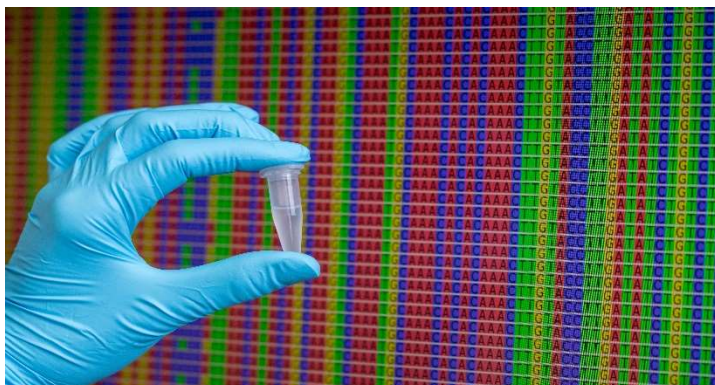




Projektinformation

Umwelt-DNA-Datenbank für den behördlichen Gewässerschutz - dbDNA



DNA-Sequenzen
von bekannten
Arten stellen die
Basis von DNA-
Referenzdaten-
banken dar.

Quelle: T. Macher,
*Aquatische
Ökosystemforschung*
, UDE



Bundesamt für Strahlenschutz



Stand: 15.11. 2023

Hintergrund

Die EG-Wasserrahmenrichtlinie (EG-WRRL) fordert von den Mitgliedstaaten eine Bewertung des ökologischen Zustandes anhand der biologischen Qualitätselemente (BQE): Phytoplankton, Makrophyten, Fische und Makrozoobenthos sowie eine Bewertung des chemischen Zustands anhand einer definierten Auswahl an Schadstoffen. Die morphologische Bestimmung von Organismen und deren taxonomische Einordnung ist dabei wesentliche Voraussetzung für die Bewertung des ökologischen Zustands, welche häufig den aufwendigsten, kosten- und zeitintensivsten und häufig auch fehleranfälligsten Analysenschritt darstellte. Die Bestimmung einzelner Organismengruppen konnte dabei häufig nur durch wenige Spezialisten mit langjähriger taxonomischer Erfahrung geleistet werden. Seit wenigen Jahren etablieren sich DNA-basierte Verfahren als Alternativen zur bisherigen morphologischen Bestimmung einzelner Organismen in Gewässerproben. Diese neuen Methoden sind mittlerweile weit entwickelt und Kosten-Nutzen-Betrachtungen weisen einen sehr positiven noch nicht abgeschlossenen Trend im Vergleich mit den konventionellen Methoden aus. Das Umweltbundesamt förderte bereits REFOPLAN-Vorhaben (GeDNA-Projekt <https://gedna.de>; FKZ 3719342040) zur Validierung und Plausibilisierung der Methodik. Fokus lag dabei auf der Vergleichbarkeit von Bewertungsergebnissen dreier biologischer Qualitätselementen (BQEs): Fische, Makrozoobenthos und Diatomeen. Mit Blick auf die zukünftige Nutzung DNA-basierter Methoden im behördlichen Gewässermonitoring ist in einem nächsten Schritt die Standardisierung der

Land/Region:

Deutschland

Laufzeit:

01.06.2022 – 31.08.2025

Adressat[en] der Beratung:

Verwaltung, Wissenschaft,
Wasserwirtschaft, Öffentlichkeit

Durchführende Organisation[en]:

Abteilung Aquatische
Ökosystemforschung der
Universität Duisburg-EssenAbteilung Aquatische Ökologie der
Universität Duisburg-EssenInstitut für Hydrobiologie und
Gewässermanagement der
Universität für Bodenkultur Wien

Projektnummer:

FKZ 372232010

Datenhaltung und -analyse essentiell, dieses Ziel verfolgt das vorliegende F&E Vorhaben.



Mikroskopische Aufnahme von einem adulten Individuum der Tanzfliege *Chelifera trapezina* (Empididae, Diptera). Einzelindividuen stellen nach morphologischer Bestimmung und DNA-Barcoding die Grundlage für Referenzdatenbanken dar.

Quelle: A. Beermann, *Aquatische Ökosystemforschung, UDE*

Projekt

Die Projektziele bestehen mit Blick auf die reguläre Nutzung DNA-basierter Methoden im behördlichen Gewässermonitoring in der Standardisierung der Datenhaltung und -analyse. Das Hauptprojektziel besteht in der Entwicklung eines generellen Konzeptes zur Datenhaltung und –bewertung sowie zur Visualisierung der neuen genetischen Methoden und dessen wissenschaftliche Überprüfung. Das Konzept soll für den behördlichen Einsatz bei der Gewässerbewertung sowie für wissenschaftliche Anwendungen (z.B. Analyse von Biodiversitätstrends) nutzbar sein.

Auftragnehmer:

Abteilung Aquatische Ökosystemforschung der Universität Duisburg-Essen (Prof. Dr. Leese, florian.leese@uni-due.de; Dr. Arne Beermann, arne.beermann@uni-due.de)

Abteilung für Aquatische Ökologie der Universität Duisburg-Essen (Prof. Dr. Daniel Hering, daniel.hering@uni-due.de)

Institut für Hydrobiologie und Gewässermanagement der Universität für Bodenkultur Wien (Dr. Astrid Schmidt-Kloiber, ask@boku.ac.at)

Fachbegleitung:

Umweltbundesamt

Dr. Jens Arle

Tel.: +49-[340-2103-2511]

jens.arle@uba.de

Jan Koschorreck

Tel.: +49-[340-2103-5608]

jan.koschorreck@uba.de



Mikroskopische Nahaufnahme des Kopfes der Köcherfliegenlarve *Hydropsyche* sp. (Hydropsychidae, Trichoptera). DNA-Barcoding kann dabei helfen bislang unbekannte Arten zu identifizieren.

Quelle: A. Beermann, *Aquatische Ökosystemforschung*, UDE

Haupt Herausforderungen zur Umsetzung des Ziels sind:

- **Referenzdatenbanken:** Aktuell werden für den Abgleich der Sequenzdaten DNA-basierter Untersuchungen verschiedene Datenbanken und Datenbankversionen genutzt. Zentral sind dabei vor allem die Barcode of Life Data Systems (BOLD) Datenbank und GenBank (NCBI) sowie für Deutschland zum Teil die German Barcode of Life-Datenbank (www.bolgermany.org). Für eine behördliche Anwendung ist die Verinselung verschiedener Datenbanken, ihre fehlende Versionierung und z.T. fehlende oder inkonsistente Qualitätssicherung nicht praktikabel.
- **(Meta-)Datenbankstruktur und -standards:** Für die Datenerhebung und -speicherung für das DNA-Metabarcoding und eDNA-Metabarcoding sind ebenfalls klare Vorgaben und Standards nötig, um möglichst konsistente Daten für die behördliche Umweltbeobachtung zu generieren. Insbesondere gilt es hierbei Kriterien für die Zuweisung taxonomischer Namen zu harmonisieren und standardisieren (ab wann werden Barcodes einer Art, Gattung oder Familie zugewiesen?), diese Informationen transparent mit den Metadaten und Daten zur Qualitätssicherung verfügbar zu machen (Reporting) sowie verbindliche Kriterien zur Datenhaltung auf allen Ebenen zu etablieren.

Auftragnehmer:

Abteilung Aquatische Ökosystemforschung der Universität Duisburg-Essen (Prof. Dr. Leese, florian.leese@uni-due.de; Dr. Arne Beermann, arne.beermann@uni-due.de)

Abteilung für Aquatische Ökologie der Universität Duisburg-Essen (Prof. Dr. Daniel Hering, daniel.hering@uni-due.de)

Institut für Hydrobiologie und Gewässermanagement der Universität für Bodenkultur Wien (Dr. Astrid Schmidt-Kloiber, ask@boku.ac.at)

Fachbegleitung:

Umweltbundesamt

Dr. Jens Arle

Tel.: +49-[340-2103-2511]

jens.arle@uba.de

Jan Koschorreck

Tel.: +49-[340-2103-5608]

jan.koschorreck@uba.de

- **Benutzerfreundliche Anwendung:** DNA-basierte Daten im Anschluss an die eigentlichen Messungen können aktuell meist nur nach umfangreicher Schulung generiert, ausgewertet und interpretiert werden. Erste Initiativen zur Vereinfachung der Analysen laufen bereits (z.B. TaxonTableTools in GeDNA, mBRAVE von Barcode of Life Datasystems). Für NutzerInnen in Behörden sowie Auftragslaboren und -büros ist die intuitive Benutzerfreundlichkeit entscheidend, um mit DNA-basierten Methoden generierte Daten mit möglichst wenig Aufwand und begrenzter Kenntnis nutzbar sowie mit anderen Datenquellen und –prozessen verknüpfbar zu machen.
- **FAIR Data-Prinzipien:** Entwicklungen von Vorschlägen für die Auffindbarkeit, Zugänglichkeit, Interoperabilität und Wiederverwendbarkeit der Daten, gemäß den verbindlichen EU FAIR Data - Prinzipien sollen Daten "Findable, Accessible, Interoperable, and Re-usable" sein.

Auftragnehmer:

Abteilung Aquatische Ökosystemforschung der Universität
Duisburg-Essen (Prof. Dr. Leese, florian.leese@uni-due.de; Dr. Arne
Beermann, arne.beermann@uni-due.de)

Abteilung für Aquatische Ökologie der Universität Duisburg-Essen
(Prof. Dr. Daniel Hering, daniel.hering@uni-due.de)

Institut für Hydrobiologie und Gewässermanagement der
Universität für Bodenkultur Wien (Dr. Astrid Schmidt-Kloiber,
ask@boku.ac.at)

Fachbegleitung:

Umweltbundesamt
Dr. Jens Arle
Tel.: +49-[340-2103-2511]
jens.arle@uba.de

Jan Koschorreck
Tel.: +49-[340-2103-5608]
jan.koschorreck@uba.de