



## Antrag

der Abgeordneten **Tanja Schorer-Dremel, Martin Schöffel, Wolfgang Fackler, Alexander Flierl, Petra Högl, Thorsten Schwab, Klaus Steiner, Manuel Westphal CSU,**

**Florian Streibl, Dr. Fabian Mehring, Dr. Leopold Herz, Prof. (Univ. Lima) Dr. Peter Bauer, Manfred Eibl, Susann Enders, Dr. Hubert Faltermeier, Hans Friedl, Tobias Gotthardt, Eva Gottstein, Joachim Hanisch, Wolfgang Hauber, Johann Häusler, Alexander Hold, Nikolaus Kraus, Rainer Ludwig, Gerald Pittner, Bernhard Pohl, Kerstin Radler, Gabi Schmidt, Jutta Widmann, Benno Zierer und Fraktion (FREIE WÄHLER)**

### **DNA-Barcoding-Verfahren für die Praxis prüfen**

Der Landtag wolle beschließen:

Die Staatsregierung wird aufgefordert, dem Landtag über das DNA-Barcoding-Verfahren zu berichten. Dieses Verfahren könnte für Landwirte und Fachleute aus den Pflanzenschutzämtern eine schnelle Bestimmung von Schädlingen (schon im Larvenstadium) und somit die Einleitung früher und geeigneter Pflanzenschutzmaßnahmen ermöglichen.

### **Begründung:**

DNA-Barcoding dient sowohl der Identifizierung bekannter Arten, als auch der Entdeckung neuer. Für zuverlässige Bestimmung einer Art genügt bereits ein kleiner DNA-Abschnitt eines Markergens, bei Tieren das sogenannte mitochondriale CO<sub>1</sub>-Gen. Dieses wird als DNA-Barcode bezeichnet. Münchner Forscher kooperieren eng mit dem kanadischen Projekt iBOL (International Barcode of Life), das in Kanada ein großes Analyselabor aufgebaut hat. Dort kann ein CO<sub>1</sub>-Gen leicht, schnell und kostengünstig entziffert werden.

Seit 2009 existiert ein Projekt der Zoologischen Staatssammlung München (Barcoding Fauna Bavarica). In der ersten Phase wurden unter Verwendung von Material der Staatssammlung und von Privatsammlern zahlreiche Tiergruppen katalogisiert. In einer zweiten Phase (German Barcode of Life) entstand ein Verbund mehrerer deutscher Museen. Phase drei (2014 bis 2018) bezog weitere Organismengruppen wie z. B. Pilze, Algen und Flechten ein.

So stehen von rund 20 000 bayerischen Arten DNA-Barcodes zur Verfügung. 503 der insgesamt 571 deutschen Wildbienenarten sowie weitere 58 Arten benachbarter Länder wurden bereits genetisch analysiert.

Für Landwirte und Pflanzenschutzämter besteht häufig das Problem, dass Tiere nicht richtig bestimmt werden können, weil nur Larven vorliegen. Durch das DNA-Barcoding ist eine eindeutige Bestimmung auch bei Larven möglich. So kann der Landwirt früh und gezielt mit Bekämpfungsmaßnahmen beginnen. Die Bestimmung der Basenabfolge des CO<sub>1</sub>-Gens ist für ein Labor in wenigen Tagen möglich und recht kostengünstig.