

Entomologica Austriaca	13	83-86	Linz, 17.3.2006
------------------------	----	-------	-----------------

## Themenforum

An dieser Stelle sollen keine Fachartikel sensu stricto, sondern "Meinungsartikel" über ein aktuell vieldiskutiertes Thema gedruckt werden, die durchaus kontrovers sein dürfen. Damit soll eine Tradition wieder aufleben, die in den heutigen Fachzeitschriften bedauerlicherweise fast nicht mehr gepflegt wird.

### **DNA-Barcoding - zukünftige Methode zur raschen Artdetermination oder "Etiketten"-Schwindel**

E. GEISER

Die Idee ist verführerisch und auch für Nicht-Biologen leicht verständlich. Die Identifizierung durch einen Barcode kennt jeder vom Einkaufen. Ebenso ist das Bild der Streifenmuster bei DNA-Analysen bereits Allgemeingut – gespenstisch beleuchtete Glasplatten, die von gummibehandschuhten Händen gehalten werden. Anhand dieser DNA-Streifenmuster werden täglich leugnende Väter und Straftäter identifiziert sowie "Kuckuckskinder" nachgewiesen. Da ja auch die Artinformation eindeutig in der DNA festgelegt ist, ist es naheliegend, diese Methoden auch für die Unterscheidung von Arten zu verwenden.

Nachdem die konkrete Durchführung der Artdetermination, also schlicht die Bestimmung, jahrzehntelang zu den niedrigsten biologischen Dienstleistungen gerechnet wurde (sowohl was das Renommee als auch die finanzielle Vergütung betrifft), blickt mancher nun erstaunt und vielleicht auch neidisch auf das neu erblühte Interesse, seit man die Artdetermination mit einer komplizierten und aufwändigen Methode durchführen möchte. Ein Blick in Tagungsprogramme oder in die Literatur zeigt, dass Forschung über DNA-Barcoding derzeit "in" ist.

Die Grundidee ist einfach: Individuen, Unterarten, Arten, Gattungen, Familien usw. unterscheiden sich an Hand ihrer DNA-Sequenz. Man muss "nur" diejenigen Stellen herausfinden, die für die Art charakteristisch sind. Dazu beschafft man sich eine Anzahl von Individuen einer Art und ebenso eine Anzahl von Individuen von nahe verwandten Arten, analysiert die DNA-Sequenzen an den Abschnitten, an denen man charakteristische Unterschiede vermutet, und sucht nach Mustern, die nur bei der einen Art, nicht aber bei den andern auftreten.

<b>Art A</b>	Individuum1	A	A	C	G	A	C	T	G	T	T	T	T	A	A
	Individuum2	A	A	G	G	A	C	T	G	G	T	T	A	A	A
	Individuum3	A	A	G	G	A	G	T	G	T	T	T	A	A	C
	Individuum4	A	A	C	G	A	C	T	C	T	T	T	T	A	A
<hr/>															
<b>Art B</b>	Individuum1	A	A	C	G	A	C	T	G	T	T	T	T	A	A
	Individuum2	A	A	T	G	A	C	T	G	G	T	T	A	A	A
	Individuum3	A	A	G	G	A	G	T	G	A	T	T	A	A	C
	Individuum4	A	A	C	G	A	C	T	C	T	T	T	T	A	A

DNA-Barcoding ist keine eigene Methode, sondern die Anwendung verschiedener molekularer Techniken, vor allem der DNA-Sequenzierung, an bestimmten, durch Primer begrenzten und anschließend mittels PCR vervielfältigten Abschnitten mit dem Ziel der Artunterscheidung. Diese molekularen Methoden werden für sehr viele verschiedene Forschungen bereits an verschiedensten Organismen angewandt und die dabei analysierten Sequenzen über das Internet der Scientific Community rasch verfügbar gemacht.

Die Suche nach artcharakteristischen Abschnitten mit unterschiedlichem Muster überlässt man Computerprogrammen. Die Algorithmen zu dieser Mustererkennung wurden nicht für die Biologen entwickelt, sondern für kryptographische Zwecke. Aber das ist ja das Schöne an der Wissenschaft, dass Ergebnisse, die für einen bestimmten Zweck erarbeitet wurden, sich oftmals auf einem ganz anderen Forschungsgebiet als nützlich erweisen, an das der Ersterforscher gar nicht gedacht hat!

Doch auch das leistungsfähigste Computerprogramm kann uns nach noch so vielen Mustervergleichen nicht mitteilen, woran sich die Arten nun tatsächlich unterscheiden! Die DNA-Sequenz ist im Prinzip auch nur ein zusätzliches Merkmal zur Artabgrenzung und nicht einmal das entscheidende! Individuen unterscheiden sich durch ihre DNA, ebenso gibt es DNA-Unterschiede zwischen Genera, Familien und Ordnungen. Um in diesem Kontinuum der zunehmenden DNA-Sequenzunterschiede die Artabgrenzung herauszufinden, dafür ist immer noch der ganzheitlich arbeitende Fachspezialist gefragt.

Jeder, der Arten neu beschreibt, aber auch jeder, der sie "nur" bestimmt, kennt ihre Tücken: die der intraspezifischen Variation. Was ist typisch für die ganze Art, wenn ich nur einzelne Individuen vor mir habe? Während ein Spezialist einer Gruppe bald ein Gefühl dafür entwickelt (was freilich anschließend einer kritischen Prüfung bedarf), kennt der mustersuchende Computeralgorithmus solche Gefühle nicht. Selbst bei einer Stichprobe von 30 oder mehr Individuen kann man nicht sicher sein, dass man tatsächlich die Artunterschiede und nicht bloß die individuellen Unterschiede erfasst hat. Es gilt also bei der Identifizierung mittels DNA-Barcoding – überspitzt formuliert – dasselbe Prinzip, das jeder erfahrene Entomologe kennt: Um eine Art bestimmen zu können, muss man wissen, um welche Art es sich handelt!

Sieht man sich bei einer größeren Anzahl von Fachartikeln, die "DNA-Barcoding" im

Titel führen, die Ergebnisse genauer an, so liefern sie fast nie konkrete artspezifische Sequenzunterschiede, sondern meist die Aussage "genauere Untersuchungen sind notwendig" in allen Variationen. Ist DNA-Barcoding also Etikettenschwindel im doppelten Wortsinn, bei dem nur Forschungsgelder verschwendet werden? Angesichts der zahlreichen Forschungsprojekte zum DNA-Barcoding ist die Ausbeute an für die Arttermination verwertbaren DNA-Unterschieden ziemlich dürftig – bis jetzt jedenfalls. Es erhebt sich daher die Frage, warum man Organismen überhaupt mit einem solchen aufwändigen Verfahren unterscheiden möchte.

Diese Methode zeigt vor allem dann ihre Stärken, wenn man von sonst eindeutig unterscheidbaren Arten ein Entwicklungsstadium vor sich hat, das man mit den bisherigen Methoden nicht bestimmen konnte. Verfahren zum DNA-Barcoding wurden z.B. für die Pflanzengattung der Schneeglöckchen (*Galanthus*) entwickelt, von denen mehrere Vertreter durch das CITES-Abkommen mit einem Handelsverbot oder zumindest durch Handelsbeschränkungen geschützt werden sollen. Wie soll man nun beim Zoll feststellen, ob eine Zwiebel zu einer dieser seltenen geschützten Arten gehört oder ob es sich um die praktisch genauso aussehende Zwiebel einer gut züchtbaren Massenart handelt? Für eine sinnvolle Kontrolle und damit für eine effektive Umsetzung des CITES-Abkommens ist es notwendig, die Zwiebeln beim Import eindeutig determinieren zu können. DNA-Barcoding hat noch den zusätzlichen Vorteil, dass man winzige Proben entnehmen kann, die die Zwiebeln in keiner Weise schädigen.

Für einen ganz anderen Zweck wird DNA-Barcoding bei Biodiversitätsuntersuchungen in den Tropen eingesetzt. In den Sammelproben, in denen es von Milben, Nematoden und verschiedenen Kleininsekten nur so wimmelt, ist es auch für Experten schwierig abzuschätzen, wieviele Arten sich darin befinden. Mit DNA-Barcoding kann man das relativ gut abschätzen. Das ersetzt nicht die spätere Artbeschreibung, aber die Aussage: "Im Detritus der Epiphyten (auf einem bestimmten Urwaldbaum) leben etwa 450 Milbenarten" ist damit möglich. Gleichzeitig erhält man durch die molekularen Methoden bereits eine erste Merkmalsmatrix, die freilich noch durch morphologische Merkmale ergänzt werden muss.

Dass ich die wesentlichen Stärken dieser Methode hier zum Teil an nicht-entomologischen Beispielen erläutert habe, soll nicht den Eindruck erwecke, dass DNA-Barcoding nicht auch bei Insekten intensiv untersucht wird. Die Forschungen haben allerdings doch meist einen breiteren Rahmen als nur die Identifizierbarkeit. Ein Bedarf ist vor allem bei schwierigen Taxa vorhanden, wobei allerdings zuerst der Artstatus genau abgeklärt werden muss, wofür man ebenfalls molekulare Methoden einsetzt. Die vielen derartigen Projekte in den letzten Jahren haben eine Reihe von versteckten Arten aufgedeckt. Untersucht man anschließend diese "versteckten Arten" genauer, so entdeckt man manchmal durchaus auch morphologische Unterschiede, die man vorher übersehen oder für nicht artcharakteristisch gehalten hat, weil man diese subtilen Merkmale bisher der intraspezifischen Variation zugerechnet hat.

Auch wenn das hehre Ziel, anhand der DNA-Sequenz einzelne Arten rasch und sicher zu identifizieren, für die meisten Arten noch in weiter Ferne liegt: die Ergebnisse der DNA-Barcoding-Forschung liefern bereits jetzt eine Fülle hochinteressanter Ergebnisse, auch viele, mit denen die Wissenschaftler zunächst nicht gerechnet haben. Aber genau das macht ja wissenschaftliche Forschung aus – sonst wäre sie ja bloß industrielle

Entwicklung.<sup>1</sup> Kein beteiligter Wissenschaftler braucht ein schlechtes Gewissen zu haben, wenn er DNA-Barcoding in den Titel eines Forschungsantrages schreibt und anschließend systematische Grundlagenforschung betreibt. Bevor diese Grundlagen nicht geklärt sind, kann das DNA-Barcoding ja gar nicht funktionieren!

Zum Schluss soll noch daran erinnert werden, dass die Forschungsförderung nach diesem Muster eine jahrhundertlange abendländische Tradition hat. Einst hielten sich die Landesfürsten Alchemisten, damit diese bei Bedarf effektive Schießpulvermischungen bereitstellten. In den Friedenszeiten dazwischen durften sie nach einem Verfahren suchen um Gold zu machen, auch wenn letzteres nur sehr selten und nie direkt gelang. Johann Friedrich Böttger, gesponsert vom sächsischen Kurfürsten August dem Starken, erfand dabei das Porzellan, wodurch er immerhin die Kaolingruben um Meißen in "Goldgruben" verwandelte. Der Burgherr Anton von Staufen im schwäbischen Breisgau hatte mit seinem Alchemisten weniger Glück. Er engagierte einen Mann, dem der Volkmund so ziemlich alles zutraute, damit er mit der Herstellung von Gold den defizitären Staatshaushalt wieder ausgleichen möge. Leider flog jener risikofreudige Wissenschaftler mit dem Namen Dr. Johannes Faustus 1539 samt seinem Labor in die Luft, was zu mancherlei Spekulation der Nichtwissenschaftler in dieser Gegend Anlass gab. Als niemals geplantes Nebenergebnis regte das Schicksal jenes Alchemisten Marlowe, Goethe, Lenau, Chamisso, Beethoven, Berlioz, Liszt, Gounod, Mann und viele andere zu herausragenden Werken an, ohne die die abendländische Kultur um vieles ärmer wäre.

Man kann die Aktivitäten zur Forschung an DNA-Barcoding nur befürworten, denn wir können sicher sein, dass etwas Interessantes und Wesentliches dabei herauskommt.

Anschrift des Verfassers: Dr. Elisabeth GEISER  
St.-Julien-Straße 2 /314, 5020 Salzburg, AUSTRIA  
E-Mail: Elisabeth.Geiser@gmx.at

---

<sup>1</sup>Das ist nicht abwertend zu verstehen, die Autorin arbeitet schließlich selbst als industrielle Entwicklerin, und mit den Steuergeldern, die ihre Firma abliefert, wird (unter anderem natürlich) Grundlagenforschung finanziert.