

Botanik mal anders

Wie man Pflanzen auch ohne Flora Helvetica bestimmen kann

Im praktischen Teil des Moduls «Molecular Biological Analysis and Application» wird jedes Jahr ein DNA-Barcoding-Experiment durchgeführt. Dieses Jahr haben die beiden Dozenten wahllos Pflanzenproben aus den Gärten im Grüental des IUNR gesammelt. Die IUNR-Studierenden des vierten Semesters hatten dann die Aufgabe, die Pflanzen aufgrund ihrer DNA-Sequenz zu identifizieren: ohne Flora Helvetica und Bestimmungsschlüssel..., aber mit Erfolg!



Fabio Rezzonico
Wissenschaftlicher Mitarbeiter
Umweltgenomik und System-
biologie



Theo Smits
Dozent
Umweltgenomik und System-
biologie

Ist Ihnen das auch schon passiert? Sie sind unterwegs und finden eine Pflanze, die Sie nicht kennen. Der Bestimmungsschlüssel der Flora Helvetica verlangt eine genauere Analyse der Blüten, aber die Pflanze ist leider schon verblüht. Die Chance, dass Sie nächstes Jahr wieder zum selben Ort zurückkehren können in der Zeit, in der die Blumen blühen, ist wahrscheinlich klein. Die Identität der Pflanze bleibt daher ein Rätsel, weil aufgrund der fehlenden Angaben eine genauere Zuordnung zur Spezies nicht möglich ist. Aber muss das wirklich so sein?

Unsere Antwort lautet «Nein». Die Studierenden im Modul «Molecular Biological Analysis and Application» (MBAA), eines der Module im Minor «Felddiagnostik und -analytik», haben Pflanzenmaterial identifiziert, ohne vorab zu wissen, wie die Pflanzen ausgesehen haben. Wir haben uns als Dozierende im Frühjahr einen Spaziergang in den Gärten im Grüental des IUNR gegönnt und Blattmaterial von 16 unterschiedlichsten Pflanzen gesammelt. Dabei haben wir darauf geachtet, dass die Proben nicht aufgrund des Blattes direkt identifizierbar sind. So fielen die Stacheln am Blatt der Stechpalme (*Ilex aquifolium*) dem Anonymisierungsprozess zur Opfer. Als einzige Probe – trotz aller Tarnversuche – auch im Nachhinein immer noch direkt erkennbar war der Bärlauch (*Allium ursinum*): Den markanten Geruch konnten wir leider nicht verstecken.

DNA-Barcoding als Lösung

Im Praktikum wurde dann das sogenannte DNA-Barcoding-Verfahren verwendet. Kurze Genabschnitte, die für jede Art einzigartig sind, werden vervielfältigt und abgelesen. Durch einen Vergleich dieser Sequenzen mit bereits bekannten Sequenzen in einer öffentlichen Datenbank lässt sich schnell und zuverlässig feststellen, zu welcher Art ein Organismus gehört. Im Praktikum bekamen die Studierenden als Proben lediglich die Blattfragmente in nummerierten Röhrchen. Das Ziel war, die Proben allein mit Hilfe ihres DNA-Barcodes zu identifizieren.

Ergebnisse aus dem Praktikum

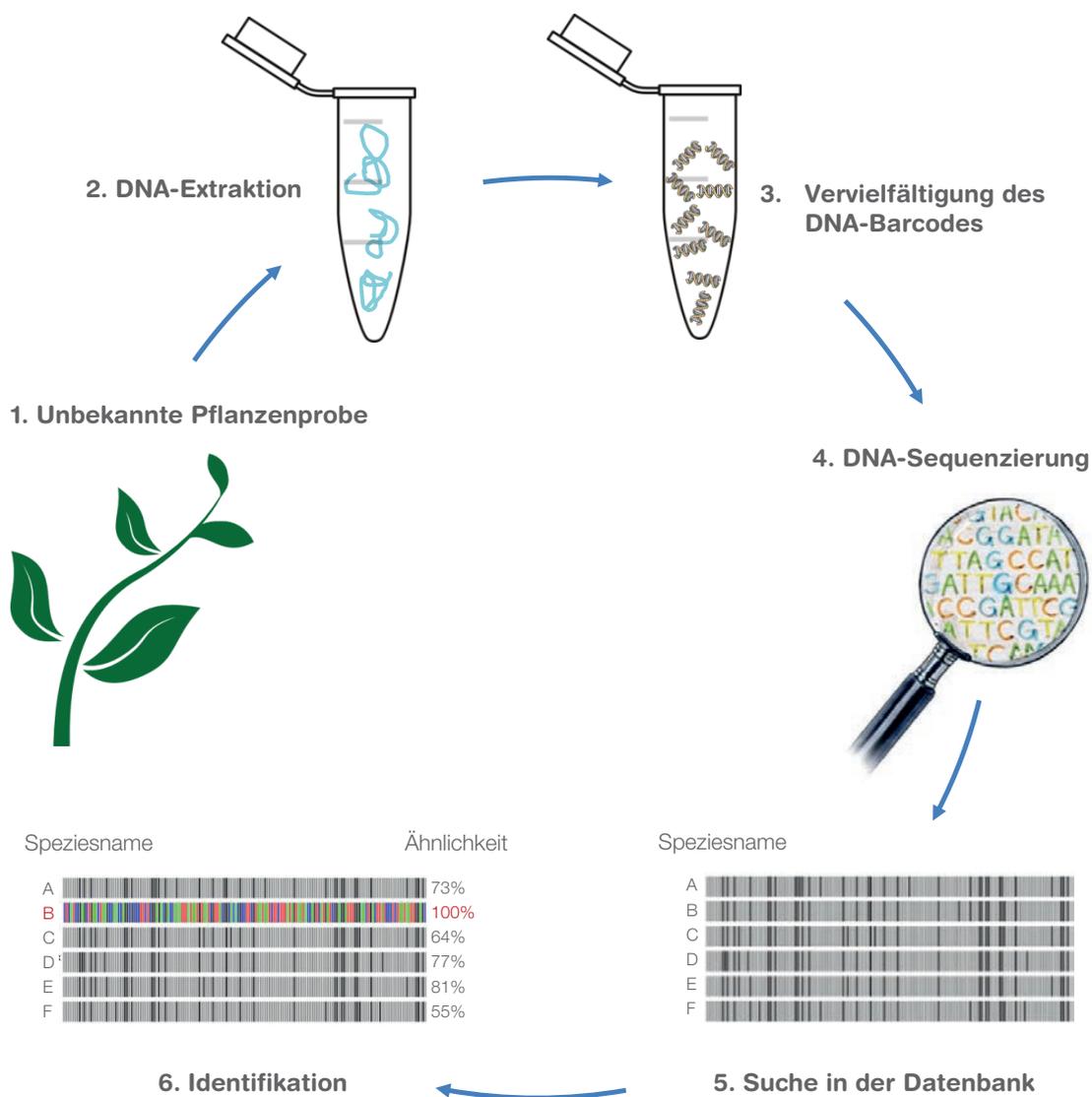
Trotz guter Vorbereitung verlief während des Praktikums nicht alles optimal. Die Vervielfältigung der DNA-Barcodes mittels enzymatischer Reaktion hat etwas mehr Mühe bereitet als erwartet, da einige Proben während des Praktikums keine Vervielfältigung aufwiesen. Mit Unterstützung der Dozenten hatten die Studierenden am Ende doch die benötigten Genfragmente aller Pflanzen beisammen. Beim Sequenzieren ergaben zwei Proben leider kein brauchbares Ergebnis, weil sie jeweils zwei überlappende DNA-Sequenzen aufwiesen, so, als ob zwei unterschiedliche Texte über die gleiche Buchseite gedruckt würden. Die übrigen vierzehn Proben waren hingegen lesbar und, zum Glück, auch einfach in der Datenbank zu finden. Daher konnten diese Pflanzen gut identifiziert werden. Das ist ein gutes Ergebnis, schliesslich wurde jeweils nur ein Genfragment analysiert. Eine genauere Bestimmung würde die Analyse von mehreren Genabschnitten verlangen.

Kleine Änderungen, grosser Effekt

Allerdings zeigte sich bei der Bestimmung eine zusätzliche Hürde: Die verschiedenen Kohlarten (in unserem Test: Kohlrabi und Federkohl) konnten nur auf Artniveau (*Brassica oleracea*) und nicht auf Varietät bestimmt werden. Die Ergebnisse aus der Datenbank wiesen eher auf Broccoli und Weisskohl als alternative Möglichkeiten hin als auf Kohlrabi und Federkohl. Alle obengenannten Kohlarten gehören nämlich zur selben Spezies *Brassica oleracea*. Anscheinend gibt es im benutzten Genfragment keine Diversität zwischen diesen Varietäten, was zeigt, dass die relativ eindeutig sichtbaren Unterschiede zwischen Kohlvarietäten anderswo im Genom kodiert sein müssen.

Erweiterbare Einsatzmöglichkeiten

Obwohl dieser Anwendungsversuch einige praktische Limitationen aufweist (z. B. Kosten oder Zugang zur geeigneten Infrastruktur), ist dieser Ansatz aus Sicht der Dozierenden als Experiment im Unter-



Ablauf des DNA-Barcoding-Experiments mit dem Ziel einer molekularen Identifikation einer Pflanzenprobe.

Bild: Fabio Rezzonico

richt sehr geeignet, weil er das Lernen einiger fundamentaler Methoden der Molekularbiologie ermöglicht. Der grösste Vorteil ist wahrscheinlich die Möglichkeit, Spezies ohne besondere taxonomische Vorkenntnisse und mit wenig Ausgangsmaterial genau bestimmen zu können.

Es ergeben sich immer wieder Semester- und Bachelorarbeiten, die DNA-Barcoding als Thema haben. Es besteht aber auch die Möglichkeit, interessierten Forschenden beim Aufbau ähnlicher Bestimmungsexperimente behilflich zu sein, nicht nur mit den unterschiedlichsten Pflanzenarten, sondern auch mit Pilzen oder Tieren. Falls Experimente mit mehreren Genfragmenten ausgeführt werden, erlaubt diese Methode auch populationsgenetische

Analysen, die mehr als die reine Identifikation liefern können. Die Möglichkeiten des DNA-Barcodings sind am IUNR noch längst nicht ausgereizt. Interessierte Forschungsgruppen können sich gerne bei den Autoren melden.

fabio.rezzonico@zhaw.ch
theo.smits@zhaw.ch