

## BIO-PLANBAR

Biodiversitäts-Erfassung bei Projektplanungen mittels Barcoding

<b>Programm / Ausschreibung</b>	Bridge, Bridge_NATS, Bridge_NATS 2017	<b>Status</b>	abgeschlossen
<b>Projektstart</b>	01.08.2018	<b>Projektende</b>	31.12.2022
<b>Zeitraum</b>	2018 - 2022	<b>Projektlaufzeit</b>	53 Monate
<b>Keywords</b>	UVP; Biodiversität; RVS-Arten; DNA-Barcoding		

### Projektbeschreibung

In Österreich ist bei großen Bauvorhaben, die außerhalb von gewidmeten Wohn-, Industrie- und Gewerbegebieten umgesetzt werden, ein UVP-Verfahren oder zumindest ein naturschutzrechtliches Bewilligungsverfahren erforderlich. Voraussetzung für einen positiven Bescheid ist eine möglichst naturschutzkonforme Umsetzung des Vorhabens. Insbesondere bedeutet dies, dass erhebliche negative Auswirkungen auf naturschutzfachlich wertbestimmende Arten möglichst vermieden oder ausgeglichen werden sollen. Um abschätzen zu können, welche Auswirkungen durch ein Bauvorhaben auf die Tier- und Pflanzenarten des betroffenen Gebietes denkbar sind, ist ein sehr guter Kenntnisstand zur lokalen Fauna und Flora erforderlich. Die bedeutet, dass der Projektwerber/die ProjektwerberIn im Zuge des Planungsprozesses auch die Tier- und Pflanzenwelt des Raumes, in der er/sie sein Projekt umzusetzen gedenkt, erfassen muss. Da es allerdings praktisch unmöglich ist, tatsächlich die gesamte Fauna eines Raumes zu erheben, wird versucht, eine möglichst repräsentative Auswahl an „wertbestimmenden“ Arten aus Indikatorgruppen zu erfassen. Diese Artbestimmung anhand klassisch morphologischer Merkmale ist ein in vielen Fällen zeitlich aufwändiger Arbeitsschritt, dessen Optimierung im Fokus des gegenständlichen Projektantrags liegt. Die spezifischen Ziele dieses Projekts sind i) eine raschere Bearbeitung dieses Arbeitsschritts „Artbestimmung“ und ii) eine vollständige Bearbeitbarkeit der Proben zur Steigerung der Effizienz. Um diese Ziele zu erreichen, sollen nun die Voraussetzungen dafür geschaffen werden, zukünftig auch molekulare Methoden (DNA-Barcoding) - ergänzend zu klassischen morphologischen - bei der Probenauswertung und Bestimmung einsetzen zu können, um auch morphologisch unbestimmbare Tiere - das sind vor allem Jungtiere, Larvenstadien, Eier, aber bei manchen Tiergruppen auch die Weibchen bestimmter Arten - zweifelsfrei bestimmbar zu machen und somit Proben weitgehend vollständig auswerten zu können. Vorteile für den Anwender von DNA-Barcoding sind i) eine vollständigere Auswertungsquote, ii) eine Ausdehnung des Bearbeitungszeitraum (dadurch dass auch diverse Entwicklungsstadien identifiziert werden können), iii) ein raschere Bearbeitbarkeit und iv) mittelfristig auch die Anwendung nichtinvasiver Methoden (Stichwort eDNA). Auch wenn die Anwendung von DNA-Barcoding (bzw. Metabarcoding von Mischproben und die Verwendung von DNA-Barcode-Referenzdatenbanken) prinzipiell vielversprechend ist, steht und fällt der Erfolg mit der Verfügbarkeit einer möglichst vollständigen und qualitativ hochwertigen Referenzdatenbank. Diese soll für einen Großteil der UVP-relevante Tiergruppen im Rahmen dieses Projekts erstellt werden, bzw. sollen die DNA-Barcodes und dazugehörigen Metadaten in die österreichische (ABOL) und internationale (BOLD) Referenzdatenbank eingespeist werden, sofern sie dort noch nicht verfügbar sind. Zusätzlich soll generell geklärt werden i) wo die Grenzen der Artbestimmung anhand von DNA-

Barcodes bei den relevanten Tiergruppen liegen, ii) ob Artbestimmung mittels DNA-Barcoding bei morphologisch schwer bestimmbaren Arten einfacher ist/funktioniert, und iii) wo die Methode nicht funktioniert. Nicht zuletzt soll auch ein Leitfaden für die Probennahme ausgearbeitet werden, wenn die Auswertung vorwiegend oder zusätzlich auch mit Hilfe molekularer Methoden erfolgen soll.

## **Abstract**

In Austria, the realization of major construction projects typically requires an environmental impact assessment and a positive evaluation depends on the project's conformity with nature conservation interests. This implies that massive negative impacts on species valuable from a conservation perspective should be avoided or compensated for. To estimate the impact of a construction project on the animals and plants in the affected area, extensive knowledge of the local fauna and flora is required. This means that in the planning phase the project leader has to assess the fauna and flora in the area in which the project should be realized. Typically this is done by recording the presence/abundance of selected quality-determining key species from certain indicator groups. Very often, traditional species identification by means of classic morphological characters is time and cost intensive. In the framework of the proposed project we intend to optimize the process of species identification for environmental impact assessments and make it more cost- and time efficient. Specifically, we aim at a i) faster and ii) more comprehensive species identification. To achieve these goals we want to establish DNA-barcoding, or more precisely a comprehensive high quality DNA-barcode reference database, for the relevant taxa, which should allow for reliable species identification of morphologically "difficult" developmental stages or (in some taxa) females. Advantages of applying DNA-barcoding are i) a larger set of identified species, ii) an extension of the study period, iii) a faster species inventory, and iv) in the long run the potential application of non-invasive methods (e.g. eDNA). Even if, in principle, the application of DNA-barcoding (or metabarcoding of mixed samples) is promising, its success depends on the availability of a comprehensive high quality reference data base. Reference data for the relevant taxa should be generated in the framework of the proposed project; i.e. DNA-barcodes will be generated and uploaded (together with the corresponding metadata) to the Austrian (ABOL) and international (BOLD) barcoding reference data bases. In addition we will evaluate i) the limits of DNA-barcoding in the relevant taxa, ii) whether in morphological difficult taxa species identification based on DNA data is more straight forward than based on classic morphological data, and iii) whether there are certain taxa for which DNA-barcoding does not work. Finally, we intend to establish guidelines for sampling, when data analysis is based at least in part on molecular data.

## **Projektkoordinator**

- Universität Graz

## **Projektpartner**

- Universalmuseum Joanneum GmbH
- Ökoteam - Institut für Tierökologie und Naturraumplanung OG