

## Beitrag der ABOL-BioBlitze zur österreichischen Biodiversitäts-Erfassung: DNA-Barcodes aus 2019 und 2020

Michaela SONNLEITNER, Sabine SCHODER, Oliver MACEK, Christoph LEEB, Christian BRÄUCHLER, Elisabeth HARING, Stefan DÖTTERL, Andreas ECKELT, Rupert FAUSTER, Elisabeth GLATZHOFFER, Wolfram GRAF, Patrick GROS, Helge HEIMBURG, Ernst HEISS, Werner HINTERSTOISSER, Stefan KIRCHWEGGER, Stephan KOBLMÜLLER, Christian KOMPOSCH, Andreas LINK, Dominik RABL, Thomas RUPP, Martin SCHLAGER, Martin STREINZER, Hartmuth STRUTZBERG, Lorin TIMAEUS, Herbert C. WAGNER, Benjamin WIESMAIR, Dominique ZIMMERMANN & Nikolaus U. SZUCSICH

Bei den 10 ABOL-BioBlitz-Aktionen im Rahmen der Tage der Artenvielfalt 2019 und 2020, die größtenteils in Schutzgebieten stattfanden, wurden DNA-Barcodes von Organismen erstellt, die im Zuge der Veranstaltungen gesammelt und bestimmt wurden. Im Rahmen dieser Publikation werden insgesamt 2.172 Datensätze bzw. 1.750 DNA-Barcodes von 1.040 Arten veröffentlicht und sind somit auf der internationalen DNA-Barcoding-Plattform BOLD frei zugänglich. Mit den BioBlitzen schafft ABOL eine win-win-Situation, indem Bestimmungen abgesichert werden, die Datengrundlage verbessert und kryptische Diversität aufgedeckt wird. Vor allem aber versucht ABOL, selten gewordene Artenkenntnis, v. a. für Insekten, durch DNA-Barcoding zu sichern und allgemein verfügbar zu machen. Der gesteigerte Bedarf an Bestimmungskompetenz, den die Bewältigung der Biodiversitätskrise mit sich bringt, erfordert eine Erweiterung der methodischen Ansätze der Artbestimmung, um nicht an Kapazitätsgrenzen zu stoßen.

**SONNLEITNER M., SCHODER S., MACEK O., LEEB C., BRÄUCHLER C., HARING E. et al., 2022: Contribution of the ABOL BioBlitzes to the Austrian biodiversity data: DNA barcodes from 2019 and 2020.**

In 2019 and 2020, the Austrian Barcode of Life initiative (ABOL) introduced a new Citizen Science format to Austria, the ABOL BioBlitz, which combines well established Days of Biodiversity (Tage der Artenvielfalt) with the generation of DNA barcodes. Experts on various taxonomic groups meet during these Days of Biodiversity to record as many species as possible. Especially in arthropods, reliable species identification often requires detailed morphological examination of the collected specimens. Since the expertise for accurately identifying arthropods is rare, declining and often restricted to a few people, the generation of DNA barcodes for specimens identified by experts to serve as reference data is an efficient way to safeguard taxonomic knowledge for society and for the future. Here, we publish data on 2,172 specimens, including 1,750 DNA barcodes from 1,040 species, which were mainly collected in protected areas, and make these data openly accessible on the international Barcode of Life platform (BOLD).

With the BioBlitz actions, ABOL intends to enhance the value of the Days of Biodiversity for all parties by improving the biodiversity data for distinct areas, securing species identifications, uncovering potential cryptic diversity and digitizing taxonomic expertise. Necessary policies to reverse the current biodiversity decline entail increasing demands in species identification. Building up a reference DNA barcode database will help to avoid capacity limits due to a declining taxonomic expertise, by allowing for DNA barcoding as a complementary molecular genetic approach for species identification.

**Keywords:** ABOL BioBlitz, taxonomic expertise, biodiversity, data release, DNA barcode, BOLD, Austrian Barcode of Life.

## Hintergrund

Der aktuelle dramatische Biodiversitätsverlust gehört zu den größten Bedrohungen der Menschheitsgeschichte (CARDINALE et al. 2012, WAGNER et al. 2021) und spielt als solcher eine zunehmend große Rolle in wirtschaftlichen und gesellschaftspolitischen Strategien. Um den Verlust an Arten zu stoppen, müssen auf vielen Ebenen faktenbasierte Entscheidungen getroffen werden, wofür einerseits frei zugängliche Biodiversitätsdaten notwendig sind, andererseits Kompetenzen, diese zu generieren und in Kontext zu setzen. Die allermeisten biodiversitätsrelevanten Beurteilungen setzen möglichst korrekte Artbestimmungen voraus. Politisches Handeln, das eine erfolgreiche Wiederherstellung der Biodiversität zum Ziel hat, stellt also wachsende Ansprüche an unsere Kompetenz, Arten schnell und richtig zu bestimmen. Mit geschätzten 75.000 Arten (vergleiche SAUBERER 2008, GEISER 2018) gehört Österreich zu den artenreichsten Ländern Mitteleuropas. Einer der Gründe ist die Lebensraumvielfalt am Übergang vom Pannonikum zu den Alpen und der Böhmisches Masse. Zahlreiche Schutzgebiete unterschiedlicher Kategorien sollen mithelfen, Lebensräume und Biodiversität zu erhalten. Auch wenn der Großteil des Artenverlustes in der Agrarlandschaft stattfindet (EEA 2020), macht der Rückgang der Biodiversität auch vor Schutzgebieten nicht halt, wie am Beispiel von Schmetterlingen gezeigt werden konnte (HABEL et al. 2016). Der Biodiversitätsverlust beginnt aber nicht erst dort, wo die Artenzahlen abnehmen, sondern bereits beim Schrumpfen von Populationsgrößen bzw. dem Verlust an Biomasse von Arten (HALLMANN et al. 2017). Vielfach fehlen jedoch die Daten, um derartige Populationsveränderungen detektieren zu können. Obwohl Mitteleuropa und damit auch Österreich, zu den vergleichsweise gut erforschten Regionen zählt, sind auch hier Biodiversitätsdaten nur lückenhaft vorhanden. Da sämtlichen biodiversitätsrelevanten Beurteilungen eine sichere, zuverlässige Artbestimmung zugrunde liegen muss, ist breite taxonomische Expertise unerlässlich. Weltweit ist jedoch eben diese taxonomische Expertise auf wenige Personen beschränkt (HAUSMANN et al. 2020, KLAUSNITZER 2010, MORINIÈRE et al. 2019, NILSSON et al. 2018). Für viele Organismengruppen fehlen Fachleute mit der Fähigkeit, Tiere, Pflanzen und Pilze auf Artniveau zu bestimmen, auch in Österreich. In Anbetracht der Biodiversitätskrise birgt der Mangel an Kompetenz (besonders was wenig erforschte Organismengruppen betrifft) die Gefahr, zum Flaschenhals für zwingend erforderliches politisches Handeln, wie etwa die Umsetzung einer umfassenden und großflächigen Monitoringstrategie, zu werden. Mit dem Verlust an Expert:innen steigt auch die Gefahr, dass die Kontinuität von Expertise abbricht. So war Österreich um 1900 in der Dipterentaxonomie weltführend (CONTRERAS-LICHTENBERG 2003), während derzeit Expert:innen für viele Dipterengruppen fehlen.

Die gesellschaftspolitischen Herausforderungen im Rahmen der Bewältigung der Biodiversitätskrise werden zu gesteigerten Anforderungen an Biodiversitätserfassung und -monitoring im Allgemeinen und Artbestimmung im Speziellen führen. Um diesen Anforderungen gerecht zu werden, wird es nötig sein (i) Bestimmungskompetenzen für viele Organismengruppen aufzubauen, (ii) die Kontinuität von taxonomischer Expertise zu sichern und (iii) methodische Ansätze zu wählen, die Artbestimmung bedarfsorientiert auch in großem Umfang ermöglichen bzw. erleichtern und damit verhindern, dass Kapazitätsgrenzen überschritten werden.

Die ABOL-Initiative (Austrian Barcode of Life; [www.abol.ac.at](http://www.abol.ac.at)) hat sich all diesen Zielen verschrieben.

Im Rahmen von Projekten fördert ABOL die Ausbildung von Nachwuchs-Taxonom:innen. Durch die Digitalisierung von Bestimmungskompetenz im Rahmen des Aufbaus der Referenzdatenbank wird eine Weitergabe an die nächste Generation von Biodiversitätsexpert:innen erleichtert. Durch jeden Referenzorganismus einer Art, der in die Datenbank aufgenommen wird, wird es mittels DNA-Barcoding möglich, Individuen oder Proben von Individuen unbekannter Artzuordnung, zu bestimmen – aus diesem Grund sprechen wir von „Digitalisierung von Kompetenzen“.

In den meisten Fällen ist mittels DNA-Barcoding die Bestimmung auf Artniveau möglich, jedoch nicht bei allen Artengruppen, zum Beispiel bei hybridogenen oder sehr jungen Arten. Bei letzteren sind die COI-Gene oftmals noch zu ähnlich und die DNA-Barcoding-Methode stößt auf ähnliche Grenzen, wie die morphologische Bestimmung. Andererseits ermöglicht die genetische Analyse das Aufdecken von kryptischen Arten, die aufgrund großer morphologischer Ähnlichkeit bisher nicht als eigenständige Arten erkannt worden waren. Eine Vielzahl von kryptischen Arten konnte bisher weltweit durch DNA-Barcoding detektiert werden (HUEMER et al. 2014, GRANT et al. 2021).

Die von der ABOL-Initiative eingeführten ABOL-BioBlitze verbinden alle drei oben erwähnten Punkte. Die im Rahmen der BioBlitze vorgenommene Digitalisierung der seltenen taxonomischen Expertisen erschließt diese für die Gesellschaft und erleichtert eine Weitergabe an die nächste Generation von Biodiversitätsexpert:innen. Durch die Nutzung der Referenzdaten in Metabarcoding-Ansätzen (Bestimmung der Artenzusammensetzung von Mischproben) und der Analyse von Umweltproben (eDNA), wird das Spektrum von Monitoring-Ansätzen stark erweitert.

In dieser Publikation werden die ersten DNA-Barcode-Daten aus insgesamt 10 ABOL-BioBlitz-Aktionen 2019 und 2020 veröffentlicht und gleichzeitig auch in der internationalen DNA-Barcoding-Plattform BOLD (<http://boldsystems.org/>, RATNASINGHAM & HEBERT 2007) öffentlich zugänglich gemacht.

## **ABOL-BioBlitze – Idee und Umsetzung**

Mit den ABOL-BioBlitzen hat ABOL 2019 ein Format ins Leben gerufen, das DNA-Barcoding in die Tage der Artenvielfalt (TdAs; auch: GEO-Tag der Natur) integriert und so einen vielfältigen Mehrwert generiert.

Seit Ende der 1990er Jahre treffen sich in Österreich Artenkenner:innen an den TdAs jährlich, um in ausgewählten Gebieten – viele davon befinden sich in Schutzgebieten, wie Nationalparks, Biosphärenparks, etc. – binnen 24 Stunden so viele Arten an Tieren, Pflanzen und Pilzen wie möglich zu erfassen. Der Ursprung solcher Citizen Science-Veranstaltungen liegt in den USA, wo sie als *Bioblitzes* vom National Park Service veranstaltet wurden, um die Fauna und Flora der Nationalparks besser kennen zu lernen (BAKER et al. 2014). Gleichzeitig sollte das Event Wissenschaftler:innen aus verschiedenen Fachrichtungen und interessierte Laien in Kontakt bringen. In Österreich wurde diese Idee weitergeführt und für viele Veranstalter sind die TdAs zu einem jährlichen Fixpunkt geworden, was in dieser Regelmäßigkeit, zumindest in Europa, einzigartig ist. Oftmals werden zusätzlich zur Biodiversitätserhebung auch thematische Exkursionen angeboten und Biodiversitäts-Festivals veranstaltet, um die breite Öffentlichkeit zu informieren und für Biodiversität zu sensibilisieren und zu begeistern. Das Kernziel ist jedoch, die Expert:innen zusammenzubringen, die Datengrundlage für ein Gebiet zu verbessern und Datenlücken zu schließen.

Solche TdAs stellen demnach Ereignisse dar, bei denen sich viele, ansonsten über ganz Österreich verteilte, Expert:innen für kurze Zeit an einem Ort treffen. Was liegt also näher, als diese TdAs und die dort versammelte taxonomische Kompetenz zu nutzen, um zumindest einen Teil davon für DNA-basierte Artbestimmung zu erschließen und langfristig für die Gesellschaft zu sichern? Dies erfolgt mittels Erstellung von DNA-Barcodes. Von Organismen, die bei den TdAs ohnehin gesammelt und bestimmt werden, wird eine Gewebeprobe entnommen und eine Referenzsequenz generiert. Dafür wird ein kurzer Abschnitt der DNA (COI-Gen) sequenziert und zusammen mit der Bestimmung und entsprechenden Metadaten (v. a. Ort und Zeitpunkt der Aufsammlung, aber auch Fotos der Individuen) als sog. DNA-Barcode in einer öffentlich zugänglichen Datenbank (BOLD) gespeichert, welche als eine Art digitales Bestimmungsbuch auf DNA-Basis fungiert. Um die Nachvollziehbarkeit der Bestimmung zu gewährleisten, werden die Referenzorganismen in einer wissenschaftlichen Sammlung hinterlegt. Durch einen Vergleich mit solchen DNA-Barcodes können geringste Mengen an DNA zur Artbestimmung bzw. (bei problematischen Arten) für eine eindeutige Zuordnung zu Artengruppen verwendet werden. DNA-Barcoding bietet den Vorteil, dass auch Gewebeproben oder morphologisch unbestimmbare Stadien (z. B. Gelege, Larven etc.) und auch Misch- oder Umweltproben der DNA-Analyse unterzogen werden können, um taxonomische Bestimmungen vorzunehmen. Mit diesem Ansatz können kostengünstig, effizient und ohne jahrelange taxonomische Expertise auch große Mengen an Proben bestimmt werden. Angesichts des wachsenden Biodiversitätsverlustes und der steigenden Nachfrage nach rascher und zuverlässiger Artbestimmung, ist DNA-basierte Bestimmung als Ergänzung zur klassischen morphologischen Taxonomie ein wesentliches Hilfsmittel, da sie für viele Bereiche automatisierbare Lösungen bietet (GRANT et al. 2021, PORTER & HAJIBABAEI 2018). Wesentlich ist jedoch, dass DNA-Barcoding taxonomische Kompetenz nicht ersetzt, die Kompetenz von Fachleuten wird aber nicht für jede Einzelbestimmung benötigt. Automatisierte Ergebnisse bedürfen außerdem immer einer kritischen Interpretation durch Fachleute, zusätzlich ist detailliertes Fachwissen nötig, um Ergebnisse in Kontext zu setzen.

Voraussetzung für das Funktionieren dieses Ansatzes ist eine hochqualitative und vollständige Referenzdatenbank, welche nur in Kooperation mit taxonomischen Expert:innen zustande kommen kann und damit deren Bedeutung unterstreicht.

Durch die Erstellung von DNA-Barcodes als Referenz kann somit Bestimmungskompetenz digitalisiert und langfristig gespeichert werden. Auf diese Weise tragen Expert:innen, die bei den ABOL-BioBlitzen mitmachen, wesentlich zur Verbesserung der Datengrundlage für zukünftige Monitoring-Aufgaben und andere Anwendungen bei.

## Material und Methoden

### Standorte

In den Jahren 2019 und 2020 fanden insgesamt 10 ABOL-BioBlitze an TdAs statt (Abb. 1).

#### ● GEO-Tag der Natur im Biosphärenpark Nockberge 2019

Der erste ABOL-BioBlitz fand am 17. und 18. Mai 2019 im Rahmen des GEO-Tages der Natur im Biosphärenpark Nockberge (Kärnten) statt. Im Fokus stand die Artenvielfalt am Ufer des Millstätter Sees und benachbarter Berghänge. Insgesamt wurden 1166 Arten

nachgewiesen (AURENHAMMER et al. 2020), darunter waren auch einige Erstnachweise für den Biosphärenpark.

### ● **Tag der Artenvielfalt Oberösterreich 2019**

Der vom Naturschutzbund Oberösterreich und dem Biologiezentrum Linz des oberösterreichischen Landesmuseums veranstaltete Tag der Artenvielfalt widmete sich am 31. Mai und 1. Juni 2019 den Landschaften im Umkreis des Mühlbergerhofes bei Grein. Die Ergebnisse zeigten eindrucksvoll den Artenreichtum, den eine nachhaltig bewirtschaftete Kulturlandschaft beherbergt und welchen essentiellen Beitrag sie zur Erhaltung und Wiederherstellung von Biodiversität leisten kann. Für die interessierte Öffentlichkeit gab es spätabends Führungen zu Fledermäusen und frühmorgens zu Vögeln.

### ● **Tag der Artenvielfalt im Biosphärenpark Wienerwald 2019**

Der bereits 13. Tag der Artenvielfalt des Biosphärenparks Wienerwald fand am 14. und 15. Juni 2019 mit ca. 80 Expert:innen in der Gemeinde Pressbaum (Niederösterreich) statt. Der Nachmittag des zweiten Tages war dem „Fest der Biodiversität“ gewidmet. Zahlreiche Infostände vermittelten verschiedenste Biodiversitätsthemen. Mitglieder des ABOL-Teams erklärten interessierten Personen wie DNA-Barcoding das Spektrum der Ansätze erweitert, mit denen Biodiversität beforscht und gemessen werden kann.

### ● **Wiener Tag der Artenvielfalt 2019**

Im Rahmen des Interreg-Projekts CITY NATURE fand am 21. und 22. Juni 2019 der erste grenzüberschreitende Tag der Artenvielfalt mit Bratislava statt. Organisiert von der Wiener Umweltschutzabteilung und der Universität für Bodenkultur (BOKU), standen in Wien die ökologisch wertvollen Wiesen rund um das BOKU-Gelände Knödelhüttenstraße im Fokus. Naturinteressierte Besucher konnten an Exkursionen teilnehmen und sich an Infoständen über Biodiversitätsinitiativen informieren.

### ● **Tiroler Tag der Artenvielfalt 2019**

Der Tiroler Tag der Artenvielfalt 2019 fand, veranstaltet vom Verein Artenvielfalt, den Tiroler Landesmuseen, der Universität Innsbruck und dem Land Tirol, am 5. und 6. Juli 2019 in der Gemeinde Brandenberg statt. In der Kaiserklamm, dem Kaiserboden, entlang der Weißsache und auf der Bayerischen Wildalm und der Wildalmfilz konnten insgesamt 1300 Arten nachgewiesen werden (PAGITZ & HUEMER 2019).

### ● **Tag der Artenvielfalt im Nationalpark Hohe Tauern 2019**

Der jährlich, abwechselnd im Tiroler, Kärntner und Salzburger Teil des Nationalparks stattfindende Tag der Artenvielfalt, fand vom 26. bis 28. Juli 2019 unter dem Motto „Gipfeltreffen der Artenvielfalt am Fuße des Großglockners“ in Kärnten statt. Das Untersuchungsgebiet erstreckte sich von den Tallagen um Heiligenblut bis zu den subalpinen und alpinen Lagen des Gössnitzals und der umgebenden Gipfel. Rund 60 Artenkenner:innen erhoben verschiedene Tier-, Pilz- und Pflanzengruppen.

### ● **Tag der Artenvielfalt im Biosphärenpark Wienerwald 2020**

Mehr als 80 Expert:innen erhoben am 19. und 20. Juni 2020 die Arten des Untersuchungsgebiets im 18. Wiener Gemeindebezirk in und um den Pötzleinsdorfer Schlosspark. Neben

Wienerwald-Wiesen und -Wäldern waren auch der Pötzleinsdorfer, der Neustifter und der Gersthofer Friedhof für den Tag der Artenvielfalt geöffnet und zeichneten sich durch einen sehr hohen Artenreichtum aus. Bei Einbruch der Dunkelheit wurden von Lepidopterologen Lichtfallen aufgestellt und die Fledermausfauna von Expert:innen erhoben.

### ● GEO-Tag der Natur im Biosphärenpark Nockberge 2020

Der 5. GEO-Tag der Natur, abermals veranstaltet vom Biosphärenpark Nockberge, E.C.O. und dem ÖKOTEAM, fand am 17. und 18. Juli 2020 in der Umgebung der Grundalm statt. Trotz der hohen Lage des Untersuchungsgebietes und der schlechten Wetterbedingungen war das Ergebnis mit über 750 Arten, die von rund 60 Forscher:innen gefunden wurden, mehr als beachtlich (GLATZ-JORDE et al. 2021).

### ● Tag der Artenvielfalt im Nationalpark Hohe Tauern 2020

Im Fokus des Tages der Artenvielfalt im Nationalpark Hohe Tauern stand von 17. bis 19. Juli 2020 das Umbaltal in Osttirol mit seinen bekannten Wasserfällen und einem Habitatspektrum, das von montanen Wäldern über alpine Rasen bis hin zur Gletscherregion reicht. Zusätzlich ist der Artenreichtum des Umbaltals mit seinen engen Seitentälern durch die abwechslungsreiche Geologie begründet. 66 Expert:innen beteiligten sich an der Erfassung der Arten.

### ● Tiroler Tag der Artenvielfalt 2020

Am 4. und 5. September 2020 wurde im Rahmen des Tiroler Tages der Artenvielfalt die Gemeinde Kössen von Biodiversitätsexpert:innen besucht. Dieser wurde vom Verein Artenvielfalt veranstaltet, und von den Tiroler Landesmuseen, der Universität Innsbruck und dem Land Tirol unterstützt. Untersuchungsräume waren das Antenloch, das Latschenhochmoor Kaltenbachmoos, die Wälder des Loferbergs und die Wälder und Almen rund um das Straubingerhaus ([www.arten-vielfalt.at/wp-content/uploads/2021/02/2020\\_Koessen.pdf](http://www.arten-vielfalt.at/wp-content/uploads/2021/02/2020_Koessen.pdf)).

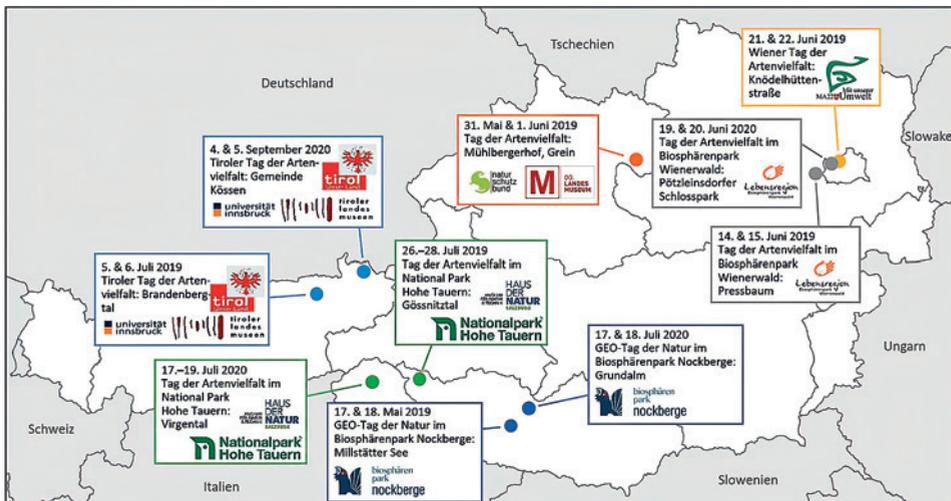


Abb. 1: Standorte der Tage der Artenvielfalt 2019 und 2020 in Österreich mit ABOL-BioBlitz-Beitragung. – Fig. 1: Locations of the Days of Biodiversity 2019 and 2020 in Austria with ABOL Bio-Blitz participation.

## **Ablauf für die Sammler:innen**

Von Individuen, die bei den TdAs von den Expert:innen gesammelt und bestimmt wurden, wurde eine Gewebeprobe entnommen und in reinem, unvergälltem Ethanol konserviert. Dafür hat das ABOL-Team mit Sammelnummern versehene und mit Ethanol gefüllte Röhrchen zur Verfügung gestellt.

Zusätzlich zur Artbestimmung und der Gewebeprobe wurden von den Sammler:innen die entsprechenden Metadaten (v. a. Ort und Zeitpunkt der Aufsammlung) und nach Möglichkeit Fotos von den Organismen zur Verfügung gestellt. Um die Nachvollziehbarkeit der Bestimmung zu gewährleisten, wurden die Referenzorganismen in einer wissenschaftlichen Sammlung hinterlegt.

## **Sequenzierung**

Die DNA-Extraktion, PCR und Sequenzierung der DNA-Barcoding-Sequenzen (Abschnitt der mitochondrialen Cytochrom-c-Oxidase Untereinheit 1 Gens; COI) erfolgte durch das CCDB (Canadian Centre for DNA Barcoding, University of Guelph, Kanada) anhand der Gewebeproben der gesammelten Individuen. Für PCR und Sequenzierung wurde der C\_LepFol Primer-Cocktail (HERNÁNDEZ-TRIANA et al. 2014) verwendet.

## **Datenexport nach BOLD**

Für jedes Individuum wurde von der ABOL-Koordination ein Eintrag auf BOLD angelegt, der neben der taxonomischen Bestimmung durch die Expert:innen auch Metadaten und Bilder vom Individuum beinhaltet. Die Sequenzen und Tracefiles (Chromatogramme der DNA-Sequenzen) wurden direkt vom CCDB hinzugefügt.

## **Qualitätskontrolle**

Um die taxonomischen Bestimmungen durch die Expert:innen zu validieren, wurde jedes Individuum mit Hilfe der BOLD Identification Engine anhand seiner COI-Sequenz bestimmt (COI Species Database; Standard Filter: min. 80 % similarity; min. overlap of 300 bp; sequence length over 300 bp; excluding contaminations, records with stop codons and records flagged as misidentifications or errors; 06.07.2021). Bei Diskrepanzen zwischen der taxonomischen und der genetischen Bestimmung wurde mit Hilfe des R-Pakets „taxize“ (CHAMBERLAIN et al. 2020) kontrolliert, ob es sich laut GBIF ([www.gbif.org](http://www.gbif.org)) um Synonyme handelt. War dies nicht der Fall, wurden die Expert:innen informiert und um eine Nachbestimmung bzw. erneute Bestätigung der ursprünglichen Bestimmung gebeten. Sequenzen zu 126 Individuen, für die noch keine abschließende Rückmeldung durch die Expert:innen erfolgte, wurden im Zuge dieser Publikation nicht freigeschaltet.

## **Ergebnisse**

Bei den 10 ABOL-BioBlitzen 2019 (n = 6) und 2020 (n = 4) wurden von insgesamt 40 Sammler:innen 2.172 Individuen bzw. Gewebeproben an ABOL übergeben (Tab. 1). Zusätzlich wurden weitere Proben von Spinnentieren und verschiedenen Insektengruppen, die bei TdAs gesammelt wurden, über ein Kooperationsprojekt von ABOL, ÖKO-TEAM und Universität Graz analysiert und in BOLD eingespeist. Diese sind in diesem Datensatz nicht enthalten. Alle Individuen befinden sich in öffentlich zugänglichen wissenschaftlichen Sammlungen (Naturhistorisches Museum Wien (1.139 Individuen);

Haus der Natur, Salzburg (318); Oberösterreichisches Landesmuseum, Biologiezentrum, Linz (194); Tiroler Landesmuseen Ferdinandeum (122), Elisabeth Glatzhofer (26)) bzw. Privatsammlungen (Dominik Rabl (299), Sabine Schoder (60), Hannes Pohla (10) und Christoph Wurzer (4)). Von 1.738 Individuen wurden Fotos erstellt. Die Bestimmung der Individuen erfolgte durch 50 Expert:innen. Bei allen bearbeiteten Individuen handelt es sich um Arthropoden, von denen der Großteil (99,5 %) den Insekten zugeordnet wird. Die artenreichsten Insektengruppen des BioBlitz-Datensatzes – Coleoptera (n = 941), Hymenoptera (n = 531), Diptera (n = 237), Lepidoptera (n = 224) und Hemiptera (n = 151) – stellen gemeinsam 95,9 % aller Individuen. Der Großteil der bearbeiteten Individuen (90,1 %) wurde von den Expert:innen auf Artniveau bestimmt (n = 1.957), einige Individuen nur bis zur Gattung (n = 129) oder bis zu einer höheren taxonomischen Ebene (n = 86).

Alle gewonnenen Sequenzen wurden im BOLD-Dataset „ABOL Bioblitz 2019-20“ (DS-ABOLBB19) zusammengefasst und sind auf BOLD öffentlich zugänglich (DOI: [dx.doi.org/10.5883/DS-ABOLBB19](https://dx.doi.org/10.5883/DS-ABOLBB19)). Bei 83,7 % (n = 1.818) der Proben war die Sequenzierung erfolgreich und es konnten COI-Sequenzen mit einer Länge von mindestens 486 Basenpaaren (bp) generiert werden. Diese Schwelle ist eines der BOLD-Kriterien für den Barcode-Status („Barcode Compliant“), für den die Einträge zusätzlich qualitativ hochwertige, durch Tracefiles verifizierte COI-Sequenzen, sowie Metadaten bezüglich des Fundorts (Mindestkriterium: Land) besitzen müssen. 80,6 % (n = 1.750) der BioBlitz-Proben haben einen Barcode-Status, wobei der Anteil zwischen den Insektengruppen variiert. So haben 96 % der Lepidoptera einen Barcode-Status, wohingegen die Rate bei Coleoptera und Hemiptera nur bei 72,3 bzw. 71,5 % liegt (Tab. 2).

Ein Abgleich mit den vorhandenen Daten in BOLD am 29.07.2021 unter Berücksichtigung von Synonymen ergab, dass die ABOL-BioBlitze für 90 Arten den ersten DNA-Barcode auf BOLD liefern konnten. Bei 719 Arten handelte es sich um den ersten DNA-Barcode für Österreich (Tab. 2).

Tab. 1: Anzahl der bearbeiteten Individuen, der generierten Sequenzen, die die Minimalanforderung an Sequenzlänge erfüllen und der Sequenzen mit Barcode-Status für die einzelnen ABOL-BioBlitze. – Tab. 1: Number of processed individuals, number of generated sequences with the minimal required sequence length and number of sequences with barcode status for the respective ABOL BioBlitzes.

<b>ABOL-BioBlitz</b>	<b>Individuen</b>	<b>Sequenzen &gt;486 bp</b>	<b>Barcode Status</b>
TdA Nationalpark Hohe Tauern 2019	245	236	225
TdA Nationalpark Hohe Tauern 2020	132	128	128
TdA Biosphärenpark Nockberge 2019	292	256	253
TdA Biosphärenpark Nockberge 2020	20	20	18
TdA Oberösterreich 2019	227	194	193
TdA Tirol 2019	372	303	283
TdA Tirol 2020	53	47	47
TdA Wien 2019	84	69	69
TdA Biosphärenpark Wienerwald 2019	564	449	424
TdA Biosphärenpark Wienerwald 2020	183	116	110
<b>Insgesamt</b>	<b>2.172</b>	<b>1818</b>	<b>1.750</b>

Tab. 2: Anzahl der pro Organismengruppe bearbeiteten Individuen, der generierten Sequenzen, die die Minimalanforderung an Sequenzlänge erfüllen und der Sequenzen mit Barcode-Status, sowie Anzahl der Arten pro Organismengruppe. Von diesen Arten waren einige Ersteinträge für BOLD bzw. Erseinträge von in Österreich gesammelten Individuen der jeweiligen Arten. – Tab. 2: Number of processed individuals, number of generated sequences with the required sequence length and number of sequences with barcode status as well as the number of species per taxonomic group. Some of these references were the first records in BOLD for the species or the first entries for species collected in Austria.

Taxonomische Gruppe	Individuen [n]	Sequenz > 486 bp		Barcode Status		auf Artniveau bestimmt		Arten [n]	Arten mit DNA-Barcode		Erste Referenz für BOLD		Erste Referenz für BOLD AT	
		[n]	[%]	[n]	[%]	[n]	[%]		[n]	[%]	[n]	[%]	[n]	[%]
<b>Arthropoda</b>	2.172	1.818	83,7	1750	80,6	1957	90,1	1.255	1.040	82,9	90	7,2	719	57,3
Arachnida	1	0	0,0	0	0,0	1	100,0	1	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Araneae	1	0	0,0	0	0,0	1	100,0	1	0	0,0	0	0,0	0	0,0
<b>Chilopoda</b>	2	2	100,0	2	100,0	2	100,0	2	2	100,0	0	0,0	1	50,0
Geophilomorpha	1	1	100,0	1	100,0	1	100,0	1	1	100,0	0	0,0	0	0,0
Scolopendromorpha	1	1	100,0	1	100,0	1	100,0	1	1	100,0	0	0,0	1	100,0
<b>Diplopoda</b>	1	1	100,0	1	100,0	1	100,0	1	1	100,0	0	0,0	0	0,0
Polydesmida	1	1	100,0	1	100,0	1	100,0	1	1	100,0	0	0,0	0	0,0
<b>Entognatha</b>	2	0	0,0	0	0,0	1	50,0	1	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Collembola	1	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Diplura	1	0	0,0	0	0,0	1	100,0	1	0	0,0	0	0,0	0	0,0
<b>Insecta</b>	2.162	1.813	83,9	1.745	80,7	1948	90,1	1.246	1.035	83,1	90	7,2	716	57,5
Archaeognatha	7	7	100,0	7	100,0	7	100,0	2	2	100,0	1	50,0	2	100,0
Blattodea	3	2	66,7	1	33,3	2	66,7	1	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Coleoptera	941	714	75,9	680	72,3	846	89,9	540	415	76,9	20	3,7	324	60,0
Dermaptera	3	2	66,7	2	66,7	3	100,0	2	2	100,0	0	0,0	2	100,0
Diptera	237	219	92,4	213	89,9	188	79,3	109	93	85,3	26	23,9	93	85,3
Ephemeroptera	4	4	100,0	4	100,0	4	100,0	4	4	100,0	0	0,0	4	100,0
Hemiptera	151	112	74,2	108	71,5	146	96,7	73	52	71,2	10	13,7	49	67,1
Hymenoptera	531	477	89,8	462	87,0	480	90,4	297	260	87,5	32	10,8	210	70,7
Lepidoptera	224	223	99,6	215	96,0	219	97,8	172	166	96,5	0	0,0	3	1,7
Neuroptera	3	2	66,7	2	66,7	2	66,7	2	1	50,0	0	0,0	1	50,0
Orthoptera	24	19	79,2	19	79,2	24	100,0	17	15	88,2	1	5,9	15	88,2
Plecoptera	15	15	100,0	15	100,0	12	80,0	12	12	100,0	0	0,0	12	100,0
Trichoptera	19	17	89,5	17	89,5	15	78,9	15	13	86,7	0	0,0	1	6,7
<b>Malacostraca</b>	4	2	50,0	2	50,0	4	100,0	4	2	50,0	0	0,0	2	50,0
Amphipoda	2	0	0,0	0	0,0	2	100,0	2	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Isopoda	2	2	100,0	2	100,0	2	100,0	2	2	100,0	0	0,0	2	100,0

## Diskussion und Ausblick

Angesichts der gegenwärtigen Biodiversitätskrise gewinnen Biodiversitätskompetenzen und -daten zunehmend an Bedeutung. Für viele Organismengruppen (v. a. Insekten, Spinnentiere, Tausendfüßer, etc.) ist die Kompetenz zur Artbestimmung auf nur wenige Personen beschränkt und für manche Gruppen in Österreich gar nicht vorhanden. Daraus ergibt sich die Notwendigkeit, dieses Fachwissen zu erhalten, zu fördern und für die Gesellschaft zugänglich zu machen. Viele Biodiversitätsexpert:innen sind dabei nicht mit Universitäten und Naturkundlichen Museen assoziiert, sondern arbeiten in anderen Sektoren und setzen ihre Bestimmungskompetenzen in ihrer Freizeit ein. Die ABOL-BioBlitz-Aktionen bei den Tagen der Artenvielfalt zielen darauf ab, auch deren Kompetenzen für die Gesellschaft zu erschließen und durch die Erstellung von DNA-Barcodes langfristig zu sichern. Durch die Teilnahme an den ABOL-BioBlitzen unterstützen die Expert:innen das gesellschaftliche Ziel, das Spektrum von Ansätzen der Biodiversitätsforschung zu erweitern, um kompetenzbedingte Engpässe zu verhindern. Als Citizen Scientists liefern sie nicht nur Daten, sondern stellen über die Referenzdatenbank der Gesellschaft ihre Bestimmungskompetenz zur Verfügung.

Im Zuge der ABOL-BioBlitze konnten innerhalb von zwei Jahren 40 Expert:innen für die Teilnahme an der Aktion gewonnen und 1.750 DNA-Barcodes von 1.040 Arten erstellt werden. Die Anzahl der auf BOLD frei zugänglichen DNA-Barcodes von Organismen aus Österreich erhöht sich damit um 10,3 %, die Anzahl der österreichischen Arten mit mindestens einem DNA-Barcode um 17,3 %. Die ABOL-BioBlitze schließen dadurch nicht nur Datenlücken bei den nationalen Referenzdaten, sondern stellen auch generell einen wichtigen Beitrag für die internationale Datenlage in BOLD dar. So handelt es sich bei 90 DNA-Barcodes um den jeweils ersten frei zugänglichen DNA-Barcode zu einer Art überhaupt. DNA-Barcodes zu Individuen, die bereits auf BOLD verfügbar sind, stellen ebenfalls einen wichtigen Mehrwert dar, da sie die geografische Variabilität der Art abbilden und zur Artdefinition beitragen.

Dass bei den ABOL-BioBlitzen in erster Linie Insekten zur genetischen Analyse herangezogen wurden, hat mehrere Gründe. Zum einen werden viele Insekten bei TdAs standardmäßig gesammelt, weil ihre Bestimmung im Freiland oft nicht zweifelsfrei möglich ist. Die bei den TdAs gesammelten Individuen werden präpariert, bestimmt und schließlich in wissenschaftliche Sammlungen aufgenommen, während von Pflanzen, Vögeln und Säugern meist nur Beobachtungsdaten aufgenommen werden. Für Insekten stellt die Entnahme einer Gewebeprobe für die DNA-Analyse (meist ein Bein) nur einen geringen zusätzlichen Aufwand im Zuge der Bestimmung dar. Des Weiteren können DNA-Barcodes von Insekten mit der Standardprozedur vom CCDB kostengünstig sequenziert werden, während die Sequenzierung anderer Artengruppen oft aufwändiger ist. Da BOLD bei vielen Insektengruppen große Lücken aufweist, für die es oft nur wenige Expert:innen gibt, sind die von Expert:innen bestimmten Insektenarten besonders wertvoll für Referenzdatenbanken. Generell spiegelt die Anzahl an Individuen pro Organismengruppe die Kenntnisse bzw. Interessen der bei den TdAs anwesenden Expert:innen wider. Eine höhere Vielfalt an Expert:innen, die auch wenig behandelte Gruppen bearbeiten, wäre daher wünschenswert, um weitere DNA-Barcoding-Lücken zu schließen.

Wie erwartet ist der Sequenziererfolg mit dem vom CCDB standardmäßig für Arthropoden angewandten Prozedere gruppenspezifisch unterschiedlich. Aussagekraft hat unser Ergebnis aber wohl nur für die häufiger vertretenen Gruppen Hemiptera, Coleoptera,

Hymenoptera, Diptera und Lepidoptera. Zeigen letztere eine fast 100%ige Erfolgsquote, ist diese vor allem für Wanzen und einige Käfergruppen deutlich niedriger. Bei Wanzen liegt diese etwas unter der Erfolgsrate, die für Deutschland gemeldet wurde (RAUPACH et al. 2014), bei Käfern etwas über dem gemeldeten Wert (HENDRICH et al. 2015). Generell ist die Erfolgsquote mit 80,6% vergleichbar mit der von anderen Projekten (vgl. z. B. Barcoding der Arthropoden Finnlands, ROSLIN et al. 2021).

Zu den Zielen von ABOL gehören neben der Erstellung einer möglichst vollständigen Referenzdatenbank für Österreich, die allen Anwender:innen und Wissenschaftler:innen frei zur Verfügung steht, auch die Vernetzung und Stärkung der Biodiversitäts-Community, und damit zusammenhängend die Erhaltung und Stärkung von taxonomischer Kompetenz. Die ABOL-BioBlitze stellen ein Format dar, das diese Bestrebungen unterstützt. Die Teilnehmer:innen erhalten dabei die Möglichkeit, ihre Bestimmungen in internationalen Kontext zu stellen, kryptische Diversität zu erschließen und taxonomische Problemfälle aufzulösen. Somit schaffen die ABOL-BioBlitze an den TdAs einen Mehrwert in verschiedener Hinsicht bei überschaubarem Zusatzaufwand. Dieses Format kann für andere nationale DNA-Barcoding-Initiativen als kostengünstiges Vorbild dienen.

Durch den Einsatz von (eDNA-)Metabarcoding könnte das BioBlitz-Format erweitert werden, was einen Übergang von der Erstellung von Referenz-Barcodes in den Anwendungsbereich darstellen würde. Zusätzlich zu Lichtfallen, wie sie jetzt bereits bei den meisten TdAs für nachtaktive Insekten zum Einsatz kommen, bietet es sich an, weitere Insektenfallen wie Malaisefallen oder Barberfallen, zu verwenden, wodurch das Spektrum an erfassten Arten erweitert werden könnte. Auch der Einsatz von on-site Sequenzierung wird in Zukunft eine Rolle spielen (POMERANTZ et al. 2018, CHANG et al. 2020).

Eine weitere effiziente, über die TdAs hinausgehende Möglichkeit, rar gewordene taxonomische Expertise zu digitalisieren und somit langfristig verfügbar zu machen, ist die Erstellung von DNA-Barcodes aus privaten Sammlungen. Oftmals sind es taxonomisch herausfordernde Gruppen, die von Privatpersonen gesammelt und bestimmt werden. Die genetische Erfassung solcher Sammlungen würde dabei helfen, Lücken in den Referenzdaten zu schließen. Voraussetzung dafür wäre eine angemessene finanzielle Abgeltung der investierten Arbeitszeit und Gewährleistung des langfristigen Fortbestands der jeweiligen Sammlung. Die ABOL-BioBlitze bei den TdAs bieten den Vorteil der geografischen Verteilung der erfassten Daten, der sich jedoch mit Dauer der Aktion abflachen wird (die TdAs finden jedes Jahr in ähnlichen Regionen statt), der Ansatz, ganze Sammlungen zu digitalisieren, hätte eine bessere systematische Abdeckung zur Folge und sollte daher zeitnah intensiviert werden.

## Dank

Unser Dank gilt den Veranstalter:innen der Tage der Artenvielfalt, die die ABOL-BioBlitze tatkräftig unterstützt und beworben haben und jenen Sammler:innen bzw. Bestimmer:innen, die nicht als Autor:innen angeführt sind. L.T. bedankt sich bei den Expert:innen von iNaturalist, diptera.info und kerbtier.de für ihre Unterstützung bei einzelnen Bestimmungen. Der Dank gilt auch den Kurator:innen der wissenschaftlichen Sammlungen (Landesmuseen und Naturhistorisches Museum Wien), die sich um die Eingliederung der Referenzorganismen kümmerten. Die Sequenzierung der Proben wurde aus den Finanzmitteln der ABOL-Koordination (Bundesministerium für Bildung, Wissenschaft und Forschung) bezahlt.

## Literatur

- AURENHAMMER S., KOMPOSCH C., GLATZ-JORDE S. & JUNGMEIER M., 2020: Biodiversität im UNESCO Biosphärenpark Salzburger Lungau & Kärntner Nockberge. Ergebnisse des 4. GEOTages der Natur 2019 – Vielfalt an den Ufern und Berghängen des Millstätter Sees. Carinthia II 210/130, 7–44.
- BAKER G.M., DUNCAN N., GOSTOMSKI T., HORNER M.A. & MANSKI D., 2014: The bioblitz: Good science, good outreach, good fun. *Park Science* 31(1), 39–45.
- CARDINALE B.J., DUFFY J.E., GONZALEZ A., HOOPER D.U., PERRINGS C., VENAIL P., NARWANI A., MACE G.M., TILMAN D., WARDLE D.A., KINZIG A.P., DAILY G.C., LOREAU M., GRACE J.B., LARGAUDERIE A., SRIVASTAVA D.S. & NAEEM S., 2012: Biodiversity loss and its impact on humanity. *Nature* 486, 59–67.
- CHAMBERLAIN S., SZOEC S., FOSTER Z., ARENDSEE Z., BOETTIGER C., RAM K., BARTOMEUS I., BAUMGARTNER J., O'DONNELL J., OKSANEN J., TZOVARAS B.G., MARCHAND P., TRAN V., SALMON M., LI G. & GRENIÉ M., 2020: taxize: Taxonomic information from around the web. R package version 0.9.98, <https://github.com/ropensci/taxize>.
- CHANG J.J.M., IP Y.C.A., NG C.S.L. & HUANG D., 2020: Takeaways from mobile DNA barcoding with BentoLab and MinION. *Genes* 11(10), 1121.
- CONTRERAS-LICHTENBERG R., 2003: Die Geschichte der Dipterologie am Wiener Naturhistorischen Museum. *Denisia* 8, 47–55.
- EEA (EUROPEAN ENVIRONMENT AGENCY), 2020: State of nature in the EU. Results from reporting under the nature directives 2013-2018. EEA Report No 10/2020. pp 146.
- GEISER E., 2018: How many animal species are there in Austria? Update after 20 years. *Acta ZooBot Austria* 155(2), 1–18.
- GLATZ-JORDE S., JUNGMEIER M., AURENHAMMER S. & KOMPOSCH C., 2021: Biodiversität im UNESCO Biosphärenpark Salzburger Lungau & Kärntner Nockberge – Ergebnisse des 5. GEOTages der Natur 2020 – Rund um die Grundalm. Carinthia II 211/131, 19–54.
- GRANT D.M., BRODNICKE O.B., EVANKOW A.M., FERREIRA A.O., FONTES J.T., HANSEN A.K., JENSEN M.R., KALAYCI T.E., LEEPER A., PATIL S.K., PRATI S., REUNAMO A., ROBERTS A.J., SHIGDEL R., TYUKOSOVA V., BENDIKSBY M., BLAALID R., COSTA F.O., HOLLINGSWORTH P.M., STUR E. & EKREM T., 2021: The future of DNA barcoding: reflections from early career researchers. *Diversity* 13(7), 313.
- HABEL J.C., SEGERER A., ULRICH W., TORCHYK O., WEISSER W.W. & SCHMITT T., 2016: Butterfly community shifts over two centuries. *Conserv. Biol.* 30, 754–762.
- HALLMANN C.A., SORG M., JONGEJANS E., SIEPEL H., HOFLAND N., SCHWAN H., STENMANS W., MÜLLER A., SUMSER H., HÖRREN T., GOULSON D. & DE KROON, H., 2017: More than 75 percent decline over 27 years in total flying insect biomass in protected areas. *PLoS ONE* 12(10), e0185809.
- HAUSMANN A., KROGMANN L., PETERS R., RDUCH V. & SCHMIDT S., 2020: GBOL III: Dark Taxa. *iBOL Barcode Bulletin* 10.
- HENDRICH L., MORINIÈRE J., HASZPRUNAR G., HEBERT P.D.N., HAUSMANN A., KÖHLER F. & BALKE M., 2015: A comprehensive DNA barcode database for Central European beetles with a focus on Germany: Adding more than 3,500 identified species to BOLD. *Mol. Ecol. Resour.* 15(4), 795–818.
- HERNÁNDEZ-TRIANA L.M., PROSSER S.W., RODRÍGUEZ-PÉREZ M.A., CHAVERRI L.G., HEBERT P.D.N., & GREGORY T.R., 2014: Recovery of DNA barcodes from blackfly museum specimens (Diptera: Simuliidae) using primer sets that target a variety of sequence lengths. *Mol. Ecol. Resour.* 14(3), 508–518.

- HUEMER P., KARSHOLT O. & MUTANEN M., 2014: DNA barcoding as a screening tool for cryptic diversity: an example from *Caryocolum*, with description of a new species (Lepidoptera, Gelechiidae). *ZooKeys* 404, 91–111.
- KLAUSNITZER B., 2010: Entomologie – quo vadis? *Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen* 59, 99–111.
- MORINIÈRE J., BALKE M., DOCZKAL D., GEIGER M.F., HARDULAK, L.A., HASZPRUNAR G., HAUSMANN A., HENDRICH L., REGALADO L., RULIK B., SCHMIDT S., WÄGELE J.W. & HEBERT P.D.N., 2019: A DNA barcode library for 5,200 German flies and midges (Insecta: Diptera) and its implications for metabarcoding-based biomonitoring. *Mol. Ecol. Resour.* 19(4), 900–928.
- NILSSON R.H., LARSSON K.H., TAYLOR A.F.S., BENGTSSON-PALME J., JEPPESEN T.S., SCHIGEL D., KENNEDY P., PICARD K., GLÖCKNER F.O., TEDERSOO L., SAAR I., KÖLJALG U. & ABARENKOV K., 2018: The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. *Nucleic Acids Res.* 47(1), 259–264.
- PAGITZ K. & HUEMER P., 2019: Tag der Artenvielfalt 2019 – Tirol/Brandenburg. *Wissenschaftliches Jahrbuch der Tiroler Landesmuseen* 12, 85–127.
- POMERANTZ A., PEÑAFIEL N., ARTEAGA A., BUSTAMANTE L., PICHARDO F., COLOMA L.A., BARRIO-AMORÓS C.L., SALAZAR-VALENZUELA D. & PROST S., 2018: Real-time DNA barcoding in a rainforest using nanopore sequencing: opportunities for rapid biodiversity assessments and local capacity building. *GigaScience* 7(4), giy033.
- PORTER T.M. & HAJIBABAEI M. 2018: Scaling up: A guide to high-throughput genomic approaches for biodiversity analysis. *Mol. Ecol.* 27(2), 313–338.
- RATNASINGHAM S. & HEBERT P.D.N., 2007: BOLD: The Barcode of Life Data System ([www.barcodinglife.org](http://www.barcodinglife.org)). *Mol. Ecol. Notes* 7, 355–364.
- RAUPACH M.J., HENDRICH L., KÜCHLER S.M., DEISTER F., MORINIÈRE J. & GOSSNER M.M., 2014: Building-up of a DNA barcode library for True bugs (Insecta: Hemiptera: Heteroptera) of Germany reveals taxonomic uncertainties and surprises. *PLoS ONE* 9(9), e106940.
- ROSLIN T., SOMERVUO P., PENTINSAARI M., HEBERT P., AGDA J., et al., 2021: A molecular-based identification resource for the arthropods of Finland. *Authorea*. May 31, 2021.
- SAUBERER N., 2008: Biodiversität und deren Erfassung in Österreich – eine Übersicht. In: SAUBERER N., MOSER D., GRABHERR G. (Red), *Biodiversität in Österreich. Räumliche Muster und Indikatoren der Arten- und Lebensraumvielfalt*, 47–62. Zürich, Bristol-Stiftung; Bern, Stuttgart, Wien, Haupt Verlag AG.
- WAGNER D.L., GRAMES E.M., FORISTER M.L., BERENBAUM M.R. & STOPAK D., 2021: Insect decline in the Anthropocene: Death by a thousand cuts. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 118(2), e2023989118.

**Eingelangt:** 2021 08 30

**Anschriften:**

Dr. Michaela SONNLEITNER, Sabine SCHODER, MSc., Oliver MACEK, MSc., Christoph LEEB, MSc., Dr. Nikolaus U. SZUCSICH, Naturhistorisches Museum Wien, ABOL-Koordination, Burggring 7, A-1010 Wien, Österreich.  
E-Mails: [michaela.sonnleitner@nhm-wien.ac.at](mailto:michaela.sonnleitner@nhm-wien.ac.at), [sabine.schoder@nhm-wien.ac.at](mailto:sabine.schoder@nhm-wien.ac.at), [oliver.macek@nhm-wien.ac.at](mailto:oliver.macek@nhm-wien.ac.at), [christoph.leebe@nhm-wien.ac.at](mailto:christoph.leebe@nhm-wien.ac.at), [nikolaus.szucsich@nhm-wien.ac.at](mailto:nikolaus.szucsich@nhm-wien.ac.at)

Dr. Christian BRÄUCHLER, Naturhistorisches Museum Wien, Botanische Abteilung, Burggring 7, A-1010 Wien, Österreich. E-Mail: [christian.braeuchler@nhm-wien.ac.at](mailto:christian.braeuchler@nhm-wien.ac.at)

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

Univ.-Prof. Dr. Stefan DÖTTERL, Martin SCHLAGER, MSc., Thomas RUPP, MSc., Paris-Lodron Universität Salzburg, Fachbereich Umwelt und Biodiversität, Hellbrunnerstraße 34, A-5020 Salzburg, Österreich.  
E-Mails: stefan.doetterl@plus.ac.at, martin.schlager90@gmx.at, th.rupp.bio@gmail.com

Mag. Andreas ECKELT, Benjamin WIESMAIR, MA, BSc., Tiroler Landesmuseen-Betriebsgesellschaft m.b.H., Naturwissenschaftliche Sammlungen, Sammlungs- und Forschungszentrum, Krajnc-Straße 1, A-6060 Hall, Österreich.  
E-Mails: a.eckelt@tiroler-landesmuseen.at, b.wiesmair@tiroler-landesmuseen.at

Dr. Rupert FAUSTER, Holzhaussiedlung 6, A-8302 Nestelbach, Österreich.  
E-Mail: rupert.fauster@gmx.at

Elisabeth GLATZHOFFER, BSc., Josefinengasse 4/12A, A-1020 Wien, Österreich.  
E-Mail: eglatzhofer7@gmail.com

Ass.-Prof. Dr. Wolfram GRAF, Universität für Bodenkultur Wien, Institut für Hydrobiologie und Gewässermanagement, Gregor-Mendel-Straße 33, A-1180 Wien, Österreich.  
E-Mail: wolfram.graf@boku.ac.at

Dr. Patrick GROS, Haus der Natur – Museum für Natur und Technik, Museumsplatz 5, A-5020 Salzburg, Österreich. E-Mail: patrick.gros@hausdernatur.at

Helge HEIMBURG, MSc., Landesmuseum Kärnten, Sammlungs- und Wissenschaftszentrum, Liberogasse 6, A-9020 Klagenfurt am Wörthersee, Österreich.  
E-Mail: helge.heimburg@landesmuseum.ktn.gv.at

DI Dr. Ernst HEISS, Josef-Schraffl-Strasse 2a, A-6020 Innsbruck, Österreich.  
E-Mail: aradus@aon.at

Ing. Werner HINTERSTOISSER, Bundesforschungs- und Ausbildungszentrum für Wald, BFW, Seckendorff-Gudent-Weg 8, A-1131 Wien, Österreich.  
E-Mail: werner.hinterstoisser@bfw.gv.at

Stefan KIRCHWEGER, Endresstraße 102/2/4, A-1230 Wien, Österreich.  
E-Mail: stefan.kirchweger@lepifauna.at

Priv.-Doz. Dr. Stephan KOBLMÜLLER, Universität Graz, Institut für Biologie, Universitätsplatz 2, A-8010 Graz, Österreich. E-Mail: stephan.koblmueeller@uni-graz.at

Dr. Christian KOMPOSCH, Dr. Heribert C. WAGNER, ÖKOTEAM – Institut für Tierökologie und Naturraumplanung, Bergmannsgasse 22, A-8010 Graz, Österreich.  
E-Mails: c.komposch@oekoteam.at, heriwagner@yahoo.de

Andreas LINK, Widistrasse 55, A-4053 Haid/Ansfelden, Österreich.  
E-Mail: andreas@link.co.at

Dominik RABL, MSc., Ökologische Station Fabrikschleichach, Lehrstuhl für Tierökologie und Tropenbiologie (Zoologie III), Julius Maximilians Universität Würzburg, Rauhenebrach, Deutschland. Abteilung für Tropenökologie und Biodiversität der Tiere, Department

für Botanik und Biodiversitätsforschung, Universität Wien, Rennweg 14, A-1030 Wien, Österreich. E-Mail: drabl@gmx.net

Dr. Martin STREINZER, Anton-Baumgartner-Straße 131/3307, A-1230 Wien, Österreich.  
E-Mail: martin.streinzer@gmx.at

Hartmuth STRUTZBERG, Carl-Gärtig-Str. 20, D-99427 Weimar, Deutschland.  
E-Mail: hartmuth.strutzberg@nexgo.de

Lorin TIMAEUS PhD, Eduardgasse 2/6, A-1180 Wien, Österreich.  
E-Mail: phidippus.regius@gmail.com

Dr. Dominique ZIMMERMANN, Naturhistorisches Museum Wien, 2. Zoologische Abteilung, Burgring 7, A-1010 Wien, Österreich.  
E-Mail: dominique.zimmermann@nhm-wien.ac.at



# ZOBODAT - [www.zobodat.at](http://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: 2022

Band/Volume: [158](#)

Autor(en)/Author(s): Sonnleitner Michaela, Schoder Sabine, Macek Oliver, Leeb Christoph, Bräuchler Christian, Haring Elisabeth, Dötterl Stefan, Eckelt Andreas, Fauster Rupert, Glatzhofer Elisabeth, Graf Wolfram, Gros Patrick, Heimbürg Helge, Heiss Ernst, Hinterstoisser Werner, Kirchwegger Stefan, Koblmüller Stephan, Komposch Christian, Link Andreas, Rabl Dominik, Rupp Thomas, Schlager Martin, Streinzer Martin, Strutzberg Hartmuth, Timaeus Lorin, Wagner Herbert Christian, Schattaneck-Wiesmair Benjamin, Zimmermann Dominique, Szucsich Nikolaus U.

Artikel/Article: [Beitrag der ABOL-BioBlitze zur österreichischen Biodiversitäts-Erfassung: DNA-Barcodes aus 2019 und 2020 81-95](#)