

## **DNA Barcoding Fauna Bavarica – Perspektiven und Anwendungen im Naturschutz**

*von Jeremy Hübner*

Es ist ein sonniger Tag im Frühsommer 2114, die Sonne scheint dunstig durch den Smog der Autoabgase. 18 Studenten stapfen in Ampfing im Landkreis Mühldorf am Inn in Oberbayern durch das Wasserschutzgebiet, jeder bewaffnet mit einem Satz Eppis, einer Schere, einer Lupe und 98% Ethanol. Angeführt wird die Exkursion von Dr. Charles D. Hawlitschek, Urenkel des bekannten Zoologen Dr. Oli Hawlitschek. Alle Studenten brennen darauf einmal ein paar echte wilde Tiere in ihrem Habitat zu sehen, abseits der Stadt, außerhalb des Labors oder eines Zoos. Sie sind auf der Suche nach den letzten dort verbliebenen Spezies in freier Wildbahn, die die Generationen vor ihnen nicht vertreiben oder zu Grunde richten konnte.

Nach einer halbstündigen mehr oder minder erfolglosen Suche sind alle ein wenig enttäuscht. Angeblich soll es hier mal Schlangen, Salamander, Molche und vieles Getier mehr gegeben haben. Die Studenten haben bis dato aber nur ein paar Ameisen, Mücken und Käfer finden können. Auf einmal hört man den verzückten Aufschrei einer Studentin. Sie hat einen Falter gefunden – die größte Beute der laufenden Exkursion. Fachmännisch fängt der Kursleiter das Tier ein, bugsiiert es vorsichtig in eine unscheinbare Box - seinen DNA-Barcodescanner. Noch bevor das Gerät ein Ergebnis ausspucken kann, hat ein findiger Student mit Hilfe seines Smartphones den Falter als Rotfingerhut-Blütenspanner (*Eupithecia pulchellata*) identifiziert und präsentiert stolz das Ergebnis. Das zustimmende Nicken aller Beteiligten scheint das Ergebnis des Scanners überflüssig zu machen. Doch weit gefehlt, nach einer Minute ertönt er leiser Ton des Geräts und auf dem Display erscheint der Artnamen und ein Foto: Gelbfingerhut-Blütenspanner (*Eupithecia pyreneata*)<sup>1</sup>. Verwundert vergleichen die Versammelten das Tier mit der Abbildung und sind ratlos. Der näheren Beschreibung auf dem Display des Scanners entnehmen sie schließlich, dass es sich um zwei kryptische Arten handelt, die ursprünglich in anderen Breiten und nur nachts vorkamen.

So oder so ähnlich könnte sich eine Exkursion im Jahre 2114 abspielen. Die Biodiversität nimmt rasant ab, die Habitate der meisten Arten werden kleiner, verschmutzen, werden zerstört und nach und nach verschwinden Tiere, die teilweise noch nicht einmal näher bestimmt wurden oder die gar noch nie ein Mensch zu sehen bekommen hat. Der Mensch greift massiv in die Ökosysteme ein, ein Ende ist nicht abzusehen. Dem gegenüber stehen die Bemühungen des Menschen möglichst viel über unsere Fauna (und Flora) herauszufinden, um einen maximalen Ertrag daraus zu ziehen. Dieser Gewinn kann die Kenntnis um verschiedenste Strukturen, Biosynthesewege für Chemikalien für medizinische Zwecke oder schlichtweg das Verständnis der Ökologie und der Rolle einer Spezies in einem Ökosystem sein. Ob wir Tiere halten, aus ihnen Wirkstoffe gewinnen, uns Prinzipien und Mechaniken von ihnen abschauen oder sie schlichtweg essen – der Nutzen ist nahezu unerschöpflich. Doch nutzen kann der Mensch nur, was er kennt und somit sind wir gezwungen weiter zu forschen, suchen und zu entdecken. Umso wichtiger ist dieser Auftrag in Anbetracht der Tatsache, dass täglich mehr Arten aussterben, sei es aus klimatischen, anthropogenen oder welchen Gründen auch immer.<sup>3</sup>

Solange der Mensch also nicht bewerkstelligen kann, dass das Aussterben der Arten oder zumindest die Dynamik dieser Extinktionsereignisse gebremst werden kann, muss er es sich zur Aufgabe machen möglichst schnell möglichst viele der Geschöpfe unserer Erde kennen zu lernen, so lange dies noch möglich ist. Gerade viele der kleinsten Organismen unseres Planeten haben ein ungemein

hohes Potential, sei es als sogenannte „Keyspecies“ für ein Ökosystem oder Träger wichtiger, unbekannter Substanzen und Verbindungen, die man sich in der Pharmakologie zunutze macht, um beispielsweise Krebs, Schlaganfälle oder Erbkrankheiten zu therapieren.<sup>4</sup>

Doch wie kann man das bewerkstelligen? Es wird vermutet, dass man noch nicht einmal 20% aller Arten auf der Erde kennt, die derzeit mit einer Gesamtzahl von gut 10 Millionen angegeben wird. Weder diese geschätzte Anzahl aller Arten (dieser Werte pendelt je nach Forschungsarbeit und Definition zwischen 5 und über 100 Millionen)<sup>5</sup>, noch die Anzahl an bekannten Arten von ca. zwei Millionen gelten als gesichert. Hinzu kommen die bis auf eine Zahl von einer Milliarde geschätzte Bakterien, die nicht ohne weiteres bestimmt werden können.

Abhilfe soll hier das sogenannte DNA-Barcoding schaffen. Mittels eines Stücks stark konservierter Mitochondrien-DNA kann mit einer sehr hohen Wahrscheinlichkeit die Verwandtschaft zu anderen Organismen bestimmt werden. Diese Daten werden in immer kürzerer Zeit für immer weniger Geld erhoben – und anschließend zentral für jeden frei zugänglich gespeichert, sodass ein jeder, der eine DNA Probe einer ihm unbekanntem Art hat, diese umgehend bestimmen kann. Das natürlich nur unter der Voraussetzung, dass die Art bereits einmal gebarcodet wurde. Weitere klare Vorteile dieser Methode bestehen darin, dass hier minimal invasiv gearbeitet werden kann. So muss man beispielsweise nicht, wie bei manchen Arten bis dato unumgänglich, die Geschlechtsorgane oder andere innere Strukturen herausoperieren, es langt oft z.B. Kot, Eier, Larven oder sogar lediglich Hautschuppen zu beproben für die Artbestimmung. Ein weiterer Vorteil neben dem bereits erwähnten freien Zugang liegt darin, dass man nicht nur eine Art bestimmen kann, sondern, dass man sogar Stammbäume aus diesen Daten errechnen kann, um Verwandtschaftsverhältnisse zu klären, die der Genotyp nicht erwarten lassen würde. Auch wenn die „Zielgruppe“ der Taxonomen Arten mit frischen Proben sind aus den letzten 10 Jahren wurden bereits Proben mit einem Alter weit über 200 Jahren erfolgreich sequenziert. Damit wird diese Vorgehensweise auch für Museumsstücke interessant, jedoch mit einer weniger hohen Erfolgsausbeute.

Man kann also sagen, dass die wohl vielversprechendste Chance des Menschen, möglichst viele Arten vor ihrem Verschwinden kennenzulernen im DNA-Barcoding liegt. Das gilt nicht nur für die schier unendlich große Zahl tropischer Arten, sondern auch vor der eigenen Haustüre, in Bayern, werden jedes Jahr neue Arten entdeckt.

Weitere Anwendungsbeispiele finden sich beim Zoll. Zum Teil können nicht mal Experten zu 100% bestimmte Arten phänotypisch auseinander halten. Wie soll das dann ein, wenn auch noch so engagierter, Zollbeamte können? Woher kann er wissen, dass es sich bei dem im Handgepäck des Passagiers aus dem Tropischen Regenwald um ein nettes Mitbringsel handelt und nicht um eine geschützte Art?

Oft ist DNA-Barcoding auch die einzige Chance, um Teile von Tieren zu bestimmen, wenn diese in schlechtem Zustand sind. So können nur die wenigsten (wenn überhaupt) vom Stück Fleisch auf das Tier schließen, dass dafür geschlachtet wurde. In Lebensmittelkontrollen wird diese Methode also ein schnelles, verlässliches Werkzeug.

Zu guter Letzt kommt natürlich noch die Anwendung im Bereich der Schädlingsbekämpfung und in der Zurückverfolgung von Krankheiten zur Sprache. Jedem noch so minder interessierten Menschen wird wohl eingängig sein, dass, auch wenn ihn die 1mm große Milbe, die in Ecuador unter Schimmelpilzen lebt, DNA-Barcoding auch für ihn einen Nutzen bringt, wenn ihm bewusst wird, dass das Ermitteln von Krankheitsvektoren schnell nur via DNA-Barcoding erfolgen kann und damit therapierbar wird.

Abschließend bleibt also nur zu betonen, welche wichtige Rolle das DNA-Barcoding einzunehmen vermag, je besser, schneller und billiger die Technik wird. DNA-Barcoding hat nicht ausschließlich mit dem Erstellen von Stammbäumen, also Taxonomie, zu tun, sondern hat unzählige praktische Anwendungsmöglichkeiten, weshalb es im Interesse eines jeden, also nicht nur in dem des Tierfreundes und -schützer, liegen sollte, das Projekt und die damit verbundenen Methoden zu fördern.

## Referenzen:

- 1) [http://www.lepiforum.de/lepiwiki.pl?Eupithecia\\_Pyreneata](http://www.lepiforum.de/lepiwiki.pl?Eupithecia_Pyreneata) (*Stand 08.12.2014*)
1. [http://www.nabu.de/biodiv2010/1-Biodiv2010\\_Hazprunar-GenetikBarcoding.pdf](http://www.nabu.de/biodiv2010/1-Biodiv2010_Hazprunar-GenetikBarcoding.pdf) (*Stand 08.12.2014*)
- 2) DNA barcoding Australia's fish species, Robert D. Ward, Tyler S. Zemlak, Bronwyn H. Innes Peter R. Last and Paul D. N. Hebert, Published online 15 September 2005  
<http://rstb.royalsocietypublishing.org/> (*Stand 08.12.2014*)
- 3) [http://www.wissenschaft.de/archiv/-/journal\\_content/56/12054/1651570/Medikamentenfischer/](http://www.wissenschaft.de/archiv/-/journal_content/56/12054/1651570/Medikamentenfischer/) (*Stand 08.12.2014*)
- 4) Biozahl 2006: 2-Millionen-Grenze erreicht. In: Natur und Museum. 136 (Heft 5/6) 2006, S. 131–134