

Wien, am 13. November 2014

presse.info

## **ABOL (AUSTRIAN BARCODE OF LIFE) – START DER INITIATIVE ZUR GENETISCHEN ERFASSUNG DER ÖSTERREICHISCHEN BIODIVERSITÄT**

Sämtliche Tier-, Pflanzen- und Pilzarten Österreichs sollen via DNA-Barcode-Sequenz erfasst und frei verfügbar in einer Online-Datenbank zur Verfügung gestellt werden. Das ist das Ziel der „Austrian Barcode of Life“- Initiative, kurz ABOL genannt. Wir laden zum Pressegespräch anlässlich des Projekt-Kick-Offs ein:

**Pressegespräch am Donnerstag, den 13.11.2014, um 10.30 Uhr im Vortragssaal des Naturhistorischen Museums Wien**

mit

**Priv. Doz. Dr. Elisabeth Haring** (Naturhistorisches Museum Wien)

**Univ. Prof. Dr. Anja Joachim** (Veterinärmedizinische Universität Wien)

**Dr. Peter Huemer** (Tiroler Landesmuseen)

**Univ. Prof. Dr. Christian Sturmbauer** (Universität Graz)

**Dr. Nikolaus Szucsich**, (ABOL Manager, Naturhistorisches Museum Wien)

**Moderation: Dr. Helmut Sattmann**, (Naturhistorisches Museum Wien)

Das neu gestartete Wissenschafts-Projekt ABOL hat zum Ziel, die biologische Vielfalt der Flora und Fauna des Landes in ihrer gesamten Bandbreite zu digitalisieren. „ABOL wird weitreichende positive Auswirkungen haben und neben einem beträchtlichen Informationsgewinn auch einen enormen Innovationsschub bringen, sowohl was Forschung als auch was Anwendungen betrifft!“, so Elisabeth Haring, Leiterin der Zentralen Forschungslaboratorien am Naturhistorischen Museum Wien.

Die Erhebung und Erforschung genetischer Vielfalt verknüpft mit anderen Forschungsfeldern (z.B. Ökologie, Systematik, Evolutionsforschung), eröffnet die volle Bandbreite der Biodiversitätsforschung. Die Fülle an erhobenen Daten zur biologischen Vielfalt kann zukünftig für vielfältige Zwecke genutzt werden, z.B. in Naturschutz, Forensik, Schädlingsbekämpfung oder Lebensmittelkontrolle. Wo die Methode an ihre Grenzen stößt, ist sie Funke und Zündstoff für spannende Forschungsfragen, die jede Menge neuer Erkenntnisse erwarten lassen.

Weltweit laufen zahlreiche Initiativen, die sich zum Ziel gesetzt haben, eine frei zugängliche Referenz-Datenbank von DNA-Barcodes zu erstellen. Deren Vernetzung wird die Biodiversitätsforschung und ihre Anwendungen revolutionieren. Die derzeit laufende Anstoßphase (2014-2017) wird durch das Bundesministerium für Wissenschaft, Forschung und Wirtschaft gefördert.

**Pressematerial zum Download finden Sie unter folgendem Link:**

<http://www.nhm-wien.ac.at/presse>

**Rückfragehinweis:**

**Mag. Irina Kubadinow**

Leitung Kommunikation & Medien,  
Pressesprecherin

Tel.: ++ 43 (1) 521 77 DW 410

[irina.kubadinow@nhm-wien.ac.at](mailto:irina.kubadinow@nhm-wien.ac.at)

**Mag. Verena Randolf**

Kommunikation & Medien  
Pressereferentin

Tel.: ++ 43 (1) 521 77 DW 411

[verena.randolf@nhm-wien.ac.at](mailto:verena.randolf@nhm-wien.ac.at)

## **Land der Vielfalt: ABOL – Austrian Barcode of Life** (aus: “Das Naturhistorische”)

*Die Vereinten Nationen haben das gegenwärtige Jahrzehnt zur Dekade der Biodiversität ausgerufen. Österreich ist aufgrund seiner besonderen geografischen Lage und Landschaftsstruktur ein Hotspot der biologischen Vielfalt. Doch nur, wenn wir die Vielfalt der Arten kennen, können wir sie wertschätzen und schützen. Diese in ihrer Gesamtheit zu erfassen, ist mehr denn je ein Gebot der Zeit. Die Verbindung von modernen genetischen Methoden mit dem Fachwissen von Experten könnte diesen Kraftakt nun möglich machen.*

Biodiversität definiert sich durch die Vielfalt der Arten, aber auch durch die innerartliche genetische und morphologische Variation. Biodiversität bedeutet auch Reichtum an biologischen Ressourcen. Ihre Erhaltung hat neben ideellen also auch gewichtige materielle Momente. Denn jeder Organismus interagiert in vielfältiger Weise im Ökosystem, produziert, konsumiert, konkurriert, wirkt regulierend, stabilisierend, manipulierend und birgt auch potenziellen Nutzen für uns Menschen. Dieses Potenzial ist nicht erst mit dem Aussterben einer Art verspielt, oft beginnt der Verlust bereits mit der genetischen Verarmung. Daher ist Biodiversität zum Schlagwort und zu einem prominenten politischen Thema geworden.

Aber wie erkennen wir sie, wie messen wir sie, wenn es zu wenig Mittel und zu wenig Experten gibt? DNA-Barcoding ist eine Technik zur Artbestimmung mittels kurzer, variabler Abschnitte der DNA. Durch diese spezifische DNA-Sequenz können die meisten Arten charakterisiert und einfach bestimmt werden. Ziel aller DNA-Barcoding-Projekte ist eine öffentliche Datenbank mit den DNA-Barcodes aller Organismen. Schwer identifizierbare Individuen oder Gewebe können dann mithilfe ihrer DNA-Sequenz einer Art zugeordnet werden. Auch die geografische Variation einer Art soll erfasst werden. Wären z. B. die DNA-Barcodes der Weinbergschnecke im gesamten Verbreitungsgebiet bekannt, könnte die DNA der Schleimspur Auskunft über Art und Herkunft des Tieres geben.

DNA-Barcoding eröffnet ein weites Spektrum an Möglichkeiten, von der Entdeckung neuer Arten bis zur Identifizierung von Eiern, Larven und Teilen von Organismen. Die Anwendungen sind vielfältig, ob in Naturschutz, Kriminalistik, Schädlingsbekämpfung oder Lebensmittelkontrolle. Bei evolutionsbiologisch sehr jungen Arten oder solchen mit großer Variabilität stößt die Methode allerdings an Grenzen. Doch hier ist sie Funke und Zündstoff für evolutionsbiologisch spannende Forschungsfragen, die jede Menge neuer Erkenntnisse erwarten lassen. Doch auf Fachleute mit klassischer morphologischer Expertise kann nicht verzichtet werden. Vor allem in Naturkundemuseen findet man sie noch, die Artenkenner. In den Sammlungen liegt ein Schatz spezifischen Wissens, der für die Qualität des DNA-Barcodings essenziell ist. Folgerichtig startete am NHM die österreichische DNA-Barcoding-Initiative ABOL (Austrian Barcode of Life), die von den Landesmuseen, Universitäten, Forschungsinstituten und wissenschaftlichen Gesellschaften unterstützt wurde.

Als Vertreter des ABOL-Proponentenkomitees erreichten NHM-Generaldirektor Christan Köberl und VetMed-Uni-Rektorin Sonja Hammerschmid im Februar 2014 eine Zusage des Wissenschaftsministers zur Finanzierung eines für drei Jahre anberaumten ABOL-Anstoßprojektes. Die Veterinärmedizinische Universität, das Naturhistorische Museum Wien, das Tiroler Landesmuseum und die Universität Graz sind Hauptakteure in dieser Initialphase und werden in vier Pilotprojekten die DNA-Barcodes von Wirbeltieren, Mollusken, Schmetterlingen und parasitischen Würmern erfassen. Diese Auswahl wird Aspekten von Medizin bis Naturschutz, von Forschung bis Lebensmittelsicherheit gerecht. Für all diese Vorhaben sind die riesigen Sammlungen der beteiligten Naturkundemuseen eine beruhigende Basis.

Vorrangiges Ziel des Anstoßprojektes aber ist, das Gesamtprojekt auf Schiene zu bringen, das im Anschluss an die dreijährige Initial phase starten soll. Es sollen möglichst viele Institutionen und Fachleute für alle Organismengruppen ins Boot geholt und die vorhandene taxonomische Expertise in Österreich vernetzt und gebündelt werden. Da derartige Initiativen in vielen Ländern durchgeführt werden und letztendlich allgemein verfügbare Daten in eine internationalen Datenbank liefern, ist der Informationsgewinn für Wissenschaft, Wirtschaft und Gesellschaft unterm Strich enorm. Und Österreich kann sich nicht nur als artenreiches und verantwortungsbewusstes, sondern auch als wissenschaftlich ideenreiches Land präsentieren.

## Hintergrundinformation

### Österreich – Land der Vielfalt

Österreich ist aufgrund seiner besonderen geographischen Lage und Landschaftsstruktur ein Hotspot der biologischen Vielfalt. Viele Faktoren sind dafür verantwortlich:

1. Österreich besitzt eine vielfältige Struktur, alpinen Hochgebirge kontrastieren mit entlegenen Alpentälern, Hügelländer gehen über ins pannonische Tiefland.
2. Unser Land liegt im Übergangsbereich vom atlantischen zum kontinentalen Klima, mit punktuellen submediterranen Einflüssen in den Südalpen.
3. Österreich hat nicht nur zeitgeschichtlich vieles zu bieten, auch erdgeschichtlich ist unser Land durch seine geographische Lage besonders interessant. Die alpine Vergletscherung während der letzten Eiszeiten, und die eisfreien Gebiete am Ostrand haben zu ganz spezielle Verbreitungsgeschichte vieler heimischer Organismen geführt. Rückzug und Wiederbesiedelungen, aber auch Reliktareale sind Zeugen dieser erdgeschichtlichen Perioden.

All diese Faktoren führten zu einer Biodiversität, für deren Verständnis unser Wissen noch viel zu lückenhaft ist. Diese Vielfalt in ihrer Gesamtheit zu erfassen, ist mehr denn je ein Gebot der Zeit.

### Biodiversität und DNA-Barcoding

Die besondere Faszination, die von Biodiversität ausgeht, liegt im Facettenreichtum der beobachtbaren Vielfalt begründet. Eine Vielzahl von Lebensräumen bietet die Grundlage von Artenvielfalt, und auch innerhalb von Arten gibt es oft eine erstaunliche genetische und morphologische Variation. Die Erhaltung der Biodiversität hat neben ideellen auch gewichtige materielle Momente. Die spannende Herausforderung Vielfalt in ihrer Gesamtheit zu verstehen, zu nutzen und zu schützen, bedarf vielfältiger Herangehensweisen. Die Erhebung und Erforschung genetischer Vielfalt, als einer der vielen, miteinander verwobenen Aspekte, eignet sich insbesondere dafür, Diversität von Arten und innerartliche Vielfalt anzusprechen. Erst durch die Verknüpfung mit anderen Aspekten eröffnet sich ihr die volle Bandbreite der Möglichkeiten. DNA-Barcoding ist ein modernes Instrument, um diesem Ziel näher zu kommen.

### Was ist DNA-Barcoding?

DNA-Barcoding ist die standardisierte genetische Analyse eines bestimmten Abschnittes aus dem Erbgut (DNA), der für jede Art spezifisch ist. Die ermittelte DNA-Sequenz (der „Barcode“) fungiert somit als Signatur für die untersuchte Art. Die Barcodes von zuverlässig bestimmten Referenzorganismen werden in einer DNA-Datenbank gespeichert und stehen dann für Vergleiche zur Verfügung. Auf diese Weise wird mittels DNA-Barcodings die Artbestimmung verschiedenster Proben schnell und sicher möglich sein.

Gleichzeitig ermöglichen landesweite DNA-Barcoding-Projekte wie ABOL die aktuelle Dokumentation der gesamten Fauna und Flora einzelner Länder, die Erfassung der Biodiversität und die Identifizierung bisher unentdeckter Arten. Diese Fülle an Informationen zur biologischen Vielfalt kann zukünftig für weitere Zwecke genutzt werden. Die Technik wird derzeit in nationalem (z.B. GBOL-German Barcode of Life) und internationalem Rahmen (s. iBOL-International Barcode of Life) für unterschiedlichste Organismengruppen angewandt.

Weltweit laufen zahlreiche Initiativen die sich zum Ziel gesetzt haben eine frei zugängliche Referenz-Datenbank von DNA-Barcodes zu erstellen, die unsere Möglichkeiten von Biodiversitätsforschung revolutionieren wird.

### ABOL

ABOL (die Austrian Barcode of Life Initiative) ist ein nationales Netzwerk von Institutionen und ExpertInnen, die sich mit Biodiversitätsforschung in Österreich befassen. Langfristiges Ziel von ABOL ist die Erstellung von DNA-Barcode-Sequenzen aller Tier-, Pflanzen- und Pilzarten Österreichs, unter

Berücksichtigung der geografischen Variation. Darüber hinaus sieht sich ABOL auch als Plattform die dazu dient die österreichische Biodiversitätsforschung zu vernetzen und voranzutreiben. Die derzeit laufende Anstoßphase (2014-2017) wird durch das Bundesministerium für Wissenschaft, Forschung und Wirtschaft gefördert. Sie dient einerseits der Planung und Vorbereitung des darauffolgenden Gesamtprojekts und der dafür notwendigen Strukturen, andererseits der Durchführung von vier Pilotprojekten.

An den vier Pilotprojekten der Anstoßphase sind folgende Institutionen maßgeblich beteiligt:

- Veterinärmedizinische Universität Wien
- Naturhistorisches Museum Wien
- Karl-Franzens-Universität Graz
- Tiroler Landesmuseen

Die Veterinärmedizinische Universität Wien ist die Schnittstelle zum Bundesministerium für Wissenschaft, Forschung und Wirtschaft, die Gesamtprojektleitung ist am Naturhistorisches Museum Wien angesiedelt. Der Lenkungsausschuss begleitet und überprüft den Projektfortschritt.

Von den geschätzten 68.000 Arten (Tiere, Pflanzen, Pilze) in Österreich sollen in den ersten drei Jahren 15.000 mittels DNA-Barcoding erfasst werden. In der Folge werden etablierte Routinen zu einer Beschleunigung des Durchsatzes führen. Für die Gesamtdauer des Projekts werden 10 Jahre veranschlagt.

## **Pilotprojekte**

### **Pilotprojekt Parasitische Würmer**

Parasitische Würmer gehören zu den wirbellosen Tieren und bestehen aus einer Vielzahl diverser Gruppen wie z.B. Fadenwürmern (Nematoden), Kratzern (Acanthocephalen), Bandwürmern (Zestoden), Hakensaugwürmern (Monogeneen) und parasitischen Saugwürmern (Digeneen). Sie gehören zu den Endoparasiten und leben in verschiedenen Organen in ihrem Wirt. Die meisten Arten leben im Verdauungstrakt ihres Wirtes; jedoch kann, je nach Anpassung, praktisch jedes Organ parasitiert werden (Leber: Leberegel; Lunge: Lungenwürmer; Lymphorgane, Blut, Haut: Nematoden aus der Gruppe der Filarien). Neben Spezialisierungen auf bestimmte Organe zeigen unterschiedliche Wurmart auch unterschiedliche Vorlieben bei der Wirtswahl. Manche Helminthen weisen ein breites Wirtsspektrum auf, wohingegen andere nur eine bestimmte Wirtsart parasitieren können. Daher muss davon ausgegangen werden, dass beim Aussterben einer Wirbeltierart auch eine Vielzahl spezialisierter Parasiten ebenfalls mit aussterben.

Die meisten parasitischen Würmer zeichnen sich durch eine hohe Anpassung und eine lange Lebensdauer im Wirt aus. Ihre Bedeutung als Krankheitserreger ist aufgrund ihrer weiten Verbreitung und ihrer großen Artzahl nicht zu unterschätzen.

Obwohl das Arteninventar von parasitischen Würmern beim Menschen und bei einigen Haustieren sehr gut bekannt ist, weiß man auch in Österreich recht wenig über parasitische Würmer von Wildtieren. Weiters sind viele Helminthenarten sehr merkmalsarm und daher nur sehr schwer oder in gewissen Entwicklungsstadien bestimmbar. Hierfür ist molekulare Artbestimmung mit Barcode-Techniken von unmittelbarem praktischem Nutzen.

Im Rahmen des Pilot-Projekts ABOL wird an der Vetmeduni Wien in Zusammenarbeit mit Kooperationspartnern des Naturhistorischen Museums und anderen Universitäten Österreichs versucht, einen ersten Überblick des Artspektrums der parasitischen Helminthen Österreichs zu erhalten. Aufgrund der enormen Artfülle liegt der Schwerpunkt bei parasitischen Würmern von Fischen, sowie von Haustieren und deren nächsten Verwandten unter den heimischen Wildtieren.

### **Projektleitung**

Univ.Prof. Dr. Anja Joachim (Veterinärmedizinische Universität Wien)

## **Pilotprojekt Schmetterlinge**

Schmetterlinge zählen mit mehr als 4000 Arten zu den megadiversen Tiergruppen Österreichs. Lediglich 209 Arten gehören zu den Tagfaltern und nur etwa 15% des Artenbestandes sind tagaktiv, die große Mehrzahl somit Nachtfalter. Die Gruppe findet sich in fast allen Lebensraumtypen, und besiedelt unterschiedlichste Waldtypen ebenso wie Grünland. Selbst in der Felsregion des Hochgebirges bis auf maximal 3500 Meter Seehöhe leben noch angepasste Schmetterlinge und wenige finden sich sogar in aquatischen Lebensräumen. Alle Arten zeichnen sich durch einen komplexen Entwicklungszyklus mit 4 unterschiedlichen Stadien, Ei, Raupe, Puppe und Falter, aus. Die meisten leben im Larvenstadium mehr oder weniger stark spezialisiert von wenigen oder gar nur von einer einzigen Pflanzenart. Aber auch modernde Stoffe oder Hornsubstanz sind für einige Arten Nahrungsgrundlage und für einzelne Arten ist sogar räuberisches Verhalten in Ameisennestern die Regel. Das Falterstadium nimmt entweder gar keine Nahrung zu sich oder ist auf Nektar verschiedenster Blütenpflanzen, Mineralstoffe im Boden, oder ganz vereinzelt werden auch auf Pollen angewiesen. Es zählt daher zu den wichtigsten Blütenbestäubern während das Raupenstadium als Zersetzer von Bedeutung ist. Alle Stadien sind aber auch eine wichtige Nahrungsquelle für zahllose andere Tiere wie, insektenfressende Vögel, Amphibien und Reptilien sowie Fledermäuse.

Die Abhängigkeit von speziellen Futterpflanzen und Lebensraumtypen trägt wesentlich zur Gefährdung vieler Schmetterlinge bei, macht sie aber auch gleichzeitig zu hervorragenden Zeigerarten (Bioindikatoren). Vor allem Tagfalter werden daher oft in Naturschutzverfahren herangezogen. Trotz dieser Bedeutung und einer langen Forschungstradition ist der faunistische und taxonomische Bearbeitungsstand der Schmetterlinge schon auf Grund der enormen Artenfülle lückenhaft. Jedes Jahr werden neue Arten beschrieben und die Entwicklungsstadien zahlreicher Arten sind selbst Experten unbekannt. Durch DNA-Barcodes aus verschiedenen Regionen der Welt wird erstmals eine rasche Abgrenzung von neuen Arten möglich. Besonders spannend ist die geplante Analyse von Proben ausgewählter Artengruppen aus unterschiedlichen Regionen Österreichs. Durch die komplexe eiszeitliche Geschichte ist dank DNA-Barcoding mit der Entdeckung bisher übersehener Arten zu rechnen. Die globalen Datenbanken ermöglichen aber auch die Erkennung von bisher unerkannten Doppelbeschreibungen. Schließlich können zukünftig auch eingeschleppte und teils problematische Arten leicht zugeordnet werden.

### **Projektleitung**

Dr. Peter Huemer (Landesmuseen Tirol)

## **Pilotprojekt Wirbeltiere**

Fische, Amphibien, Reptilien, Vögel und Säugetiere bilden das Taxon der Wirbeltiere. Unterschiedlichste klimatische und hydrologische Gegebenheiten bedingen eine hohe Vielfalt an Lebensräumen und dadurch auch eine vergleichsweise hohe Diversität an Wirbeltieren in Österreich. Laut der aktuellen Roten Liste kommen hierzulande 460 Wirbeltierarten vor (84 Fische, 20 Amphibien, 14 Reptilien, 241 (Brut-)Vögel, 101 Säugetiere), von denen leider ca. 10% vom Aussterben bedroht sind und eine weitere große Zahl zumindest als potentiell gefährdet anzusehen ist. Sieben Arten (6 Fische, 1 Säugetier) sind Endemiten und kommen somit nur in Österreich vor.

Wirbeltiere sind sicher die auch Laien am besten bekannten Tiere der einheimischen Fauna; von den Wirbellosen erfreuen sich allenfalls Schmetterlinge ähnlicher Beliebtheit. Sie eignen sich daher hervorragend als Zugpferde für den Naturschutz, da in ihrem Lebensraum zugleich eine Unzahl an Wirbellosen, Pflanzen und Pilze vorkommt, die vom Wirbeltierschutz profitieren. Obwohl Wirbeltiere auch die am besten untersuchten Tiere sind, gibt es immer wieder überraschende Ergebnisse, sogar in der Taxonomie, wenn sich etwa herausstellt, dass eine Art in Wirklichkeit Individuen zweier oder mehrerer Arten (sog. kryptischer Arten) umfasst. Einen ersten entscheidenden Hinweis auf diese versteckte Biodiversität kann Barcoding liefern. Durch ein flächendeckendes Screening mit Barcoding-Methoden können so neue Forschungsfragen generiert werden, deren Bearbeitung dann wiederum neue und tiefere Erkenntnisse über die einheimische Faunenvielfalt verspricht.

Im Rahmen des Pilotprojektes ABOL Wirbeltiere soll unter der Federführung des Instituts für Zoologie der Karl-Franzens-Universität in Graz (in Kooperation mit dem Naturhistorischen Museum Wien und anderen Institutionen landesweit) die gesamte österreichische Wirbeltierfauna genetisch charakterisiert werden.

#### **Projektleitung**

Dr. Stephan Koblmüller (Karl-Franzens-Universität Graz)  
Dr. Frank Zachos (NHM Wien)

#### **Pilotprojekt Mollusken**

Durch die Vielfalt an Lebensräumen zwischen Ostalpen und pannonischer Tiefebene ist die Diversität der Mollusken in Österreich besonders hoch. Knapp 400 Arten von Weichtieren sind hierzulande zu finden. Etwa 13 % aller heimischen Arten sind Endemiten, das heißt sie kommen ausschließlich in Österreich vor. Betrachtet man die Gefährdungssituation der heimischen Weichtiere so sind die Zahlen aus der aktuellen Roten Liste leider beunruhigend: ca. 35% der Schnecken- und etwa 37% der Muschelarten sind gefährdet bzw. vom Aussterben bedroht.

Schnecken spielen eine wichtige Rolle im Abbau organischer Substanzen und tragen damit entscheidend zur Bodenbildung bei. Auch zur Beurteilung von Lebensräumen eignen sich viele Weichtiere sehr gut. Da sie sehr spezifische Ansprüche haben, sind sie ideale Bioindikatoren. So können z.B. Quell- und Höhlenschnecken helfen, den Zustand und die Qualität unseres Trinkwassers zu beurteilen: Ihr Vorkommen zeigt Ungestörtheit an, werden sie weniger oder sind sie gänzlich verschwunden, hat das Gründe!

Manche Arten lassen sich jedoch äußerlich schwer unterscheiden und insbesondere Jungtiere sind oft nicht bestimmbar. DNA-Barcodes der vollständigen österreichischen Weichtiervielfalt werden es möglich machen, auch schwer oder nicht bestimmbare Individuen und Arten als Indikatoren zur Beurteilung von Lebensräumen heranzuziehen. Durch die zusätzlichen Einsichten die das DNA-Barcoding zur Zuordnung oder Abgrenzung einzelner Weichtierarten gibt, eröffnen sich neue Fragen, die eines breiten methodischen Ansatzes bedürfen. Wie sich bei genetischen Untersuchungen der Arbeitsgruppe "Alpine Landschnecken" am NHMW gezeigt hat, ist hier ein hohes Maß an unerkannter Diversität zu finden und so manch neue Art könnte noch entdeckt werden!

#### **Projektleitung**

Dr. Luise Kruckenhauser (NHM Wien)  
Mag. Anita Eschner (NHM Wien)

## Pressebilder (1/3)



Zylinder-Felsenschnecke (*Cylindrus obtusus*)

© NHM Wien



*Cladonia macilenta*

© NHM Wien, Luise Kruckenhauser



Hainburger Federnelke (*Dianthus lumnitzeri*)

© NHM Wien, P. Escobar



Arnika (*Arnica montana*)

© NHM Wien, P. Escobar



Alpen Aster (*Aster alpinus*)

© NHM Wien, P. Escobar

## Pressebilder (2/3)



Regenwurm (*Allolobophora smaragdina*)

© NHM Wien, Helmut Sattmann



Kaiserling (*Amanita caesarea*)

© Österreichische Mykologische Gesellschaft



Europäischer Bachhaft (*Osmylus fulvicephalus*)

© NHM Wien, Dominique Zimmermann



Vierfleck-Kreuzspinne (*Araneus quadratus*)

© NHM Wien, Helmut Sattmann



Zentrale Forschungslaboratorien im NHM Wien

© NHM Wien, Kurt Kracher

## Pressebilder (3/3)



Zentrale Forschungslaboratorien im NHM Wien

© NHM Wien, Kurt Kracher



Zentrale Forschungslaboratorien im NHM Wien

© NHM Wien, Kurt Kracher



Zentrale Forschungslaboratorien im NHM Wien

© NHM Wien, Kurt Kracher



Zentrale Forschungslaboratorien im NHM Wien

© NHM Wien, Kurt Kracher