Reckhaus
Im Auftrag von Fliege *Erika*

Monitoring-Ergebnisse einer INSECT-RESPECT Produktfläche

Eine INSECT-RESPECT Produktfläche dient der Kompensation der Biomasse, die durch ein Insektenbekämpfungsprodukt mit INSECT-RESPECT Gütesiegel verursacht wird. Bei Fernhalte- sowie Insektenrettungsprodukten wird pro verkauftem Produkt ein definierter Geldbetrag gezielt für die Anlage und Pflege dieser Produktflächen verwendet. Eine solche Fläche haben wir vor vier Jahren in der Nähe von Römerstein-Böhringen (Süddeutschland) realisiert, indem wir ein Flachdach in einem Industriegebiet insektenfreundlich gestalteten. Im Jahr 2025 wurde diese Fläche mit drei verschiedenen Monitoringsystemen von unabhängigen Drittparteien untersucht, um ein umfassendes Bild der Insektenvielfalt vor Ort zu gewinnen. Nachstehend folgt eine Zusammenfassung der DNA-Analyse der Fläche; der vollständige Originalbericht ist auf den Folgeseiten enthalten. Die Ergebnisse der beiden weiteren Methoden (Analyse der Flügelschlagbewegungen sowie einer Fotofalle) werden Ende Januar vorliegen.

Methode

Die Analyse wurde von dem externen Partner *AIM – Advanced Identification Methods GmbH* durchgeführt, einem Pionier im DNA-basierten Metabarcoding, einer hochmodernen Methode zur Identifikation von Arten anhand genetischer Proben. Über einen Zeitraum von fünf Monaten wurde die Fläche mithilfe einer Malaise-Falle untersucht. Anschliessend wurde im Labor die DNA aus dem Gewebe der Proben extrahiert und mit verschiedenen Datenbanken abgeglichen.

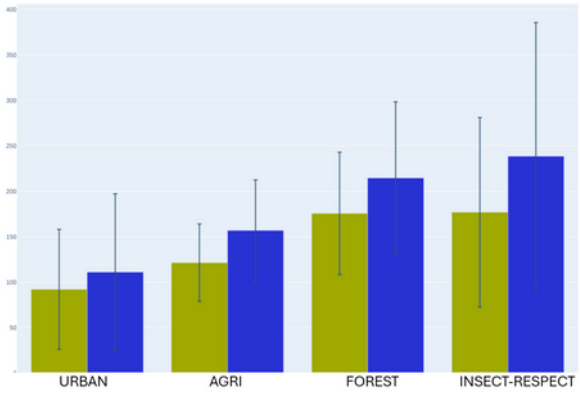
Malaise-Falle auf der INSECT-RESPECT Fläche

Ergebnisse

Insgesamt konnten 1.163 verschiedene Insektenarten identifiziert werden, von denen vier auf der Roten Liste Deutschlands stehen:

- Nysius graminicola – eine extrem seltene Wanzenart
- Ponera coarctata – eine gefährdete Ameisenart
- Phytocoris populi – eine Wanzenart auf der Vorwarnstufe
- Platynaspis luteorubra – ein Käfer auf der Vorwarnstufe

Der Nachweis solcher Arten lässt auf eine hohe ökologische Qualität der Fläche schliessen. Die AED-Analyse (Absolute Effective Diversity) der Insekten zeigt, dass die untersuchte Fläche eine Insektenvielfalt besitzt, die mit der von Naturwaldreservaten und Wäldern in Deutschland (FOREST) vergleichbar ist und deutlich über jener typischer Dachbegrünungen (URBAN) sowie landwirtschaftlicher Flächen (AGRI) liegt. Grün und Blau repräsentieren dabei zwei unterschiedliche Auswertungsmethoden mit verschiedenen Datenbanken. Insgesamt lassen die Ergebnisse auf ein artenreiches und funktional intaktes Insektenbiotop schliessen.



Gefundene Artenanzahl im Vergleich zu Referenzflächen

Gefundene bedrohte Insekten der Roten Liste

Nysius graminicola – Gräserwanze
Extrem selten, unscheinbar, ein wichtiger Hinweis auf intakte Trockenlebensräume

Phytocoris populi – Espenweichwanze
Auf der Vorwarnstufe, lebt bevorzugt an Espen und zeigt die Gesundheit von Laubwäldern an

Ponera coarctata – Schmale Knotenameise
Gefährdet, heimlich im Boden lebend, ein sensibler Indikator für ungestörte, warme Lebensräume

Platynaspis luteorubra – Rotgelber Kugelkäfer
Auf der Vorwarnstufe, ein kleiner, versteckt lebender Käfer, der ein stabil funktionierendes Ökosystem signalisiert

AIM - Advanced Identification Methods GmbH
Niemeyerstr. 1
04179 Leipzig
Deutschland

Tel.: +4934133203174
Email: info@aim.science
Web: www.metabarcoding.com

AIM - Advanced Identification Methods GmbH | Niemeyerstr. 1 | 04179 Leipzig | Germany

Georg Reckhaus
Insect Respect
Reckhaus GmbH & Co KG
Industriestraße 53
33689 Bielefeld

Leipzig, 31.10.2025

Ergebnis- & Methodenbericht

Sehr geehrte Damen und Herren,

anbei liefern wir den Ergebnis- & Methodenbericht der DNA Metabarcoding Analyse zum Auftrag EC25_016 – „Monitoring der INSECT-RESPECT Fläche bei der RAUM". Im Rahmen der angebotenen Leistungen unseres Angebots über CO1-Metabarcoding-Analysen stellt AIM die Ergebnisse kostenfrei über die DNA-Metabarcoding Auswertungs-Plattform spcfy (https://www.spcfy.io) bereit. Kunden erhalten dadurch unverbindlich einen kostenfreien Zugang zu einer leistungsstarken, webbasierten Auswertungsumgebung.

Nach Registrierung unter https://prod.spcfy.io/register erhalten die Nutzer:innen und Nutzer Zugriff auf eine geschützte, webbasierte Umgebung, in der sämtliche Analyseergebnisse dauerhaft abrufbar sind. Neben dem Hosting der Rohdaten (Illumina FASTQ-Dateien) werden auch die abgeleiteten Analyseergebnisse bereitgestellt, darunter ein Ergebnisreport im Excel-Format, ein FASTA-File mit den detektierten Sequenzen, ein MultiQC-Report zur Qualitätskontrolle sowie eine PDF-Dokumentation über die bioinformatische Auswertung. Zusätzlich stehen interaktive Visualisierungen über spcfy zur Verfügung, mit denen Daten projektübergreifend verglichen, gefiltert und ausgewertet werden können. Alle Daten werden DSGVO-konform auf sicheren Servern in Frankfurt gespeichert. Damit ist sowohl die Datensicherheit als auch die langfristige Verfügbarkeit der Ergebnisse gewährleistet. Ergänzend bietet AIM die unverbindliche und kostenfreie Nutzung der Plattform spcfy an, die wir speziell für die transparente und standardisierte Bereitstellung von Metabarcoding-Ergebnissen entwickelt haben. Über ein geschütztes Nutzerkonto können die Ergebnisse dort interaktiv visualisiert, gefiltert und projektübergreifend verglichen werden. Die Plattform erlaubt eine Integration probenspezifischer Metadaten wie Koordinaten, Habitattyp oder Erfassungszeitpunkt und ermöglicht so eine kontextbezogene Auswertung. Darüber hinaus stehen kontinuierlich aktualisierte CO1-Referenzdatenbanken (regional und global) für eine präzise Taxonomie-Zuordnung zur Verfügung. Mit der Möglichkeit, OTUs zu kommentieren und projektspezifische Anmerkungen zu hinterlegen, wird eine transparente Nachvollziehbarkeit über verschiedene Analysen hinweg unterstützt.

Die Nutzung von spcfy ist **nicht verpflichtend**, sondern wird hier als zusätzlicher Service des Produktportfolios von AIM mit angeboten. Alternativ können die Ergebnisse auch über einen weblink heruntergeladen werden, ohne die Plattform spcfy zu nutzen.

Gezeichnet – Jerome Moriniere

_____

Jerome Moriniere

AIM - Advanced Identification Methods GmbH
Niemeyerstr. 1
04179 Leipzig
Deutschland

Tel.: +4934133203174
Email: info@aim.science
Web: www.metabarcoding.com

Beschreibung der durchgeführten Arbeitsschritte:

1. Molekularbiologie:

Für die Analyse der Insektenproben (Arthropoden) wurden die Proben zunächst getrocknet, indem das Ethanol entfernt und die Proben für einige Stunden bei 65 °C im Wärmeschrank getrocknet wurden. Danach wurden die getrockneten Tiere fein zermahlen, damit eine gleichmäßige Probe entsteht, die sich gut weiterverarbeiten lässt.

Aus diesem Material wurde dann die DNA gewonnen. Dazu wird das Gewebe mit einer speziellen Lösung aufgelöst („Lysepuffer") und mit einem Enzym (Proteinase K) behandelt, das die Zellstrukturen aufbricht. Nach dieser Aufbereitung wird die DNA aus der Lösung isoliert und gereinigt.

Im nächsten Schritt wird ein bestimmter Abschnitt der DNA, das sogenannte **CO1-Gen**, vervielfältigt. Dieses Gen ist ein international anerkannter „Barcode" für Tiere – also ein Abschnitt der DNA, der hilft, Tierarten eindeutig zu erkennen. Bei dieser sogenannten **Metabarcoding-Methode** werden alle DNA-Fragmente aus der Probe gleichzeitig analysiert. So kann man später feststellen, **welche Arten in einer Mischprobe enthalten sind**, zum Beispiel welche Insekten in einer Falle gesammelt wurden.

Die Vervielfältigung der DNA erfolgt über eine Polymerase-Kettenreaktion (PCR). Dabei werden spezielle Startpunkte („Primer") verwendet, die gezielt das CO1-Gen ansteuern. Anschließend werden technische Anhänge („Indizes") ergänzt, damit jede Probe später eindeutig beim Sequenzieren zugeordnet werden kann.

Nach der PCR wird die DNA auf Reinheit und Menge überprüft und anschließend für die Sequenzierung vorbereitet. Dafür werden Proben mit ähnlicher Menge und gewünschter Sequenziertiefe zusammengeführt. Schließlich erfolgt die eigentliche **Hochdurchsatz-Sequenzierung (Next Generation Sequencing)** auf einem Illumina-Gerät. Dieses System liest Millionen DNA-Fragmente gleichzeitig aus, sodass am Ende ein sehr genaues Bild der im Probenmaterial enthaltenen Arten entsteht.

2. Bioinformatik:

Nach der Sequenzierung liegen für jede Probe Millionen kurze DNA-Abschnitte vor. Diese Rohdaten werden Schritt für Schritt gereinigt, zusammengeführt und ausgewertet, um am Ende eine klare Liste der nachgewiesenen Arten zu erhalten. Zuerst werden die beiden DNA-Enden, die bei der Sequenzierung erzeugt werden, wieder zu vollständigen Sequenzen zusammengesetzt. Dabei werden fehlerhafte oder unvollständige Fragmente aussortiert. Anschließend werden technische Reste wie Adapter oder schlechte Qualitätsabschnitte entfernt, damit nur echte und saubere DNA-Sequenzen übrigbleiben. Danach werden alle identischen Sequenzen zusammengefasst („dereplizier t"), um doppelte Einträge zu vermeiden und die Rechenleistung zu verringern. Einzelne, nur einmal vorkommende Sequenzen (sogenannte „Singletons"), die meist zufällige Fehler darstellen, werden ebenfalls aussortiert. Im nächsten Schritt werden die verbliebenen Sequenzen auf sogenannte Chimären überprüft – das sind künstliche Mischfragmente, die bei der PCR entstehen können. Solche Sequenzen werden erkannt und entfernt, damit nur echte biologische DNA-Fragmente ausgewertet werden. Anschließend werden die sauberen DNA-Sequenzen zu sogenannten OTUs (Operational Taxonomic Units) gruppiert. Eine OTU steht dabei sinngemäß für eine „Artengruppe": Alle DNA-Sequenzen, die sich zu mindestens 97 % gleichen, werden zu einer Einheit zusammengefasst. Das ergibt eine übersichtliche Tabelle, in der für jede Probe steht, welche OTUs (also welche Arten oder Artengruppen) gefunden wurden und wie häufig sie vorkommen.

AIM - Advanced Identification Methods GmbH
Niemeyerstr. 1
04179 Leipzig
Deutschland

Tel.: +4934133203174
Email: info@aim.science
Web: www.metabarcoding.com

Um sicherzugehen, dass nur echte biologische Signale berücksichtigt werden, werden in der Tabelle sehr seltene Signale (unter 0,01 % der Gesamtmenge einer Probe) entfernt. Ebenso werden alle Sequenzen gelöscht, die in Kontrollproben auftauchen könnten – also in Proben, die eigentlich keine DNA enthalten sollten. Für die Bestimmung der Arten wird jede OTU mit bekannten DNA-Sequenzen aus großen Referenzdatenbanken verglichen. Dazu gehören:

- GenBank (NCBI) – eine internationale öffentliche DNA-Datenbank
- BOLD (Barcode of Life Data System) – eine spezialisierte Datenbank mit geprüften CO1-Barcodes für Tiere

Diese Vergleiche (sogenannte BLAST-Suchen) zeigen, welcher bekannten Art eine OTU am ähnlichsten ist. So kann z. B. ermittelt werden, dass eine bestimmte DNA-Sequenz zu einer Biene, einer Mücke oder einem Käfer gehört. Zur zusätzlichen Absicherung wird die Zuordnung auch mit einem Bayes'schen Klassifikator überprüft – einem Verfahren, das DNA-Abschnitte automatisch einer Tiergruppe (z. B. Familie oder Gattung) zuordnet. Zum Schluss werden alle Ergebnisse zusammengeführt und geprüft, ob sie biologisch sinnvoll sind. Die finalen Ergebnisse zeigen dann:

- welche Arten (bzw. OTUs) in welcher Probe vorkamen,
- wie häufig sie gefunden wurden, und
- wie sicher die Zuordnung ist.

Die Ergebnisse werden in übersichtlichen Diagrammen dargestellt, z. B. mit sogenannten Krona-Plots, die zeigen, wie sich die Artenzusammensetzung einer Probe auf verschiedenen taxonomischen Ebenen (Klasse, Familie, Gattung, Art) verteilt. So entsteht aus Millionen DNA-Fragmente ein klar verständliches Bild davon, welche Tierarten in einer Probe enthalten waren – von häufigen Insektenarten bis hin zu seltenen oder kaum sichtbaren Arten, die mit klassischen Methoden oft übersehen würden.

3. Ergebnisse:

Insgesamt konnten 2.107 OTU (=Operational Taxonomical Units) über die Bioinformatik errechnet werden, welche zu 617 Arten und 1.163 BINs (=Barcode Index Nummern der BOLD – Barcode of Life Database – www.boldsystems.org, mit einer Grade-%-ID von >95%) zugewiesen werden konnten. Für die weitere Darstellung der Ergebnisse haben wir diejenigen Treffer inkludiert, welche mit >95% Grade-%-ID detektiert wurden, da der Großteil der darin enthaltenen BINs und Arten auf die Ordnungen Diptera, Hemiptera, Coleoptera und Hymenoptera fallen – welche derzeit noch einen hohen Anteil an nicht in den Datenbanken erfassten, sogenannten „dark taxa" enthalten. Dark Taxa Arten können zwar nicht über einen vollständigen Artnamen dargestellt werden, jedoch eignen sich die detektierten BIN cluster als intermediäre Entitäten hervorragend dafür. Alle Ergebnisse finden Sie ungefiltert und komplett in der bereitgestellten OTU TABELLE Excel Datei. Weiterhin können Informationen zum Rote Liste Status (Deutschland und Bayern) im Dokument eingesehen werden. Eine grafische Darstellung der Rote Liste Arten kann ohne Aufpreis nachgefordert werden.

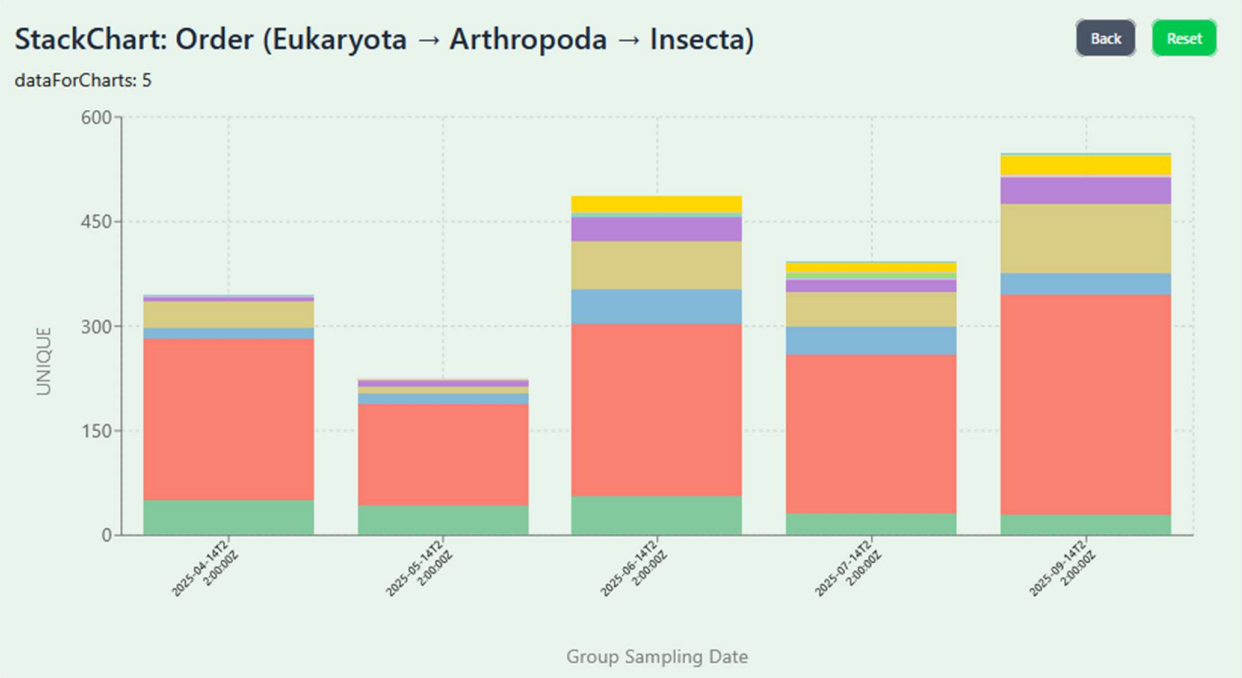
AIM - Advanced Identification Methods GmbH
Niemeyerstr. 1
04179 Leipzig
Deutschland

Tel.: +4934133203174
Email: info@aim.science
Web: www.metabarcoding.com

RAUM	consensus species	BINs >97	BINs >95
Araneae	7	8	8
Blattodea	1	1	1
Coleoptera	108	119	122
Diptera	266	582	612
Entomobryomorpha	3	3	4
Hemiptera	60	91	94
Hymenoptera	93	207	215
Lepidoptera	55	64	68
Neuroptera	3	4	4
Opiliones	1	1	1
Orthoptera	1	5	8
Psocoptera	1	2	2
Raphidioptera	1	1	1
Tanaidacea	1	1	1
Thysanoptera	4	5	5
Dermaptera	0	1	1
Mecoptera	0	1	1
Mermithidae	0	1	1
Rhabditida	0	1	1
Sarcoptiformes	0	1	1

AIM - Advanced Identification Methods GmbH
Niemeyerstr. 1
04179 Leipzig
Deutschland

Tel.: +4934133203174
Email: info@aim.science
Web: www.metabarcoding.com

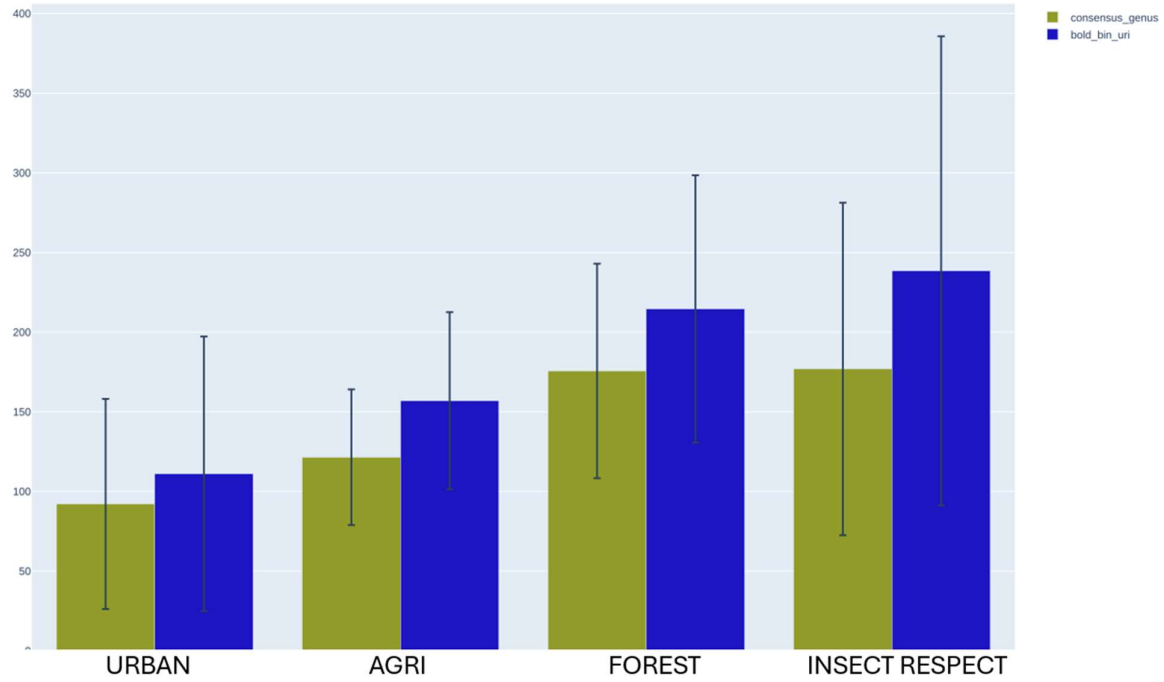


➔ https://prod.spcfy.io/projects/ecb2855d-fe8b-4948-be89-6aa5b9e276ea/visualisation

data.Coleoptera: 105
data.Diptera: 433
data.Hemiptera: 74
data.Hymenoptera: 101
data.Lepidoptera: 46
data.Neuroptera: 1
data.Thysanoptera: 4
data.Dermaptera: 1
data.Odonata: 1
data.Orthoptera: 29
data.Strepsiptera: 2
data.Mecoptera: 1
data.Psocoptera: 6
data.Raphidioptera: 1

AIM - Advanced Identification Methods GmbH
Niemeyerstr. 1
04179 Leipzig
Deutschland

Tel.: +4934133203174
Email: info@aim.science
Web: www.metabarcoding.com



Die Auswertung der AED (absolte effective diversity) zeigt, dass die INSECT-RESPECT Fläche – insbesondere im Vergleich mit Untersuchungsflächen von Dachbegrünungen (URBAN) und Landwirtschaftlichen Flächen (AGRI) eher vergleichbarere Werte mit Naturwaldreservaten und Wäldern in Deutschland aufweist (FOREST). Sicherlich muss auch in Betracht gezogen werden, dass die INSECT-RESPECT eingebettet in eine natürliche Umgebung einen höheren Biodiversitätswert als solche in stark anthropogen bewirtschafteter Landwirtschaft und Dachbegrünungen im urbanen Kontext aufweist.

Eine vollständige Liste aller detektierten Arten finden Sie als Excel im Anhang an diesen Bericht.

Es konnten weiterhin 4 Arten detektiert werden, welche anhand als selten und gefährdet auf der Roten Liste Deutschland stehen. Der Schutzstatus der Arten konnte leider nicht mit der Roten Liste Baden-Württemberg abgeglichen werden – da diese nur für einige Zielgruppen als Excel verfügbar ist.

- *Nysius graminicola graminicola* (Kolenati, 1845)
- *Platynaspis luteorubra* (Goeze, 1777)
- *Phytocoris populi* (Linnaeus, 1758)
- *Ponera coarctata* (Latreille, 1802)