



>> http://www.bionity.com/de/news/131876/?wt_mc_id=ca0264

DNA-Barcoding: die Bibliothek des Lebens wächst erfolgreicher als geplant

Bayerische Forscher analysieren bereits 7500 Tierarten

12.04.2011 - Wissenschaftler der Zoologischen Staatssammlung München konnten in den ersten beiden Projektjahren der Forschungsinitiative "Barcoding Fauna Bavarica" die Gencodes von 7500 bayerischen Tierarten erfassen. Dazu werteten die Forscher über ihrem kanadischen Projektpartner iBOL 13.000 Einzelproben sehr kostengünstig aus. Damit schreiten die Forscher mit ihrer geplanten Bayerischen Bibliothek des Lebens deutlich schneller voran als geplant.

"Barcoding Fauna Germanica" ist Teil der globalen Barcoding Initiative des "Canadian Centre of DNA-Barcoding" in Guelph/Kanada. Das ehrgeizige Ziel dieser Initiative ist die Erfassung von bestimmten Gensequenzen, den so genannten DNA-Barcodes, bei allen bekannten Tierarten. Dies sind nach aktuellen Schätzungen weltweit etwas 1.8 Millionen Spezies. Die Forscher stellen die Barcodes mit der online-Datenbank BOLD ins Internet und machen Sie so öffentlich verfügbar. Über die DNA-Barcodes können Zoologen weltweit Tierarten schnell und zuverlässig bis zur Art bestimmen. Anwendungsgebiete sind u.a. die Schädlingsbekämpfung, die ökologische Forschung, die Naturschutzplanung, die Lebensmittelkontrolle oder die Erforschung potenziell gefährlicher Krankheitsüberträger, die sich durch den Klimawandel bis nach Deutschland ausbreiten.

Um die Vielfalt der geschätzten 35.000 bayerischen Tierarten möglichst effizient zu bearbeiten, konzentrieren sich die Münchener Forscher in den ersten Jahren des Projektes auf diejenigen Tiergruppen, die wissenschaftlich und wirtschaftlich besonders bedeutend sind. So konnten sie bei der im Wasser lebenden Makrofauna bisher fast 50 Prozent der knapp 1000 in Bayern vorkommenden Tierarten erfassen. Diese Fauna besitzt eine besondere Bedeutung im Umweltmonitoring sowie in der Fischereiwirtschaft. Auch die bayerischen Fischarten werden dabei in Kürze vollständig sequenziert sein.

Mit 92 Prozent aller Wildbienenarten ist zudem eine wichtige Bestäubergruppe von Blüten und landwirtschaftlichen Nutzpflanzen bearbeitet. Auch die Heuschrecken, Ameisen, verschiedene Schlupfwespen oder Pflanzenwespen sind bereits zu großen Anteilen in der Gendatenbank vertreten. Die Großschmetterlinge, eine stark vom Artenrückgang bedrohte Insektengruppe, ist ebenfalls fast vollständig ausgewertet.

Prof. Dr. Gerhard Haszprunar, Direktor der Zoologischen Staatssammlung in München, wertet das Projekt schon jetzt als grossen Erfolg: "Mit dem Barcoding rufen wir ein sehr großes nationales und internationales Interesse hervor. Die Initiative zeigt außerdem, dass Deutschland und Bayern bei entsprechender Basisfinanzierung in der internationa-



>> http://www.bionity.com/de/news/131876/?wt_mc_id=ca0264

len Biodiversitätsforschung ganz vorne mitspielen
kann".