

eDNA – Perspektiven aus der Sicht der Gewässerbewertungspraxis in Österreich

Andreas CHOVANEC, Karin DEUTSCH, Wolfram GRAF, Veronika KOLLER-KREIMEL,
Christian MORITZ, Gisela OFENBÖCK & Simon VITECEK

In der vorliegenden Arbeit werden die Grundzüge der Bewertung des ökologischen Zustandes von Oberflächengewässern gemäß EU Wasserrahmenrichtlinie (WRRL) beschrieben. Molekulargenetische Methoden können potenziell schon jetzt einen wesentlichen unterstützenden Beitrag in taxonomischer (z. B. Bestimmung kryptischer Arten) und phylogenetischer sowie – in einem gewissen Ausmaß – ökologischer Hinsicht (z. B. trophische Interaktionen) leisten; darüber hinaus sind bereits jetzt Vorteile u. a. beim Nachweis seltener, gefährdeter oder invasiver Arten bzw. von Krankheitserregern nutzbar. Beschränkungen hinsichtlich des Einsatzes diagnostischer PCR und Metabarcoding-Methoden in der Gewässerbewertung ergeben sich daraus, dass beispielsweise fachlich essenzielle und gesetzlich festgelegte Parameter wie Populationsaufbau (für die fischökologische Zustandsbewertung), Biomasse und Abundanzen nicht ausreichend bearbeitet werden können. Aus derzeitiger Sicht ist daher die Anwendung molekular-genetischer Methoden für die Bewertung des ökologischen Zustandes nicht möglich, da die Vorgaben des Anhang V der WRRL und der internationalen Interkalibrierung nicht erfüllt werden können. Der Aspekt der Rechtssicherheit ist – neben fachlichen Vorbehalten – in diesem Zusammenhang ebenfalls zu berücksichtigen.

CHOVANEC et al. 2018: eDNA – from the perspective of water body assessment in Austria.

Within this paper the principles of assessing the ecological status of surface waters according to the EU Water Framework Directive (WFD) are described. Molecular genetic methods may essentially support this procedure in adding taxonomic and phylogenetic as well as – to a certain extent – ecological information. Furthermore, the advantages of diagnostic PCR and metabarcoding in detecting e.g. threatened, rare or invasive species or pathogens are evident. Limitations and constraints for a broader application of eDNA-based methods are discussed: parameters laid down in the WFD such as population structure (concerning fish), biomass and abundance cannot be assessed in a satisfying manner. Thus, from today's point of view the application of molecular genetic methods in order to assess the ecological status is not possible, as the requirements according to Annex V of the WFD and concerning the international intercalibration cannot be fulfilled. In this connection aspects of legal certainty are also important to be considered.

Keywords: Assessment, ecological status, Water Framework Directive, environmental DNA, metabarcoding, bioindication.

Gewässerbewertung in Österreich

Die Bewertung von Gewässern auf der Grundlage bioindikativer Methoden hat in Österreich eine lange Tradition. Saprobiologische Untersuchungen von Fließgewässern waren und sind seit den 1960er Jahren ein zentrales Element der österreichischen Gewässerüberwachung; die in den „biologischen Gütebildern“ festgehaltenen Ergebnisse repräsentierten über Jahrzehnte eine entscheidende Basis für die zu setzenden Maßnahmen in der Gewässerreinigung und stellten ein wesentliches Instrument zur Information der Öffentlichkeit dar (MOOG et al. 1999). Mit der Aufnahme des Begriffes „ökologische Funktionsfähigkeit“ in das Österreichische Wasserrechtsgesetz (WRG) in den Jahren 1985 und 1990 und den darauf folgenden fachlichen Arbeiten wurden erste Signale in Richtung einer integrativen,

am Gewässertyp orientierten Bewertung gesetzt (KOLLER-KREIMEL & CHOVANEC 1999, CHOVANEC et al. 2000, WIMMER et al. 2007).

Insbesondere durch die Umsetzung der EU Wasserrahmenrichtlinie (WRRL, Richtlinie 2000/60/EG des Europäischen Parlaments und des Rates) seit dem Jahr 2000 wurde die gewässertyp-spezifische Gewässerbewertung auf der Grundlage der Untersuchung von aquatischen Lebensgemeinschaften in der österreichischen Wasserwirtschaft verankert (WRG, i.d.g.F. BGBl. I Nr. 82/2003): Im Rahmen der Bewertung des „ökologischen Zustandes“ ist das Ausmaß der Auswirkungen von stofflichen Einträgen, Unterbrechungen des Flusskontinuums sowie von Eingriffen in Morphologie und Hydrologie von Gewässern zu berücksichtigen (z. B. OFENBÖCK et al. 2016, BMLFUW 2017). Weiters wurden ergänzende Methoden zur Risikoabschätzung, Plausibilitätsprüfung der Ergebnisse und zur Unterstützung der Experteneinschätzung bei der Bewertung spezieller Gewässertypen und Typausprägungen erarbeitet (z. B. CHOVANEC et al. 2014, GRAF & CHOVANEC 2016).

Gemäß Anhang V der WRRL sind bei der Bestimmung des gewässertyp-spezifischen Referenzzustandes der Qualitätselemente Phytoplankton, Phyto­benthos, Makrophyten, Makrozoobenthos und Fische („sehr guter ökologischer Zustand“) und der Abweichungen davon („guter“, „mäßiger“, „unbefriedigender“ und „schlechter ökologischer Zustand“) neben dem Arteninventar mit Dichteverhältnissen und daraus ableitbaren Größen (wie z. B. Dominanzverhältnisse, Ausprägung ökologischer Gilden) auch Kriterien wie Populationsaufbau, Abundanz- und/oder Biomasseverhältnisse zu berücksichtigen. Der Parameter Populationsaufbau spielt insbesondere bei der fischökologischen Zustandsbewertung eine wesentliche Rolle (z. B. HAUNSCHMID et al. 2006). Erst die Summe dieser Kenngrößen und ihre Verrechnung in multimetrischen Maßzahlen machen eine sensitive und schlüssige Bewertung der Auswirkungen – oft multipler – Einflussfaktoren (z. B. SCHMUTZ et al. 2013) und damit die Bestimmung des ökologischen Zustandes im Rahmen des nationalen Bewertungsschemas möglich.

Die entwickelten Bewertungsmethoden sind die Grundlage für die Zustandsbewertungen und die darauf aufbauenden Maßnahmenprogramme im Nationalen Gewässerbewirtschaftungsplan (BMLFUW 2017). Um europaweit die Vergleichbarkeit der Bewertungsergebnisse zu gewährleisten, wurden die Klassengrenzen der Methoden interkalibriert. Ein entsprechendes nationales Qualitätssicherungsprogramm ist die Voraussetzung für die entsprechende Datensicherheit bei der Umsetzung der Gewässerzustandsüberwachungsverordnung, die – im Zusammenhang mit der verpflichtenden Umsetzung von Maßnahmen – auch die Grundlage für die erforderliche Rechtssicherheit repräsentiert (BMLFUW 2012).

Barcode of Life

Die Bedeutung von Methoden, die auf DNA-Barcoding basieren, nimmt auch in der theoretischen und angewandten Limnologie stark zu. DNA-Metabarcoding eröffnet den Zugang zu einer standardisierten Erhebung der Biodiversität (TABERLET et al. 2012, DEINER et al. 2016). Die Initiative Austrian Barcode of Life (SZUCSICH 2015, HARING et al. 2017) mit mehreren assoziierten Projekten und die damit verbundene Erstellung entsprechender Referenzdatensätze stellen dabei die wesentliche Basis – auch für die Bearbeitung der aquatischen Zönosen – dar (z. B. ZITTRA et al. 2016, VITECEK et al. 2017, FISCHER et al. 2018). Dabei eröffnen sich große Chancen für Taxonomie, Ökologie und Biodiversitäts-

forschung. Insbesondere im Zusammenhang mit der Bewertung von Gewässern auf der Grundlage von Environmental DNA (eDNA, Umwelt-DNS) und Metabarcoding scheint es – angesichts der vorherrschenden „Aufbruchstimmung“ – angebracht, sinnvolle und ergänzende Einsatzmöglichkeiten dieser Methoden zu diskutieren (HAJIBABAEI et al. 2011, TABERLET et al. 2012, LEESE et al. 2016).

Die rechtlich vorgegebene Notwendigkeit zur Erfassung des Arteninventars klar definierter Qualitätselemente als Grundlage der Bewertung verunmöglicht zur Zeit die Einführung von molekulargenetischen Ansätzen, die darauf abzielen, die gesamten Gemeinschaften eines Gewässers oder einer Probestelle zu erfassen und daraus auf den ökologischen Zustand bzw. das Potenzial zu schließen (z. B. APOTHÉLOZ-PERRET-GENTIL et al. 2017, CORDIER et al. 2017). Die mögliche Umsetzbarkeit nach einer umfassenden Kalibrierung dieser Methodik wäre allenfalls zu prüfen, da hiermit möglicherweise auch weitere Belastungssituationen – beispielsweise die Einleitung von physiologisch aktiven Stoffen – abgebildet werden könnten. Sollte dies der Fall sein, könnte die Umsetzung eines solchen Ansatzes nach Herstellung der entsprechenden Rechtssituation forciert werden.

Taxonomie, Phylogenie, Ökologie

Bearbeitungen auf Artniveau stellen aufgrund der hohen Aussagekraft die Grundlage der bioindikativen Methoden im Rahmen der Gewässerüberwachung dar (RESH & UNZICKER 1975, STUBAUER & MOOG 1996, MOOG & CHOVANEC 2000, USSEGLIO-POLATERA et al. 2000, VERDONSCHOT 2000, LENAT & RESH 2001, SCHMIDT-KLOIBER & NIJBOER 2004). Nur so kann das volle Potenzial der Indikatoren entsprechend genutzt werden. Basis dafür sind das entsprechende Wissen um die autökologischen Ansprüche der Spezies, die Klarheit der Verwandtschaftsbeziehungen innerhalb der taxonomischen Großgruppen und die Bestimmbarkeit. Molekulargenetische Ansätze können hier wertvoll sein, um zusätzliche Merkmale in den Bestimmungsprozess einzuführen und damit Determinationen auf morphologischer Ebene zu bestätigen oder gegebenenfalls zu revidieren, um schwer bestimmbare bzw. kryptische Arten leichter ansprechen zu können und phylogenetische Analysen durchzuführen (z. B. PAULS et al. 2010, DIJKSTRA et al. 2014, PREVIŠIĆ et al. 2014).

Bestimmungen auf Artniveau sind allerdings bei einzelnen – insbesondere in klassisch taxonomischer Bearbeitung schwierig zu fassenden – Gruppen auch mit dem gängigen DNA-Barcoding-Ansatz, der bei faunistischen Arbeiten bisher vor allem auf die Analyse des *COI*-Gens abzielt, nicht oder nur begrenzt möglich; das macht eine Erweiterung des DNA-Barcodings auf weitere Genabschnitte notwendig. Die Definition gruppenspezifisch geeigneter Genabschnitte wird erforderlich, was den Vorteil der auf den ersten Blick standardisierten Erhebungsverfahren wieder aufweicht. Hervorzuheben ist, dass valide Ergebnisse molekulargenetischer Methoden von qualitätsgesichert erstellten Referenzdatenbanken abhängig sind, die alle Arten der für die Bewertung notwendigen Indikatorgruppen zu enthalten haben.

Der Einsatz molekulargenetischer Methoden ermöglicht potenziell die eindeutige Bestimmung schwer oder nicht determinierbarer Entwicklungsstadien, beispielsweise bei Makrozoobenthos und Fischen (z. B. MEULENBROEK et al. 2017). Damit ist der Vorteil verbunden, dass die autökologischen Ansprüche von Spezies in ihrem gesamten Lebenszyklus erfasst werden können und dieses Wissen in die entsprechenden Dokumentationen von „species traits“ einfließt (SCHMIDT-KLOIBER & HERING 2015, MOOG & HARTMANN 2017).

Dadurch wird die Aussagekraft der jeweiligen Art als Indikator vergrößert und die Ergebnisse der Bewertungsverfahren gewinnen an Schärfe. Neben der Behandlung autökologischer Fragen lässt der gezielte Einsatz molekulargenetischer Methoden beispielsweise auch neue Betrachtungsebenen trophischer Interaktionen und populationsökologischer Problemstellungen zu (HERZOG & HADRYŠ 2017, KAUNISTO et al. 2017, LEESE et al. 2018).

Environmental DNA, Metabarcoding, Gewässerbewertung

Der Kenntnissgewinn hinsichtlich Taxonomie und Phylogenie bzw. Ökologie der in WRRL und WRG festgeschriebenen Qualitätselemente durch molekulargenetische Ansätze hat natürlich positive Einflüsse auf ihre Aussagekraft und auf die Stringenz von Bewertungsprozessen. Die Festlegungen und Erfordernisse hinsichtlich der Indikatoren und Parameter, die in Anhang V der WRRL festgeschrieben sind, können allerdings durch molekulargenetische Methoden nicht erfüllt werden. Die in der österreichischen Wasserwirtschaft berücksichtigten Zeitpläne, die Wahl der Indikatoren, die Erhebungsmethoden und Ansätze zur Bewertung von ökologischem Zustand und Potenzial sowie die Maßnahmen der Interkalibrierung und der Qualitätssicherung sind gemäß WRRL und WRG ausgerichtet. Damit verbunden sind auch die Festlegung bzw. Verschreibung von Sanierungsmaßnahmen und deren Überprüfung anhand dieser Methoden. Die damit eng verknüpften Fragen der Rechtssicherheit stehen ebenfalls gegen die „überhastete“ Einführung neuer Methoden in das etablierte Prozedere der Gewässerbewertung. Qualitätsgesicherte Methoden und entsprechende Kalibrierungen vorausgesetzt ist der Einsatz molekulargenetischer Methoden in der Risikoabschätzung und im Rahmen der Plausibilitätskontrolle der Zustandsbewertungen durchaus denkbar.

Abgesehen von formal-rechtlichen Aspekten steht auch eine Reihe von fachlichen Gründen einem – die „klassischen“ Methoden ersetzenden – Einsatz molekulargenetischer Ansätze in der Gewässerbewertung entgegen. Der Populationsaufbau stellt ein wesentliches Bewertungskriterium für das Qualitätselement Fische dar. In dieser Hinsicht kann eDNA keinen Beitrag leisten. Auch der bei allen Qualitätselementen essenzielle Parameter Abundanz bzw. Biomasse kann durch molekulargenetische Methoden noch nicht ausreichend abgedeckt werden (LEESE et al. 2016, 2018, THALINGER et al. 2017). Environmental DNA bezeichnet DNA, die nicht direkt von den Organismen gewonnen wird, sondern von diesen in verschiedener Form an ihre Umgebung abgegeben wird und v. a. aus Freiwasserproben analysiert wird. Von den WRRL-relevanten Qualitätsparametern hat sie insbesondere bei Fischen eine zentrale Bedeutung für molekulargenetische Nachweise. Bei Phyto- und Makrozoobenthos hingegen wird eher direkt aus den in Benthosproben enthaltenen Organismen gewonnene DNA untersucht.

Offen bleibt grundsätzlich die Frage der Herkunft der nachgewiesenen eDNA (z. B. Oberlauf, Verunreinigung; GOLDBERG et al. 2016). Insbesondere bei einem – wie in Österreich praktizierten – Belastungsmonitoring sind allerdings sensitive, auch in einem kleinräumigen Kontext aussagekräftige Methoden unabdingbar. Diese Anforderung an die Methoden gilt beispielsweise auch bei – außerhalb der routinemäßigen Überwachung ablaufenden – Untersuchungen zur Maßnahmenevaluierung (z. B. CHOVANEC 2018). Sollten selbst in den nächsten Jahren auf diese offene Fragen Antworten angeboten werden können, ist die Bewertung von Gewässern aus ausschließlich molekulargenetischer Sicht ohne entsprechende ökologische Expertise und Plausibilitätskontrolle nicht denkbar. Zu bedeut-

sam sind die unmittelbare Betrachtung der biotischen und abiotischen Situation und das „In-Beziehung-Setzen“ beider durch entsprechende ExpertInnen.

Der aktuelle Einsatz molekulargenetischer Methoden scheint – insbesondere im Zusammenhang mit Einzel-Arten-Ansätzen mittels diagnostischer PCR – im Rahmen der folgenden, beispielhaft angeführten Fragestellungen als Ergänzung bzw. Unterstützung sinnvoll bzw. vielversprechend:

- Determination schwer bestimmbarer Spezies bzw. Entwicklungsstadien
- Bestimmung der räumlichen Ausdehnung von Fischlebensräumen
- Beprobung von – in methodischer Hinsicht – schwer besammlbaren Lebensräumen
- Unterstützung beim nicht-invasiven Nachweis seltener und/oder gefährdeter Arten
- Monitoring von Neobiota bzw. Krankheitserregern
- Überprüfung der Sanierung longitudinaler Kontinuumsunterbrechungen durch Fischaufstiegsanlagen oder Dotationswasserabgaben
- Nachweis von Veränderungen der Grenzen biozönotischer Regionen im Zusammenhang mit klimawandelbedingter Gewässererwärmung (z. B. THOMSEN et al. 2012, MÄCHLER et al. 2014, FRIEDRICH et al. 2015, SIGSGAARD et al. 2015, CARIM et al. 2016, SCHNEIDER et al. 2016, THALINGER et al. 2017).

Der Nachweis von einzelnen Arten spielt insbesondere auch bei naturschutzfachlichen bzw. -rechtlichen Fragestellungen eine besondere Rolle (z. B. FFH-Arten, invasive Arten).

Grundvoraussetzung für die Anwendung molekulargenetischer Methoden sind die gleichzeitige typ-spezifische Bearbeitung definierter Gewässerabschnitte mit den bereits etablierten „traditionellen“ und „neuen“ Methoden und die darauf basierende Kalibrierung. Somit wäre auch eine Abschätzung des Indikationspotenzials verschiedener molekulargenetischer Ansätze (eDNA, DNA Metabarcoding, ...) in Bezug auf verschiedene Gewässertypen möglich. Entsprechende methodische Voraussetzungen für ein standardisiertes Vorgehen bei den molekulargenetischen Methoden sind zu erarbeiten (z. B. MAJANEVA et al. 2018).

Wesentliche Herausforderungen für die nähere und mittlere Zukunft aus der Sicht des Gewässerschutzes sind daher das DNA-Barcoding des vollständigen Artenspektrums der in WRRL und WRG festgelegten Qualitätselemente, der gezielte Vergleich zwischen herkömmlicher gewässertyp-spezifischer Bewertung mit den Ergebnissen molekulargenetischer Methoden an repräsentativen Untersuchungstrecken sowie die Interpretation der bestehenden Unterschiede (ELBRECHT et al. 2017, PAWLOWSKI et al. 2018). Die bestehenden Bewertungssysteme wurden auf der Grundlage klassischer morphologischer Artbestimmungen erarbeitet. Die Klassengrenzen verschiedener Indices (beim Makrozoobenthos beispielsweise der Anteil von EPT [Ephemeroptera/Plecoptera/Trichoptera] -Taxa etc.) sind daher nicht direkt mit Indices „molekulargenetischer Artenlisten“ vergleichbar. Daraus resultieren bei bisherigen Vergleichen von Zustandsbewertungen ein zwar genereller Zusammenhang zwischen herkömmlichen und molekulargenetischen Zustandsbewertungen, aber auch entsprechende Streuungen mit teils unterschiedlichen Bewertungsergebnissen. Um das Potenzial molekulargenetischer Methoden in einer ergänzenden Weise auszuschöpfen, ist langfristig die Entwicklung eines ebenfalls gewässertyp-spezifischen Ansatzes sinnvoll, bei dem auch unbeeinflusste Referenzstellen bzw. Stellen unterschiedlicher Belastungssituationen mit molekulargenetischen Methoden erfasst werden. Erst dann bieten diese ergänzenden Methoden mit den bereits genannten Vorteilen (umfassendere Arten-

inventare, Berücksichtigung weiterer, taxonomisch derzeit schwieriger Gruppen etc.) ein Potenzial zur weiteren Schärfung der Gewässerbewertung (HERING et al. 2018).

Obwohl die Erstellung valider Referenzdatenbanken sowie die zu erstellende Bioinformatik den Einsatz größerer Geldmittel erfordern, werden nicht selten die geringeren Kosten für Probenahme und Analyse molekulargenetischer Methoden als Argument für ihren Einsatz ins Treffen geführt. Diese möglichen Vorteile dürfen jedenfalls nicht Motivation sein, morphologisch-taxonomische und ökologische Expertise aus dem Prozess der Bewertung des ökologischen Zustandes und Potenzials von Gewässern zu drängen. Die integrative Herangehensweise an die Bewertung erfordert gleichermaßen Kenntnis über abiotische und biotische gewässertypologische Charakteristika, Taxonomie und Ökologie der Indikatoren sowie über die Auswirkungen allfälliger positiver oder negativer anthropogener Eingriffe in Gewässersysteme auf die Zönosen. Dabei ist es essenziell, im Rahmen entsprechender universitärer und außeruniversitärer Ausbildungsstrategien die Vermittlung der relevanten fachlichen Grundlagen hinsichtlich Taxonomie und Ökologie zu gewährleisten, um die gesetzlich vorgeschriebenen Erfordernisse einer ökologisch basierten Gewässerbewertung sicherzustellen (BMLFUW 2012). Die oben diskutierten Beiträge molekulargenetischer Methoden (sowohl aus diagnostischer PCR als auch aus Metabarcoding) bleiben unbestritten.

Literatur

- APOTHÉLOZ-PERRET-GENTIL L., CORDONIER A., STRAUB F., ISELI J., ESLING P. & PAWLOWSKI J., 2017: Taxonomy-free molecular diatom index for high-throughput eDNA biomonitoring. *Mol. Ecol. Resour.* 17, 1231–1242.
- BMLFUW (BUNDESMINISTERIUM FÜR LAND- UND FORSTWIRTSCHAFT, Umwelt und Wasserwirtschaft), 2012: Qualitätssicherung GZÜV – Biologie. Nationales Monitoring – Biologie (WGGEV, GZÜV) von 2001 bis 2012. Wien.
- BMLFUW (BUNDESMINISTERIUM FÜR LAND- UND FORSTWIRTSCHAFT, Umwelt und Wasserwirtschaft), 2017: Nationaler Gewässerbewirtschaftungsplan 2015. Wien.
- CARIM K.J., DYSTHE J.C.S., YOUNG M.K., MCKELVEY K.S. & SCHWARTZ M.K., 2016: An environmental DNA assay for detecting Arctic grayling in the upper Missouri River basin, North America. *Cons. Gen. Resour.* 8, 197–199.
- CHOVANEC A., 2018: Comparing and evaluating the dragonfly fauna (Odonata) of regulated and rehabilitated stretches of the fourth order metarhithron Gurtenbach (Upper Austria), *Int. J. Odonat.* 21 (1), 15–32. doi: 10.1080/13887890.2017.1409665.
- CHOVANEC A., JÄGER P., JUNGWIRTH M., KOLLER-KREIMEL V., MOOG O., MUHAR S. & SCHMUTZ S., 2000: The Austrian way of assessing the ecological integrity of running waters – a contribution to the EU Water Framework Directive. *Hydrobiologia* 422/423, 445–452.
- CHOVANEC A., WÄRINGER J., WIMMER R. & SCHINDLER M., 2014: Dragonfly Association Index – Bewertung der Morphologie von Fließgewässern der Bioregion Östliche Flach- und Hügelländer durch libellenkundliche Untersuchungen. BM f. Land- u. Forstwirtschaft, Umwelt u. Wasserwirtschaft, Wien.
- CORDIER T., ESLING P., LEJZEROWICZ F., VISCO J., OUADAHI A., MARTINS C., CEDHAGEN T. & PAWLOWSKI J., 2017: Predicting the ecological quality status of marine environments from eDNA metabarcoding data using Supervised Machine Learning. *Environ. Sci. Technol.* 51 (16), 9118–9126.
- DEINER K., FRONHOFER E.A., MÄCHLER E., WALSER J.-C. & ALTERMATT F., 2016: Environmental DNA reveals that rivers are conveyor belts of biodiversity information. *Nature Comm.* 7:12544. doi: 10.1038/ncomms12544.

- DIJKSTRA K.-D.B., KALKMAN V.J., DOW R.A., STOKVIS F.R. & VAN TOL J., 2014: Redefining the damselfly families: a comprehensive molecular phylogeny of Zygoptera (Odonata). *Syst. Entomol.* 39 (1), 68–96.
- ELBRECHT V., VAMOS E.E., MEISSNER K., AROVIITA J. & LEESE F., 2017: Assessing strengths and weaknesses of DNA metabarcoding-based macroinvertebrate identification for routine stream monitoring. *Methods Ecol. Evol.* doi: 10.1111/2041-210X.12789.
- FISCHER I., SITTENTHALER M., TRAUOGOTT M., THALINGER B., ZANGL L., KOBLMÜLLER S., KUNZ G., CHOVANEC A. & HARING E., 2018: Austria's dragons – FFH species monitoring, DNA barcoding of different dragonfly life stages and their detection from environmental samples via eDNA. 3rd Annual Meeting in Conservation Genetics at the Natural History Museum Vienna 26–28 February 2018. Abstracts: 50.
- FRIEDRICH T., WIESNER C., UNFER G., PINTER K., DAILL D., ZANGL L. & KOBLMÜLLER S., 2015: Eine neue, unbeschriebene Gründlingsart der Gattung *Romanogobio* in der oberen Mur – eine erste Beschreibung anhand morphologischer Merkmale und DNA-Barcodes. *Österreichs Fischerei* 68 (4), 91–99.
- GOLDBERG C.S., TURNER C.R., DEINER K., KLYMUS K.E., THOMSEN P.F., MURPHY M.A., SPEAR S.F., MCKEE A., OYLER-McCANCE S.J., CORNMAN R.S., LARAMIE M.B., MAHON A.R., LANCE R.F., PILLIOD D.S., STRICKLER K.M., WAITS L.P., PREMIER A.K., TAKAHARA T., HERDER J.E. & TABERLET P., 2016: Critical considerations for the application of environmental DNA methods to detect aquatic species. *Methods Ecol. Evol.* 7, 1299–1307.
- GRAF W. & CHOVANEC A., 2016: Entwicklung eines WRRL-konformen Bewertungssystems für Auen großer Flüsse auf Basis des Makrozoobenthos unter besonderer Berücksichtigung der Donau. *BM f. Land- u. Forstwirtschaft, Umwelt u. Wasserwirtschaft*, Wien.
- HAJIBABAEI M., SHOKRALLA S., ZHOU X., SINGER G.A.C. & BAIRD D.J., 2011: Environmental barcoding: a next-generation sequencing approach for biomonitoring applications using river benthos. *PLoS ONE* 6 (4), e17497.
- HARING E., SZUCSICH N. & SATTMANN H., 2017: ABOL und die Zukunft. *Acta ZooBot Austria* 154, 181–184.
- HAUNSCHMID R., WOLFRAM G., SPINDLER T., HONSIG-EERLEBURG W., WIMMER R., JAGSCH A., KAINZ E., HEHENWARTER K., WAGNER B., KONECNY R., RIEDMÜLLER R., IBEL G., SASANO B. & SCHOTZKO N., 2006: Erstellung einer fischbasierten Typologie Österreichischer Fließgewässer sowie einer Bewertungsmethode des fischökologischen Zustandes gemäß EU Wasserrahmenrichtlinie. *Schriftenreihe des BA f. Wasserwirtschaft* 23, Wien.
- HERING D., BORJA A., IWAN JONES J., PONT D., BOETS P., BOUCHEZ A., BRUCE K., DRAKARE S., HÄNFLING B., KAHLERT M., LEESE F., MEISSNER K., MERGEN P., REYJOL Y., SEGURADO P., VOGLER A. & KELLY M., 2018: Implementation options for DNA-based identification into ecological status assessment under the European Water Framework Directive. *Water Res.* 138, 192–205. doi: 10.1016/j.watres.2018.03.003.
- HERZOG R. & HADRYNS H., 2017: Long-term genetic monitoring of a riverine dragonfly, *Orthetrum coerulescens* (Odonata: Libellulidae): direct anthropogenic impact versus climate change effects. *PLoS ONE* 12 (5), e0178014.
- KAUNISTO K.M., ROSLIN T., SÄÄKSJÄRVI I.E. & VESTERINEN E.J., 2017: Pellets of proof: first glimpse of the dietary composition of adult odonates as revealed by metabarcoding of feces. *Ecol. Evol.* 7, 8588–8598.
- KOLLER-KREIMEL V. & CHOVANEC A., 1999: Water Framework Directive – Ecological assessment of surface water status. *International Conference on EU Water Management – Framework Directive and Danubian Countries*. 21–23 June 1999, Bratislava. Proceedings, 93–110.
- LEESE F., ALTERMATT F., BOUCHEZ A., EKREM T., HERING D., MERGEN P., PAWLOWSKI J., PIGGOTT J., ABARENKOV K., BEJA P., BERVOETS L., BOETS P., BONES A., BORJA Á., BRUCE K., CARLSSON J.,

- COISSAC E., COSTA F., COSTACHE M., CREER S., CSABAI Z., DEINER K., DELVALLS Á., DUARTE S., FAZI S., GRAF W., HERSHKOVITZ Y., JAPOSHVILI B., JONES J., KAHLERT M., KALAMUJIC STROIL B., KELLY-QUINN M., KESKIN E., MÄCHLER E., MAHON A., MAREČKOVÁ M., MEJDANDZIC M., MONTAGNA M., MORITZ C., MULK V., NAVODARU I., PÁLSSON S., PANKSEP K., PENEV L., PETRUSEK A., PEANNKUCHEN M., RINKEVICH B., SCHMIDT-KLOIBER A., SEGURADO P., STRAND M., ŠULČIUS S., TRAUGOTT M., TURON X., VALENTINI A., VAN DER HOORN B., VASQUEZ HADJILYRA M., VIGURI J., VOGLER A. & ZEGURA B., 2016: DNAqua-Net: Developing new genetic tools for bioassessment and monitoring of aquatic ecosystems in Europe. *Research Ideas and Outcomes* 2, e11321. doi: 10.3897/rio.2.e11321.
- LEESE F., BOUCHEZ A., ABARENKOV K., ALTERMATT F., BORJA A., BRUCE K., EKREM T., ČIAMPOR JR. F., ČIAMPOROVA-ZAŤOVIČOVA Z., COSTA F.O., DUARTE S., ELBRECHT V., FONTANETO D., FRANC A., GEIGER M.F., HERING D., KAHLERT M., STROIL B.K., KELLY M., KESKIN E., LISKA I., Mergen P., MEISSNER K., PAWLOWSKI J., PENEV L., REYJOL Y., ROTTER A., STEINKE D., VAN DER WAL B., VÍTECEK S., ZIMMERMANN J. & WEIGAND A.M., 2018: Why we need sustainable networks bridging countries, disciplines, cultures and generations for aquatic biomonitoring 2.0: a perspective derived from the DNAqua-Net COST action. *Adv. Ecol. Res.* 58, 63–99. doi: 10.1016/bs.aecr.2018.01.001.
- LENAT D.R. & RESH V.H., 2001: Taxonomy and stream ecology – the benefits of genus- and species-level identifications. *J.N. Am. Benthol. Soc.* 20, 287–298.
- MÄCHLER E., DEINER K., STEINMANN P. & ALTERMATT F., 2014: Utility of environmental DNA for monitoring rare and indicator macroinvertebrate species. *Freshw. Sci.* 33 (4), 1174–1183.
- MAJANEVA M., DISERUD O.H., EAGLE S.H.C., BOSTRÖM E., HAJIBABAEI M. & EKREM T., 2018: Environmental DNA filtration techniques affect recovered biodiversity. *Sci. Rep.* 8, 4682. doi: 10.1038/s41598-018-23052-8.
- MEULENBROEK P., DREXLER S.-S., KRUMBÖCK S., STAUFFER C. & WAIDBACHER H., 2017: Application of mt-DNA Barcoding for fish larvae identification – selected spatial and seasonal pattern of fish larvae drift in the Danube in Vienna. *Acta ZooBot Austria* 154, 220.
- MOOG O. & CHOVANEC A., 2000: Assessing the ecological integrity of rivers: walking the line among ecological, political and administrative interests. *Hydrobiologia* 422/423, 99–109.
- MOOG O. & HARTMANN A. (Hg.), 2017: Fauna Aquatica Austriaca, 3. Lieferung 2017. BM f. Land- u. Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft, Wien.
- MOOG O., CHOVANEC A., HINTEREGGER J. & RÖMER A., 1999: Richtlinie zur Bestimmung der saprobiologischen Gewässergüte von Fließgewässern. BM f. Land- u. Forstwirtschaft, Wien.
- OFENBÖCK G., MAUTHNER-WEBER R. & WAGNER F.H., 2016: Leitfaden zur Erhebung der biologischen Qualitätselemente – Einleitung. BM f. Land- u. Forstwirtschaft, Wien.
- PAULS S.U., BLAHNIK R.J., ZHOU X., WARDWELL C.T. & HOLZENTHAL R.W., 2010: DNA barcode data confirm new species and reveal cryptic diversity in Chilean Smicridea (Smicridea) (Trichoptera: Hydropsychidae). *J.N. Am. Benthol. Soc.* 29 (3), 1058–1074. doi: 10.1899/09-108.1.
- PAWLOWSKI J., KAHLERT M., KELLY-QUINN M., ALTERMATT F., APOTHÉLOZ-PERRET-GENTIL L., BEJA P., BOGGERO A., BORJA A., BOUCHEZ A., CORDIER T., DOMAIZON I., FEIO M.J., FILIPA FILIPE A., FORNAROLI R., GRAF W., HERDER J., VAN DER HOORN B., JONES J.I., SAGOVA-MARECKOV M., MORITZ C., BARQUÍN J., PIGGOTT J.J., PINNA M., RIMET F., RINKEVICH B., SOUSA-SANTO C., SPECCHIA V., TROBAJO R., VASSELON V., VÍTECEK S., ZIMMERMANN J. & LEESE F., 2018: The future of biotic indices in the ecogenomic era: integrating DNA metabarcoding in biological assessment of aquatic ecosystems. *Sci. Total Environ.* 637–638, 1295–1310.
- PREVIŠIĆ A., GRAF W., VÍTECEK S., KUČINIĆ M., BÁLINT M., KERESZTES L., PAULS S.U. & WARINGER J., 2014: Cryptic diversity of caddisflies in the Balkans: The curious case of *Ecclisopteryx* species (Trichoptera: Limnephilidae). *Arthropod Syst. Phylo.* 72 (3), 309–329.
- RESH V.H. & UNZICKER J.D., 1975: Water quality monitoring and aquatic organisms: the importance of species identification. *Journal – Water Pollution Control Federation* 47 (1), 9–19.

- SCHMIDT-KLOIBER A. & HERING D., 2015: www.freshwaterecology.info – an online tool that unifies, standardises and codifies more than 20,000 European freshwater organisms and their ecological preferences. *Ecol. Indic.* 53, 271–282.
- SCHMIDT-KLOIBER A. & NIJBOER R., 2004: The effect of taxonomic resolution on the assessment of ecological water quality classes. *Hydrobiologia* 516, 269–283.
- SCHMUTZ S., FOHLER N., FRIEDRICH T., FUHRMANN M., GRAF W., GREIMEL F., HÖLLER N., JUNGWIRTH M., LEITNER P., MOOG O., MELCHER A., MÜLLNER K., OCHSENHOFER G., SALCHER G., STEIDL C., UNFER G. & ZEIRINGER B., 2013: Schwallproblematik an Österreichs Fließgewässern – Ökologische Folgen und Sanierungsmöglichkeiten. BM f. Land- u. Forstwirtschaft, Umwelt u. Wasserwirtschaft, Wien.
- SCHNEIDER J., VALENTINI A., DEJEAN T., MONTARSI F., TABERLET P., GLAIZOT O. & FUMAGALLI L., 2016: Detection of invasive mosquito vectors using environmental DNA (eDNA) from water samples. *PLoS ONE* 11 (9), e0162493. doi: 10.1371/journal.pone.0162493.
- SIGSGAARD E.E., CARL H., MØLLER P.R. & THOMSEN P.F., 2015: Monitoring the near-extinct European weather loach in Denmark based on environmental DNA from water samples. *Biol. Conserv.* 183, 46–52.
- STUBAUER I. & MOOG O., 1996: Gütebeurteilung österreichischer Fließgewässer mittels BMWP/ASPT – ein Methodenvergleich mit dem Saprobien-system. Deutsche Gesellschaft für Limnologie, Tagungsbericht 1995, 622–626.
- SZUCSICH N., 2015: ABOL – DNA-Barcoding als Impuls für die Biodiversitätsforschung in Österreich. *Acta ZooBot Austria* 152, 157–160.
- TABERLET P., COISSAC E., HAJIBABAEI M. & RIESEBERG L.H., 2012: Environmental DNA. *Mol. Ecol.* 21 (8), 1789–1793.
- THALINGER B., TRAUOGT M., WANZENBÖCK J., MORITZ C. & SCHWARZENBERGER R., 2017: Mit eDNA den Fischen auf der Spur. *Österreichs Fischerei* 70 (7), 175–185.
- THOMSEN P.F., KIELGAST J., IVERSEN L.L., WIUF C., RASMUSSEN M., GILBERT M.T., ORLANDO L. & WILLERSLEV E., 2012: Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA. *Mol. Ecol.* 21 (11), 2565–2573. doi: 10.1111/j.1365-294X.2011.05418.x.
- USSEGLIO-POLATERA P., BOURNAUD M., RICHOUX P. & TACHET H., 2000: Biomonitoring through biological traits of benthic macro-invertebrates: how to use species traits databases? *Hydrobiologia* 422/423, 153–162.
- VERDONSCHOT P.F.M., 2000: Integrated ecological assessment methods as a basis for sustainable catchment management. *Hydrobiologia* 422/423, 389–412.
- VITECEK S., PAULS S.U. & GRAF W., 2017: Barcoding der Köcherfliegen und Steinfliegen Vorarlbergs. *inatura – Forschung online* 35: 16 S.
- WIMMER R., WINTERSBERGER H. & PARTHL G.A., 2007: Fließgewässertypisierung in Österreich – Hydromorphologische Leitbilder (DVD). BM f. Land- u. Forstwirtschaft, Umwelt u. Wasserwirtschaft. Wien.
- ZITTRA C., FLECHL E., LEBL K., OBWALLER A.G., ZECHMEISTER T., WARINGER J. & FUEHRER H.-P., 2016: DNA-Barcoding der österreichischen Culiciden (Insecta: Diptera) – Challenge für Taxonomie und Molekularbiologie. *Acta ZooBot Austria* 153, 173–175.

Anschriften:

Univ.-Doz. Dr. Andreas CHOVANEC, Dr. Karin DEUTSCH, Dr. Veronika KOLLER-KREIMEL, Mag. Gisela OFENBÖCK, Bundesministerium für Nachhaltigkeit und Tourismus, Abt. Nationale und internationale Wasserwirtschaft, Marxergasse 2, A-1030 Wien.

E-Mail: andreas.chovanec@bmnt.gv.at, karin.deutsch@bmnt.gv.at, veronika.koller-kreimel@bmnt.gv.at, gisela.ofenboeck@bmnt.gv.at

Assoz.-Prof. Dr. Wolfram GRAF, Universität für Bodenkultur, Institut für Hydrobiologie & Gewässermanagement, Gregor-Mendel-Straße 33, A-1180 Wien.

E-Mail: wolfram.graf@boku.ac.at

Mag. Christian MORITZ, ARGE Limnologie GesmbH, Hunoldstraße 14, A-6020 Innsbruck. E-Mail: christian.moritz@limnologie.at

Mag. Simon VÍTECEK PhD, Senckenberg Museum und Forschungsinstitut, Senckenberganlage 25, D-60325 Frankfurt am Main; Universität für Bodenkultur, Institut für Hydrobiologie & Gewässermanagement, Gregor-Mendel-Straße 33, A-1180 Wien; WasserCluster Lunz – Biologische Station GmbH, Dr.-Carl-Kupelwieser-Promenade 5, A-3293 Lunz am See. E-Mail: simon.vitecek@wcl.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. Früher: Verh. des Zoologisch-Botanischen Vereins in Wien. seit 2014 "Acta ZooBot Austria"](#)

Jahr/Year: 2018

Band/Volume: [155_2](#)

Autor(en)/Author(s): Chovanec Andreas, Deutsch Karin, Koller-Kreimel Veronika, Moritz Christian, Ofenböck Gisela, Vitecek Simon

Artikel/Article: [eDNA – Perspektiven aus der Sicht der Gewässerbewertungspraxis in Österreich 21-30](#)