



## DNA-Fragmente decken Artenvielfalt in Flüssen auf

6. November 2018 | Stephanie Schnydrig  
Themen: Biodiversität | Ökosysteme

**Spuren von Erbgut in Flüssen ermöglichen es, die darin lebenden Organismen zu detektieren – ohne diese sammeln und unter dem Mikroskop bestimmen zu müssen. Forschende der Eawag, ETH und EPFL haben nun ein Computermodell entwickelt, das mithilfe einzelner DNA-Messwerten sogar simuliert, wo genau und wie häufig die Arten im Gewässer vorkommen.**

Jedes Lebewesen hinterlässt winzige Spuren seines Erbguts, zum Beispiel in Form von abgestorbenen Hautzellen oder Kot. Entnimmt man nun Wasserproben und entschlüsselt die sich darin befindende Umwelt-DNA (auch eDNA genannt), weiss man, welche Arten sich im jeweiligen Gewässer tummeln. So entdeckt man auch seltene Arten, die während normalen Beprobungen buchstäblich durchs Netz gehen würden. Zwar ist dieses Konzept der eDNA bereits seit längerer Zeit bekannt. Doch: «Bisher konnte man anhand von eDNA bestimmen, ob eine Art vorkommt oder nicht. Doch wie diese Art im gesamten Ökosystem verteilt ist, wusste man nicht», sagt Luca Carraro. Er forscht inzwischen an der Eawag, nachdem er seine Doktorarbeit in Umwelthydrologie diesen Sommer an der EPFL abgeschlossen hat.

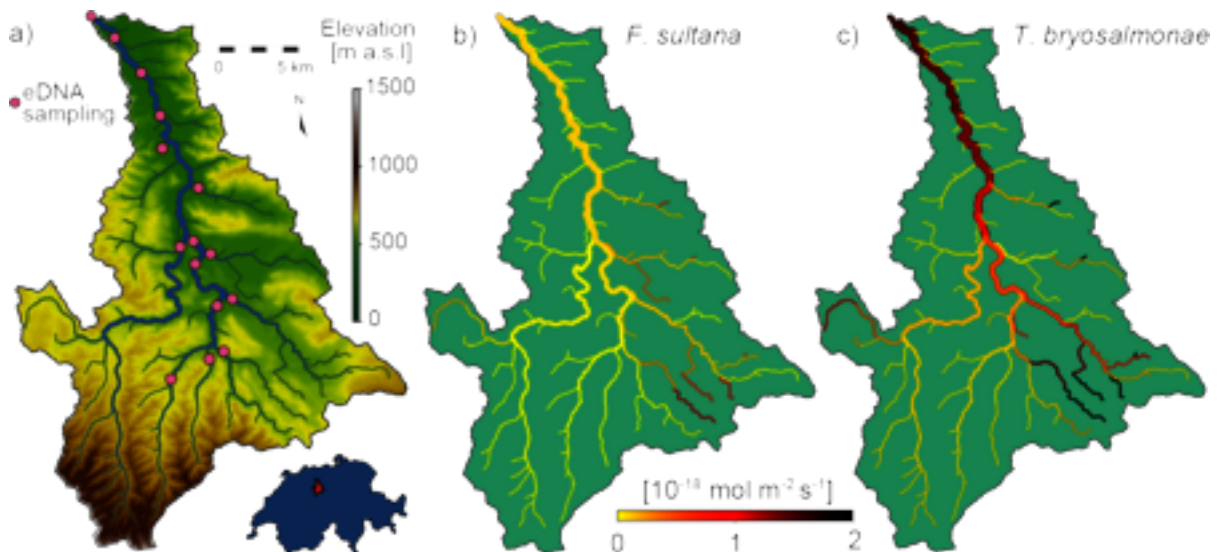
Gemeinsam mit Forschenden der Eawag, ETH und EPFL ist es ihm gelungen, das weitläufige Vorkommen von Arten aus punktuellen eDNA-Messungen zu rekonstruieren. Erstmals wendeten Carraro und seine Kollegen die Methode an, um die Biomasseverteilung eines Moostierchens (*Fredericella sultana*) und seines Parasiten (*Tetracapsuloides bryosalmonae*) im Wigger – einem präalpinen Schweizer Fluss – zu bestimmen. Der Parasit ist der Auslöser der gefürchteten Fischkrankheit PKD, die jedes Jahr wieder tausende Forellen in der Schweiz dahinrafft.



Eine Kolonie von Moostierchen  
(Foto: Michiel van der Waaij, [www.bryozoans.nl](http://www.bryozoans.nl)).

### Computermodell berücksichtigt Hydrologie und Ökologie

Damit die Verteilung der Organismen so genau wie möglich bestimmt werden kann, entwickelten die Forschenden ein Computermodell, das auf hydrologischen und ökologischen Konzepten in Flussnetzwerken basiert. Das Modell wird mit Erbgut-Messwerten gespeist und berücksichtigt die Transport- und Zerfallsdynamik von eDNA-Fragmenten entlang des Flusses sowie lokale Umweltfaktoren. «Diese Methode wird es erlauben, die Biodiversität in weiten Teilen der Welt einfach und kostengünstig zu überwachen. Mit herkömmlichen Methoden war dies bisher nicht möglich», ist Co-Autorin und Eawag-Forschungsgruppenleiterin Hanna Hartikainen überzeugt.



*Lage des Wigger-Fallstudieneinzugsgebietes und der eDNA-Probenahmestellen. b) und c) stellen die Modellergebnisse von Fredericella sultana (b) und Tetracapsuloides bryosalmonae (c) dar, wie sie aus eDNA-Messungen rekonstruiert wurden.*

### Originalpublikation

Luca Carraro, Hanna Hartikainen, Jukka Jokela, Enrico Bertuzzo, and Andrea Rinaldo (2018). Estimating species distribution and abundance in river networks using environmental DNA. PNAS, <https://doi.org/10.1073/pnas.1813843115>

### Kontakt



**Luca Carraro**

Tel. +41 58 765 5207

[luca.carraro@eawag.ch](mailto:luca.carraro@eawag.ch)

<https://www.eawag.ch/de/info/portal/aktuelles/newsarchiv/archiv-detail/dna-fragmente-decken-artenvielfalt-in-fluessen-auf>