



Artenvielfalt ist Nischenvielfalt – Biodiversität im Bayerischen Wald

Text: **Gerhard Haszprunar**

»Die ökologische Nische ist das Funktionsnegativ der Art« – so steht es in den Lehrbüchern der Biologie geschrieben, die jeder angehende Ökologe gelernt haben sollte. Als »Nische« bezeichnet man in der Ökologie daher all jene Faktoren, die mit den verschiedenen Funktionen von Organismen verbunden ist, irrelevant, ob es sich um Einzeller, Pflanzen, Pilze oder Tiere handelt. Nischen werden sowohl durch sogenannte abiotische Faktoren als auch durch andere Organismen in einem Ökosystem definiert: Einerseits also notwendige oder bevorzugte physikalische oder chemische Bedingungen wie etwa Temperatur, Feuchte oder Salzgehalt, aber auch andererseits Strukturen zum Siedeln wie etwa der Boden- oder Gesteinstyp. Organismische, biologische Faktoren sind beispielsweise Futterpflanzen oder Wirte, Wurzelsymbionten oder Schädlinge, Bestäuber oder Fressfeinde. Die Nische hat daher – anders als der Wortgebrauch in der Alltagssprache – nicht nur eine räumliche Dimension, sondern ist grundsätzlich dynamisch, nämlich funktionell zu verstehen. Oder anders ausgedrückt: Jede Art (Species) besetzt eine arteigene Nische, einen spezifischen »Beruf« oder eine »Rolle« in einem

Ökosystem. Überlappen sich (mehrere) ökologische Nischen verschiedener Arten, dann stehen diese Arten in Konkurrenz zueinander um die Ressourcen, sei es Licht und Nährstoff bei Pflanzen, Futter oder Nistplatz bei Tieren.

Die Anzahl an Nischen eines Habitats bzw. die damit zwangsläufig verbundene Erfassung der Biodiversität ist allerdings keineswegs eine rein theoretische Angelegenheit der Ökologie, sondern ganz im Gegenteil von essenzieller Bedeutung für das jeweilige Ökosystem: Je mehr Arten ähnliche Nischen besetzen, sich also in ihrem »Beruf« auch gegenseitig vertreten können, umso besser ist dieses Ökosystem gegen Störungen, äußere Einflüsse und Katastrophen geschützt. Oder mit anderen Worten: Artenvielfalt macht den Wald, das Feld, die Wiese, den See oder den Fluss gegen Krisen robust.

Die Krux an der Sache ist nun aber, dass sich insbesondere die tierische Artenvielfalt ganz generell und auch hier in Deutschland nicht aus jenen großen, auffälligen und bunten



rechts Noch unbestimmte Schlupfwespe (Ichneumonidae, 3 mm) in einer Malaisefallenprobe. Schlupfwespen gehören zu den häufigsten parasitoiden Wespen im Bayerischen Wald.



links *Gnorimus nobilis* (Grüner Edelscharrkäfer, 15-18 mm) ist ein Vertreter der Rosenkäfer. Die metallische Farbe wird dabei durch Lichtreflexion an hauchdünnen Chitinlamellen verursacht. Die Larven sind Engerlingen (Maikäferlarven) sehr ähnlich, leben aber im Mulm der Baumhöhlen von Laubbäumen.

darunter Die Malaisefalle des Projektes auf einer sich nach Schädlingsbefall regenerierenden Lichtung im Nationalpark Bayerischer Wald.

darunter Langsam vermodernendes Totholz ist eine wichtige Nische für viele Tierarten im Nationalpark Bayerischer Wald.

unten Keine Schmetterlingsraupe, sondern die Larve einer seltenen Blattwespen-Art, *Nematus fagi*, die gerade ein Buchenblatt (*Fagus sylvatica*) verspeist.



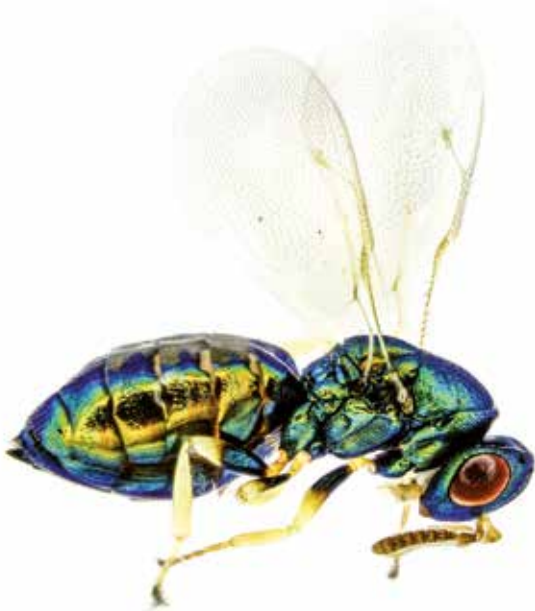
Arten zusammensetzt, welche die meisten Feldführer auflisten und abbilden: Nein, Zoodiversität besteht zu weit über 80% aus der Fraktion »klein, schwarz oder weiß und hässlich«: das Heer der kleinen Insekten (insbesondere Käfer, Fliegen, Mücken und Kleinwespen-Verwandte), Milben, oder die diversen Wurmgruppen. Diese Vielfalt und deren Veränderung präzise zu erfassen, ist ungemein zeitaufwändig und damit teuer, und erfordert insbesondere Spezialisten (»Artenkenner«) in nahezu jeder betroffenen Tiergruppe – die gibt es allerdings immer seltener.

Seit nunmehr fast acht Jahren geht die Zoologische Staatssammlung München (ZSM) im Rahmen einer globalen Initiative daher einen völlig neuen, hochgradig technisierten Weg der Arterfassung und -bestimmung: DNA-Barcoding ist das Zauberwort. Analog zum Vorgehen der Kriminalpolizei bei DNA-Spuren der Täter können durch Sequenzvergleich bestimmter, bei Tieren meist mitochondrialer Gene die Arten aller Tiergruppen sauber getrennt und damit bestimmt werden. Damit verlagert sich das Problem der Bestimmung von überlasteten Experten in die molekulargenetischen Labors der Wissenschaftler. Ein großer Vorteil: der genetische Fingerabdruck bleibt das ganze Leben unverändert, daher ist eine einmal erfasste artspezifische Gensequenz auch für Eier, Larven oder selbst Überreste derselben Tierart anwendbar. Die Empfindlichkeit der Methode erstaunt selbst die Experten immer wieder: So genügt beispielsweise 1 Liter Wasser aus einem Fischteich, um etwa den geschützten Fischotter oder aber den eingeschleppten Amerikanischen Nerz (Mink) nachzuweisen.

Die ZSM beherbergt als Forschungssammlung derzeit rund 25 Millionen zoologischer Objekte und gehört als Teilinstitution der Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns (SNSB) zu den weltweit größten naturkundlichen Sammlungen, die Schmetterlingssammlung der ZSM gilt mit über 11 Millionen Exemplaren sogar als die größte der Welt. Im Rahmen der Initiativen »Barcoding Fauna Bavarica« (BFB) und »German Barcode of Life« (GBOL) verfolgen die Münchener Forscher und ihre Kollegen das ehrgeizige Ziel, alle deutschen Tierarten genetisch zu erfassen und in einer Online-Bibliothek für alle Interessenten, also Amateure, Fachleute, aber auch etwa Behörden, weltweit zur Verfügung zu stellen.

Nachdem die Forscher der ZSM über Jahre hinweg eine genetische Bibliothek von über 17000 bayerischen Tierarten angelegt hatten, schlug im Sommer dieses Jahres nun die Stunde der Wahrheit für die erste Breitband-Anwendung bzw. Auswertung der neuen Methode. Als Teil eines internationalen Insektenfang-Projekts (Global Malaise Programm, GMP) war bereits im Sommer 2012 im Nationalpark Bayerischer Wald eine sogenannte Malaise-Falle aufgestellt worden. Malaise-Fallen sind zeltartige Gebilde, die sich besonders gut zur Erfassung der Biodiversität kleiner, flugaktiver Insekten eignen. Während der nur fünf Monate dauernden Fangzeit wurden fast 30 000 Insekten gesammelt. Diese immense Zahl, deren Bestimmung nach klassischen Methoden viele Spezialisten viel Zeit gekostet hätte, konnte nun dank DNA-Barcoding nicht weniger als 2530 Arten zugeordnet werden.

Diese große Artenfülle aus nur einer einzigen Falle in nur wenigen Monaten war zunächst ausgesprochen überraschend: In den bisherigen Langzeiterfassungen, das heißt über viele Jahre hinweg, wurden für den Nationalpark insgesamt erst 3257 Insektenarten sicher nachgewiesen, Schätzungen sprachen von ca. 4000 Arten. Es ist daher zu vermuten, dass der Nationalpark noch viele bisher nicht erfasste »Krümelmonster«, d. h. Kleintiere bis zu 2 mm Körperlänge, beherbergt. Die nunmehr nach oben korrigierten Schätzungen gehen derzeit von über 7000 Insektenarten für den Nationalpark Bayerischer Wald aus. Diese unerwartet hohe Zahl an Arten stellt dem Nationalpark Bayerischer Wald ein hervorragendes Zeugnis aus: Nicht zu Unrecht gilt der Nationalpark als eines der 30 so genannten »Hotspots«, also Gebiete mit besonders hoher biologischer Vielfalt in Deutschland.



Viele Arten bedeuten viele Rollen bzw. Nischen und damit auch eine hohe Belastbarkeit des gesamten Ökosystems in Krisenzeiten: Hat man sich in früheren Jahren insbesondere bei Massenvermehrungen von Schädlingen größte Sorgen um »den Wald« gemacht, kann nun Entwarnung gegeben werden. Die hohe Artenvielfalt ist die beste Garantie, dass der Nationalpark Bayerischer Wald auch solche Krisen, aber auch den anstehenden Klimawandel gut bewältigen kann.

Das Ergebnis gibt auch jenen Stimmen Recht, die stets dafür plädiert hatten, auch bei dramatischen Ereignissen nicht künstlich in das System einzugreifen. Gerade Kleinkatastrophen und lokale Krisenereignisse schaffen kleinräumig eng begrenzte neuartige bzw. andere Lebensbedingungen als in der Umgebung, schaffen also neue Nischen. Es gilt auch der Umkehrschluss: je mehr ökologische Nischen, umso mehr Artenvielfalt.

Aber nicht nur die große Artenzahl überraschte Forscher wie Verantwortliche des Nationalparks: Knapp die Hälfte der durch die Genetik bestimmten Arten in der langen Liste aus dem Bayerischen Wald ist nur jeweils durch ein einziges Exemplar vertreten – sogenannte Singletons. Es gibt also weit mehr wirklich seltene Arten als bisher angenommen. Noch läuft die Auswertung und die Forscher der ZSM sind sich sicher, dass der Nationalpark auch noch völlig unentdeckten Kleintierarten ein Zuhause gibt.

Das Projekt »Malaisefalle Bayerischer Wald« zeigt auch mit aller Eindringlichkeit, dass das professionelle und wissenschaftlich begründete Sammeln selbst von sehr vielen Insekten keineswegs die Artenvielfalt bedroht. Gerade Insekten haben ganz



generell ein sehr hohes Vermehrungspotenzial, Artengefährdung in dieser Tiergruppe, zu der über 90% der einheimischen Fauna zählen, ist daher nahezu ausnahmslos durch die Beeinträchtigung, Störung oder gar Zerstörung ihrer Lebensräume bedingt. Mehr noch: Gerade Studien auf Sammelbasis, durch welche die entsprechenden Resultate wie bei der hier vorgestellten Untersuchung überprüfbar gehalten werden, sind unabdingbare Voraussetzungen für dauerhaftes Monitoring zur Dynamik der Artenvielfalt. Benötigt wird eine beleg- und überprüfbare Feststellung, welche Arten hinzugekommen oder verloren gegangen sind, bzw. wie sich die Häufigkeit von Arten bei unterschiedlichen Rahmenbedingungen (etwa das Sommerwetter oder die Schneelage) geändert hat.

Die neuen Methoden der Artenbestimmung ersetzen nun aber nicht die funktionelle »Nische« der taxonomischen Experten, ganz im Gegenteil: Gerade die nun vorzunehmende Erforschung der genauen Rolle der einzelnen Tierarten im Ökosystem Bayerischer Wald bedarf dieser Experten mehr als je zuvor. Hier sind die Ausbildungsinstitutionen wie Fachhochschulen und Universitäten, nicht minder aber die öffentliche Hand aller Ebenen durch die Bereitstellung entsprechender Stellen auch in Zukunft gefordert.

Professor Dr. Gerhard Haszprunar ist Lehrstuhlinhaber für Systematische Zoologie der Ludwig-Maximilians-Universität München, Generaldirektor der Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns (SNSB) und Direktor der Zoologischen Staatssammlung München.



oben *Trachodes hispidus* (Schuppiger Totholzrüssler, 3-3,5 mm) gehört zur artenreichen Familie der Rüsselkäfer. Wie seine Larven lebt er an und in modrigen Stämmen und Totholz. Der flugunfähige Käfer ist häufig, wird aber aufgrund der geringen Größe oft übersehen.

darunter *Mymar pulchellum* (Zwergwespe): die Tiere sind so klein (Körperlänge 0,8 mm), dass sich für sie die Luft physikalisch verändert und sehr viel dichter wird. In diesem Fall wirken auch die feinen Haare wie echte, breite Flügel. Die Larven parasitieren in Eiern anderer Insekten.

daneben *Gaurotes virginea* (Blaubock, 10-12 mm) ist ebenfalls ein durch seine blauen Flügeldecken unverwechselbarer Bockkäfer. Die Larven leben in Fichten oder Kiefern.

darunter Arten aus dem Bayerischen Wald, die nicht jeder kennt: *Clytus arientis* (Widderbock, Wespenbock, 10-12 mm) ist ein auffälliger Bockkäfer, der die wehrhaften Wespen nachahmt (Mimikry). Wie alle Bockkäfer ist er in Deutschland geschützt. Seine Larven leben in trockenen Ästen von Laubhölzern.

linke Seite links Nicht alle sind »schwarz und hässlich«: Eine Erzwespe aus der Familie Pteromalidae, deren Larve in holzbewohnenden Käferlarven parasitiert.

daneben *Aberus atomon* (Erzwespe, 1 mm): Die Larven parasitieren in Deckelschildläusen (Diaspididae). Schlupf- und Erzwespen übernehmen eine wichtige Funktion bei der Regulierung von Schädlingspopulationen.

