

**Zeitschrift:** Cratschla : Informationen aus dem Schweizerischen Nationalpark

**Herausgeber:** Eidgenössische Nationalparkkommission

**Band:** - (2023)

**Heft:** 2

**Artikel:** Spuren lesen im Wasser : Umwelt-DNA revolutioniert den Naturschutz

**Autor:** Leugger, Flurin

**DOI:** <https://doi.org/10.5169/seals-1084061>

#### Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. [Mehr erfahren](#)

#### Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. [En savoir plus](#)

#### Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. [Find out more](#)

**Download PDF:** 01.01.2026

**ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>**

# SPUREN LESEN IM WASSER: UMWELT-DNA REVOLUTIONIERT DEN NATURSCHUTZ

**Auf DNA-Suche im Wasser: Was klingt wie in einem Krimi, hat sich in den letzten Jahren zu einer wichtigen Methode für das Biodiversitätsmonitoring entwickelt. Fast alle Lebewesen hinterlassen in der Umwelt DNA-Spuren, die Forschende auch im Schweizerischen Nationalpark einsammeln und untersuchen. So können sie auch seltene Arten auf schonende Weise ohne Sichtung nachweisen.**

Flurin Leugger

Steinböcke und andere Tierarten im Bachwasser nachweisen, ohne sie je gesehen oder gehört zu haben? Was für viele von uns unvorstellbar scheint, ist dank neuen Molekular-Methoden seit gut einem Jahrzehnt möglich. So können wir heute auf Spurensuche gehen und DNA analysieren, die sich im Wasser, im Boden oder in der Luft befindet.

Das Konzept hinter der Umwelt-DNA (oder eDNA = environmental DNA) beruht darauf, dass jedes Lebewesen DNA in seiner Umgebung absondert, zum Beispiel durch abgestorbene Hautzellen, Kot oder Urin. Diese DNA-Spuren können aus der Umwelt isoliert und extrahiert werden. Mittels Analyse der DNA-Sequenz kann die Anwesenheit von verschiedenen Arten in der Umgebung geprüft werden. eDNA wird im Naturschutz für verschiedene Bereiche verwendet: zum Beispiel für die Untersuchung der Artenvielfalt in einem bestimmten Gebiet, die Überwachung von seltenen oder gefährdeten Arten oder die Identifizierung von invasiven Arten, die potenziell Schäden an der Umwelt anrichten können.

## VON DER UMWELTPROBE ZUR DNA-ANALYSE

Der Prozess des Monitorings mittels eDNA umfasst mehrere Stufen und läuft in der Regel in folgenden Schritten ab: Probenahme, Extraktion und Amplifikation der DNA sowie anschliessende Analyse der DNA. Das Prinzip ist für alle Arten von Umweltproben (Wasser, Boden oder Luft) und Analyse-Methoden ähnlich und unterscheidet sich nur in den Details.

Nachfolgend werden die Schritte für Wasserproben erläutert, wie wir sie beispielsweise für die Pilotstudie im Schweizerischen Nationalpark (SNP) angewandt haben. Dazu haben wir in verschiedenen Fliessgewässern Wasser durch einen speziellen Filter gepumpt, um organisches Material zu sammeln (Abb. 1).

Aufgrund der starken Verdünnung von organischem Material im Einzugsgebiet eines Fliessgewässers sind die Spuren dementsprechend schwierig zu finden. Daher filtern wir grosse Wassermengen und nutzen mehrere Filter gleichzeitig, um die Wahrscheinlichkeit für das Finden von Spuren zu erhöhen (Abb. 2). Dabei muss vorsichtig vorgegangen werden, um Verschmutzungen zwischen den Probestandorten und damit Fehlentdeckungen zu verhindern.

Nach der Probenahme wird der Filter in einer Pufferlösung gelagert, welche die Zellen aufzulösen beginnt und die DNA konserviert. Dann wird die DNA extrahiert. Wir führen die DNA-Extraktion in einem speziell dafür ausgestatteten Labor aus, dem sogenannten Clean lab, damit die Proben nicht kontaminiert werden (Abb. 3). Wie in den meisten aktuellen eDNA-Studien führen wir die Amplifikation mit der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) durch. Aufgrund der oftmals degradierten DNA, welche aus den Umweltproben extrahiert wird, wird nicht die gesamte DNA amplifiziert, sondern ein kurzes, für die Zielorganismen informatives Segment. Anhand dieses Segments ist es möglich, die in der Umweltprobe vorkommenden Arten zu identifizieren.



Abb. 1 Spurensuche in der Umwelt: Umwelt-DNA (eDNA) bezieht sich auf DNA-Proben, welche in der Umwelt (zum Beispiel im Wasser, im Boden oder in der Luft) gesammelt werden. Das Wasser beispielsweise wird durch einen Filter gepumpt, in dem organische Materialien wie Haare oder einzelne Zellen hängen bleiben. Daraus wird anschließend – meist im Labor – die DNA extrahiert.



Abb. 2 In Fliessgewässern werden die Zellen über mehrere Kilometer transportiert. Deshalb eignet sich eDNA als Methode für Biodiversitätsmonitoring, um die Landschaft grossflächig zu untersuchen. Zudem ist die Probenahme störungsarm (nichtinvasiv), was in Naturschutzgebieten von grosser Bedeutung ist.



Abb. 3 Aufgrund der geringen DNA-Konzentrationen in der Umwelt gilt es jegliche Kontamination zu vermeiden. Deshalb werden die Proben in speziellen Labors (UV-Licht, Luftfilter) und mit strengen Vorschriften (zum Beispiel Ganzkörperanzug) extrahiert.

## ARTEN IDENTIFIZIEREN MITTELS «DNA-FINGERABDRUCK»

Je nach Fragestellung eignen sich unterschiedliche Methoden für die Analyse der eDNA-Proben. Etabliert sind zurzeit deren 2: Die qPCR (quantitative Polymerase-Kettenreaktion) und das Metabarcoding. Beim Metabarcoding wird die DNA-Sequenzierung genutzt, um die Gesamtheit der Zielorganismen in der Probe zu identifizieren, also beispielsweise alle Säugetiere. Hierbei werden die DNA-Sequenzen von mehreren Taxa gleichzeitig amplifiziert, sequenziert und anschliessend mit einer Referenzdatenbank zur Identifizierung der Arten verglichen. Diese Methode ist relativ zeit- und kostenintensiv, liefert dafür aber ein Bild der Diversität der Zielorganismen in der Probe ab und kann viele Arten gleichzeitig bestimmen.

Bei der qPCR hingegen wird die Menge an DNA eines bestimmten Zielorganismus in der Probe quantifiziert, indem spezifische DNA-Sonden und Enzyme verwendet werden. Dies ermöglicht eine hochsensitive und spezifische Identifikation des Zielorganismus in der Probe, bedingt jedoch für jeden Zielorganismus eine andere DNA-Sonde.

## AUF DNA-SPURENSUCHE IM NATIONALPARK

Beide Methoden haben Vor- und Nachteile, abhängig von der Forschungsfrage und den Zielen der Studie. Das Metabarcoding ermöglicht eine umfassendere Analyse der Biodiversität in der Probe, was besonders in Ökosystemen mit einer hohen Artenvielfalt von Vorteil ist. Die qPCR hingegen ist ideal für die Identifizierung spezifischer Arten in der Probe und eignet sich somit sehr gut für die Erkennung von invasiven oder gefährdeten Arten sowie anderen Arten von besonderem Interesse. Während beim Metabarcoding vor allem die Analyse zeit- und kostspielig ist, ist es bei der qPCR die Entwicklung der DNA-Sonden. Deshalb gibt es erst für wenige Arten qPCR DNA-Sonden. Die Kosten verhindern aktuell noch, dass eDNA flächendeckend für Biodiversitätsmonitoring eingesetzt wird. Aus diesen Gründen entwickeln wir CRISPR-Tests (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats), die wir ähnlich wie qPCR für artspezifische Tests verwenden können. Dafür sind die CRISPR-Proben einfacher zu erstellen und könnten dazu beitragen, eDNA grossflächig für das Biodiversitätsmonitoring zu etablieren.

Bis heute gibt es allerdings erst wenige Studien, welche CRISPR-Tests mit eDNA kombinieren. Wie bei der Mehrheit der bis anhin publizierten eDNA-Studien, untersuchten die Autoren (semi-)aquatische Organismen. In den letzten Jahren konnten jedoch mehrere Studien mittels Metabarcoding auch terrestrische Säugetiere nachweisen, weshalb wir für die Entwicklung unseres CRISPR-Tests ausgewählte Säugetierarten suchen. Der SNP eignet sich aufgrund des intensiven traditionellen Monitorings ideal, um die CRISPR-Tests mit einem herkömmlichen Monitoring zu vergleichen. Wahrscheinlich gibt es kein Gebiet in der Schweiz, dessen Biodiversität besser überwacht wird. Wir beprobten im September 2022 6 verschiedene Fliessgewässer im Nationalpark. An jedem Fliessgewässer wurden pro Probestandort jeweils 80 l durch 2 Filter gepumpt. Die DNA-Extrakte untersuchten wir mittels neuer CRISPR-Tests auf DNA-Spuren des Steinbocks.

## STEINBOCK-SPUREN IN DEN BÄCHEN

In 4 von den beprobten 6 Bächen konnten wir Steinbock-DNA nachweisen (Abb. 4). In jedem Einzugsgebiet wurde Steinbock-DNA festgestellt, wo sie aufgrund des traditionellen Monitorings erwartet worden wäre. Ausser beim Abfluss der Seenplatte Macun detektierten die CRISPR-Tests die Art in allen Einzugsgebieten mit Steinbockvorkommen. Und dies mit nur 2 Proben (Filtern) pro Bach, welche zeitgleich entnommen wurden! Gesehen haben wir während der Probenahme in keinem der Täler Steinböcke. Dass wir beim Abfluss der Seenplatte Macun wider erwarten keine Steinbock-DNA gefunden haben, dürfte vermutlich daran liegen, dass das organische Material bzw. die DNA im See abgesetzt wird und der Abfluss dementsprechend wenig bis nichts davon enthält.

Interessant ist jedoch, dass wir auch beim grössten untersuchten Fluss, der Mündung der Ova da Cluozza in den Spöl, Steinbock-DNA nachweisen konnten. Die bekannten Steinbockgebiete sind 2 km und mehr vom Probestandort entfernt, was das Potenzial der eDNA für grossflächiges Biodiversitätsmonitoring andeutet. So kann mit wenig Aufwand eine ganze Landschaftskammer untersucht werden, was für umfassendes Biodiversitätsmonitoring erforderlich ist. Die Analyse zeigte aber auch, dass die Variabilität zwischen den Filtern relativ gross ist: An 2 Standorten haben nicht beide Filter DNA-Spuren des Steinbocks enthalten. Wiederholte Probenahmen sind daher auch mit eDNA

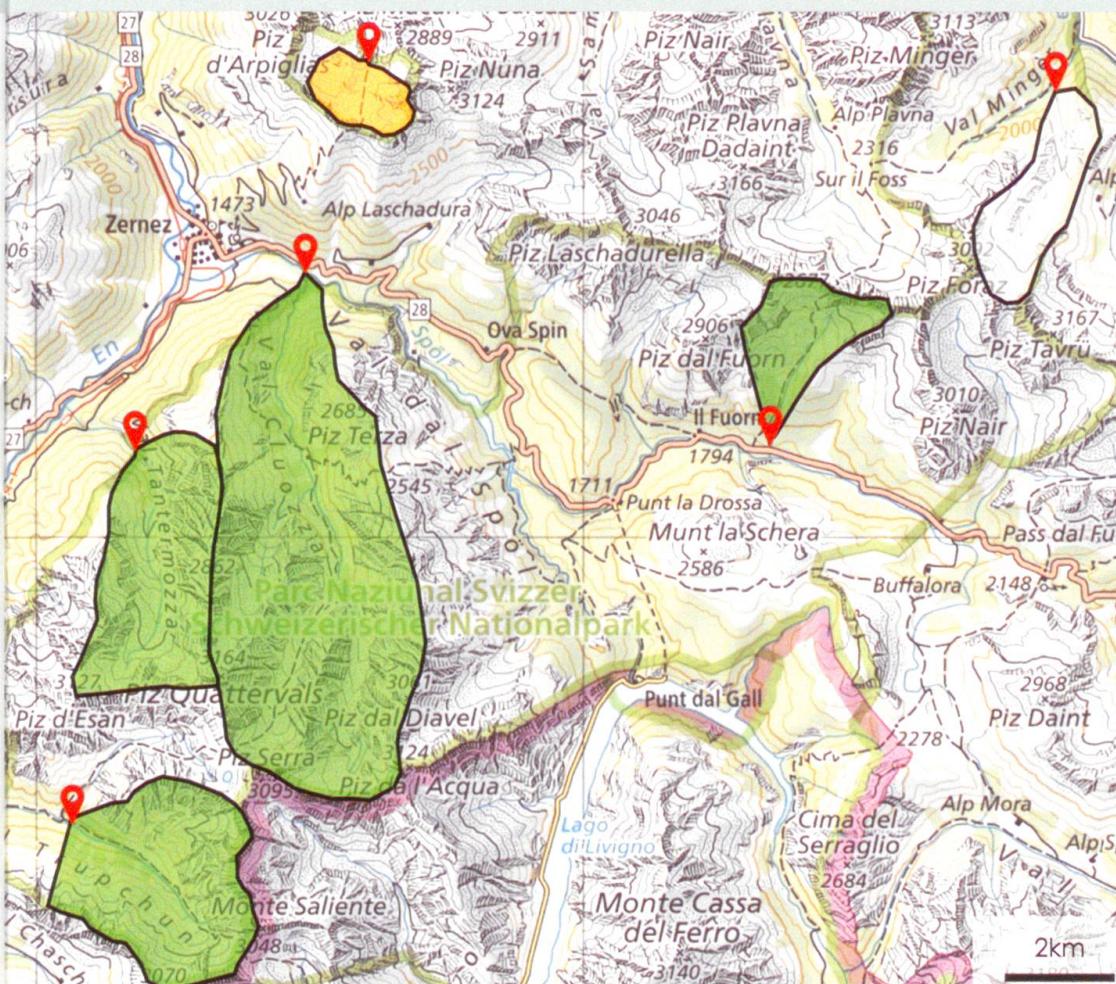


Abb. 4 Karte mit den Probestandorten und den Einzugsgebieten eingefärbt nach Nachweisen von Steinböcken (grün: eDNA und traditionelles Monitoring, gelb: nur mit traditionellem Monitoring). Kartengrundlage SWISSTOPO

notwendig, um möglichst alle Vorkommen einer Art zu entdecken. Allerdings zeigen unsere Ergebnisse auch, dass bereits eine einmalige Beprobung die Mehrheit der bekannten Vorkommen entdecken kann.

#### DIE ZUKUNFT DES BIODIVERSITÄTSMONITORINGS?

eDNA und CRISPR-Tests sind eine vielversprechende Methode für ein grossflächiges Biodiversitätsmonitoring. Die neue Methode muss jedoch noch weiter ausgebaut und mit weiteren Arten verifiziert werden, um sowohl das volle Potenzial auszunützen als auch die Schwächen und Stärken der Methodik besser zu kennen. Sie bietet gegenüber herkömmlichen Methoden wie etwa der direkten Beobachtung von Organismen und den bereits etablierten eDNA-Analysemethoden zahlreiche Vorteile: CRISPR-Tests verlangen weniger Aufwand und sind dennoch sehr sensitiv. Insbesondere in Schutzgebieten wie dem SNP ist die minimale Störung, die mit einer eDNA-Probenahme verbunden ist, von zentraler Bedeutung. Zudem könnten sich eDNA und CRISPR-Tests auch eignen, um seltene und versteckt lebende Arten nachzuweisen.

Flurin Leugger, Ökosysteme und Landschaftsevolution,  
ETH Zürich und WSL

#### Literatur

- BAERWALD, M. R. et al. (2023): Rapid CRISPR-Cas13a genetic identification enables new opportunities for listed Chinook salmon management. *Molecular Ecology Resources*. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13777>
- LYET, A. et al. (2021): eDNA sampled from stream networks correlates with camera trap detection rates of terrestrial mammals. *Scientific Reports* 11, 1–14.
- WILLIAMS, M. et al. (2023): Development and field validation of RPA-CRISPR-Cas environmental DNA assays for the detection of brown trout (*Salmo trutta*) and Arctic char (*Salvelinus alpinus*). *Environmental DNA* 5, 240–250.
- WILLIAMS, M. et al. (2019): The application of CRISPR-Cas for single species identification from environmental DNA. *Molecular Ecology Resources* 19, 1106–1114.