting and conserving for ABOL.
In the course of the ABOL project a considerable amount of reference specimens will be provided by biological museum collections. On the other hand, the vast amount of freshly collected material will be deposited as reference specimens in scientific collections. The present contribution addresses the potential and limitations of DNA analyses of (partially very old) museum material. Furthermore, important aspects that should be considered when collecting material for ABOL are summarized. These pertain to optimal conservation of DNA to allow for its long-term preservation and accessibility for future analyses.

Keywords: DNA barcoding, biodiversity, museum collections, ancient DNA, DNA preservation, Biodiversität, Museumssammlungen, DNA-Konservierung.

Einleitung

Das Prinzip des DNA-Barcodings verknüpft zwei Bereiche: wissenschaftliche biologische Sammlungen und Molekularbiologie. Ziel ist, auf der Basis von taxonomisch korrekt bestimmten Belegexemplaren eine Referenzdatenbank mit DNA-Sequenzen (DNA-Barcodes) verschiedenster Organismenarten zu erstellen. Diese sind in einer wissenschaftlichen Sammlung hinterlegt und somit der Überprüfung zugänglich bzw. erlauben weitere Untersuchungen wie die Erhebung zusätzlicher genetischer Daten. Nachvollziehbarkeit und Überprüfbarkeit sind einerseits grundlegendes Prinzip des DNA-Barcoding-Konzepts, gleichzeitig aber auch von jeher Grundgedanken beim Anlegen wissenschaftlicher Sammlungen.

Die Verwendung von Museumsmaterial für DNA-Analysen bietet unschätzbare Möglichkeiten, um phylogenetisch-systematische, populationsgenetische und ganz allgemein evolutionsbiologische Fragestellungen zu bearbeiten. Im vorliegenden Beitrag werden zwei Punkte behandelt, die diese beiden Aspekte über einen methodischen Zugang miteinander verknüpfen. Einerseits wird thematisiert, wo das Potential, aber auch die Grenzen von DNA-Analysen von bereits vorhandenem (und teilweise sehr altem) Museumsmaterial liegen, während es im zweiten Teil darum geht, was man beim Sammeln von Museumsmaterial im Hinblick auf die möglichst gute Konservierung der DNA beachten sollte, um zukünftige Analysen langfristig optimal möglich zu machen.

© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.zobodat.at

DNA in Präparaten von Museumssammlungen – „aDNA“

Bei der Analyse von DNA aus biologischem Material aus wissenschaftlichen Museumssammlungen ist in den meisten Fällen mit methodischen Herausforderungen zu rechnen. DNA wird im Laufe der Zeit abgebaut, einerseits durch enzymatische Vorgänge kurz nach dem Tod des Organismus, andererseits durch Mikroorganismen, aber auch durch chemische Prozesse. Daher ist die DNA aus Museumsmaterial oft fragmentiert, d. h. zu kurzen Stücken abgebaut, und liegt nur in geringer Konzentration vor. Die Bezeichnung „ancient DNA“ (aDNA) wurde ursprünglich für DNA aus subfossilem Material geprägt und durch spektakuläre Analysen bekannt, wie z. B. solche an Jahrtausende alten Mammuts, beginnend mit den ersten Arbeiten in den 1990er Jahren (z. B. Hagelberg et al. 1994) bis zu Genomanalysen und funktionellen Untersuchungen einzelner Gene in den letzten Jahren (z. B. Poinar et al 2006, Campbell et al. 2010). Die Kennzeichen von aDNA – fragmentiert und teilweise abgebaut bzw. chemisch modifiziert – treffen jedoch auch auf DNA wesentlich jüngeren Ursprungs zu (Hermann & Hummel 1994). Dies bedeutet, dass es keine lineare Korrelation zwischen Zeit und DNA-Qualität gibt, obgleich ein genereller Trend vorliegt: alte DNA hat meist schlechtere Qualität. Ausschlaggebend für die Bezeichnung aDNA ist also nicht in erster Linie das Alter, sondern die Qualität der DNA.

Generelle Faktoren, die die DNA-Qualität beeinflussen können, sind Temperatur, Feuchtigkeit, Strahlung und Chemikalien. Von entscheidender Bedeutung ist, was mit einem Individuum in der Zeit zwischen seinem Tod und der ersten Konservierung passiert ist. Schon nach wenigen Stunden kann in einem toten Tier die DNA bereits zu einem hohen Grad abgebaut sein, insbesondere in inneren Organen, wie z. B. in der Leber. Daher ist unter Umständen die DNA eines Mammuts, das im Dauerfrostboden Sibiriens gut konserviert überdauert hat, besser erhalten als die DNA eines präparierten Stopfpräparates in einer wissenschaftlichen Sammlung, wenn das Exemplar vor dem Sammeln und Konservieren z. B. einige Zeit im Freiland lag. Auch die Präparation (z. B. Herstellung eines Balges mit diversen Waschschritten) kann die DNA-Qualität beeinträchtigen.

Die in vielen Nass-Sammlungen gängige Konservierungsmethode mit Formalin bedeutet meist, dass die DNA unbrauchbar für die Polymerasekettenreaktion (PCR) wird, da Formalin DNA-DNA Vernetzung und Fragmentierung der DNA bewirkt. Die Literatur zu diesem Problem ist vielfältig und widersprüchlich (z. B. Gilbert et al. 2007, Lin et al. 2009). Aufgrund unserer Erfahrungen bietet auch Material, das mit Formalin behandelt wurde, noch Potenzial, nur ist die Ausfallsquote höher (Schiller et al. 2014, Jaksch et al. 2016). Vermutlich hängt es von Dauer und Konzentration der Formalinbehandlung ab, wie groß der Schaden an der DNA ist. Wenn Exemplare nach nur kurzer Formalinbehandlung schnell in Ethanol überführt werden, sind die Chancen für eine erfolgreiche PCR hoch. Neben der Art der Konservierung hat wohl auch die langfristige Betreuung einer Sammlung wesentlichen Einfluss auf die DNA-Qualität. Wie jedoch aus einer Analyse von Schiller et al. (2014) hervorgeht, ist die derzeit gemessene Alkoholkonzentration offensichtlich von geringer Aussagekraft in Bezug auf die DNA-Qualität. Dies unterstützt die Annahme, dass die erste Phase der Konservierung wesentlich ist. Wurde ein Exemplar in gutem Zustand rasch in Ethanol fixiert, sind die Chancen gut, dass langfristig die DNA (auch unter suboptimalen Lagerbedingungen) erhalten bleibt.

Eine Chemikalie, die lange Zeit bei der Präparation von Vögeln und Säugetieren eingesetzt wurde, um die Exemplare vor Insektenfraß zu schützen, ist Natriumarsenit ($NaAsO_2$).

© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.zobodat.at

Diese Substanz wurde jedoch wegen der gesundheitsschädlichen Wirkungen von Arsen seit ca. 1971 am NHM durch Eulan (Chlorphenylid) ersetzt. Vielfach wurde diskutiert, ob das Arsen in den alten Präparaten sich negativ in den damit durchgeführten DNA-Analysen auswirken könnte, indem es die PCR inhibiert. Um diese Annahme zu testen, wurden in einer systematischen Analyse an Museumsmaterial des NHM (Töpfer et al. 2011) Stopfpräparate von Vögeln (Eichelhäher, *Garrulus glandarius*), die vor bzw. nach 1971 präpariert worden waren, mittels PCR getestet. Die Ergebnisse zeigten, dass der PCR-Erfolg zwar in arsenbehandelten Präparaten signifikant geringer war als in nichtbehandelten, allerdings war ein Problem bei der Interpretation dieses Versuchs, dass die nicht Arsenbehandelten Proben auch die jüngeren waren. Es könnte daher sein, dass hier (auch) ein Alterseffekt detektiert wurde und nicht ausschließlich die Auswirkungen des Arsens. Gezielte Zugabe von Arsen zu PCR-Reaktionen ergaben wiederum, dass inhibierende Effekte erst bei sehr hohen Konzentrationen auftreten.

Ein interessantes Nebenergebnis der Studie von Töpfer et al. (2011) war, dass verschiedene Gewebe, die für die DNA-Extraktion herangezogen wurden, in den PCR-Experimenten unterschiedlich erfolgreich abschnitten: Zumindest bei Vogelpräparaten scheint die DNA in Gewebe der Fußballen besser erhalten als in Haut. Aufgrund der langjährigen Erfahrung im Labor für Molekulare Systematik des NHM wissen wir, dass DNA in Federkielen von frischen (vor allem großen) Federn meist sehr brauchbar ist, während Federn von Stopfpräparaten aus Museumssammlungen weniger aussichtsreich sind als die oben erwähnten Gewebe (Fußballen, Haut).

Generell gibt es durchaus unterschiedliche Probleme bei der DNA-Extraktion aus verschiedenen Organismengruppen. Beispielsweise sind manche reich an Mucopolysacchariden (v. a. in manchen Pflanzen und Mollusken), was sich negativ in der DNA-Extraktion auswirken und letztlich zu Problemen in der PCR führen kann (Shioda & Murakami-Murofushi 1987, Winnepenninckx et al. 1993, Skujiene & Soroka 2003, Pereira et al. 2011, Huelskens et al. 2011, Sokolov 2000). Es ist jedoch anzunehmen, dass zumindest für Mollusken diese postulierten Probleme unter Umständen eher mit suboptimaler Fixierung zusammenhängen könnten, wie die Erfahrungen in vielen Analysen an Mollusken, die in unserem Labor am NHM durchgeführt wurden, nahelegen. Taxa, die besonders viel Schleim produzieren, müssen besonders sorgfältig fixiert werden, z. B. durch mehrmaliges Wechseln des Alkohols (Jaksch et al. 2016).

DNA-Analysen von „aDNA“ in taxonomischen und phylogenetischen Studien

Biologische Museumssammlungen sind ein Archiv der Biodiversität in räumlicher und zeitlicher Dimension und beinhalten oft Material, das heutzutage nicht ohne beträchtlichen Aufwand (bei ausgestorbenen Arten oder Populationen überhaupt nicht) gesammelt werden könnte. Auch wenn aDNA-Analysen wesentlich arbeitsintensiver sind, ist ihr Stellenwert in der evolutionsbiologischen Forschung hoch, und mit fortschreitender Technik gewinnen sie noch an Bedeutung (Buerki & Baker 2016)

Während in früheren Untersuchungen von aDNA vorwiegend mitochondriale (mt) DNA analysiert wurde, die in höherer Kopienzahl pro Zelle vorliegt als das Genom des Zellkerns und, vor allem auch durch die rein mütterliche Vererbung über die Mitochondrien

© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.zobodat.at

der Eizelle, Vorteile für die phylogenetische Rekonstruktion bietet, konnte später gezeigt werden, dass auch Kern-codierte Gene aus aDNA isoliert werden können. Eine der ersten Arbeiten, in denen Kerngene aus aDNA für eine phylogenetische Fragestellung untersucht wurden, war den altweltlichen Suboscines (Aves, Passeriformes) gewidmet (Irestedt et al. 2006), weitere Beispiele aus verschiedenen taxonomischen Gruppen finden sich in Rizzi et al. (2012). In jüngster Zeit werden vermehrt auch *whole-genome*-Analysen mit *next-generation-sequencing*-Methoden erfolgreich an aDNA durchgeführt (z. B. Prüfer et al. 2014, Sarkissian et al. 2015).

Um DNA-Analysen an Museumsmaterial vorzunehmen, müssen etliche Vorkehrungen getroffen werden. Da es bei altem Material aufgrund der Fragmentierung der DNA oft nicht möglich ist, längere Genabschnitte in einem Stück mittels PCR zu vervielfältigen und zu sequenzieren, muss man oft den gewünschten Abschnitt des Genoms aus mehreren sehr kurzen Stücken rekonstruieren. Dennoch muss man bei einem gewissen Prozentsatz der Proben damit rechnen, dass nicht mehr genug DNA in ausreichender Qualität vorhanden ist.

Besonderes Augenmerk ist auf die Kontaminationsgefahr zu legen (Hofreiter et al. 2001, Kruckenhauser & Haring 2011), die bei aDNA besonders hoch ist. Eine Darstellung der Vorkehrungen und Kontrollen, die im Labor bei der DNA-Analyse notwendig sind, um zu verhindern, dass fälschlich DNA-Kontaminationen anstelle der DNA des untersuchten Organismus isoliert und in der PCR amplifiziert werden, bzw. solche Fehler zu erkennen, würde den Rahmen dieser Publikation sprengen. Allerdings wird weiter unten noch auf Vorkehrungen eingegangen, die man im Zuge des Sammelns und Probennehmens berücksichtigen sollte.

Fachgerechtes Sammeln

Wie oben ausgeführt, kann DNA aus sehr alten Proben sehr gut und DNA aus relativ jungen Sammlungsexemplaren unter Umständen sehr schlecht erhalten sein. Es sind also die Ergebnisse einer DNA-Analyse aus Museumsmaterial stark von historischen Ereignissen beeinflusst. Jedoch sieht man dem Sammlungsstück in den meisten Fällen nicht an, ob die DNA brauchbar ist oder nicht, und in den meisten Fällen kennt man die individuelle Geschichte des Exemplars nicht. Wichtige Phasen in dieser Geschichte sind (1) zwischen dem Tod und der Auffindung im Freiland, (2) beim Sammeln (eventuell bereits: Probennahme, Fixieren) und Transport, (3) im Museum im Zuge der Präparation und Konservierung, (4) bei der langfristigen Lagerung in der Sammlung (möglicherweise eine recht abwechslungsreiche Geschichte).

Für das Sammeln von Organismen für ABOL ist Phase 2 relevant, hier geht es um eine möglichst rasche und gute Konservierung. Grundsätzlich sollte jegliche Sammelaktivität für ABOL mit der zuständigen Projektleitung abgesprochen werden. Die folgenden Bemerkungen geben einen knappen Überblick über die wichtigsten Faktoren und Vorgangsweisen.

ABOL folgt den Qualitätsansprüchen der iBOL Initiative, was bedeutet, dass die Belegexemplare, aus denen die DNA-Barcode-Sequenz isoliert wurde, in einer wissenschaftlichen Sammlung hinterlegt werden. Daher sollte entweder das gesamte Individuum möglichst rasch konserviert werden (Probennahme kann auch im Labor erfolgen) oder eine

© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.zobodat.at

Probe entnommen und für die DNA-Analyse konserviert werden (z. B. Fisch/Flosse, Insekt/Bein; siehe unten). Das Individuum selbst sollte dann möglichst gut „konventionell" konserviert werden, um spätere morphologische Untersuchungen zu erlauben. Dabei ist dringend zu beachten, dass das Belegexemplar und die Probe dieselbe Identifizierungsnummer bekommen.

Ethanol ist das am häufigsten verwendete Fixierungsmittel, für das auch die längste Erfahrung vorliegt, und es ist daher in der Regel allen alternativen Konservierungsflüssigkeiten (z. B. DMSO, Propylenglykol) vorzuziehen. Sofortiges Einfrieren (z. B. in flüssigem Stickstoff) wäre ebenfalls eine hervorragende Konservierungsmethode, ist jedoch im Freiland nur mit großem Aufwand zu bewerkstelligen. Optimalerweise sollten Proben möglichst früh mit mindestens 80-prozentigem, unvergälltem Ethanol fixiert werden, wobei größere Tiere durchaus geöffnet werden sollten, um ein rasches Eindringen und die schnelle Durchdringung des Gewebes mit Alkohol zu gewährleisten (ev. Ethanol injizieren). Sofort nach dem Tod des Organismus beginnt der Abbau der DNA in den Zellen. Feuchtigkeit ist die größte Gefahr für die Konservierung von DNA (z. B. Kondenswasser, Gewebewasser kann den zur Fixierung verwendeten Alkohol verdünnen). Das Verhältnis der Volumina von Probe:Ethanol sollte möglichst nicht über 1:10 liegen. Manchmal ist es zweckmäßig, den Alkohol auszutauschen (eventuell mehrfach).

Falls kein Alkohol verfügbar ist (z. B. in Ländern, in denen das Mitführen von Alkohol verboten ist), wird oft auf Alternativen wie „RNA later" zurückgegriffen. Dies ist für Gewebeproben brauchbar (kleine Proben nehmen!), allerdings nicht für die Belegexemplare. Eine oft für Fische oder Amphibien angewendete Vorgangsweise ist, eine Gewebeprobe in Alkohol zu überführen und das ganze Tier in Formalin zu konservieren. Die Proben sollten jedoch keinesfalls in Kontakt mit Formalin kommen. Eine mögliche Methode zur Konservierung von Bälgen (z. B. Säugetiere, Vögel), die bei längeren Freilandexpeditionen in Ermangelung von Ethanol erfolgreich angewendet wurde, ist Salz. Auch wenn es sicherlich nicht die Methode der Wahl für die Erhaltung der DNA in solcherart konserviertem Gewebe ist, hat sich gezeigt, dass daraus durchaus noch analysierbare DNA gewonnen werden kann. Trocknen von Gewebe kann eine sinnvolle alternative Methode sein, wenn Ethanol nicht verfügbar ist. Vor allem Federn, Haare oder Pflanzen können auch trocken aufbewahrt werden (z. B. mit Silikagel als Trocknungsmittel; vor Sonnenlicht schützen). Ein Überblick über Konservierungsmethoden und -Substanzen ist in der Arbeit von Nagy (2010) zu finden.

Gesammeltes Material (Individuen sowie Proben) sollte wenn möglich auch beim Transport kühl gelagert werden. UV-Strahlung ist schädlich für die DNA, daher sollte direkte Sonneneinstrahlung möglichst vermieden werden. Auch Essigsäure in flüssiger Form ist zu vermeiden.

Ein wichtiger Punkt zuletzt: Bei der Probennahme muss darauf geachtet werden, Kontaminationen möglichst zu vermeiden. Dazu sollten Instrumente (z. B. Pinzetten, Scheren, Rasierklingen, Injektionsnadeln) vor jedem Gebrauch durch Abflämmen sterilisiert werden (z. B. Feuerzeug; Instrument danach auskühlen lassen!). Wenn möglich, sollten sichtbare Fremdorganismen (z. B. Milben, Pflanzenteile) entfernt bzw. separat konserviert werden.

© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.zobodat.at

Zusammenfassung

Auch wenn systematische Untersuchungen zur DNA-Qualität in Material aus Museumssammlungen interessante Einblicke liefern, sind oft keine eindeutigen Aussagen möglich, da die historische Komponente – die meist unbekannte Geschichte des Exemplars – das Ergebnis solcher Untersuchungen immer beeinflusst. Dennoch sind solche Experimente sinnvoll, denn die Herausforderungen an Sammlungskuratoren, zukunftsorientierte Entscheidungen zu treffen, sind vielfältig. Wichtig ist, dass bereits mit dem Sammeln, Beproben und den ersten Schritten der Konservierung der Individuen und der Proben die Qualität der DNA maßgeblich beeinflusst wird.

Viele Fragen sind noch offen, und weitere Untersuchungen wären sinnvoll, um zumindest mittelfristige Aussagen zu verschiedenen Lagerungsmethoden treffen zu können, vor allem auch, was die langfristige Lagerung von DNA- oder Gewebeproben betrifft: z. B. Aufbewahrung in Alkohol bei welcher Temperatur? Welche Substanzen sind schädlich oder unschädlich (Glycerin, verschiedene Vergällungsmittel)?

Bezugnehmend auf ABOL und Sammeltätigkeiten für ABOL-Projekte sollte in jedem Fall vorab der/die zuständige ProjektleiterIn kontaktiert werden, um die jeweilige für die einzelnen Organismengruppen angepasste Sammelstrategie, das Prozedere der Probennahme, des Transports und die Möglichkeiten für Hilfestellungen zu besprechen.

Zentraler Kontakt: Nikola Szucsich, Nikolaus.Szucsich@nhm-wien.ac.at

Literatur

Buerki S. & Baker W.J., 2016: Collections-based research in the genomic era. Biol. J. Linn. Soc. 117, 1–10.

Campbell K.L., Roberts J.E.E., Watson L.N., Stetefeld J., Sloan A.M., Signore A.V., Howatt J.W., Tame J.R.H., Rohland N., Shen T.J., Austin J.J., Hofreiter M., Ho C., Weber R.E. & Cooper A., 2010: Substitutions in woolly mammoth hemoglobin confer biochemical properties adaptive for cold tolerance. Nature Genetics 42, 536–542.

Hermann B. & Hummel S. (eds.), 1994: Ancient DNA. Springer, New York., pp. 1–263.

Hofreiter M., Serre D., Poinar H.N., Kuch M. & Pääbo S., 2001: Ancient DNA. Nature Reviews Genetics 2, 353–359.

Hagelberg E., Thomas M.G., Cook C.E. Jr., Sher A.V., Baryshnikov G.F. & Lister A.M., 1994: DNA from ancient mammoth bones. Nature 370, 333–334.

Gilbert M.T.P., Haselkorn T., Bunce M., Sanchez J.J., Lucas S.B., Jewell L.D., Van Marck E. & Worobey M., 2007: The isolation of nucleic acids from fixed, paraffin-embedded tissues – which methods are useful when? PLoS ONE 2(6): e537. doi:10.1371/journal.pone.0000537

Lin J., Kennedy S.H., Svarovsky T., Rogers J., Kemnitz J.W., Xu A. & Zondervan A.T., 2009: High-quality genomic DNA extraction from formalin-fixed and paraffin-embedded samples deparaffinized using mineral oil. Anal. Biochem. 395, 265–267.

Kruckenhauser L. & Haring E., 2010: Advantages and limits of DNA analyses of specimens from scientific museum collections. Proc. 5th Int. Meet. Europ. Bird Curators Nat. Hist. Mus. Vienna, 225–235.

Nagy Z.T., 2010: A hands-on overview of tissue preservation methods for molecular genetic analyses. Org Divers. Evol. 10, 91–105.

© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.zobodat.at

Winnepenninckx B., Backeljau T. & De Wachter R., 1993: Extraction of high molecular weight DNA from molluscs. Trends Genet. 9, 407.

Skujiene G. & Soroka M., 2003: A comparison of different DNA extraction methods for slugs (Mollusca: Pulmonata). Ekologija 1, 12–16.

Pereira J.C., Chaves R., Bastos E., Leitão A. & Guedes-Pinto H., 2011: An efficient method for genomic DNA extraction from different molluscs species. Int J. Mol. Sci., 12, 8086–8095.

Prüfer K., Racimo F., Patterson N., Jay F., Sankararaman S., Sawyer S., Heinze A., Renaud G., Sudmant P.H., de Filippo C., Li H., Mallick S., Dannemann M., Fu Q., Kircher M., Kuhlwilm M., Lachmann M., Meyer M., Ongyerth M., Siebauer M., Theunert C., Tandon A., Moorjani P., Pickrell J., Mullikin J.C., Vohr S.H., Green R.E., Hellmann I., Johnson P.L., Blanche H., Cann H., Kitzman J.O., Shendure J., Eichler E.E., Lein E.S., Bakken T.E., Golovanova L.V., Doronichev V.B., Shunkov M.V., Derevianko A.P., Viola B., Slatkin M., Reich D., Kelso J. & Pääbo S., 2014: The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. Nature 505, 43–9.

Rizzi E., Lari M., Gigli E., De Bellis G. & Caramelli D., 2012: Ancient DNA studies: new perspectives on old samples. Genet. Select. Evol. 44, 21.

Poinar H.N., Schwarz C., Qi J., Shapiro B., MacPhee R.D.E., Buigues B., Tikhonov A., Huson D.H., Tomsho L.P., Auch A., Rampp M., Miller W. & Schuster S.C., 2006: Metagenomics to Paleogenomics: Large-Scale Sequencing of Mammoth DNA. Science 311, 392.

Huelskens T., Schreiber S. & Hollmann M., 2011: COI amplification success from mucus-rich marine gastropods (Gastropoda : Naticidae) depends on DNA extraction method and preserving agent. Mitt. dtsch. malakozool. Ges. 85, 17–26.

Jaksch K., Eschner E., V. Rintelen T. & Haring E., 2016: DNA analysis of molluscs from a museum wet collection: a comparison of different extraction methods. BMC Research Notes 2016, 9, 348 doi:10.1186/s13104-016-2147-7

Sarkissian C., Allentoft M.E., Ávila-Arcos M.C., Barnett R., Campos P.F., Cappellini E., Ermini L., Fernández R., Da Fonseca R., Ginolhac A., Hansen A.J., Jónsson H., Korneliussen T., Margaryan A., Martin M.D., Moreno-Mayar J.V., Raghavan M., Rasmussen M., Sandoval Velasco M., Schroeder H., Schubert M., Seguin-Orlando A., Wales N., Gilbert M.T.P., Willerslev E. & Orlando L., 2015: Ancient genomics. Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci. 370, 20130387.

Schiller E.K., Haring E., Däubl B., Gaub L., Szeiler S. & Sattmann H., 2014: Ethanol concentration and sample preservation considering diverse storage parameters: a survey of invertebrate wet collections of the Natural History Museum Vienna. Ann. Naturhist. Mus. Wien, B 116, 41–68.

Shioda M. & Murakami-Murofushi K., 1987: Selective inhibition of DNA polymerase – by a polysaccharide purified from slime of *Physarum polycephalum*. Biochem. Biophys. Res. Commun. 146, 61–66.

Sokolov E.P., 2000: An improved method for DNA isolation from mucopolysaccharide-rich molluscan tissues. J. Molluscan Stud. 66, 573–575.

Töpfer T., Gamauf A. & Haring E., 2011: DNA extraction from arsenic-treated bird skins. BMC Research Notes 4, 197.

Anschrift:

Priv.-Doz. Dr. Elisabeth Haring, Zentrale Forschungslaboratorien, Naturhistorisches Museum Wien, Burgring 7, A-1010 Wien. E-Mail: elisabeth.haring@nhm-wien.ac.at

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Verhandlungen der Zoologisch-Botanischen Gesellschaft in Wien. Frueher: Verh.des Zoologisch-Botanischen Vereins in Wien. seit 2014 "Acta ZooBot Austria"

Jahr/Year: 2016

Band/Volume: 153

Autor(en)/Author(s): Haring Elisabeth

Artikel/Article: DNA-Analysen von Sammlungsmaterial - Sammeln und Konservieren für ABOL 155-161