



Rückblick der Informationsveranstaltung „Nutzungsmöglichkeiten der **DNA-Barcoding** Projekte an der **Zoologischen Staatssammlung**“

Am 12 November 2015 veranstaltete die Zoologische Staatssammlung München (ZSM) einen Informationstag zum Thema „DNA Barcoding“. Ziel war es, die Besucher aus relevanten Staatsministerien, Behörden, aber auch interessierten Kollegen über die innovativen Methoden der Identifikation und der Monitoring-Möglichkeiten von Tier-, Pflanzen- und Pilzarten zu informieren. Die einführenden Vorträge von Professor Dr. Gerhard Haszprunar (Direktor der ZSM, und Projektleitung für die Barcoding Projekte „**Barcoding Fauna Bavaria**“ – BFB – www.faanabavaria.de und „**German Barcode of Life**“ – GBOL – www.bolgermany.de) und Dr. Matthias Geiger (Projektkoordination GBOL – ZFMK Bonn) informierten über die bisherigen Erfolge nach 6 Jahren DNA Barcoding in Deutschland. Das Projekt BFB, mit dem Ziel die gesamte Fauna Bayerns genetisch zu inventarisieren, startete 2009 in enger Zusammenarbeit mit den kanadischen Projektpartnern am **Biodiversity Institute of Ontario** (BIO, Guelph, Kanada) im Rahmen der international Barcode of Life (iBOL) Initiative. Das Verbundprojekt GBOL startete dann in 2012 mit dem ehrgeizigen Ziel alle Tier-, Pflanzen- und Pilzarten in Deutschland zu erfassen. Beide Projekte (GBOL und BFB) wurden aufgrund ihres Erfolges und den vielen potentiellen Anwendungsmöglichkeiten von den Fördergebern (BFB: StMBKWK, GBOL: BMBF) bis 2018 verlängert! Bei vielen Tiergruppen (wie z.B. Schmetterlingen, Käfern, Bienen, Eintagsfliegen, Köcherfliegen, Steinfliegen, Wanzen, Netzflüglern, Spinnen, Amphibien, Reptilien, Säugetieren, Vögeln und Fischen) ist es bereits möglich, alle häufigen bis sehr häufigen Arten sicher und schnell durch das DNA Barcoding zu identifizieren, was unterstützend bei angewandten und ökologischen Fragestellungen hinzugezogen werden kann. Besonders hervorzuheben für den Nachweis von Schadorganismen oder Bioindikatoren bleibt die durch klassische Methoden bisher unerreichte Möglichkeit der Artidentifikation durch Eier oder Larven, sowie durch sonstiges genetisch verwertbares Material (Blut, Haare, oder Insektenbeinchen) mittels DNA Barcoding.

Dr. Frank Reckel und Dr. Jan-Eric Grunewald vom **Bayerischen Landeskriminalamt** (BLKA) referierten über die Anwendungsmöglichkeiten des DNA Barcodings im Bereich der forensischen Entomologie. Hier werden vorwiegend Fliegenmaden von aufgefundenen Mordopfern abgesammelt, vermessen und unter kontrollierten Bedingungen zum adulten Tier aufgezogen, so dass Rückschlüsse auf die Liegezeit eines Leichnams gezogen werden können. Die genaue Fliegenart kann derzeit auch nur durch die Aufzucht der Maden erfolgen, hier kann das DNA Barcoding die Arbeit drastisch verbessern und beschleunigen. Professor Dr. Ulrich Busch vom **Bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit** (LGL) berichtete über die Notwendigkeit der Fischartenidentifizierung in der amtlichen Lebensmittelüberwachung, um beispielsweise Irreführung zu belegen. Eine Falschdeklaration ist nicht nur Betrug, sondern kann u.U. auch zum Verzehr von gesundheitsschädlichen Substanzen (z.B. Tetrodotoxin bei Kugelfischen) führen. Die derzeitige Methodik der Identifikation über unterschiedliche Genmarker (16s, 18s oder CytB) erlaubt es, ca. 275 Fischarten sicher zu identifizieren, mittels CO1 basiertem DNA Barcoding jedoch können bereits mehrere Tausend Fischarten identifiziert werden. Über die Anwendungsmöglichkeiten des DNA Barcodings aus der Praxis der **Nationalparkverwaltung Bayerischer Wald** wurde von Dr. Jörg Müller informiert. Gerade bei der Identifizierung schwieriger und potentiell kryptischer Arten im Rahmen von Monitoringmaßnahmen kann das DNA Barcoding die herkömmliche Arbeit von Taxonomen maßgeblich unterstützen. Hierbei spielt die Next Generation Sequencing (NGS) Technologie eine entscheidende Rolle, da so auch Mischproben mit unterschiedlichen Entwicklungsstadien, Parasitoiden und holzbewohnenden Pilzen auf einmal untersucht werden können. Die Methoden der molekularen Artidentifikation werden hier in Zukunft bei der standardisierten Erfassung von Artenvielfalt von Tieren und Pilzen, aber auch beim Schädlingsmonitoring eine wichtige Rolle spielen. Über die Möglichkeiten, das DNA Barcoding in die Schuldidaktik zu implementieren, informierte Professor Dr. Franz Bogner, **Lehrstuhlinhaber für Didaktik der Biologie der Universität Bayreuth**. Durch einen Feldversuch, bei dem Schüler verschiedene Bodenproben genommen haben, konnte durch das DNA Barcoding hier eine Artenliste von über 40 Arten generiert, und den Schülern somit die Biodiversität des Bodens näher gebracht werden. Gerade bei den Bodenorganismen und dem Mangel an entsprechenden Taxonomen stellt die DNA Barcoding Technologie eine attraktive Möglichkeit dar, Artenzusammensetzungen effizient zu erfassen und zu vergleichen.

Insgesamt 56 Besucher aus unterschiedlichen Behörden, Instituten und praxisnahen Arbeitsbereichen haben am Vortragsprogramm und dem anschließenden „Get together“ teilgenommen, um in der Gruppe oder in Einzelgesprächen über die Nutzungsmöglichkeiten des DNA Barcodings, sowie über Wünsche und Anregungen zu diskutieren.

Durch eine im Vorfeld der Infoveranstaltung durchgeführte Umfrage zur Nutzung unterschiedlicher Methoden der Artidentifikation konnte ein klarer Bedarf an der DNA Barcoding Technologie festgestellt werden. Dieser wird jedoch derzeit noch zu 40% über unterschiedliche Forschungsprojekte „inhouse“ finanziert. Ein Bedarf an externer Nutzung der Technologie zeichnet sich jedoch mehr und mehr ab. Am Infotag äußerten Interessenten vor dem Poster der Umfrageergebnisse den Bedarf an einer Servicedienstleistung für Artidentifikation von Einzel- und Mischproben. Dieses Resultat befördert Überlegungen zu einer für das Frühjahr 2016 geplanten Ausgründung eines solchen Service-Dienstes im Umfeld der ZSM.

