

# BARCODING FAUNA BAVARICA

JAHRESBERICHT 2010



[www.faunabavarica.de](http://www.faunabavarica.de)



## BARCODING FAUNA BAVARICA

Erstellung einer DNA-Bibliothek für die bayerische Fauna



ZOOLOGISCHE  
STAATSSAMMLUNG  
MÜNCHEN

Münchhausenstr. 21  
81247 München  
www.faunabavarica.de



Bayerisches  
Staatsministerium für  
Wissenschaft,  
Forschung und Kunst

## Jahresbericht 2010

### Einleitung

Das Projekt „Barcoding Fauna Bavarica“ verfolgt das Ziel, für jede Tierart in Bayern DNA-Signalsequenzen („Barcodes“) zu erstellen. Bayern ist dabei das artenreichste deutsche Bundesland und beherbergt mit bis zu 35.000 Arten rund 85 Prozent der deutschen Fauna. Mit dieser genetischen „Bibliothek des Lebens“ erstellt die Zoologische Staatssammlung München seit nun mehr zwei Jahren eine innovative Datengrundlage, um künftig die bayerischen Tierarten leichter identifizieren zu können, zudem werden zahlreiche weitere Forschungsprojekte gefördert. Nicht zuletzt werden wir damit auch unserer Verantwortung für die Bewahrung der Schöpfung gerecht.



### Projektfortschritt

Das Projekt wurde 2009 gegründet und kooperierte von Beginn an mit der globalen Barcoding-Initiative des Canadian Centre for DNA Barcoding in Guelph/Kanada. Bereits in den ersten beiden Projektjahren konnten die Zoologische Staatssammlung München über 13.000 Barcodes von mehr als 5780 bayerischen Tierarten ermitteln. Der Arbeitsfluss von der Probenvorbereitung bis zur Sequenzierung in Kanada stetig optimiert. Bereits 2009 und 2010 sequenzierte das Canadian Centre for DNA Barcoding kostenlos bayerische Proben, die einem Gegenwert von über 130.000 Euro entsprechen. Die Funktionalität der von Kanada ebenfalls kostenlos zur Verfügung gestellten Online-Datenbank „BOLD“ hat sich für Bearbeitung und Analyse durch unsere Wissenschaftler als optimal erwiesen. Sie ist zudem bestens für die Öffentlichkeitsdarstellung geeignet. So können nun erstmals alle ausgewerteten bayerischen Tierarten im Bild eingesehen werden.

Um dem Projekt von Anfang an einen praktischen Nutzen zu verleihen wurde der Schwerpunkt der bisherigen Datenerfassung auf ökologisch oder ökonomisch besonders wichtige Tiergruppen gelegt. Dies sind zum Beispiel die Schmetterlinge, die Käfer, die Wildbienen, die Ameisen oder die im Wasser lebende (aquatische) Fauna. Darunter sind viele Arten, die beim Umweltmonitoring eine besondere Rolle spielen. So kann bereits jetzt eine wirksame Kontrolle der Bestimmungsgenauigkeit in Umweltgutachten erfolgen. Weiterhin können ökonomisch wichtige Organismen molekular identifiziert werden, darunter alle in der Forst- und Landwirtschaft schädlichen Schmetterlingsraupen, die bisher oftmals unbestimmbar waren.

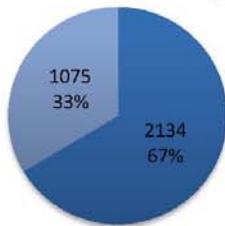
Im Einzelnen sind bisher folgende Resultate erzielt worden:

### Schmetterlinge

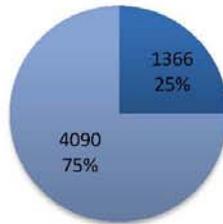
Bisher wurden nahezu alle Großschmetterlinge und ein großer Teil der Kleinschmetterlinge bearbeitet. Von 2134 der insgesamt 3209 bayerischen Schmetterlingsarten liegen bereits Barcodes vor.



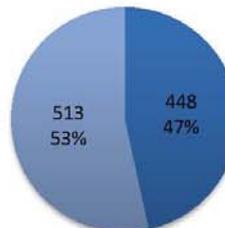
#### Schmetterlinge



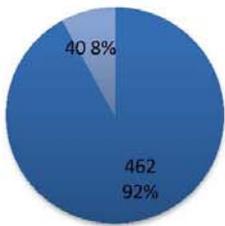
#### Käfer



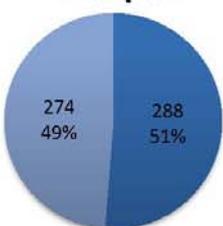
#### Aquatische Fauna



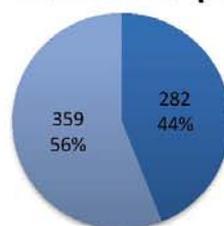
#### Bienen



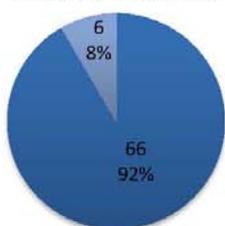
#### Wespen



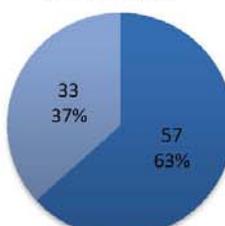
#### Pflanzenwespen



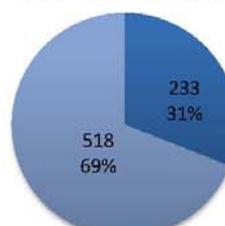
#### Heuschrecken



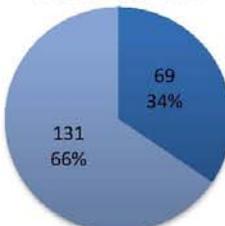
#### Ameisen



#### Ichneumoninae



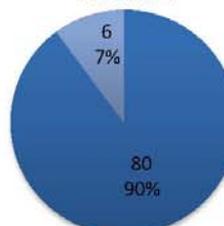
#### Schnecken



#### Tausendfüßer



#### Fische





### Käfer

2010 neu hinzugekommen sind alle terrestrisch lebenden Käferarten (z.B. Laufkäfer), die in Bayern mit über 5400 Arten vertreten sind. Bisher konnten Barcodes von 1366 Arten (25 %) ermittelt werden. Proben von weiteren 700 Arten liegen bereits in Kanada und für 2011 rechnen wir mit einem weiteren Zugang von rund 1000 Käferarten. Das bedeutet, dass im BFB Projekt am Ende gut die Hälfte aller in Deutschland (6700 Arten) vorkommenden Käferarten mit einem Barcode vertreten sind. Ein großartiger Erfolg, der nicht zuletzt durch die Einbeziehung vieler bekannter Amateurforscher gelungen ist.



### Bienen

Neben der Honigbiene spielen Wildbienen eine wichtige Rolle bei der Bestäubung von Nutzpflanzen. Rund ein Drittel der Nahrungsmittelproduktion hängt direkt oder indirekt von der Bestäubungsleistung von Bienen ab. Aus Bayern sind 505

Wildbienenarten nachgewiesen, von denen bis Ende 2010 schon 462 Arten (92 %) aller Arten ausgewertet wurden.



### Ameisen

Ameisen übernehmen wichtige Funktionen im Naturhaushalt, zum Beispiel als Vertilger schädlicher Forstinsekten. 2009 und 2010 wurden 57 der 90 bayerischen Arten sequenziert.



### Aquatische Fauna

Bayern ist reich an Gewässern und besitzt eine vielfältige Wasserfauna. Die Fische, Libellen, Eintagsfliegen, Wasserkäfer, Steinfliegen, Köcherfliegen und Wasserwanzen alleine umfassen in Bayern über 1000 Arten. Sie wurden als einer unserer Schwerpunkte für

2009 und 2010 ausgewählt, da sie eine große ökonomische und ökologische Bedeutung im Umweltmonitoring sowie im Fischereiwesen besitzen. In Kooperation mit dem Münchner Gewässerkundebüro H2 wurden bisher rund 448 Arten (47 %) sequenziert. Im Verlauf der nächsten Monate werden wir vor allem bei den Libellen und Wasserkäfern über 80 Prozent der bayerischen Arten genetisch erfasst haben. Die Fische (jetzt 90%) werden im laufenden Jahr komplett bearbeitet.



### Sonstige Tiergruppen

Weiterhin wurden die Heuschrecken (wichtig im Umweltmonitoring), die Pflanzenwespen (wichtige Bestäuber), die Schlupfwespen (als Parasitoide wichtige Gegenspieler von Schadinsekten) und die Bremsen (wichtige Bestäuber) untersucht. Außerdem starteten wir mit wirbellosen Tieren wie den Regenwürmern (wichtig für die Bodenqualität) und den Weichtieren (bedeutsam

im Umweltmonitoring). Auch die Sequenzierung der Wirbeltiere (Säugetiere, Amphibien und Reptilien, Fische, und Vögel) schreitet zügig voran. Hier rechnen wir wegen der vergleichsweise geringen Artenzahlen mit schnellen Erfolgen bis Ende 2011.

### Reaktionen

Fachkollegen aus der deutschen Forschungsgemeinde betrachten das Projekt schon jetzt als ein bahnbrechendes Forschungsprojekt, welches viele zukunftsweisende Impulse setzen wird. Paul Hebert aus Guelph in Kanada, Begründer der weltweiten Barcode-Initiative, ist begeistert von den Erfolgen der bayerischen Kollegen. Letztlich betonte er im persönlichen Gespräch, dass das bayerische Projekt das ambitionierteste von allen Teilprojekten der Gesamtprojektes „Katalog des Lebens“ darstellt. Eine Intensivierung der Kooperation mit den kanadischen Kollegen ist in vollem Gange.

### Publikationen

Die ersten Fachpublikationen aus den in 2009 und 2010 generierten Daten wurden bereits unter Verweis auf Projekt und Projektförderung publiziert (Gassner & Hausmann 2009; Haszprunar 2009, Segerer et al. 2011, Haslberger et al. 2011, Hausmann et al. 2011).

Der Segelfalter (rechts) ist ein in Bayern stark gefährdeter Ritterfalter (Rote Liste 2). Diese Art ist die erste in einer Liste von 1346 Arten deutscher Großschmetterlinge (Tagfalter und Nachtgroßfalter), deren Daten und DNA-Signalsequenzen im Februar 2011 von der ZSM veröffentlicht werden (Zeitschrift SPIXIANA, BOLD-Datenbank und GenBank). 95% des Gesamtartenbestandes konnten somit im BFB Projekt erfolgreich sequenziert werden. Diese Daten ermöglichen es nun, deutsche Großschmetterlinge inklusive deren Larvalstadien objektiv und sicher per DNA zu bestimmen. Ebenfalls im Februar 2011 erscheint in der international hoch renommierten Zeitschrift PLoS ein „data release“ mit Analyse der bayerischen Daten der spannerartigen Nachtfalter (Familie Geometridae), von denen 400 von 407 Arten genetisch erfasst sind (98%).



### Öffentlichkeitsarbeit

Eine umfassende Projekt-Website ([www.faunabavarica.de](http://www.faunabavarica.de)), die ständig aktualisiert und ergänzt wird, informiert über den aktuellen Projektfortschritt und liefert umfassende Informationen zum Barcoding-Projekt. Die bis jetzt zur Verfügung stehenden Artenlisten bayerischer Tiergruppen umfassen mit 7246 Arten rund 20% der bayerischen Fauna. Darüber hinaus werden in einem Weblog ([www.zsmblog.de](http://www.zsmblog.de)) ständig neue Informationen an die Öffentlichkeit gegeben. In rund 20 Fachvorträgen in Deutschland, Frankreich, Österreich, Italien, und Kanada wurde das Projekt bis Ende 2010 der Öffentlichkeit vorgestellt. Die Fachwelt weltweit reagierte mit viel Enthusiasmus und Unterstützungsangeboten. Zu Beginn des Jahres 2010 erfolgte eine breit angelegte Pressekampagne im deutschsprachigen Raum, um das Projekt der Öffentlichkeit vorzustellen. Der bisherige Pressespiegel umfasst bereits mehrere Artikel in regionalen und überregionalen deutschen Tageszeitungen ([www.faunabavarica.de/presse/presseecho](http://www.faunabavarica.de/presse/presseecho)). Fernsehbeiträge liefen u.a. auch im Bayerischen Fernsehen.

## Anwendungen

Mit Hilfe der genetischen Barcodes können die Entwicklungsstadien vieler Tiere zuverlässig bestimmt werden. Das betrifft zum Beispiel Schmetterlingsraupen, Jungfische, Kaulquappen, Larven von Schadinsekten und deren natürliche Gegenspieler (Parasitoide). Das stellt ein Novum in der Zoologie dar und wird viele Anwendungen im Umweltmonitoring oder in der forstwissenschaftlichen Forschung enorm beschleunigen und die Kosten senken. Weiterhin lässt sich beispielsweise die Herkunft von Wölfen bestimmen oder feststellen, woher Neubürger (Neozooen) in der bayerischen Fauna genau stammen. Gerade der letzte Aspekt wird mit Blick auf die Klimaveränderung zunehmend wichtiger.



## Ausblick

Im ersten Projektjahr wurden bereits DNA-Barcodes von 22 Tiergruppen erstellt. Bis Ende 2011 ist die Erstellung von Barcodes für insgesamt 7500 bayerische Tierarten geplant.

Projektphase	Zeitraum	Ausgewertete Arten*
I	2009-2010	5700
II	2011-2012	3400
III	2013	1400
<b>I-III</b>	<b>2009-2014</b>	<b>10500</b>

\*Bei durchschnittlich vier Individuen/Barcodes pro ausgewerteter Art

## Resümee

- Die Projektziele und Meilensteine in den ersten beiden Projektjahren wurden mit fast 13805 Barcodes von über 5782 bayerischen Tierarten deutlich übertroffen. Aufgrund des inzwischen optimierten Arbeitsflusses und einer großen Menge von Belegen, die sich bereits in Arbeit befinden, ist 2011 mit einer deutlich höheren Anzahl von Barcodes als noch 2010 zu rechnen.
- Für das BFB-Projekt ist bis 2014 die Erstellung von DNA-Barcodes für mindestens 10.000 bayerische Tierarten anvisiert.
- Die internationale Wahrnehmung des Projektes als weltweit ambitioniertestes All-Animals Barcoding Projekt (neben ähnlich ausgerichteten, jedoch kleineren Projekten auf der Pazifik-Insel Moorea und im kanadischen Polarbereich) ist gewaltig. Bayern nimmt dabei europa- und weltweit eine Vorreiterstellung ein, worauf während der offiziellen, feierlichen Eröffnung des iBOL Projektes am 25. September 2010 in Toronto (Canada) deutlich hingewiesen wurde. Zu dieser Eröffnung war auch ein Vertreter der Zoologischen Staatssammlung extra eingeladen worden. Im internationalen Barcode of Life Programm (iBOL) ist Bayern nach Nordamerika und Australien die drittgrößte Landeskampagne.
- Weltweit liegt die Zoologische Staatssammlung bei wichtigen Insektengruppen bei der Erstellung und Einreichung von Barcodes (Individuenzahlen) schon heute unter den

Top 10: Käfer: Platz 2 (!), Schmetterlinge: Platz 4; Wespen und Bienen: Platz 7, Insekten insgesamt: Platz 4 (!). Weitere Tiergruppen ließen sich ergänzen, z.B. Hundert- und Tausendfüßer: Platz 1, Schnecken: Platz 9. Mit über 20.000 gebarcodeten Tierarten (darunter ca. 15.000 Schmetterlingsarten) ist die ZSM nach Aussagen des kanadischen Projektteams diejenige Institution, die weltweit bisher am meisten Arten in das Vorhaben der genetischen Erfassung der globalen Biodiversität beigesteuert hat.

- Der Generierung von bisher über 50.000 Barcodes kommt höchste wissenschaftspolitische Bedeutung zu: DNA-Belege sind die Schlüsselbelege der biologischen Forschung im 21. Jahrhundert und werden den unverzichtbaren Angelpunkt moderner Erfassung von Biodiversität bilden. Dies wird allerdings von vielen Museen in Europa und der Welt noch nicht genügend wahrgenommen, was der ZSM momentan einen gewaltigen Forschungsvorsprung verschafft.

München, den 2. Feb. 2011

Prof. Dr. Gerhard Haszprunar  
Projektleiter