

SONDERDRUCK
aus

2 | 2024

VBio

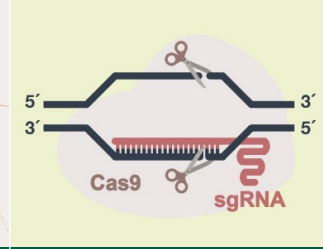
Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland



ÖKOLOGIE
Umwelt-DNA aus der
Vergangenheit



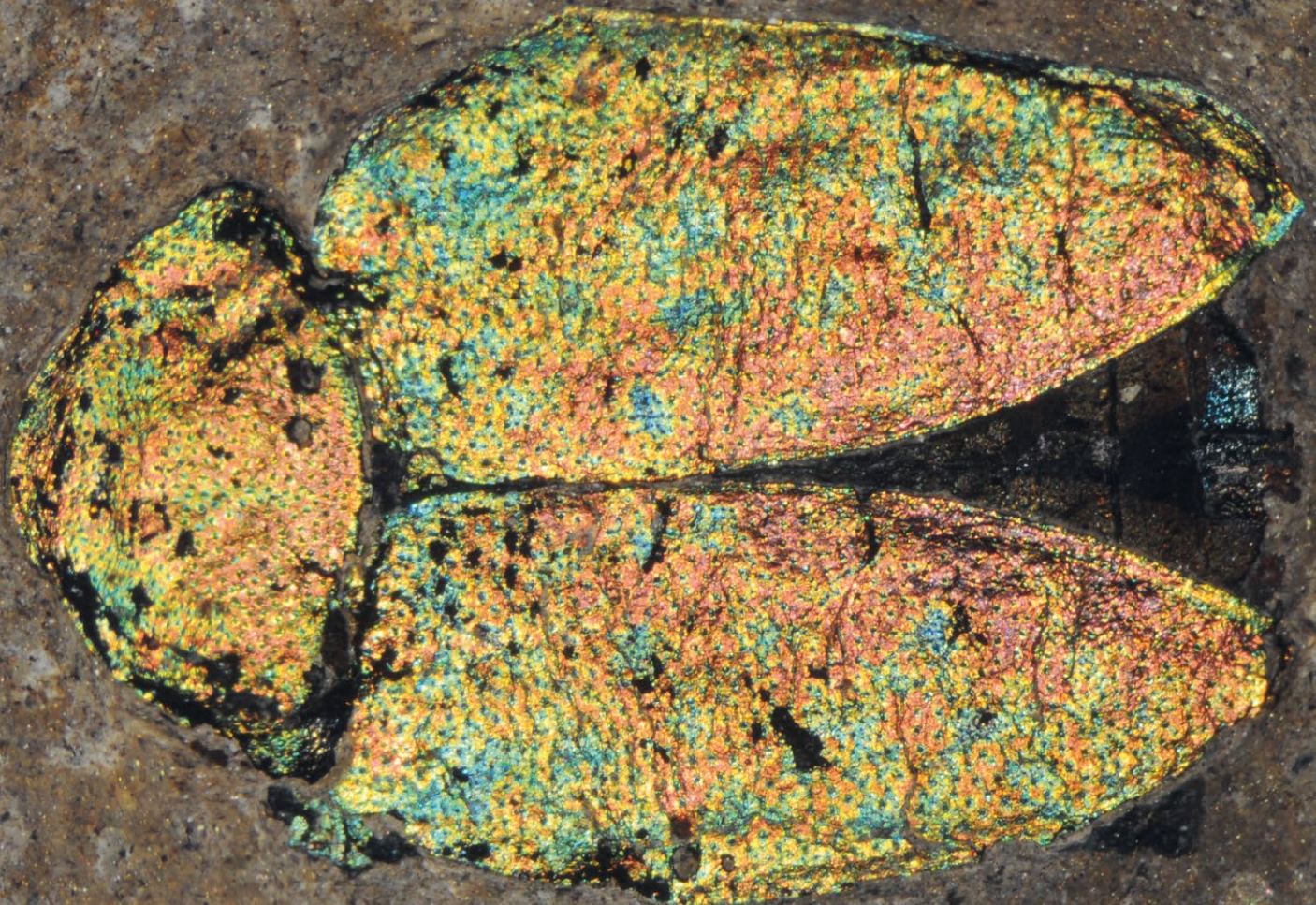
ALGENFORSCHUNG
Nathanael Pringsheims
sexuelle Revolution



**PFLANZEN-
ZÜCHTUNG**
Innovationen durch
Genom-Editierung

BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT



**Fossile Insekten
aus der Grube Messel**

Historische Spurensuche zu Ökologie und Evolution

Umwelt-DNA aus der Vergangenheit

MIKLÓS BÁLINT | LAURA S. EPP

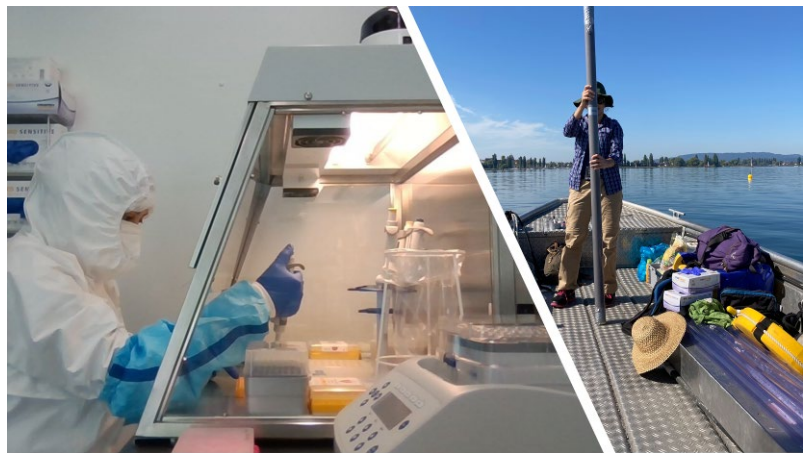
Alte Umwelt-DNA kann vergangene biologische Vielfalt rekonstruieren und genomische Variationen erkennen, selbst wenn Arten keine sichtbaren Überreste hinterlassen.

Als im Jahr 2003 ein internationales Forschungsteam um Eske Willerslev von der Universität von Kopenhagen alte DNA aus eiszeitlichen arktischen Permafrostböden extrahierte [1], war die Relevanz dieser Ergebnisse noch nicht abzusehen. Tatsächlich war damit aber der Grundstein für ein seit einigen Jahren stetig wachsendes Feld der Analyse von Ökosystemen und biologischen Gemeinschaften gelegt: der Nutzung von Umwelt-DNA oder *environmental DNA*, inzwischen üblicherweise abgekürzt als eDNA. Aktuelle Nutzungsmöglichkeiten der eDNA reichen vom hochsensiblen Nachweis von neu eingewanderten oder seltenen endemischen Arten [2] über die Etablierung von neuen Routinen zum Monitoring ganzer Gemeinschaften [3], zum Aufspüren von Säugetier-DNA in Zusammenhang mit Zoonosen [4], dem Artenschutz und eben der Rekonstruktion vergangener Ökosysteme [5]. Diese DNA kann direkt aus Wasser, Boden oder auch Luft gewonnen werden und ist inzwischen eine wichtige Quelle von Biodiversitätsinformationen.

Alte Umwelt-DNA – *ancient environmental DNA* oder aeDNA – lässt sich aus einer Vielzahl von Ablagerungen extrahieren. Dazu gehören Sedimentbohrkerne aus Seen und Meeren, Paläoböden oder Höhlensedimenten [6] und Höhlenmineralien [7]. Die Untersuchungen der ersten Jahre waren mühsam und von vielen Rückschlägen gekennzeichnet, jedoch hat sich das Feld mit der Einführung von neuen Sequenzierungstechnologien rasant entwickelt, und es entwickelt sich weiter. Dabei liefert es sehr wertvolle Daten zur Geschichte von Arten und Ökosystemen und gibt weiterhin methodische Impulse, die über Paläoökologie und Evolution hinauswirken.

Zeitreihen biologischer Vielfalt – hochauflösend und umfassend

Die aeDNA ermöglicht es, kontinuierliche und umfassende Zeitreihen der biologischen Vielfalt über lange Zeiträume zu erzeugen, die eine Vielzahl von Arten und geogra-



fischen Kontexten umfassen. Ein besonderes Merkmal von eDNA-Daten ist ihre große taxonomische Breite. Dies erlaubt die gleichzeitige Untersuchung mehrerer taxonomischer Gruppen von Organismen, einschließlich solcher, die keine sichtbaren Überreste hinterlassen. So können z. B. auch viele Algen, Pilze und Tiere erfasst werden, die keine festen Bestandteile vorweisen, oder von denen nur kleinste Partikel in die Umweltprobe gelangen. Die aeDNA kann deshalb zur Bewertung ökologischer Theorien, Hypothesen und Modelle eingesetzt werden, die eine umfassende Abdeckung langer Zeiträume und eine große taxonomische Vielfalt erfordern. Damit können z. B. Zeitreihendaten über verschiedene trophische Ebenen und funktionelle Gruppen hinweg verglichen werden – teilweise sogar mit einer Auflösung auf Artniveau.

Solche eDNA-Beprobungen über Zeit und Raum hinweg können zudem Aufschluss über Veränderungen in den räumlichen Mustern des Vorkommens von Arten geben und Verschiebungen der relativen Häufigkeiten an verschiedenen Orten im Laufe der Zeit aufzeigen. Wichtig ist das bei der Analyse von räumlichen Mensch-Umwelt-Beziehungen auf Zeitskalen von Jahrtausenden. Die aeDNA-Analyse zweier Seen auf einer potenziellen Besiedlungsrouten von Menschen nach Nordamerika über das Festland konnte wichtige Argumente in der Debatte über die wahrscheinlich genommene Route liefern: Die Daten zeigten, dass die Umwelt in dem sich öffnenden, 1500 km langen Korridor zwischen den großen Eisschilden des

nördlichen Nordamerikas erst dann für das Überleben großer Säugetiere geeignet wurde, als die ersten menschlichen Siedlungen südlich der Eisschilde auftauchten. Dies stützt die These, dass die Besiedlung Amerikas eher entlang der Pazifikküste verlief als über Land [8].

Mit Hilfe von aeDNA können wir Artengemeinschaften auf Zeitskalen von Jahrzehnten bis zu Jahrmillionen rekonstruieren und bislang unbekannte Ökosysteme sichtbar machen. Zum Beispiel liegt der größte Teil Grönlands heute unter Eis, aber vor etwa zwei Millionen Jahren gab es dort artenreiche, offene Waldökosysteme. Von diesen Ökosystemen sind nur sehr wenige organismische Überreste erhalten. Aus diesen Ablagerungen gewonnene aeDNA zeigt aber, dass diese alten Wälder aus Pappeln, Birken und borealen Sträuchern bestanden und dass Säugetiere wie Mastodon, Rentiere und verschiedene Nagetiere sowie Gänse in ihnen lebten. Damals herrschte in Grönland ein ähnlich warmes Klima, wie es in den aktuellen Erwärmungsszenarien vorhergesagt wird, und dies ermöglichte das Gedeihen von fremdartigen Waldökosystemen, die ganz anders waren als die uns heute bekannten [9].

Bedeutung für das Verständnis der jüngeren Umweltgeschichte und den Naturschutz

Eine solch langfristige, Millionen Jahre währende Erhaltung von aeDNA ist eher eine Ausnahme, die nur durch außergewöhnlich günstige Bedingungen für die DNA-Konservierung ermöglicht wird, wie sie etwa in (sehr) kalten Regionen der Erde vorherrschen. Unter weniger günstigen Bedingungen – also in wärmeren Klimazonen – überlebt aeDNA jedoch immerhin Jahrzehnte, Jahrhunderte oder Jahrtausende. So kann nahezu überall mit relativ geringer Mühe die jüngere Vergangenheit von Ökosystemen untersucht werden. Das erlaubt eine (zeit)historische genetische Untersuchung von verschiedenen Aspekten des globalen Wandels: Klimaerwärmung, Ausbeutung von Ressourcen, Einführung nicht heimischer Arten, Umweltverschmutzung oder veränderte Landnutzung (Abbildung 1).

Untersuchungen von Seesedimenten haben hier bereits wichtige Beiträge für verschiedene Organismengruppen geliefert [10], z.B. für Cyanobakterien, die einen

wichtigen Teil der photosynthetischen Lebewesen in Süßwasserseen ausmachen. Veränderungen in ihrer Zusammensetzung werden häufig mit Eutrophierung und Klimaerwärmung in Verbindung gebracht. Aufgrund des Vorkommens toxischer Arten ist dies auch von erheblicher Bedeutung für den Gewässerschutz. Eine Analyse von zehn Seen der europäischen Alpen hat ergeben, dass die Cyanobakterien-Gemeinschaften der verschiedenen Seen sich in den letzten 100 Jahren immer ähnlicher wurden [11]. Diese Homogenisierung der Zusammensetzungen kann als wahrscheinliche Folge des Klimawandels und der Eutrophierung im 20. Jahrhundert gesehen werden, die dazu geführt haben, dass sich toxische und Blüten bildende Cyanobakterien im Laufe der Zeit ausgebreitet haben. Menschliche Einflüsse auf Cyanobakterien in Seen können allerdings bereits jahrtausendealt sein, wie aeDNA-Untersuchungen am Tiefen See in Mecklenburg-Vorpommern nahelegen [12]. Dort führte eine mutmaßliche menschliche Landnutzung in der Bronzezeit zu Änderungen der Cyanobakterien-Gemeinschaft, die bis heute besteht – vielfältigen Umweltveränderungen seit dieser Zeit zum Trotz.

In der jüngeren Geschichte sind Änderungen des Nährstoffeintrags und der Phytoplanktongemeinschaften in Seesystemen gut dokumentiert – so auch am Bodensee. Dort konnte eine dramatische Eutrophierung – vor allem in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts – durch strenge Umweltregelungen wieder teilweise rückgängig gemacht werden. Dadurch sind die Nährstoffkonzentrationen seit den 1990ern wieder deutlich gesunken (Re-Oligotrophierung). Hier zeigten aeDNA-Daten aus einem Sedimentkern große Veränderungen in der Zusammensetzung der Diatomeen-, Cyanobakterien- und allgemeinen mikrobiellen Eukaryotengemeinschaften im Zusammenhang mit der Eutrophierung. Neben einer Änderung der Artengemeinschaften zeigte sich in allen untersuchten Gruppen eine Verringerung der Biodiversität. Nach der Re-Oligotrophierung kehrte der Artenreichtum zurück. Allerdings unterscheidet sich die genetische Zusammensetzung der heutigen Gemeinschaften deutlich von der historischen [13].

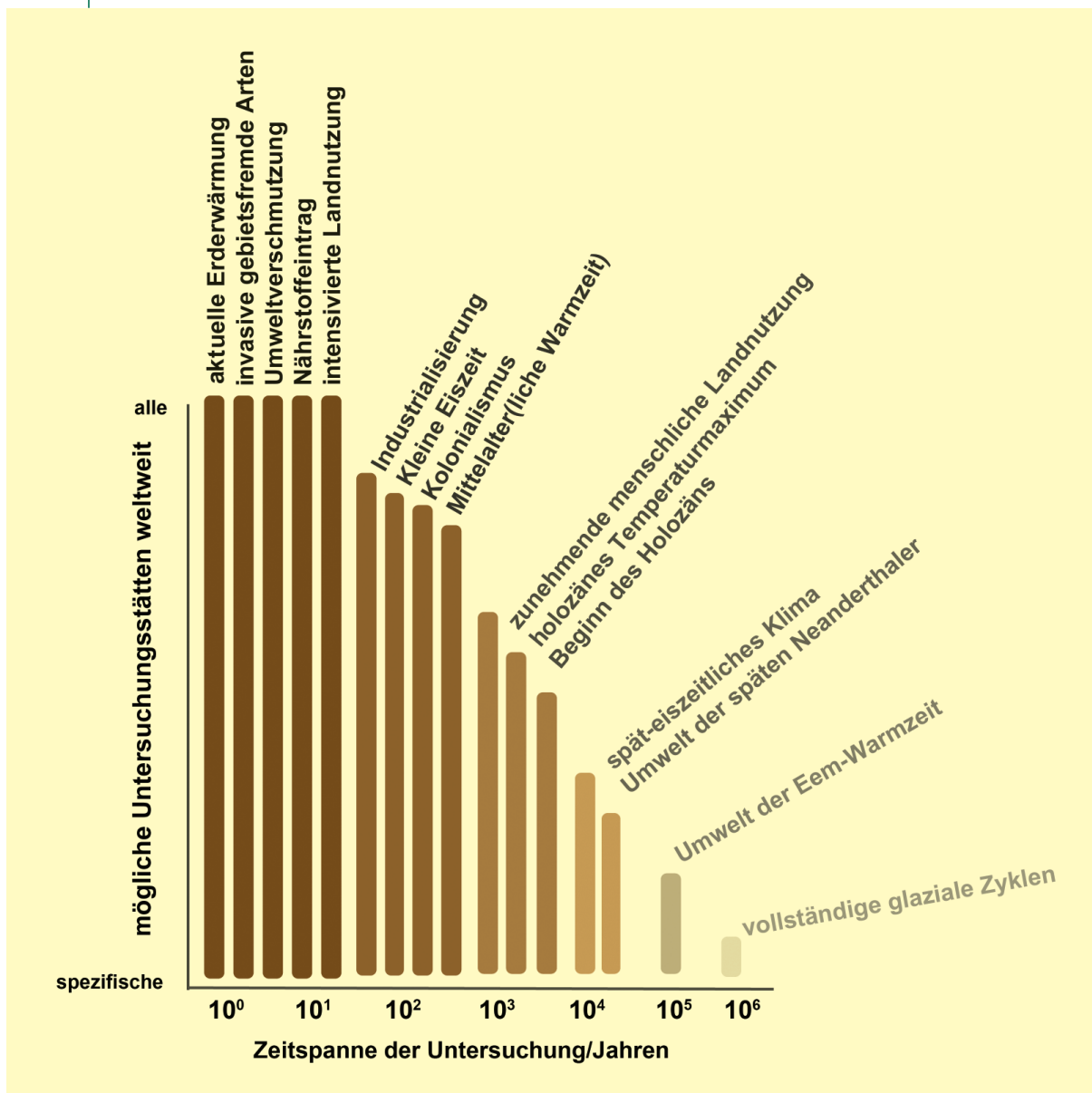
Evolutionäre Informationen aus alter Umwelt-DNA

Obwohl die Evolution traditionell als ein Prozess betrachtet wird, der über lange Zeiträume abläuft, ist inzwischen allgemein anerkannt, dass sie auch auf ökologischen Zeitskalen ablaufen kann – angetrieben durch Rückkopplungsschleifen zwischen Selektionsdruck, evolutionären Reaktionen und ökologischer Dynamik. Informationen zu diesen Prozessen können wir durch genomische Untersuchungen gewinnen – sowohl durch die Analyse von Genen, die einer Selektion unterliegen, als auch von Genen, die das nicht tun (sogenannte neutral evolvierende Gene). Die aeDNA bietet die einzigartige Möglichkeit, gleichzeitig ökologische Informationen (wie Vorkommen,

IN KÜRZE

- Umweltproben wie Sedimente und andere Ablagerungen liefern **hochauflösende und umfassende Zeitreihen** an Biodiversitätsinformationen aus DNA.
- Untersuchungen über Jahrmillionen bis zu Jahrzehnten machen die **Auswirkungen von veränderten Umweltbedingungen** und menschlichem Einfluss auf Ökosysteme und einzelne Arten sichtbar.
- **Ökologische und evolutionäre Informationen** können parallel aus den Daten erhalten werden.
- Alte Umwelt-DNA kann **Biomonitoring-Zeitreihen in die Vergangenheit verlängern**.
- Mit der Erweiterung von **genomischen Referenzdatenbanken** und der Optimierung von Analysen wird der Informationsgehalt weiter steigen.

ABB. 1 | MÖGLICHE UNTERSUCHBARE UMWELTASPEKTE UND UNTERSUCHUNGSSTÄTTEN



Es besteht ein Spannungsfeld zwischen der langfristigen Erhaltung der aeDNA und der Breite der Untersuchungsstätten weltweit, an denen aeDNA zur Rekonstruktion der vergangenen biologischen Vielfalt verwendet werden kann. Fragestellungen zum Verständnis historischer Umweltveränderungen über Jahrzehnte und Jahrhunderte können aber fast überall bearbeitet werden.

Häufigkeit und Zusammensetzung der Gemeinschaft) und evolutionäre Informationen (genetische Daten) durch die Zeit zu liefern. So konnten erfolgreich die Genome mehrerer alter Bärenarten anhand von aeDNA aus Höhlensedimenten sequenziert werden, die 14-16.000 Jahre alt sind [14]. Die Ergebnisse zeigten, dass Schwarzbären aus dem späten Pleistozän in Mexiko Vorfahren der heutigen ostamerikanischen Schwarzbärenpopulationen waren. In ähnlicher Weise wurden mitochondrielle Genome charakteristischer Arten der eiszeitlichen Megafauna aus aeDNA rekonstruiert, die aus Permafrostproben gewonnen worden war [15]. Diese Studien verdeutlichen das Potenzial von aeDNA, über die ökologische Rekonstruktion von Habitaten hinauszugehen und evolutionäre Prozesse zu beleuchten.

So wird's gemacht: Vom alten Schlamm zur genomischen Information

In jeder Umweltprobe steckt ein Potpourri an DNA-Molekülen vieler verschiedener Organismen, die sowohl in ihrer Gesamtheit aus der Probe extrahiert als auch einzeln ausgelesen werden müssen. Bei der Entnahme der Proben - und bei allen weiteren Schritten - ist größte Sorgfalt geboten, um eine Kontamination mit DNA aus der modernen Umgebung zu vermeiden (Abbildung 2). Das Vorgehen entspricht einer kriminaltechnischen Untersuchung: Die Arbeiten werden in spezifischen, reinen Laboren für alte DNA durchgeführt, untergebracht in Gebäuden, in denen keine weiteren molekulargenetischen Arbeiten durchgeführt werden. Einen Überblick über den experimentellen Ablauf gibt Abbildung 3.



ABB. 2 Verarbeitung von aeDNA aus Sedimenten. a) Sedimentkerne werden aus einem See entnommen, b) Entnahme von Proben aus einem Sedimentkern für die aeDNA-Extraktion unter geringen Kontaminationsbedingungen, c) Vorbereitung von Metabarcoding-PCR-Reaktionen mit Kontaminationskontrolle. Fotos: A. Junginger, L.S. Epp, M. Bálint.

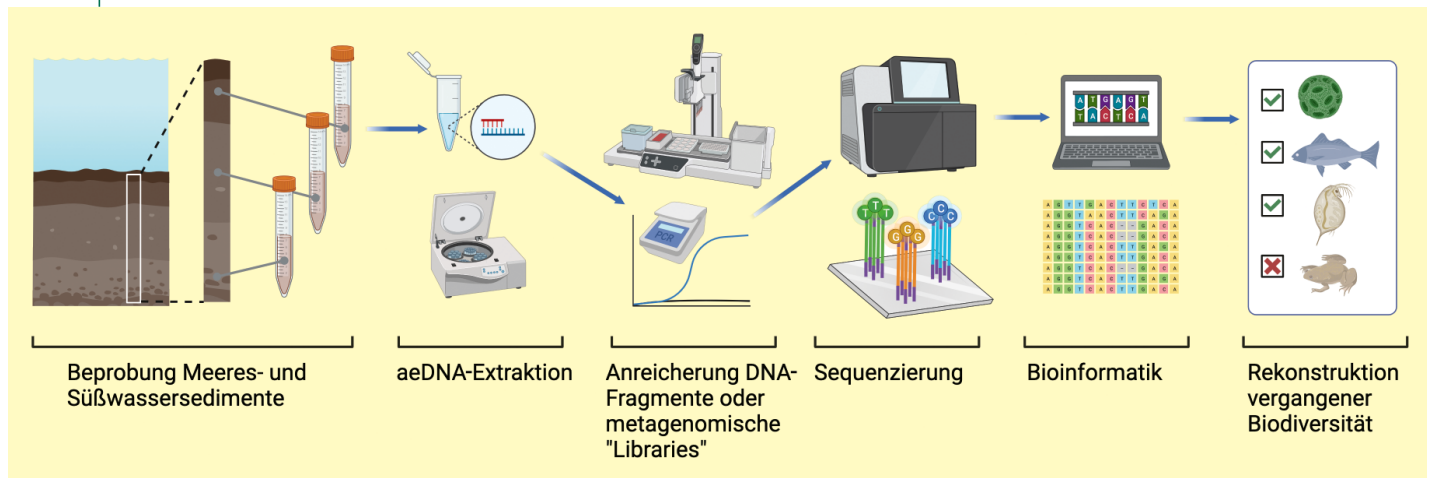
Nach der Extraktion wird die DNA entweder in ihrer Gesamtheit sequenziert oder es werden bestimmte Fragmente vor der DNA-Sequenzierung angereichert. Die einfachste und klassischste Art der Anreicherung besteht in einer PCR. Dabei wird ein genomisches Fragment in einer spezifischen Reaktion vervielfältigt. Ist diese Reaktion so spezifisch, dass sie nur bei einer einzigen Art stattfinden kann, so resultiert die Reaktion in einem einzigen Produkt, dessen DNA-Sequenz durch eine traditionelle Sanger-Sequenzierung abgelesen werden kann. Damit kann eine einzelne Art, z. B. eine invasive Art, identifiziert und ihre DNA-Konzentration durch quantitative PCR-Verfahren bestimmt werden. Bei Verwendung von standardisierten Genomabschnitten wird ein solches Verfahren als *Barcoding* bezeichnet [16].

Häufiger wird das extrahierte DNA-Gemisch allerdings einem sogenannten *Metabarcoding* unterzogen [17]. Dabei wird eine PCR durchgeführt, mit der ein Fragment bei allen Vertretern einer größeren Organismengruppe (z. B. Pflanzen, Tieren, Kieselalgen) vervielfältigt wird. Das resultierende Produkt wird sequenziert, und die DNA-Stränge der einzelnen Produkte können jeweils ausgelesen und durch einen Datenbankabgleich bestimmt werden. Damit lässt sich ein Überblick über die vorhandenen Arten erhal-

ten. Die resultierenden Daten ähneln z. B. denen einer klassischen ökologischen Vegetationsaufnahme oder einer Pollenzählung – aber basierend auf Millionen von DNA-Sequenzen.

Durch solch eine Konzentration auf einen Genomabschnitt und auf bestimmte Organismen wird allerdings ein großer Teil der Moleküle und Informationen in der Umwelt-DNA überhaupt nicht berücksichtigt. Diese kann durch eine *metagenomische* oder „Shotgun“-Sequenzierung vollständiger ausgelesen werden. In der Praxis, in der die erzeugte Datenmenge nicht unendlich ist, wird dabei allerdings nicht jedes Molekül berücksichtigt, und die genomische Abdeckung der einzelnen Arten ist begrenzt.

Ein Mittelweg zwischen vollständig metagenomischer Sequenzierung und der PCR eines Fragments ist eine Anreicherung von Genomen oder genomischen Abschnitten von Zielarten durch eine „Hybridisation Capture“-Reaktion vor der Sequenzierung. Dabei werden Zielregionen mit Sonden aus dem DNA-Gemisch „geangelt“ und die so angereicherte DNA wird sequenziert. Die resultierenden Sequenzdaten erlauben dann einen effizienteren Blick auf genomische Veränderungen innerhalb von Arten und Populationen durch die Zeit – ein

ABB. 3 | SCHEMATISCHER ABLAUF DER EXPERIMENTELLEN ARBEITEN MIT aeDNA


Fenster in die demographische und evolutionäre Geschichte einer Vielzahl von Arten, die sonst wenig Spuren hinterlassen.

Bei allen Abläufen ist höchste Vorsicht geboten, da alte DNA nur in sehr geringen Mengen vorhanden ist und es sehr leicht zu Kontaminationen kommt. So sind im Laufe der Forschungsgeschichte immer wieder Daten publiziert worden, die auf Kontaminationen zurückgingen, und es gibt spezifische Vorgaben und Anforderungen an die Protokolle und die Labore, in denen mit alter DNA gearbeitet wird [18]. Insgesamt sind so die Daten im Laufe des vergangenen Jahrzehnts immer robuster und valider geworden.

Grenzen des (aktuell?) Machbaren

So viel wir aus diesen Daten lesen können und soweit wir die Methodik noch entwickeln – es gibt Grenzen, die wir nur schwer oder gar nicht überschreiten werden. Aktuell wird die Grenze der Aussagekraft von Umwelt-DNA noch vielfach dadurch bestimmt, dass genomische Analysen, insbesondere solche, die nicht auf sichtbaren organischen Entitäten beruhen, immer auf einen Vergleich mit Referenz-DNA angewiesen sind. Wir können im Grunde nur bestimmen, was wir kennen, und wir können genomische Änderungen nur im Vergleich mit uns bekannten Genomen erkennen.

Wenngleich es aktuell noch an Referenzdatenbanken mangelt, könnte sich das innerhalb des nächsten Jahrzehnts deutlich ändern. Aktuelle Initiativen wie der *European Reference Genome Atlas* (www.erga-biodiversity.eu/) treten z.B. an, um Referenzgenome von möglichst allen eukaryotischen Lebewesen zu erstellen. Ebenso wachsen markerbasierte Referenzdatenbanken, die sich auf kurze, informative Abschnitte des Genoms konzentrieren, stetig. Koordiniert wird dies z.B. durch die *International Barcode of Life Initiative*, die weltweit standardisierte Genomabschnitte zur Identifikation von Arten bündelt.

Eine weitere aktuelle Herausforderung ist unser noch lückenhaftes Verständnis der Herkunft und der Verbreitung der DNA in Sedimenten so wie auch ihre räumliche Heterogenität. Wir wissen, dass die DNA aus lokalen Quellen stammt wie z.B. der Vegetation in Ufernähe [19] und dass die DNA am Seeboden räumlich strukturiert ist [20] – vor allem die von Makroorganismen. Dies deutet auf eine Herkunft direkt aus absedimentierten Organismenteilen hin. Das bedeutet gleichzeitig, dass einzelne Sedimentbohrkerne nur einen eingeschränkten Ausschnitt der Biodiversität im Wasserkörper speichern – zumindest, wenn es um größere Tiere wie Fische geht. Einen repräsentativeren Blick würden nur mehrere Probennahmen im gleichen Ökosystem liefern. Daneben sind weitere Herausforderungen und Grenzen der aeDNA selbst innewohnend. So zerfällt DNA mit der Zeit, und alte DNA liegt immer nur bruchstück- und fehlerhaft vor. Mit zunehmendem Alter nimmt also der Informationsgehalt von Proben ab. Der Zerfall – größtenteils basierend auf hydrolytischen und oxidativen Prozessen – wird durch erhöhte Temperaturen oder nicht-neutrale pH-Werte beschleunigt. Das schränkt die Nutzung von aeDNA besonders in tropischen Gebieten ein – auch wenn es sie nicht unmöglich macht wie Abbildung 1 zeigt – und beschränkt Analysen auf Zeitskalen, in denen DNA noch vorhanden ist.

Dass diese in jüngster Zeit immer weiter nach hinten geschoben wurden und wir im letzten Jahr die Publikation von zwei Millionen Jahre alter DNA erlebt haben, lässt hoffen, dass wir die Grenzen noch nicht vollständig ausgereizt haben. Gleichzeitig ist es wahrscheinlich, dass sich auch noch neue Grenzen zeigen werden.

Wo geht es hin?

Der Verlust der biologischen Vielfalt ist eine der größten Herausforderungen für die Menschheit [21], aber der allgemeine Mangel an langfristigen Daten über die biologische Vielfalt erschwert die Bewertung des Ausmaßes und der genauen Art dieser Verluste. Obwohl mehrere Studien

gezeigt haben, dass aeDNA nützliche Informationen über Trends in der biologischen Vielfalt liefern kann, wird sie bisher nicht regelmäßig verwendet, um die langfristigen Auswirkungen des Menschen zu rekonstruieren. Solche Rekonstruktionen werden durch die Tatsache erschwert, dass die biologische Vielfalt niemals statisch ist: Ökologische Gemeinschaften befinden sich aufgrund von Umweltveränderungen, evolutionären und ökologischen Prozessen wie Wanderungsbewegungen und biotischen Interaktionen in einem ständigen Wandel. Aus der aeDNA können wir nützliche Informationen zu den grundlegenden Schwankungen der biologischen Vielfalt erhalten und den Einfluss des Menschen in den allgemeinen Kontext der natürlichen Veränderungen der Biodiversität stellen.

Ein besonders vielversprechender Forschungsbereich ist die Integration von aeDNA-Studien in laufende Biomonitoring-Programme. Obwohl das Biomonitoring erst seit den letzten Jahrzehnten aktiv durchgeführt wird, hat es bereits hervorragende Datensätze zur Veränderung der biologischen Vielfalt bei ausgewählten Taxa geliefert. Diese Datensätze können zur Kalibrierung der mit aeDNA gewonnenen Biodiversitätsinformationen verwendet werden, wodurch die zeitliche Reichweite des aktiven Biomonitorings weit über das Anthropozän hinaus ausgedehnt wird. Ökosystemmodelle sind vielversprechende Instrumente zur Vorhersage der funktionellen Auswirkungen von Klimaerwärmung und menschlichen Aktivitäten. Die Parameter dieser Modelle wurden bisher aus Experimenten gewonnen, die von den natürlichen Bedingungen weit entfernt sein können. Die aeDNA verspricht, Modellparameter zur Demografie und genetischen Variation von Zieltaxa direkt aus natürlichen „Experimenten“ zu liefern und ihre Vorhersagen durch die Analyse vergangener Phasen von Ökosystemen (*bindcasting*) zu testen.

Und schließlich kann all dies global durchgeführt werden: Obwohl der DNA-Erhalt in dauerhaft gefrorenen Substraten am besten ist, kann aeDNA in recht guter Qualität aus einem breiten Spektrum von Umgebungen gewonnen werden (Abbildung 1). Besonders vielversprechend in dieser Hinsicht sind Meeres- und Süßwassersedimente. Seen gibt es überall auf der Welt und viele enthalten Sedimente, die sich für den DNA-Erhalt eignen. Die meisten aeDNA-Studien wurden bisher in arktischen und gemäßigten Gebieten durchgeführt, so dass der Großteil der Gebiete der Erde, insbesondere solche mit hoher biologischer Vielfalt, noch zu erforschen ist. Wir gehen davon aus, dass die aeDNA-Forschung an Biodiversität-Hotspots schon bald spannende Erkenntnisse über langfristige Veränderungen der biologischen Vielfalt und den Einfluss des Menschen auf natürliche Ökosysteme liefern wird.

Zusammenfassung

Alle Organismen hinterlassen DNA-Spuren in ihrer Umgebung, und diese Spuren können unter den richtigen Bedingungen über sehr lange Zeit erhalten bleiben. Wir

können diese alte Umwelt-DNA nutzen, um Arten aus der Vergangenheit zu identifizieren und Zeitreihen ganzer ökologischer Gemeinschaften zu rekonstruieren. Dies ermöglicht bisher nie dagewesene Erkenntnisse über den Wandel der biologischen Vielfalt in zahlreichen Ökosystemen der Vergangenheit. Alte Umwelt-DNA entwickelt sich zu einem Standardansatz in der Ökologie und wird zunehmend genutzt, um zeitliche Biodiversitätsdaten zu liefern – von den Auswirkungen früherer Klimaveränderungen bis hin zum Verständnis der Biodiversitätsgrundlagen vor dem intensiven menschlichen Einfluss des Anthropozäns.

Summary

Environmental DNA from the past

All organisms leave DNA traces in their environments, and these traces can be preserved over a very long time under the right conditions. We can use such ancient environmental DNA to identify species from the past, and to reconstruct time series of entire ecological communities. This provides unprecedented insights into biodiversity change in numerous past ecosystems. Ancient environmental DNA is becoming a standard approach in ecology, and it is increasingly used to provide temporal biodiversity data, from the effects of ancient climate change to understanding biodiversity baselines before the intensive human impact of the Anthropocene.

Schlagworte:

Paläoökologie, Zeitreihen, Umwelt-DNA, biologische Vielfalt, Hochdurchsatzsequenzierung

Literatur

- [1] E. Willerslev et al. (2003). Diverse plant and animal genetic records from Holocene and Pleistocene sediments. *Science*, 300(5620), 791–795, <https://doi.org/10.1126/science.1084114>
- [2] C. L. Jerde et al. (2011). “Sight-unseen” detection of rare aquatic species using environmental DNA: EDNA surveillance of rare aquatic species. *Conservation Letters* 4(2), 150–157, <https://doi.org/10.1111/j.1755-263X.2010.00158.x>
- [3] D. Pont et al. (2023). Quantitative monitoring of diverse fish communities on a large scale combining eDNA metabarcoding and qPCR. *Molecular Ecology Resources* 23(2), 396–409. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13715>
- [4] A. Marí Saéz et al. (2015). Investigating the zoonotic origin of the West African Ebola epidemic. *EMBO Molecular Medicine* 7(1), 17–23, <https://doi.org/10.15252/emmm.201404792>
- [5] Y. Wang et al. (2021). Late Quaternary dynamics of Arctic biota from ancient environmental genomics. *Nature* 600(7887), 86–92.
- [6] V. Slon et al. (2017). Neandertal and Denisovan DNA from Pleistocene sediments. *Science* 356(6338), 605–608, <https://doi.org/10.1126/science.aam9695>
- [7] A. Marchesini et al. (2023). Ancient DNA from speleothems: Opportunity or challenge? *Quaternary Research* 112, 180–188, <https://doi.org/10.1017/qua.2022.46>
- [8] M. W. Pedersen et al. (2016). Postglacial viability and colonization in North America’s ice-free corridor. *Nature* 537(7618), 45–49, <https://doi.org/10.1038/nature19085>
- [9] K. H. Kjær et al. (2022). A 2-million-year-old ecosystem in Greenland uncovered by environmental DNA. *Nature* 612, 7939, <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05453-y>

- [10] C. Barouillet et al. (2023). Investigating the effects of anthropogenic stressors on lake biota using sedimentary DNA. *Freshwater Biology* 68(11), 1799–1817.
- [11] M.-E. Monchamp et al. (2018). Homogenization of lake cyanobacterial communities over a century of climate change and eutrophication. *Nature Ecology & Evolution* 2(2), 317–324, <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0407-0>
- [12] E. C. Nwosu et al. (2023). Early human impact on lake cyanobacteria revealed by a Holocene record of sedimentary ancient DNA. *Communications Biology* 6(1), 72.
- [13] A. Ibrahim et al. (2021). Anthropogenic impact on the historical phytoplankton community of Lake Constance reconstructed by multimarker analysis of sediment-core environmental DNA. *Molecular Ecology* 30(13), 3040–3056.
- [14] M. W. Pedersen et al. (2021). Environmental genomics of Late Pleistocene black bears and giant short-faced bears. *Curr Biol* 31(12), 2728–2736 e2728.
- [15] T. J. E. Murchie et al. (2022). Pleistocene mitogenomes reconstructed from the environmental DNA of permafrost sediments. *Curr Biol* 32(4), 851–860.e7.
- [16] P. D. N. Hebert et al. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings. Biological Sciences* 270(1512), 313–321, <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- [17] P. Taberlet et al. (2012). Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Molecular Ecology* 21(8), 2045–2050, <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05470.x>
- [18] T. L. Fulton, B. Shapiro (2019). Setting Up an Ancient DNA Laboratory. *Ancient DNA*, 2. Edition 1963, 1–13.
- [19] I. G. Alsos et al. (2018). Plant DNA metabarcoding of lake sediments: How does it represent the contemporary vegetation. *PLOS ONE*, 13(4), e0195403, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0195403>
- [20] Y. Wang et al. (2023). Spatial distribution of sedimentary DNA is taxon-specific and linked to local occurrence at intra-lake scale. *Communications Earth & Environment* 4(1), <https://doi.org/10.1038/s43247-023-00829-y>
- [21] IPBES (2019). *Global Assessment Report on Biodiversity and Ecosystem Services. Summary for Policymakers* (p. 56). IPBES secretariat. <https://ipbes.net/global-assessment>

Verfasst von:

Miklós Bálint hat in Klausenburg, Rumänien studiert und promoviert. Er ist Professor für Funktionelle Umweltgenomik am Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum Frankfurt am Main und an der Justus-Liebig Universität Gießen.



Laura S. Epp hat in Göttingen studiert und an der Universität Potsdam promoviert. Nach Stationen am Naturhistorischen Museum der Universität Oslo und dem Alfred-Wegener-Institut ist sie Juniorprofessorin für Umweltgenomik an der Universität Konstanz.

Korrespondenz

Prof. Dr. Laura Epp
Limnologisches Institut, Fachbereich Biologie
Universität Konstanz
Mainaustr. 252
78464 Konstanz
E-Mail: laura.epp@uni-konstanz.de

Prof. Dr. Miklós Bálint
Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum
Senckenberganlage 25
60325 Frankfurt am Main
E-Mail: miklos.balint@senckenberg.de

DEUTSCHLAND SUMMTI-PFLANZWETTBEWERB 2024

Wer gestaltet die schönsten Gärten für Wildbienen & Co. und veranstaltet dazu die spannendsten Aktionen? Am 2. April 2024 schaltet die Stiftung für Mensch und Umwelt die Registrierung für ihren beliebten Deutschland summti!-Pflanzwettbewerb wieder frei. Der Wettbewerb läuft mittlerweile im neunten Jahr und motiviert bundesweit Kinder, Jugendliche und Erwachsene für die biologische Vielfalt aktiv zu werden.

Interessierte laden ihren Beitrag ab sofort (bis spätestens 31. Juli 2024) auf der Wettbewerbsplattform www.wettbewerb.wir-tun-was-fuer-bienen.de hoch. Gefragt

ist eine Kurzbeschreibung der Aktion mit Vorher-Nachher-Fotos der neu gestalteten Fläche mit heimischen Blühpflanzen und Gartenstrukturen. Egal, ob die Fläche 10 Quadratmeter oder 5.000 Quadratmeter groß, öffentlich oder privat ist – alle Interessierten finden eine passende Kategorie. „Wer mitmachen möchte, sich aber noch wenig mit der naturnahen Gestaltung auskennt, findet auf unserer Website viele Infos. Zum Beispiel Vorschläge für insektenfreundliche Pflanzen und Ideen für naturnahe Gartenstrukturen“, so Julia Sander, Koordinatorin des Pflanzwettbewerbs. Kontakt: sander@stiftung.mensch-umwelt.de





Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland

**GEMEINSAM
FÜR DIE**

BIEWISSENSCHAFTEN

Gute Gründe, dem VBIO beizutreten:

- Werden Sie Teil des größten Netzwerks von Biowissenschaftlern in Deutschland.
- Unterstützen Sie uns, die Interessen der Biowissenschaften zu vertreten.
- Nutzen Sie Vorteile im Beruf.
- Bleiben Sie auf dem Laufenden – mit dem VBIO-Newsletter und dem Verbandsjournal „Biologie in unserer Zeit“.
- Treten Sie ein für die Zukunft der Biologie.



www.vbio.de

Jetzt beitreten!

