



Entomologische Gesellschaft Zürich

www.insekten-egz.ch

**Dark Taxa: wir kratzen an der Spitze des Eisbergs
Unserer unbekanntem Insektenvielfalt**

Amelie Höcherl

Zürich, 24. Januar 2024

Vorsitz: Rainer Neumeyer

Anwesend: 17 Teilnehmer (& 1 Hund)

Amelie Höcherl berichtet über ihre Dissertation. Sie arbeitet seit drei Jahren an GBOLIII-Projekt mit und beschäftigt sich intensiv mit Hymenopteren, mit Fokus auf Dark Taxa.

Was sind Dark Taxa?

Unter einem Taxon versteht man eine Gruppe von Lebewesen als Einheit innerhalb der biologischen Systematik. Für Dark Taxa gibt es unterschiedliche Definitionen. Zwei Definitionen sind im Umlauf:

- Artenreiche Gruppen mit geringer Körpergrösse, für welche der grösste Teil der Diversität unbeschrieben ist
- Gruppen, für welche unter 10% aller Arten beschrieben sind und die geschätzte Vielfalt bei über 1000 Arten liegt

Spricht Amelie Höcherl über Dark Taxa, so meint sie jeweils die erste Definition. Dark Taxa sind klein bis winzig, morphologisch kryptisch, sehr divers, es gibt wenige Experten welche sich mit diesen Gruppen befassen, folglich gibt es auch wenige Bestimmungsschlüssel, die oftmals veraltet sind. Wenn man sich auf die Fluginsekten fokussiert handelt es sich vor allem um Dipteren (Zweiflügler) und Hymenopteren (Hautflügler), und dort um Mücken und Parasitoide Wespen. Was ist ein Parasit, was ist ein Parasitoid? Amelie Höcherl erklärt es folgendermassen: Ein guter Parasit tötet den Wirt nicht, dem Parasitoid ist es egal ob der Wirt überlebt oder nicht. Parasitoide durchlaufen eine Metamorphose und benötigen den Wirt nicht in allen Lebensstadien.

Das GBOLIII: Dark Taxa Projekt

Das Projekt 'German Barcode of Life' (GBOL) gibt es bereits sehr lange, Amelie Höcherl arbeitet gemeinsam mit 12 Doktorand:innen an der dritten Projektphase mit. Mit involviert sind auch externe Experten, welche über das notwendige Artwissen verfügen.

Im Rahmen dieses Projektes wird intensiv DNA-Barcoding betrieben. DNA-Barcoding bezieht sich auf das Sequenzieren der DNA. DNA ist im Zellkern, aber auch in den Mitochondrien vorhanden. Beim Barcoding geht es um zweitäre, speziell um das COX-1 Gen respektive einen Teil davon.

Identifikation von Arten via DNA-Barcoding: Diese Methode ist auch mit Überresten, beispielsweise einem Bein, möglich. Das Sequenzierungsergebnis wird in die DNA-Datenbanken eingegeben und man erhält dann ein Ergebnis der Artzuweisung. Dies funktioniert gut für bekannte Arten, aber nicht so sehr für Dark Taxa. Das Problem liegt dort im Datenmangel. Solange die Datenbanken keine Referenzmaterialien enthalten, können die unbekanntem Proben auch nicht bestimmt werden.

In diesem Zusammenhang gibt es eine weitere Definition von Dark Taxa: Zahlreiche Sequenzen in DNA-Datenbanken, die nicht auf Artniveau bestimmt sind. Es gibt eine Menge Sequenzen, die auf Familien- oder Unterfamilienniveau bestimmt waren, aber nicht weiter. Ein Ziel von GBOL ist daher, die Datenbanken auf für Dark Taxa zu befüllen.

Amelie Höcherl hat Barcoding im grossen Stil betrieben und innerhalb ihres Projektes gut 5000 Einzeltiere sequenziert. Mittels Clusteringtechniken wurden die Sequenzen genetisch sortiert.

Dadurch wurden sogenannte mOTUs (Molecular Operational Taxonomic Units) gebildet, was quasi einer molekulare Arthypothese entspricht. Es ist wichtig zu wissen dass eine molekulare Arthypothese nicht automatisch eine Art darstellt. Daher erfolgt auch eine morphologische Analyse der Arten, denn es sollen ja auch die Arten bestimmt und beschrieben werden, welche noch nicht in den Datenbanken zu finden sind.

Für die Identifikation wird integrative Taxonomie verwendet: eine Kombination aus Morphologie, molekularen und biologischen Daten (Beispielsweise bei Parasitoiden Angaben zur Wirtsart).

Warum uns die Dark-Taxa-Eisberg interessieren sollte

Dark Taxa machen beinahe 50% einer Malaisefalle im Siedlungsgebiet aus. Von den Individuen her ist das enorm viel, auch mit Hinsicht auf deren Rolle im Ökosystem.

In Fallen in Bayern wurden in den Artgruppen Trauermücken, Buckelfliegen und Gallmücken deutlich mehr mOTUs aufgefunden als Arten bekannt sind. Dies zeigt klar auf, dass in Bayern mindestens 1800 Fliegenarten mehr existieren, als aktuell bekannt ist. Natürlich sind es nicht nur unbeschriebene Arten, sondern auch Arten welche bis anhin noch nicht nachgewiesen worden sind in Bayern. Die Wissenslücke ist riesig, es gibt einen grossen Forschungsbedarf welcher nicht nur die Artenzahlen betrifft sondern auch viele andere Aspekte wie die Lebensweise der Dark Taxa.

Diese Lebensweise ist sehr relevant, so haben die Gallmücken als Gallbildner eine sehr enge Beziehung zu den Wirtspflanzen, die Larven der Trauermücken sind oftmals Totholzbewohner und tragen zur Holzzersetzung bei, die Larven der Zuckmücken sind Bioindikatoren für aquatische Lebensräume und die parasitoiden Wespen, welche eine enge Beziehung zu ihren Wirtsarten haben.

Ergebnisse: Wir kratzen an der Spitze des Eisbergs

Die Gruppe, womit sich Amelie Höcherl in ihrer Dissertation beschäftigt sind die Microgastrinae, welche zu den Schlupfwespenartigen gehören. Sie haben eine hohe Wirtsspezifität und parasitieren lebende Raupen. Es gibt weltweit über 3100 Arten.

In Deutschland waren zu Beginn der Studie 252 Arten bekannt. Eine Hochrechnung lässt vermuten, dass es 370 bis 400 Arten gibt. Offiziell sind nun dank der Studie offiziell 30 Arten bekannt. Die Referentin stellt einige dieser neu nachgewiesenen Arten vor.

Bedrohung von Dark Taxa

Betrachtet man die Lebensweise der Dark Taxa, so stellt man fest dass diese oft sehr eng an andere Arten oder an spezifische Lebensräume gekoppelt ist. Britische Forscher vermuten, dass parasitoide Wespen wahrscheinlich besonders anfällig für ein lokales oder sogar globales Aussterben sind, da Arten dieser Gruppe in der Regel sehr spezialisiert sind und eine hohe trophische Ebene besetzen.

Um bessere Aussagen machen zu können müssen Dark Taxa identifizierbar und somit erfassbar gemacht werden.

Interessierte können sich den Vortrag unter folgendem Link ansehen:

<https://video.ethz.ch/speakers/egz/2023/83ea93fc-e125-42b7-8bb7-66c2eba1a880.html>

Ende der Sitzung: 20:35 Uhr

Protokoll: Jeannine Klaiber