

SENCKENBERG

world of biodiversity

Bestimmung der Artenvielfalt von Fluginsekten in hessischen Gebieten mittels molekularer Methoden -Endbericht-



Prof. Dr. Peter Haase (Bewilligungsempfänger)

Dr. James S. Sinclair

Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum Frankfurt

Abteilung für Fließgewässerökologie und Naturschutzforschung

Clamecystraße 12, 63571 Gelnhausen

Tel.: 06051 61954 – 3114

E-Mail: peter.haase@senckenberg.de

Projektpartner:

Prof. Dr. Florian Leese, Dominik Buchner, Universität Duisburg-Essen

Dr. Carsten Morkel, Nationalpark Kellerwald-Edersee (NPKE)

Torsten Raab, Biosphärenreservat Hessische Rhön (BRHR)

Projektlaufzeit: 01.07.2020 – 31.07.2023

Zitiervorschlag: Haase, Peter, Dominik Buchner, Florian Leese, Carsten Morkel, Torsten Raab, James S. Sinclair (2023) Bestimmung der Artenvielfalt von Fluginsekten in hessischen Gebieten mittels molekularer Methoden. Abschlussbericht.

Inhalt

1. Zusammenfassung.....	3
2. Fragestellung	4
3. Methode.....	5
3.1. Biomasse und DNA-Metabarcoding	5
3.2. Redundanzanalysen: Effekte von Landbedeckung und Klima.....	7
4. Ergebnisse.....	8
4.1. Biomasse und DNA-Metabarcoding	8
4.2. Redundanzanalysen: Effekte von Landbedeckung und Klima.....	11
5. Diskussion und Bewertung der Ergebnisse	13
6. Fazit, Forschungsbedarf und Handlungsempfehlungen.....	14
7. Literaturverzeichnis.....	15
8. Anhang.....	17

Danksagung

Dieses Projekt wurde gefördert aus Mitteln des Hessischen Biodiversitätsfonds des Hessischen Landesamtes für Naturschutz, Umwelt und Geologie (HLNUG) sowie aus Mitteln der Landes-Offensive zur Entwicklung Wissenschaftlich-ökonomischer Exzellenz des Landes Hessen (Zentrum für Translationale Biodiversitätsgenomik; LOEWE-TBG).

1. Zusammenfassung

An insgesamt 14 Standorten in den Gebieten Rhein-Main-Observatorium (RMO; Main-Kinzig-Kreis), Nationalpark Kellerwald-Edersee (NPKE) und Biosphärenreservat Hessische Rhön (BRHR) wurden jeweils von Anfang April bis Ende Oktober der Jahre 2019-2022 Malaisfallen zur Erfassung von Fluginsekten betrieben (BRHR von 2020-2022). Die Probennahme erfolgte 14-täglich (+/-1 Tag). Ausgewertet wurden die Biomasse sowie die Artenzahlen für jede Probe, jeden Standort und jedes Gebiet. Diese Daten wurden mittels Redundanzanalysen in Bezug zu Landbedeckung, Klima sowie Schutzstatus des Fallenstandortes gesetzt. Ziel war es, erstmals ein konsistentes Insektenmonitoring in Hessen zu etablieren und Referenzwerte für die genannten Parameter abzuleiten.

Die Bestimmung der Artenzahlen erfolgte mittels modernster genetischer Sequenzierungsmethoden. Dabei wurde zwischen validen und plausiblen Arten unterschieden. Valide Arten wurden anhand eines dreistufigen Verfahrens validiert, das u.a. bekannte Vorkommen in der Region berücksichtigt, während plausible Arten ausschließlich aus der DNA abgeleitet wurden. Sowohl die validen als auch die plausiblen Artenzahlen werden mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit als richtig angesehen.

Allein in dem hier vorliegenden Projekt wurden mittels lediglich 14 Malaisfallen 20.511 plausible Insektenarten nachgewiesen, was gut 60% der bekannten Insektenfauna Deutschlands entspricht. Im Einzelnen waren es im RMO 16.051 Arten (4 Jahre, 6 Fallen), im NPKE 12.826 Arten (4 Jahre, 4 Fallen) und im BRHR 12.800 Arten (3 Jahre, 4 Fallen). Im Hinblick auf die validen Arten waren dies insgesamt 7.154. Im Einzelnen: RMO 5.801 Arten, NPKE 4.939 Arten und BRHR 4.725 Arten. Mit jeder einzelnen Malaisfalle werden pro Jahr ca. 3.000 – 5.000 plausible Arten gefangen.

Die höchsten Biomassen und Artenzahlen sowie die größte Stabilität (niedrigster Artenwechsel) der Insektengemeinschaften traten im Jahresverlauf etwa zwischen Anfang Juni und Ende August auf. Die Artenzahlen schwankten saisonal und zwischen den Jahren zwischen ca. 100 und ca. 1.300 plausiblen Arten pro Probenahme, wobei die größte Biomasse und Artenzahl 2022 registriert wurde. Der Artenwechsel war mit durchschnittlich 30 % von einer Probenahme zur nächsten hoch.

Die höchsten Artenzahlen, Biomassen und der niedrigste Artenwechsel wurden in Habitaten erfasst, die zu einem hohen Anteil eine niederwüchsige Vegetation aufwiesen. Dies könnte die Vielfalt an unterschiedlichen verfügbaren Ressourcen in niederwüchsiger Vegetation widerspiegeln (z.B. Blumen, Sträucher, Hecken, Feldfrüchte usw.). Ähnliches gilt für urbane und landwirtschaftlich genutzte Flächen, während in Wäldern Artenzahlen und Biomasse geringer waren. Insgesamt kann festgestellt werden, dass insbesondere die Landbedeckung vorgibt, welche Insektengemeinschaft auftritt. Demgegenüber zeigte der unterschiedliche Schutzstatus der Fallenstandorte einen nur geringen Einfluss auf die Biomasse und Artenzahlen.

Das Insektenmonitoring mittels Malaisfallen und DNA-Metabarcoding dokumentiert eine Vielfalt an Insektenarten in noch nie dagewesenem Umfang. Unter Berücksichtigung eines Klima- und breiten Landbedeckungsgradienten wurden neue Einblicke in den Bestand und die Entwicklung dieser mit Abstand größten, aber bislang nur rudimentär untersuchten Artengruppen möglich. Vor dem Hintergrund des zunehmenden Biodiversitätsverlustes und den Limitationen des „klassischen“ Biomonitorings, das sich auf überwiegend artenarme Organismengruppen beschränkt, ermöglicht ein systematisches Langzeitmonitoring von Fluginsekten wesentlich umfangreichere Einblicke in Biodiversitätstrends und ihre Treiber. Da ein solches Monitoring überwiegend automatisiert erfolgt

und daher mit vergleichsweise geringem Personal-, Zeit- und Kostenaufwand verbunden ist, wird eine Fortführung und Ausdehnung auf weitere hessische Gebiete angeregt.

2. Fragestellung

Die Krefelder-Studie zum Biomassenverlust von Fluginsekten (76% in 27 Jahren) in 63 deutschen Naturschutzgebieten (ausschließlich extensive Grünlandstandorte in Naturschutzgebieten; Hallmann et al. 2017) hat weltweit hohe Beachtung erfahren und besonders in Deutschland zahlreiche Initiativen zum Insektenschutz initialisiert (u.a. Aktionsprogramm Insektenschutz des BMUV). Allerdings basieren die Daten der Krefelder-Studie nicht auf kontinuierlichen Langzeitmessungen, sondern vielmehr auf der Kombination von Einzeljahren (maximal 4 Jahre am Stück) über verschiedene Standorte hinweg ('space-for-time substitution'). Des Weiteren ist völlig unklar, ob der hohe Biomassenrückgang auch zu einem erhöhten Verlust an Arten geführt hat, da keine entsprechenden Artinformationen vorliegen. Die Studie enthielt zudem nur Standorte aus Brandenburg und Nordrhein-Westfalen. Vor diesem Hintergrund hat das Netzwerk Long-Term Ecological Research Deutschland (LTER-D) in Kooperation mit Europarc Deutschland (seit 01.01.2020: Nationale Naturlandschaften, NNL) ein bundesweites Malaisefallen-Projekt gestartet, das 27 LTER-D und NNL-Gebiete mit insgesamt ca. 80 Fallenstandorten umfasst. Die Standorte reichen vom Nationalpark Berchtesgaden in den bayerischen Alpen bis hin zu Nord- und Ostseeküste (<https://www.ufz.de/lter-d/index.php?de=46285>) und decken somit weite Teile Deutschlands ab. Dieses bundesweit einmalige Projekt hat zum Ziel, mittels kontinuierlicher Zeitreihen die Veränderung der Biomasse der Fluginsekten über einen längeren Zeitraum und verschiedene Großlandschaften hinweg zu monitoren. Darüber hinaus erfolgt die Untersuchung der Artenzusammensetzung der Fluginsekten sowie deren zeitliche Veränderung. Allerdings hat dieses Projekt keine Finanzierung und trägt sich bislang ausschließlich durch 'in-kind' Beiträge der Partnereinrichtungen.

Aus Hessen sind 3 Gebiete an der oben beschriebenen Initiative beteiligt: Das im Main-Kinzig-Kreis gelegene Rhein-Main-Observatorium (RMO), der Nationalpark Kellerwald-Edersee (NPKE) sowie das Biosphärenreservat Hessische Rhön (BRHR). Seit Frühjahr 2019 werden im RMO sechs und im NPKE vier Malaisefallen zur Erfassung der Fluginsekten betrieben. Im Frühjahr 2020 kamen vier Fallen im BRHR hinzu. Die Fallen bilden folgenden Nutzungsgradienten ab: RMO: Stadt – Ackerland – Grünland – Wald; NPKE: Grünland – Wald; BRHR: Grünland (intensiv und extensiv) – Wald. Das **Rhein-Main-Observatorium** (www.senckenberg.de/rmo) ist eines der herausragenden Gebiete der kürzlich auf der europäischen Infrastruktur Roadmap (ESFRI) aufgenommenen Umweltmonitoring-Einrichtungen (eLTER). Zudem ist es eines der ca. 20 europäischen Gebiete, die in das globale Biodiversitäts-Monitoring Projekt LIFEPLAN (www.helsinki.fi/en/projects/lifeplan) aufgenommen wurden, in dem u.a. weltweit Fluginsekten mittels Malaisefallen und DNA-Metabarcoding erfasst werden. Das **Biosphärenreservat Hessische Rhön** (www.biosphaerenreservat-rhoen.de) verfolgt die Ziele des Programms "Man and Biosphere" (MAB), bei dem Natur und Mensch gleichermaßen im Mittelpunkt stehen. Entsprechend ist eine menschliche Nutzung der Landschaft nicht nur möglich, sondern erwünscht, aber unter besonderer Berücksichtigung der Belange der Natur. Diese nachhaltige Nutzung bringt unterschiedliche Akteure zusammen und ermöglicht zahlreiche Projekte in den Bereichen Arten- und Naturschutz, Landwirtschaft, regionale Entwicklung oder Bildung für nachhaltige Entwicklung. Der **Nationalpark Kellerwald-Edersee** (www.nationalpark-kellerwald-edersee.de) ist der einzige hessische Nationalpark und Teil des UNESCO Weltnaturerbes Buchenwälder (<http://www.weltnaturerbe-buchenwaelder.de/>). Das 7.688 Hektar große Gebiet schützt einen bodensauren Buchenwald der

Mittelgebirgsregion und dessen natürliche Dynamik. Hainsimsen-Buchenwälder der unteren Bergstufe zählen in dieser Größe, Unzerschnittenheit und Naturnähe zu den letzten Mitteleuropas. Sie zeichnen sich durch einen überdurchschnittlich hohen Altholzanteil und Urwaldreste aus. Die drei zuvor beschriebenen hessischen Gebiete bilden somit einen Nutzungsgradienten ab, der von Totalschutz (Kernfläche des NPKE) über eine naturverträgliche Nutzung (BRHR) bis hin zu einer „Normallandschaft“ (RMO), charakterisiert durch konventionelle Landwirtschaft und eine hohe Siedlungsdichte, reicht. Darüber hinaus sind alle drei Gebiete in verschiedene internationale Netzwerke (UNESCO, Nationale Naturlandschaften, LTER, ...) eingebunden und von hoher nationaler wie internationaler Bedeutung.

Ziel des hier vorliegenden Projektes ist die Bestimmung der Artenvielfalt der Fluginsekten sowie deren zeitliche Veränderung in den drei o.g. hessischen Gebieten entlang eines Nutzungsgradienten mittels DNA-Metabarcoding. Hierdurch wird erstmals vergleichend und über einen längeren Zeitraum die gesamte Breite der Fluginsekten untersucht. Dieser Ansatz ergänzt die Biomassen-Bestimmung der eingangs beschriebenen Initiative von LTER-D und>NNL. Die Abdeckung verschiedener hessischer Regionen, Landbedeckungstypen, Höhenlagen und Klimaregionen wird auch zu einem verbesserten Überblick der in Hessen lebenden Fluginsekten führen.

3. Methode

3.1. Biomasse und DNA-Metabarcoding

Die insgesamt 14 Malaisefallen der drei oben beschriebenen hessischen Gebiete wurden jährlich von Anfang April bis Ende Oktober mit 14-tägigen Leerungsrhythmus (ca. 15 Leerungen pro Falle und Jahr) betrieben und die Biomasse je Leerung bestimmt (siehe Welti et al. 2022). Anschließend erfolgte das DNA-Metabarcoding.

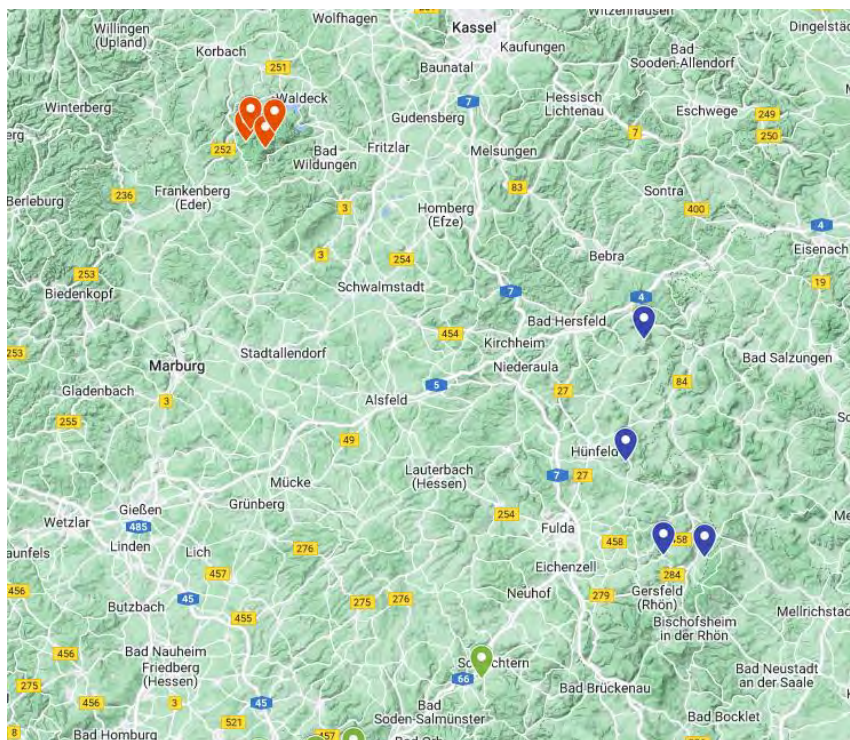


Abb. 1: Karte der Standorte der Malaisefallen in Hessen (grün = RMO, blau = BRHR, rot = NPKE), 2022, maps.google.com.

Abweichend vom Projektantrag und nach Abstimmung mit dem Zuwendungsgeber, erfolgte das DNA-Metabarcoding für alle Leerungen direkt aus der Insektenprobe und nicht nur für die Hälfte der Leerungen. Das DNA-Metabarcoding aus den Insektenproben umfasste folgende Schritte (Buchner et al. 2023): Die Insekten wurden durch ein Kunststoffsieb mit einer Maschenweite von 4 mm in zwei Größenfraktionen getrennt, um eine höhere Auflösung der Artenzusammensetzung zu erhalten. Beide Größenfraktionen wurden getrennt voneinander homogenisiert („gematscht“). Anschließend wurde jeweils ein Aliquot aus beiden Fraktionen entnommen und im Verhältnis 1:4 (> 4mm : < 4mm) wieder vereint. Dieser Schritt verbessert die Erfassung der oft zahlreichen kleinen Arten.

Anschließend wurde die DNA isoliert und über eine Polymerasekettenreaktion ein Fragment des mitochondrialen COI (Cytochrom c Oxidase I) Gens jeweils vervielfältigt und auf einem Illumina-Hochdurchsatzsequenzierer (2x150 Basenpaare Leselänge) mit den Primern fwhF2/fwhR2n (Vamos et al. 2017) abgelesen. Alle Schritte erfolgten jeweils mit einem unabhängigen technischen Replikat (n=2). Alle Malaisefallenproben - mit den jeweiligen technischen Replikaten - erhalten eine eindeutige molekulare Kennung („Dual twin indexing“), wodurch die Millionen von Sequenzen eindeutig nach der Sequenzierung wieder zugeordnet werden können. Aus jeder Probe wurden im Schnitt 500.000 – 1 Millionen Sequenzen generiert. Dies ist nötig, um die in der Probe vorhandene Diversität an DNA unterschiedlicher Organismen möglichst vollständig (>90%) zu erfassen. Da nur eine kleine Menge der bulk samples (homogenisierte Insekten) für die Analyse benötigt wird, steht der Großteil der bulk samples für zukünftige Untersuchungen zur Verfügung. Die Lagerung der bulk samples erfolgt im Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum Frankfurt.

Die bioinformatische Aufarbeitung der Sequenzdaten erfolgte über die Software APSCALE (Buchner et al. 2022), mit der die Sequenzen nach ihrer Sequenzähnlichkeit zu sog. OTUs (Operationelle Taxonomische Einheiten) zusammengefasst wurden. Die Zuordnung taxonomischer Namen zu den OTUs erfolgte über die BOLD-Datenbank (www.boldsystems.org) und die anschließende Kontrolle über die Software „BOLDigger“ (Buchner und Leese 2020). Nur wenn eine Art in beiden Replikaten nachgewiesen wurde, wurde sie auch in die Artenliste aufgenommen. Zudem musste die im Metabarcoding ermittelte Sequenz zu mindestens 98% mit der Sequenz aus der Referenzdatenbank übereinstimmen. In einem weiteren Schritt wurde basierend auf den bundesweiten Daten aus 2019 und 2020 und analog zu Buchner et al. (2023; dort auf Ordnungsebene) für jede Insekten-Familie ein Koeffizient berechnet, der die Anzahl der Arten pro Familie wiedergibt. Für die meisten Familien war der Koeffizient 1 oder geringfügig größer als 1. Dieser Koeffizient wurde genutzt, um die OTUs einer Familie in Artenzahlen zu übersetzen. Diese Artenzahlen werden weiter unten wiedergegeben und für die statistischen Auswertungen genutzt. Die so gewonnenen Artenzahlen werden im Folgenden als plausible Arten bezeichnet. Den meisten „plausiblen Arten“ können keine Artnamen zugeordnet werden, da DNA Barcodes fehlen, ihr Vorkommen in Deutschland bislang unentdeckt ist oder sie überhaupt noch nicht entdeckt wurden (neu für die Wissenschaft). Es ist dennoch mit hoher Wahrscheinlichkeit davon auszugehen, dass die plausiblen Arten echten Arten entsprechen.

Für die OTUs aus 2019 und 2020 konnte zudem auf einen Validierungsschritt zurückgegriffen werden, den Buchner et al. (2023) für den bundesdeutschen Datensatz (inkl. der hessischen Daten) angewandt haben: Artnamen wurden dann als valide angesehen, wenn diese mindestens 2 der folgenden 3 angewandten Kriterien erfüllten: Die Art ist a) in der German Barcode of Life Datenbank (GBOL)

enthalten, b) enthielt im Umkreis von 200 km um den Fallenstandort einen GBIF-Eintrag, c) wurde von Experten/innen des Entomologischen Vereins Krefeld (EVK) als plausibel eingestuft. Die Arten der hieraus entstandenen Artenliste werden im Folgenden als valide Arten bezeichnet. Die übrigen Arten wurden rechnerisch ermittelt, indem die Anzahl der verschiedenen OTU(s) einer Familie gezählt wurde und daraus mittels eines Familien-spezifischen Korrekturfaktors (analog zu Buchner et al. 2023) die Anzahl verschiedener Arten pro Familie ermittelt wurde.

Die Zuordnung gefährdeter Arten erfolgte auf Grundlage Roter Listen nach Angaben von Hallmann et al. (2022): Kategorien 1, 2, 3, R und G. Die Bestimmung invasiver Arten erfolgte auf der Grundlage von Arten, die in Deutschland als nicht heimisch und invasiv oder potenziell invasiv gelten, zusammengestellt von Gollasch et al. 2022, CABI ISC 2023 und eigenen Literaturrecherchen. Als Bestäuber wurden alle Arten der Tagfalter, Bienen und Schwebfliegen klassifiziert.

3.2. Redundanzanalysen: Effekte von Landbedeckung und Klima

Um Unterschiede in der Landbedeckung zwischen Standorten darzustellen, haben wir Daten aus einer Rasterkarte mit 10 m Auflösung der Wald-, Niedrigvegetations-, landwirtschaftlichen, städtischen und nackten Bodenlandbedeckungstypen in Deutschland extrahiert (Sentinel-2-Satellitenbilder; Riembauer et al. 2021). Niedrige Vegetation bestand an unseren Standorten zumeist aus Grasland und Wiesen, und nackter Boden war entweder karges landwirtschaftliches Land oder freiliegender Boden und Felsen in bewaldeten oder bergigen Landschaften. Wir haben die Anteile dieser Landbedeckungstypen im Umkreis von 50 m und 1 km um jeden Standort herum ermittelt, um sowohl die feinskaligen als auch die großräumigen Auswirkungen der Landbedeckung zu erfassen.

Wetter- und Klimadaten haben wir vom Deutschen Wetterdienst (<https://opendata.dwd.de>) zur täglichen Durchschnittstemperatur (°C, 5x5 km Auflösung), zum täglichen Gesamtniederschlag (mm, 1x1 km Auflösung) und zur täglichen mittleren relativen Luftfeuchtigkeit (% , 5x5 km Auflösung) erhalten. Drei Zeitskalen von Wetter- oder Klimawerten wurden berechnet: (1) für jeden Expositionszeitraum, wobei die tägliche Temperatur und Luftfeuchtigkeit über die Tage gemittelt und die Niederschläge über die Tage summiert und dann durch die Anzahl der Tage dividiert wurden; (2) gemittelt über die 12 Monate vor jedem Expositionszeitraum; und (3) mittlere Jahreswerte, gemittelt über die letzten 30 Jahre. Der erste Zeitraum wurde einbezogen, um lokale Wetterunterschiede und innerjährliche Wetterveränderungen, der zweite, um die Bedingungen während des Lebenszyklus vom Ei über die Larve bis hin zum erwachsenen Tier, und der dritte, um großräumige klimatische Unterschiede zwischen den Standorten widerzuspiegeln. Da Höhenlage und Koordinaten der Fallenstandorte stark mit den Klimavariablen korrelierten, wurden erstere nicht im finalen Model berücksichtigt.

Die zuvor beschriebenen Prädiktoren haben wir mit der durchschnittlichen Insektenbiomasse, der durchschnittlichen Gesamtanzahl plausibler Arten sowie der durchschnittlichen Gesamtanzahl plausibler Arten verschiedener taxonomischer Insektengruppen (folgende, ausgewählte Bestäubergruppen: Bienen, Tagfalter und Schwebfliegen; Rote Liste Arten, invasive Arten) in Beziehung gesetzt, indem wir Redundanzanalysen (RDAs) mit dem 'vegan'-Paket in R durchgeführt haben (Oksanen et al. 2022).

Unterschiede im Schutzstatus der Fallenstandorte wurden im Hinblick auf Biomasse und Gesamtartenzahl quantifiziert. Gebiete in Nationalparks, Naturschutzgebieten und den inneren Zonen von Biosphärenreservaten wurden als "geschützt" (protected) klassifiziert, während Gebiete in Landschaftsschutzgebieten und der äußeren Übergangszone von Biosphärenreservaten als "weniger geschützt" (less protected) galten. Alle anderen Gebiete wurden als "ungeschützt" (unprotected) eingestuft. Die 4 Standorte im NPKE, 3 im BRHR und 1 Standort im RMO gehörten zu „geschützt“, 1 im BRHR und 3 im RMO zu „weniger geschützt“ sowie 2 im RMO waren „ungeschützt“.

Die Redundanzanalysen basieren nur auf Daten aus 2019 und 2020, da die entsprechenden Daten zu den Prädiktoren für 2021 und 2022 zum Projektabschluss noch nicht vorgelegen haben.

4. Ergebnisse

4.1. Biomasse und DNA-Metabarcoding

Die Probenahme wurde für 2019 bis 2022 während der gesamten Vegetationsperiode von Anfang April bis Ende Oktober kontinuierlich durchgeführt. Die Expositionsdauer variierte in allen Jahren zwischen 13 bis 15 Tagen. Das Biosphärenreservat Rhön hat sich dem Monitoringprogramm erst 2020 angeschlossen, so dass für dieses Gebiet nur Daten von 2020-2022 vorliegen.

Insgesamt wurden über alle Untersuchungsjahre und alle Fallenstandorte 20.511 plausible Insektenarten gefunden. Im Einzelnen waren es im Rhein-Main-Observatorium (RMO) 16.051 Arten (4 Jahre, 6 Fallen), im Nationalpark Kellerwald-Edersee (NPKE) 12.826 Arten (4 Jahre, 4 Fallen) und im Biosphärenreservat Hessische Rhön (BRHR) 12.800 Arten (3 Jahre, 4 Fallen). Im Hinblick auf die validen Arten waren dies insgesamt 7.154. Im Einzelnen: im RMO 5.801 Arten, im NPKE 4.939 Arten und im BRHR 4.725 Arten. Basierend auf den validen Artdaten wurden insgesamt 460 Bestäuberarten nachgewiesen. Die Verteilung auf die Gebiete war wie folgt: RMO 414; NPKE 264 und BRHR 268 Arten. Insgesamt enthielt der Datensatz 140 gefährdete (Rote Liste) sowie 11 invasive Insektenarten.

Im Hinblick auf alle Fallen und Gebiete traten die höchsten Biomassen und Artenzahlen sowie die größte Stabilität (niedrigster Artenwechsel) der Insektengemeinschaften etwa zwischen Anfang Juni und Ende August auf (Abb. 2). In 2022 war dieser Peak ca. 3 Wochen früher. Die Artenzahlen schwanken saisonal und zwischen den Jahren zwischen ca. 100 und knapp 1.400 plausiblen Arten pro Probenahme, wobei die größte Biomasse und Artenzahl in 2022 aufgetreten sind (Abb. 2). Der Artenwechsel ist vergleichsweise hoch: durchschnittlich ändert sich 30 % der Artenzusammensetzung von einer Probenahme zur nächsten, und viele Arten werden nur in einem einzigen Zeitraum gefangen. Daraus folgt, dass mehrere Probenahmen pro Jahr erforderlich sind, um die gesamte Artenvielfalt der Insekten in einer Region zu erfassen.

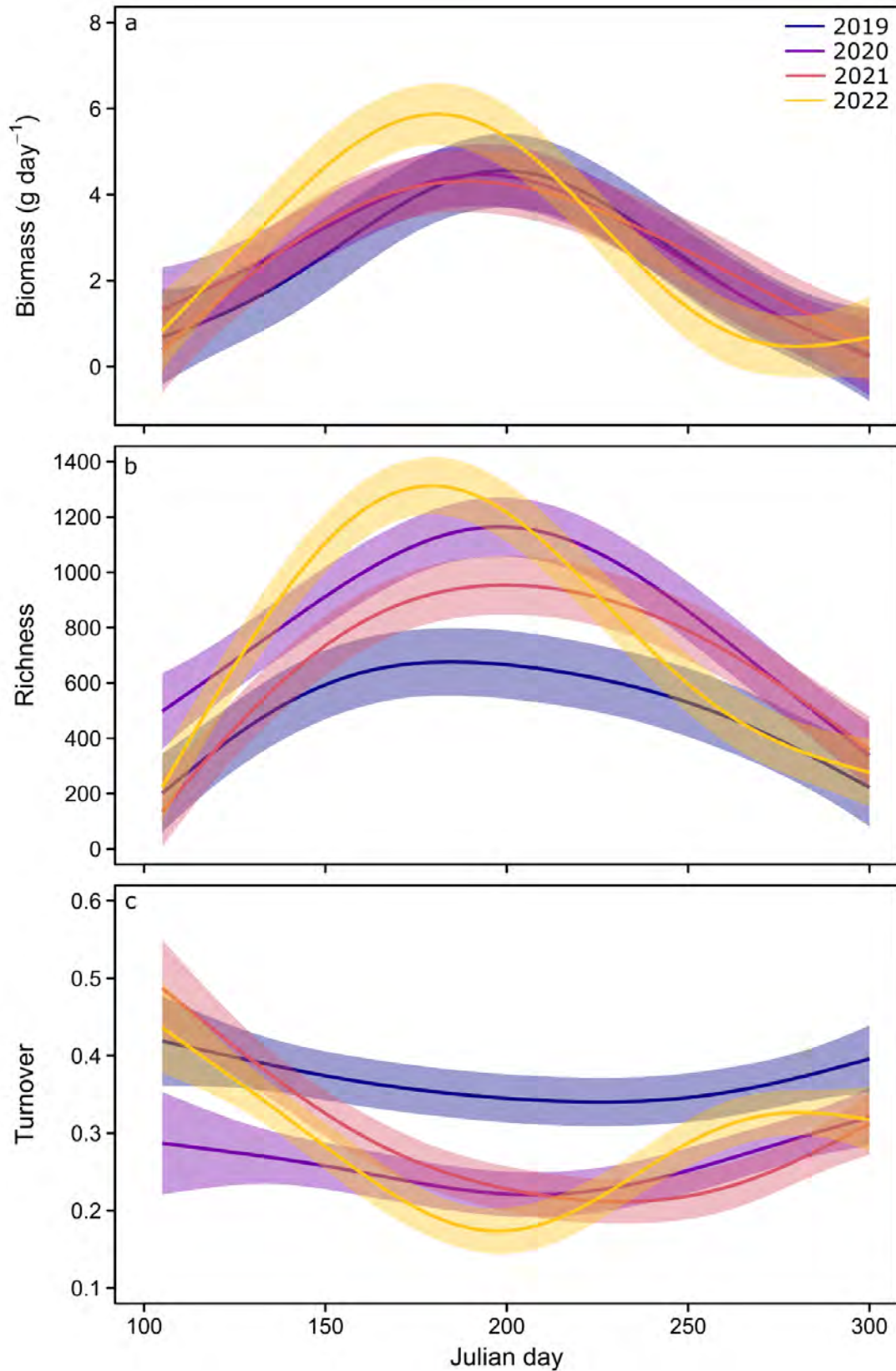


Abb. 2: Saisonaler Verlauf von Biomasse (biomass), Artenzahl (richness) sowie Artenwechsel (turnover) in den vier Untersuchungsjahren 2019-2022 zusammen für alle Gebiete und Fallen. g/day = Gramm pro Tag.

Die durchschnittliche Biomasse über alle Jahre und Fallen betrug 3,3 g/Tag (Abb. 3; RMO 4,07 g/Tag, NPKE 2,34 g/Tag, BRHR 3,05 g/Tag). Im Durchschnitt ist die Biomasse pro Falle und Jahr im RMO signifikant höher als im NPKE. Ähnliches gilt für die Artenzahlen pro Falle und Jahr. Das BRHR liegt jeweils zwischen RMO und NPKE (Abb. 3). Mit jeder einzelnen Malaisefalle werden über das Jahr verteilt ca. 3.000 – 5.000 verschiedene plausible Arten gefangen. Weder die Biomasse noch die Artenzahlen zeigen einen klaren Trend über die Jahre. Die Biodiversität der Insekten war in der Regel in den Jahren 2020 und 2022 am höchsten und in 2019 und 2021 am niedrigsten (Abb. 3). Diese Unterschiede sind möglicherweise auf unterschiedliche Wetterbedingungen zwischen den Jahren zurückzuführen.

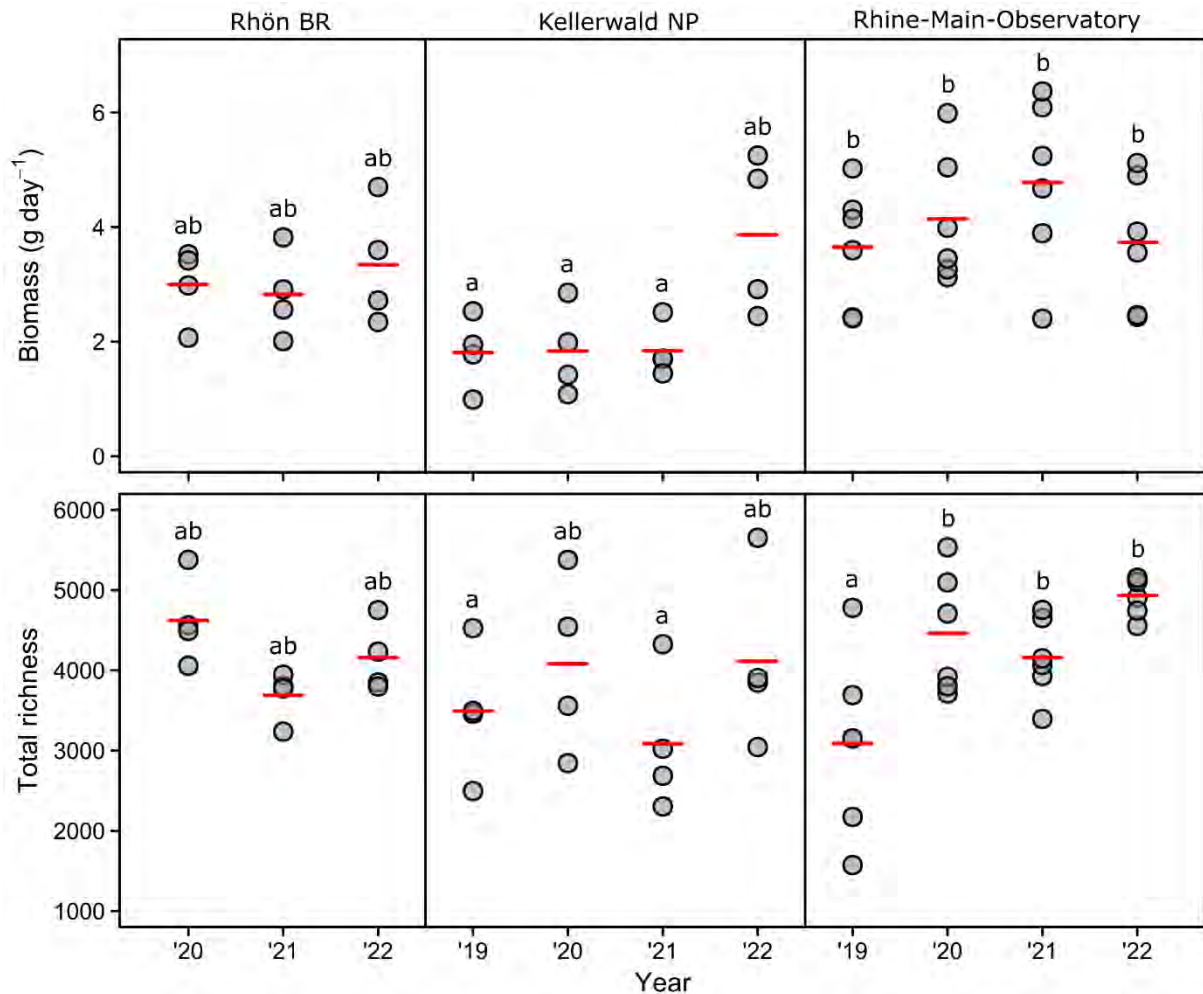


Abb. 3: Durchschnittliche jährliche Biomasse (biomass) und Artenzahl (total richness) pro Falle (graue Kreise) sowie pro Kalenderjahr (roter Querstrich) und Gebiet. g/day = Gramm pro Tag. Die Buchstaben a, b und ab geben signifikante Unterschiede an.

Eine kleine Teilmenge der gefangenen Arten erfüllt wichtige ökologische Funktionen wie z.B. Bestäubung (Bienen, Tagfalter und Schwebfliegen). Die Bestäuber folgen dem gleichen Muster wie die gesamte Lebensgemeinschaft, d.h., es gibt auch bei ihnen keinen eindeutigen Trend im Zeitverlauf. Die Artenvielfalt war analog zur Biomasse in 2020/2022 höher als in 2019/2021. Es gibt nur wenige signifikante Unterschiede zwischen den drei Gebieten im Hinblick auf ihre Anzahl an Bestäubern (Abb. 4).

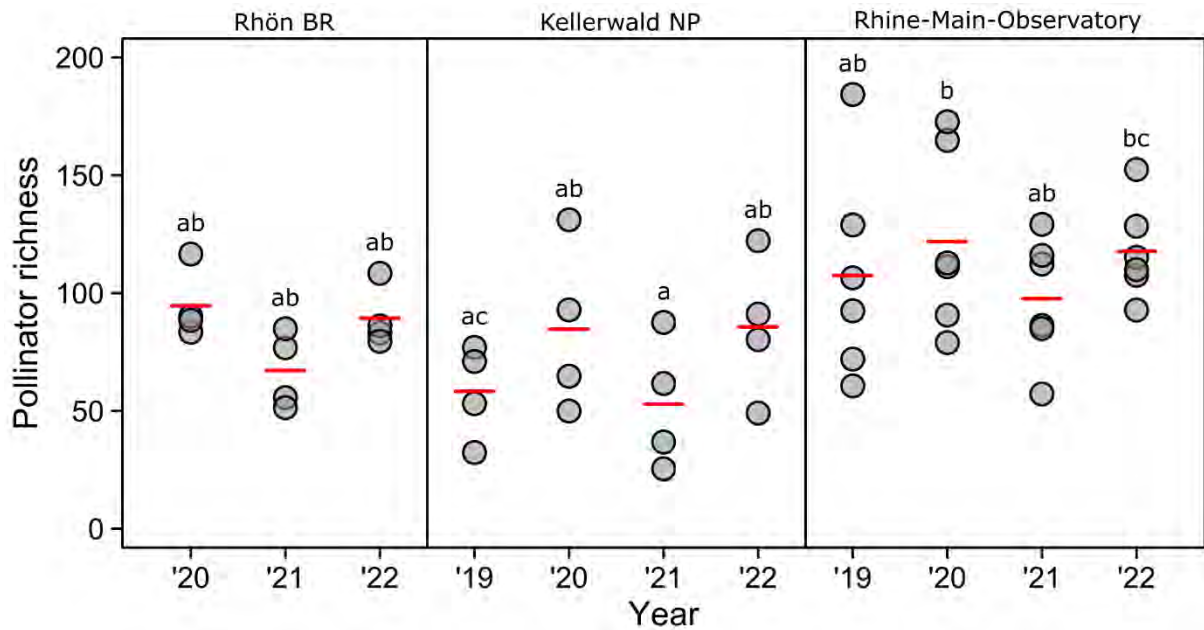


Abb. 4: Artenzahlen ausgewählter Bestäubergruppen (pollinator richness) (Bienen, Schwebfliegen, Tagfalter) in den drei Gebieten. Die Buchstaben a, b, ab, ac und bc geben signifikante Unterschiede an.

4.2. Redundanzanalysen: Effekte von Landbedeckung und Klima

Die höchsten Artenzahlen (inkl. der für Bestäuber) und Biomassen sowie der niedrigste Artenwechsel wurden in Habitaten erfasst, die zu einem hohen Anteil eine niederwüchsige Vegetation aufwiesen (Abb. 5). Ähnliche Werte wiesen urbane und landwirtschaftlich genutzte Flächen auf. Die niedrigsten Artenzahlen (inkl. der für Bestäuber) und Biomassen sowie der höchste Artenwechsel wurden in Wäldern erfasst (Abb. 5).

Es konnte kein klarer Zusammenhang zwischen Schutzgebietskategorie (geschützt, wenig geschützt, ungeschützt) und Artenzahlen sowie Biomasse festgestellt werden (Abb. 5). So liegen einige Standorte mit der höchsten Insektenvielfalt in weniger geschützten (Landschaftsschutzgebieten) oder ungeschützten Gebieten. D.h., einzelne Hotspots der Insektenbiodiversität sind bislang nicht ausreichend geschützt.

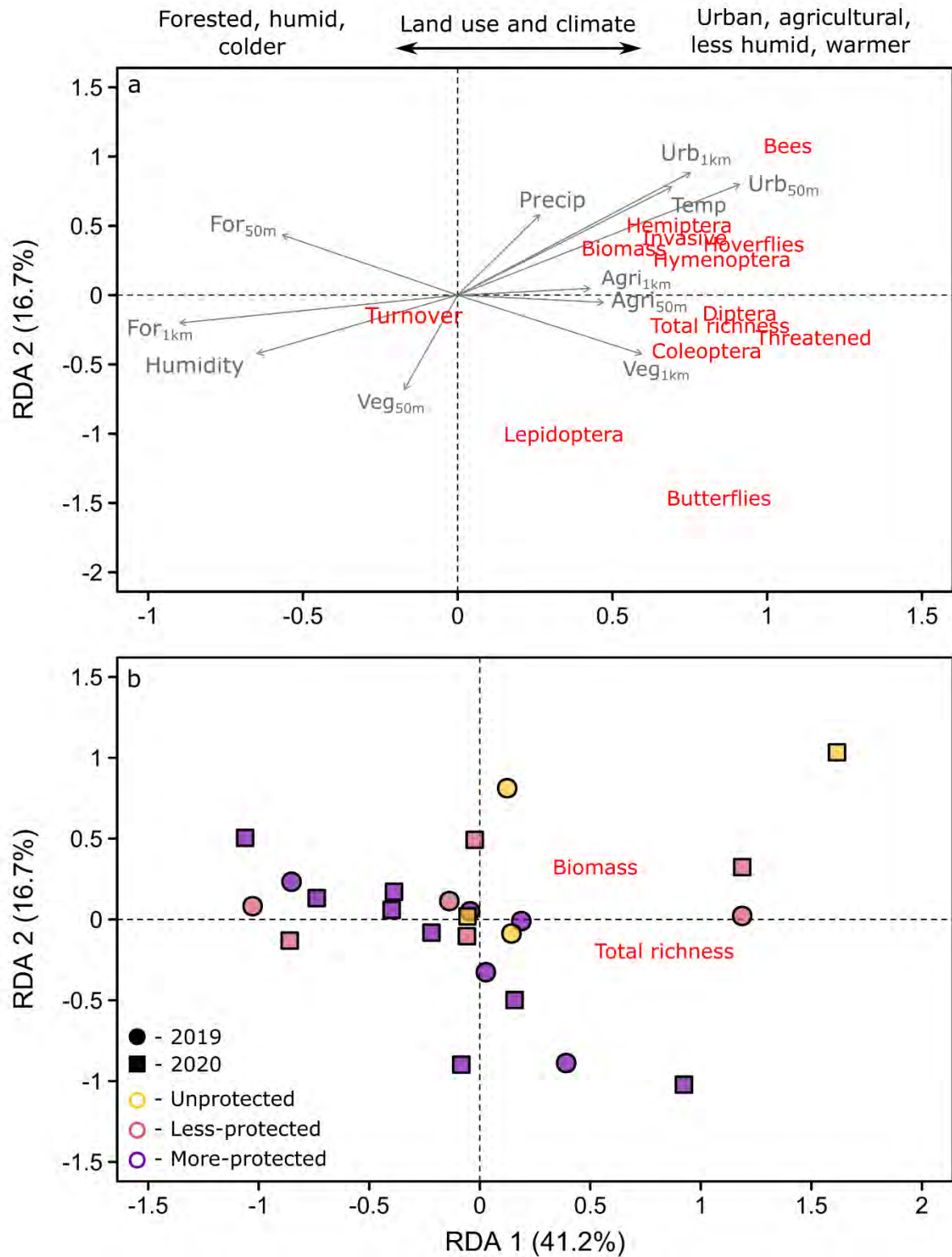


Abb. 5: Redundanzanalyse: taxonomische Diversität im Verhältnis zur Landbedeckung und Klima (oben) sowie Beziehung von Artenzahl und Biomasse zu Schutzstatus (unten).

5. Diskussion und Bewertung der Ergebnisse

Von den insgesamt nachgewiesenen 20.511 plausiblen Insektenarten konnten 7.154 validiert werden (siehe auch Kap. 2.1). Da der Validierungsschritt in einem anderen Projekt erfolgte (Buchner et al. 2023) und dort nur die Daten aus 2019 und 2020 verwendet wurden, ist unter Berücksichtigung der Daten aus 2021 und 2022 von einer deutlich höheren Anzahl valider Insektenarten auszugehen. Bei den übrigen 13.357 Arten handelt es sich unserer Meinung nach mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit ebenfalls um valide Arten, was aber aus folgenden Gründen nicht überprüft werden konnte: a) für die Art gibt es bislang keinen Barcode (ca. 62% aller in GBOL aufgeführten Insektenarten haben keinen Barcode; Hallmann et al. 2022), b) die Art wurde bislang in Deutschland nicht nachgewiesen oder c) die Art ist bislang gänzlich unbekannt (neu für die Wissenschaft). So haben z.B. Karlsson et al. (2020) ca. 1% der Proben aus dem schwedischen Malaisefallen-Programm vollständig ausgewertet und dabei 4.000 Insektenarten nachgewiesen, von denen ca. 1/3 neu für Schweden und 700 neu für die Wissenschaft waren.

Die in der Gruppe der Bestäuber zusammengefassten Bienen, Schwebfliegen und Tagfalter umfassen in Deutschland ca. 1.240 Arten. Basierend auf validen Arten konnten mittels der 14 Fallen 460 Bestäuber nachgewiesen werden, was 37,1% der bundesweiten Arten dieser drei Gruppen entspricht. Die Anzahl der invasiven Arten lag mit 11 sehr viel niedriger und hängt vor allem damit zusammen, dass es kaum invasive Insektenarten gibt.

Die Biomasse der 14 Malaisefallen lag mit durchschnittlich 3,3 g/Tag etwas höher als die zuletzt von Hallmann et al. (2017) ermittelten Werte (2011-2016 ca. 2 g/Tag). Berücksichtigt man, dass die Öffnung der hier verwendeten Malaisefallen ca. 30% geringer ist als die der in Hallmann et al. (2017) verwendeten Fallen (Uhler et al. 2022) und die Expositionsdauer hier länger und damit stärker in die Übergangsjahreszeiten verschoben ist, wird der Unterschied noch größer. Grob überschlagen, könnte unter Berücksichtigung dieser Korrekturfaktoren der durchschnittliche Wert bei ca. 4,5-5 g/Tag liegen. Im Hinblick auf die Artenzahlen konnten hier mittels 14 Fallen 20.511 plausible Arten nachgewiesen werden. Zum Vergleich: Uhler et al. (2021) haben basierend auf 179 Malaisefallen in 2019 7.589 Arten (BINs) in Bayern nachgewiesen.

Der hier gezeigte, saisonale Verlauf von Biomasse und Artenzahlen war in allen Untersuchungsjahren kurvenförmig mit Maxima im Sommer. Dies entspricht der allgemeinen Erwartung, wurde aber basierend auf >20.000 Insektenarten bislang noch nicht gezeigt. Zudem widerlegt es auch den teilweise gegensätzlichen Verlauf von Biomasse und Artenzahlen in Uhler et al. (2021). Letzterer ist möglicherweise dadurch beeinflusst, dass lediglich 3 Probezeitpunkte für die Bestimmung der Artenzahl berücksichtigt wurden.

Interessanterweise verhält sich der Artenwechsel (Turnover) genau umgekehrt zu Biomasse und Artenzahlen mit den geringsten Werten im Sommer. Trotz hoher Biomasse und Artenzahlen ist die Stabilität der Insektengemeinschaften zu dieser Jahreszeit am höchsten. Dennoch sind insgesamt die Artenwechselzahlen recht hoch und zeigen, dass eine umfassende Dokumentation der Insektengemeinschaften nicht mittels einzelner Stichproben gelingen kann, sondern wie hier durchgeführt, einen Zeitraum von mindestens einem halben Jahr umfassen sollte (gesamtes Sommerhalbjahr).

Die Redundanzanalysen haben gezeigt, dass die Landbedeckung vorgibt, welche Art von Insektengemeinschaft auftritt. Dabei scheint die Vegetationshöhe eine wichtige Rolle zu spielen, wobei eine niederwüchsige Vegetation diversere und stabilere Insektengemeinschaften, inklusive einer höheren Anzahl von Bestäubern und gefährdeten Arten beherbergt. Dies könnte die größere Vielfalt an unterschiedlichen verfügbaren Ressourcen in niederwüchsiger Vegetation widerspiegeln (z.B. Blumen, Sträucher, Hecken, Feldfrüchte usw.).

6. Fazit, Forschungsbedarf und Handlungsempfehlungen

Für Deutschland gibt das Bundesamt für Naturschutz (BfN; <https://www.bfn.de/daten-und-fakten/artenzahlen-der-tiere-pflanzen-und-pilze-deutschland-und-weltweit>) > 71.500 Tier-, Pflanzen- und Pilzarten an, darunter ca. 34.000 Insekten (Hallmann et al. 2022). Allein in dem hier vorliegenden Projekt wurden mittels lediglich 14 Malaisefallen 20.511 plausible Insektenarten nachgewiesen, was gut 60% der bekannten Insektenfauna Deutschlands entspricht. Berücksichtigt man, dass Malaisefallen zwar viele, aber nicht alle Insektenarten erfassen, dokumentiert die hier gewählte Methodik (Malaisefallen und DNA-Metabarcoding) eine Vielfalt an Insektenarten in noch nie dagewesenem Umfang. Bezieht man ferner die oben wiedergegebenen Erkenntnisse aus dem schwedischen Malaisefallen-Programm ein (Karlsson et al. 2020), liegt die Vermutung nahe, dass in Deutschland wie auch Hessen eine größere Anzahl an Insekten vorkommt, als bislang bekannt ist. Malaisefallen in Kombination mit DNA-Metabarcoding können einen wesentlichen Beitrag zur Schließung dieser Wissenslücke leisten.

Unser Insektenmonitoring mittels Malaisefallen und DNA-Metabarcoding ermöglicht vor dem Hintergrund des zunehmenden Biodiversitätsverlustes und den Limitationen des „klassischen“ Biomonitorings, das sich auf überwiegend artenarme Organismengruppen beschränkt, einen nie dagewesenen Einblick in Biodiversitätsunterschiede der mit Abstand größten Artengruppe und ihre Treiber. Ein solches Monitoring erfasst einen sehr viel größeren Teil der Biodiversität als alle bisherigen, terrestrischen Monitoringprogramme zusammen. Der Aufwand für den Fallenbetrieb im Freiland beträgt ca. 6 Stunden pro Falle und Jahr zuzüglich Fahrzeit (Buchner et al. 2023). Die Laboranalysen erfolgen überwiegend automatisiert (DNA-Metabarcoding-Kosten pro Probe: ca. 50 €; Buchner et al. 2023), so dass dieser Monitoringansatz mit vergleichsweise geringem Personal-, Zeit und Kostenaufwand verbunden ist. Wir empfehlen daher die Fortführung des Malaisefallen-Monitorings in Hessen sowie eine Ausdehnung auf weitere hessische Gebiete.

Letzteres ist u.a. auch deshalb sinnvoll, weil unsere Studie keinen klaren Zusammenhang zwischen einerseits Biomasse und Artenzahlen (und Anzahl gefährdeter Arten) und andererseits dem Schutzstatus der Umgebung des jeweiligen Fallenstandortes zeigt. Unsere Datenbasis ist bislang nicht ausreichend, um allgemeine Rückschlüsse über die Bedeutung von Schutzgebieten für die Insektenbiodiversität in Hessen zu ziehen. Hierfür bedarf es einer breiteren Datenbasis, um besser abschätzen zu können, welche Rolle Schutzgebiete für Insekten spielen.

7. Literaturverzeichnis

- Buchner, D., Leese, F. 2020. BOLDigger – a Python package to identify and organise sequences with the Barcode of Life Data systems. *Metabarcoding and Metagenomics*, 4, e53535. <https://doi.org/10.3897/mbmg.4.53535>
- Buchner, D., Macher, T.-H., Leese, F. 2022. APSCALE: Advanced pipeline for simple yet comprehensive analyses of DNA metabarcoding data. *Bioinformatics*, btac588. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btac588>
- Buchner, D., Beermann, A. J., Hoerren, T. P. B., Enss, J., Frenzel, M., Li, Y., Mueller, J., Pauls, S. U., Sorg, M., L.-D. Consortium, Haase, P., Leese, F. 2023. German-wide Malaise trap metabarcoding estimates over 33,000 insect species. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2023.05.04.539402>
- CABI ISC (Centre for Agriculture and Biosciences International Invasive Species Compendium). 2023. Invasive species compendium database. <http://www.cabi.org/isc/> (accessed 16 February 2023).
- Gollasch, S., Kühn, I., Wong, L. J., Pagad, S. 2022. Global Register of Introduced and Invasive Species - Germany. Invasive Species Specialist Group ISSG. <https://doi.org/10.15468/yazb1f>
- Hallmann, C. A., Hörren, T., Ssymank, A., Sumser, H., Schwan, H., Stenmans, W., Vischer-Leopold, M., Schäffler, L., Sorg, M. 2022. Spatial, temporal and taxonomic patterns of insect extinction in Germany. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2022.12.19.521006>
- Hallmann C. A., Sorg, M., Jongejans, E., Siepel, H., Hofland, N., Sumser, H., Kroon, H. 2017. More than 75 percent decline over 27 years in total flying insect biomass in protected areas. *Plos One* 12(10): e0185809.
- Karlsson, D., Hartop, E., Forshage, M., Jaschhof, M., Ronquist, F. 2020. The Swedish Malaise trap project: a 15 year retrospective on a countrywide insect inventory. *Biodiversity Data Journal*, 8.
- Oksanen, J., Simpson, G., Blanchet, F., Kindt, R., Legendre, P., Minchin, P., O'Hara, R., Solymos, P., Stevens, M., Szoecs, E., Wagner, H., Barbour, M., Bedward, M., Bolker, B., Borcard, D., Carvalho, G., Chirico, M., De Caceres, M., Durand, S., Evangelista, H., FitzJohn, R., Friendly, M., Furneaux, B., Hannigan, G., Hill, M., Lahti, L., McGlinn, D., Ouellette, M., Ribeiro Cunha, E., Smith, T., Stier, A., Ter Braak, C., Weedon, J. 2022. *vegan: Community ecology package*.
- Riembauer, G., Weinmann, A., Xu, S., Eichfuss, S., Eberz, C., Neteler, M. 2021. Germany-wide Sentinel-2 based land cover classification and change detection for settlement and infrastructure monitoring. Publications Office, LU.
- Uhler, J., Redlich, S., Zhang, J., Hothorn, T., Tobisch, C., Ewald, J., Thorn, S., Seibold, S., Mitesser, O., Morinière, J., Bozicevic, V., Benjamin, C. S., Englmeier, J., Fricke, U., Ganuza, C., Haensel, M., Riebl, R., Rojas-Botero, S., Rummeler, T., Uphus, L., Schmidt, S., Steffan-Dewenter, I., Müller, J. 2021. Relationship of insect biomass and richness with land use along a climate gradient. *Nature Communications* 12:5946.
- Uhler, J., Haase, P., Hoffmann, L., Hothorn, T., Schmidl, J., Stoll, S., Welti, E.A.R., Buse, J., Müller, J. 2022. A comparison of different Malaise trap types. *Insect Conservation and Diversity* 15: 666–672.
- Vamos, E., Elbrecht, V., Leese, F. 2017. Short COI markers for freshwater macroinvertebrate metabarcoding. *Metabarcoding and Metagenomics* 1: 718 e14625.
- Welti, E.A.R., Zajicek, P., Ayasse, M., Bornholdt, T., Buse, J., Dziock, F., Engelmann, R. A., Englmeier, J., Fellendorf, M., Förschler, M. I., Frenzel, M., Fricke, U., Ganuza, C., Hippke, M., Hoenselaar, G., Kaus-Thiel, A., Mandery, K., Marten, A., Monaghan, M. T., Morkel, C., Müller, J., Puffpaff, S., Redlich, S., Richter, R., Botero, S. R., Scharnweber, T., Scheiffarth, G., Schmidt Yáñez, P., Schumann, R., Seibold, S., Steffan-Dewenter, I., Stoll, S., Tobisch, C., Twietmeyer, S., Uhler, J., Vogt, J., Weis, D., Weisser, W. W.,

Wilmking, M., and Haase, P. 2022. Climate, latitude, and land cover predict flying insect biomass across a German malaise trap network. *Insect Conservation and Diversity* 15: 168–180.

8. Anhang

Die Abbildungen 6 und 7 zeigen die Biomasse der Leerungen aus 2019 für RMO und NPKE. Die Expositionsdauer variierte zwischen 13 und 14 Tagen.

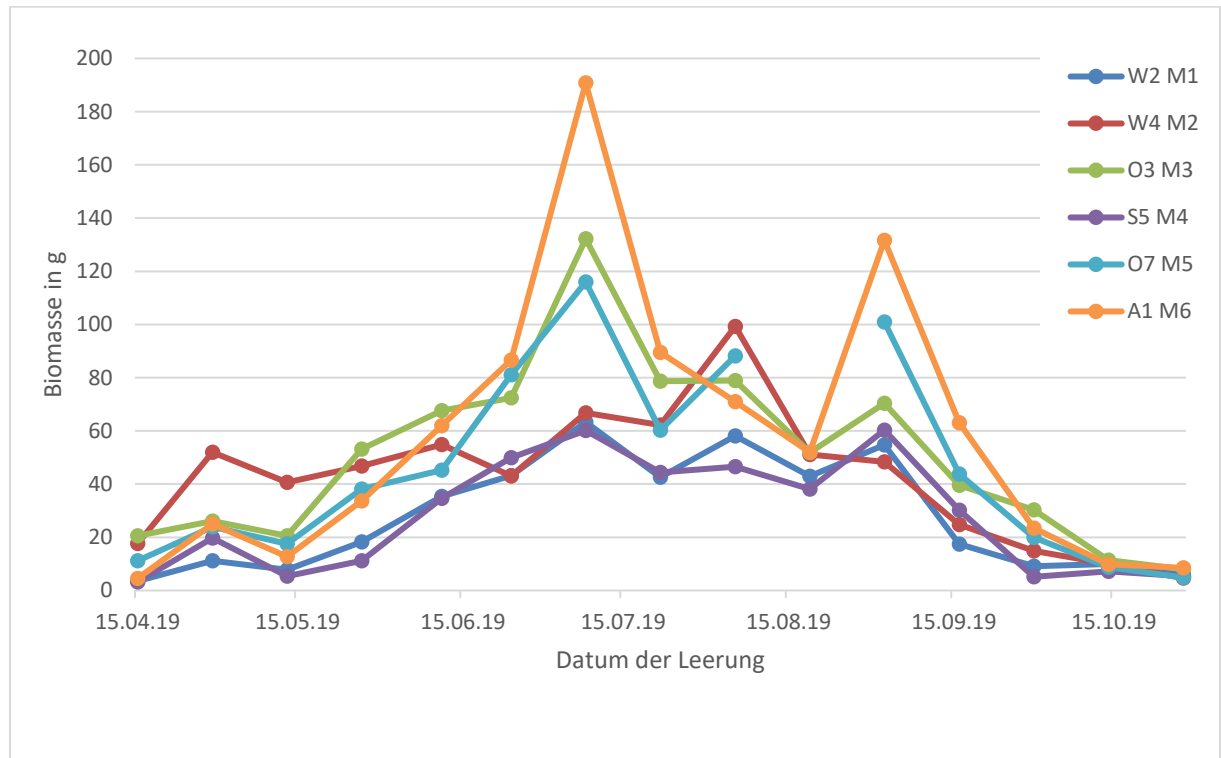


Abb. 6: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (13-15 Sammeltage) im Jahr 2019 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Rhein-Main-Observatorium. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode. In der Datenreihe der Falle O7 M5 ist wegen eines Sturms eine Probe verloren gegangen, was zu einer Datenlücke führt.

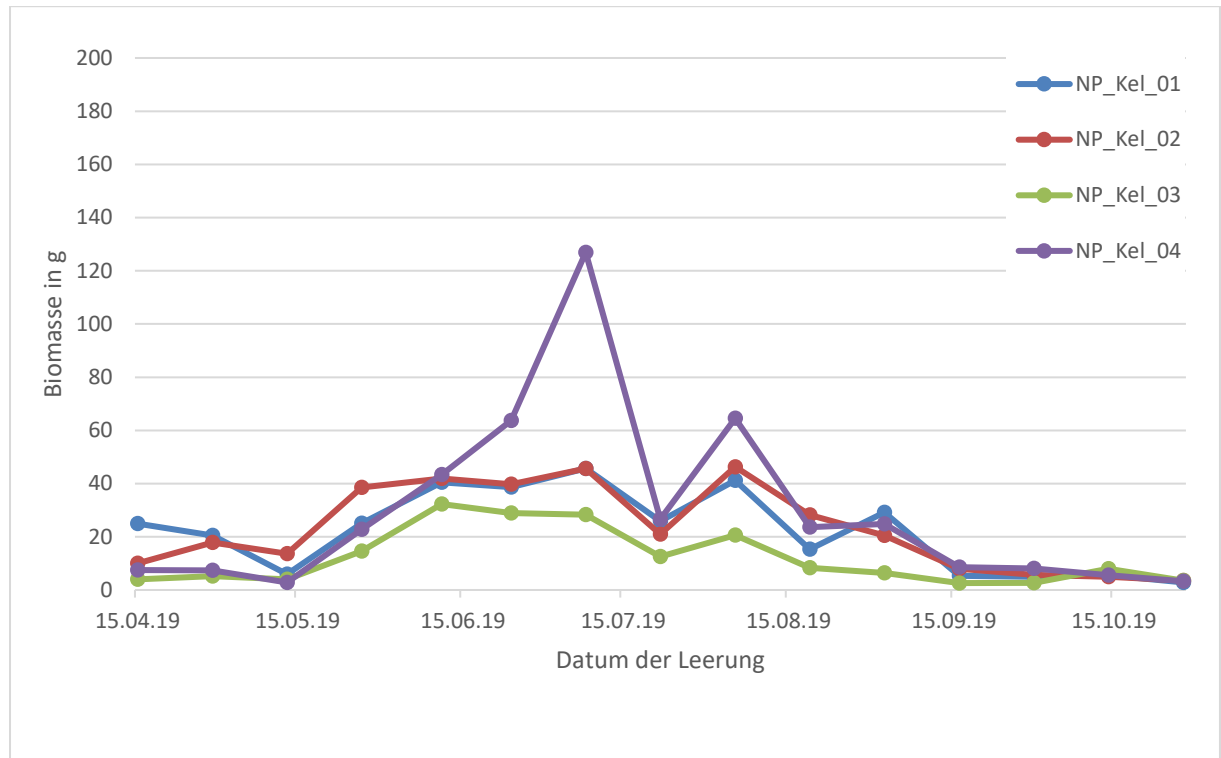


Abb. 7: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (13-15 Sammeltage) im Jahr 2019 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Nationalpark Kellerwald-Edersee. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode.

Die Abbildungen 8, 9 und 10 zeigen die Biomasse der Leerungen aus 2020 für alle drei Gebiete. Die Expositionsdauer variierte zwischen 13 und 14 Tagen.

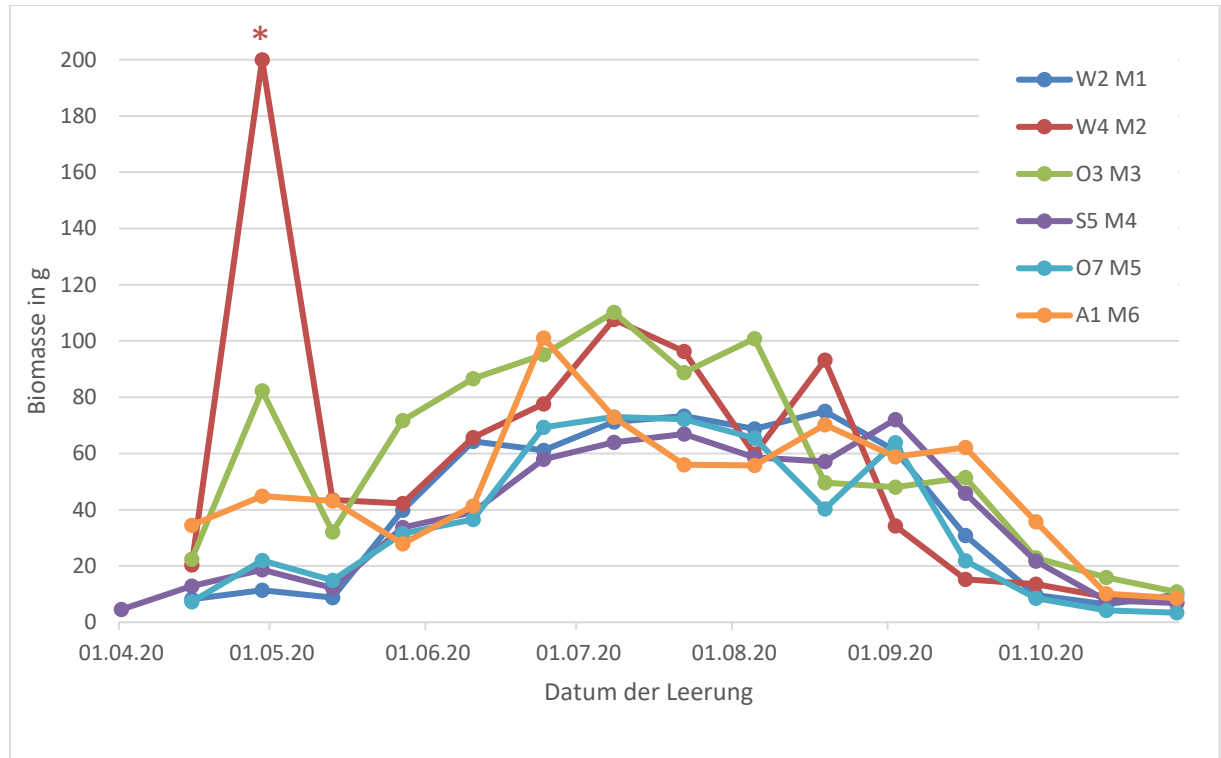


Abb. 8: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (13-14 Sammeltage) im Jahr 2020 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Rhein-Main-Observatorium. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode. Der mit * markierte Wert liegt bei 351 g.

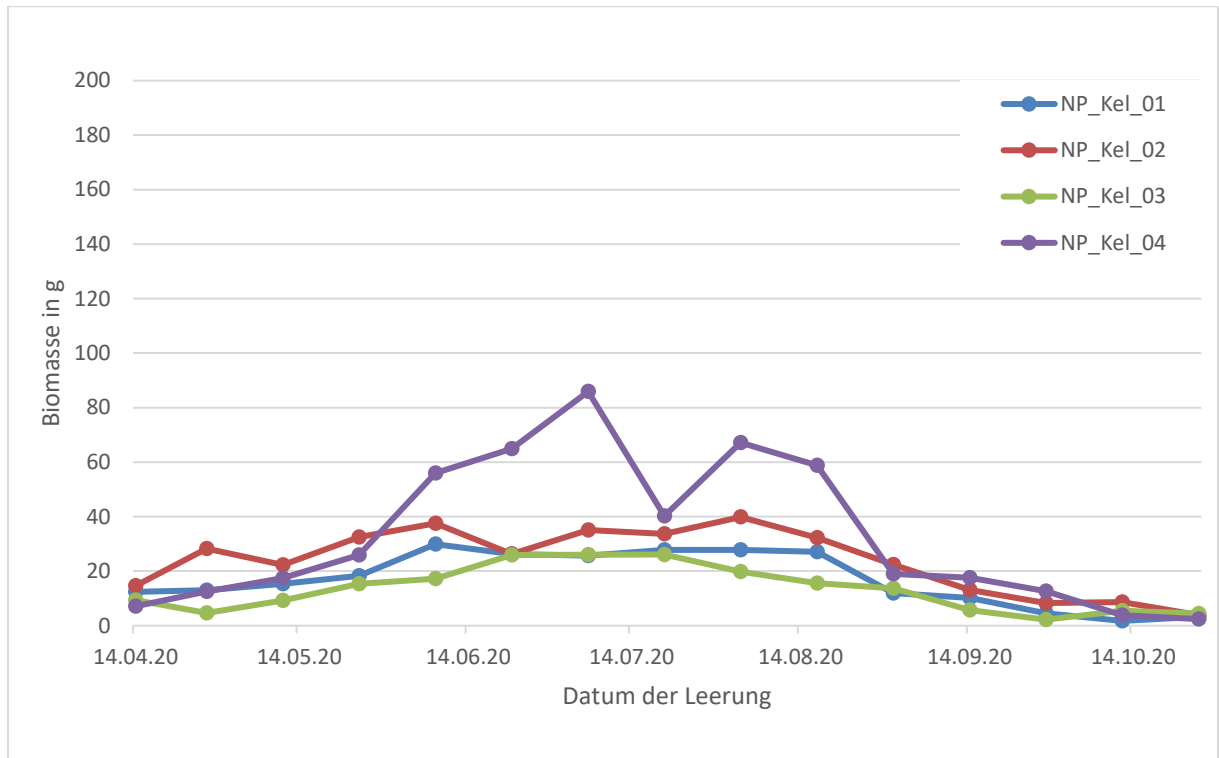


Abb. 9: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (13-14 Sammeltage) im Jahr 2020 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Nationalpark Kellerwald-Edersee. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode.

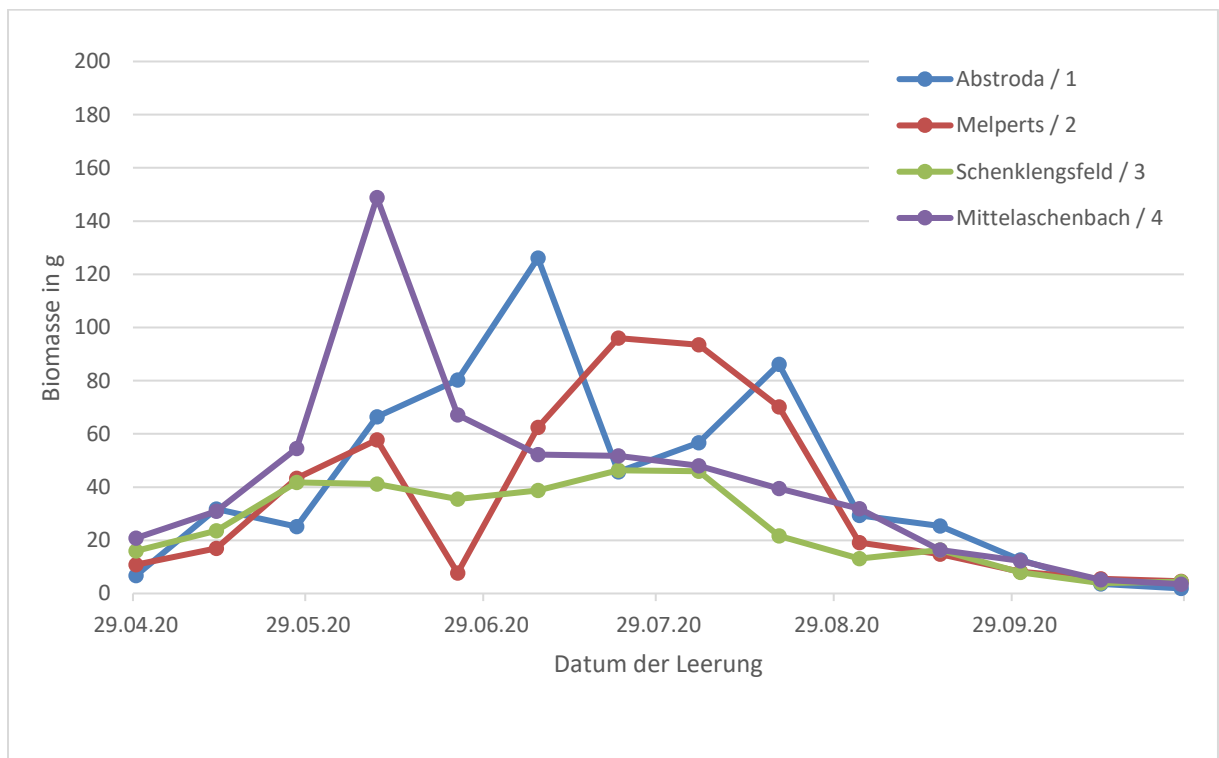


Abb. 10: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (13-14 Sammeltage) im Jahr 2020 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Biosphärenreservat Hessische Rhön. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode.

Die Abbildungen 11, 12 und 13 zeigen die Biomasse der Leerungen aus 2021 für alle drei Gebiete. Die Expositionsdauer betrug 14 Tage.

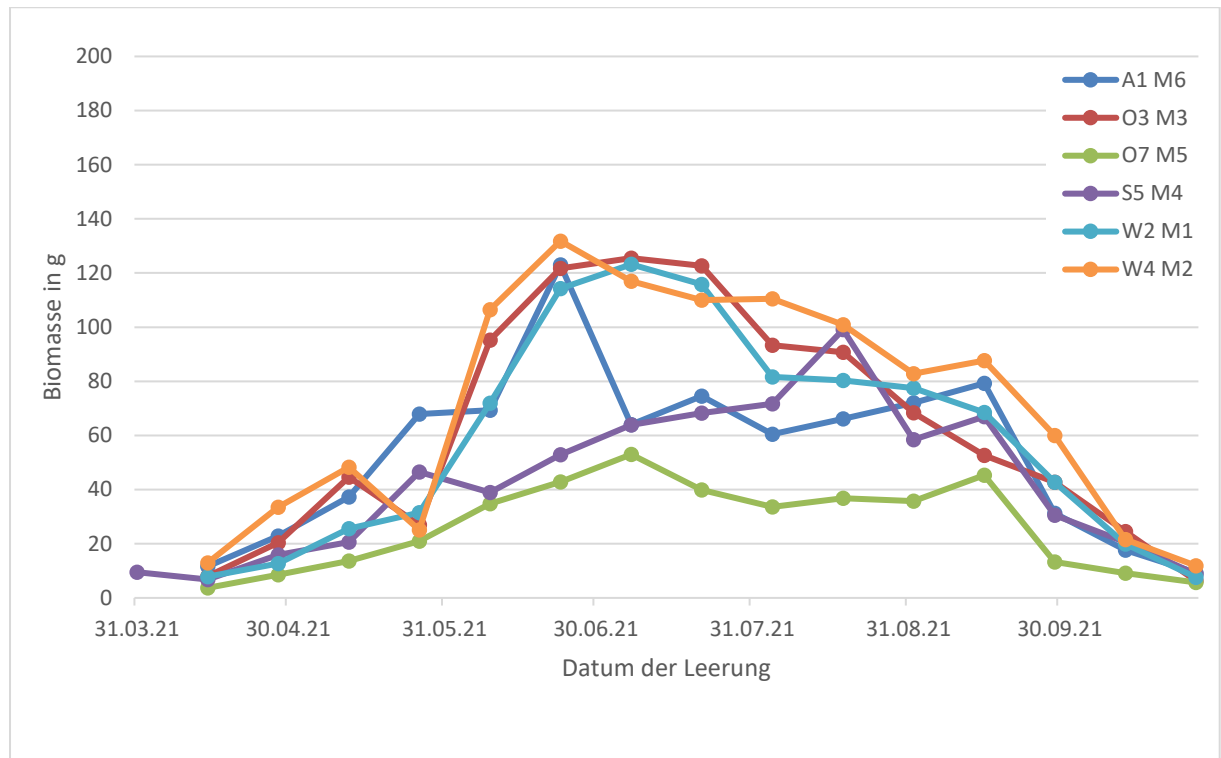


Abb. 11: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (14 Sammeltage) im Jahr 2021 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Rhein-Main-Observatorium. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode.

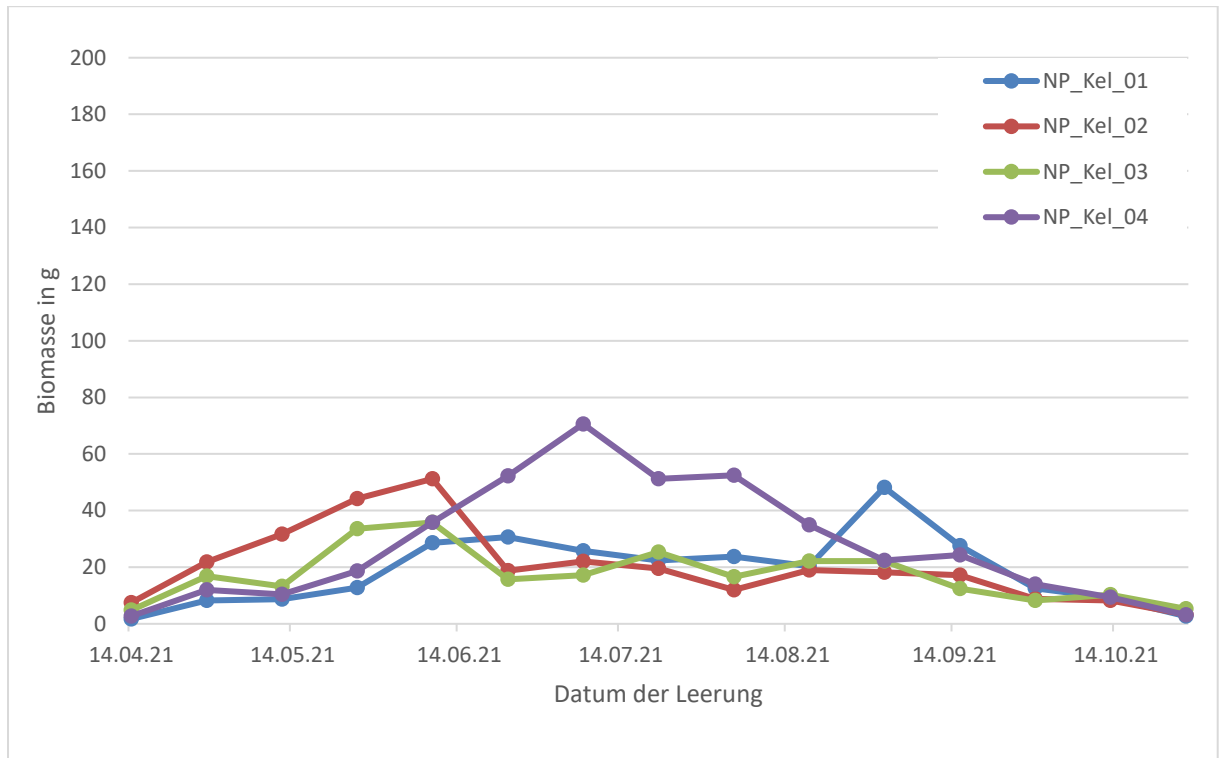


Abb. 12: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (14 Sammeltage) im Jahr 2021 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Nationalpark Kellerwald-Edersee. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode.

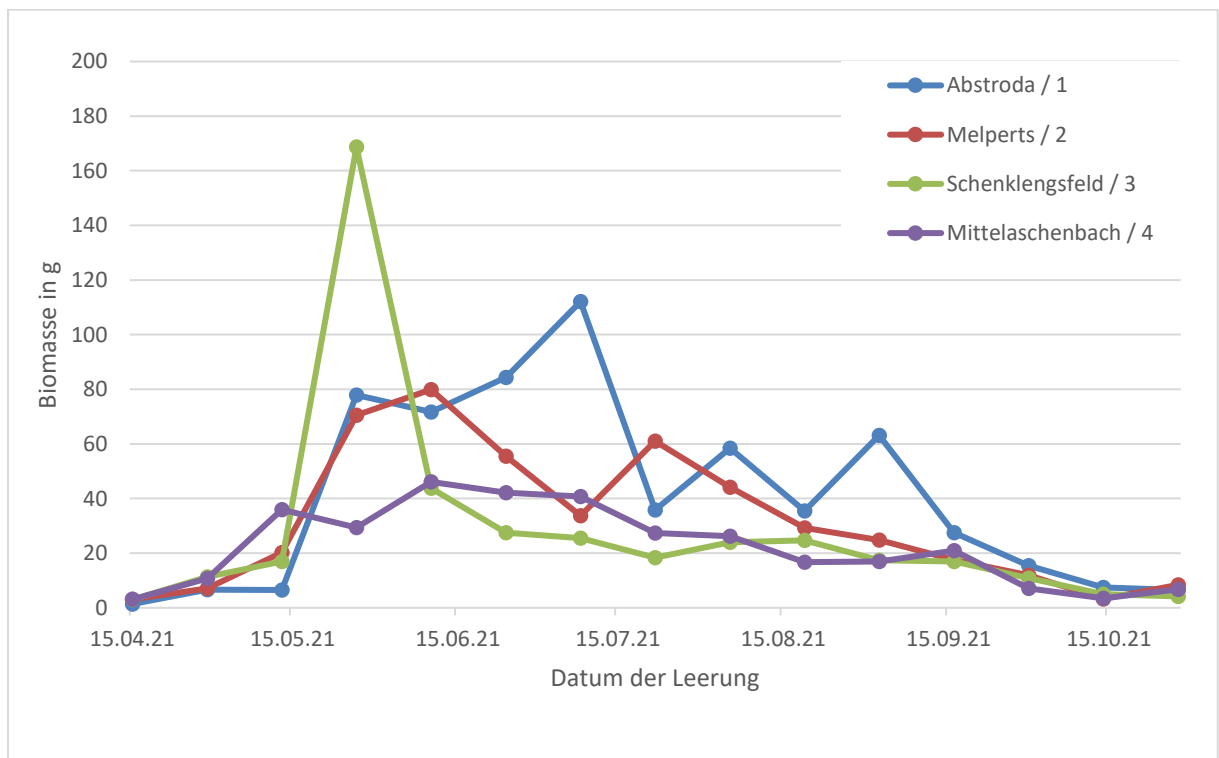


Abb. 13: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (14 Sammeltage) im Jahr 2021 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Biosphärenreservat Hessische Rhön. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode.

Die Abbildungen 14, 15 und 16 zeigen die Biomasse der Leerungen aus 2022 für alle drei Gebiete. Die Expositionsdauer betrug 14 Tage.

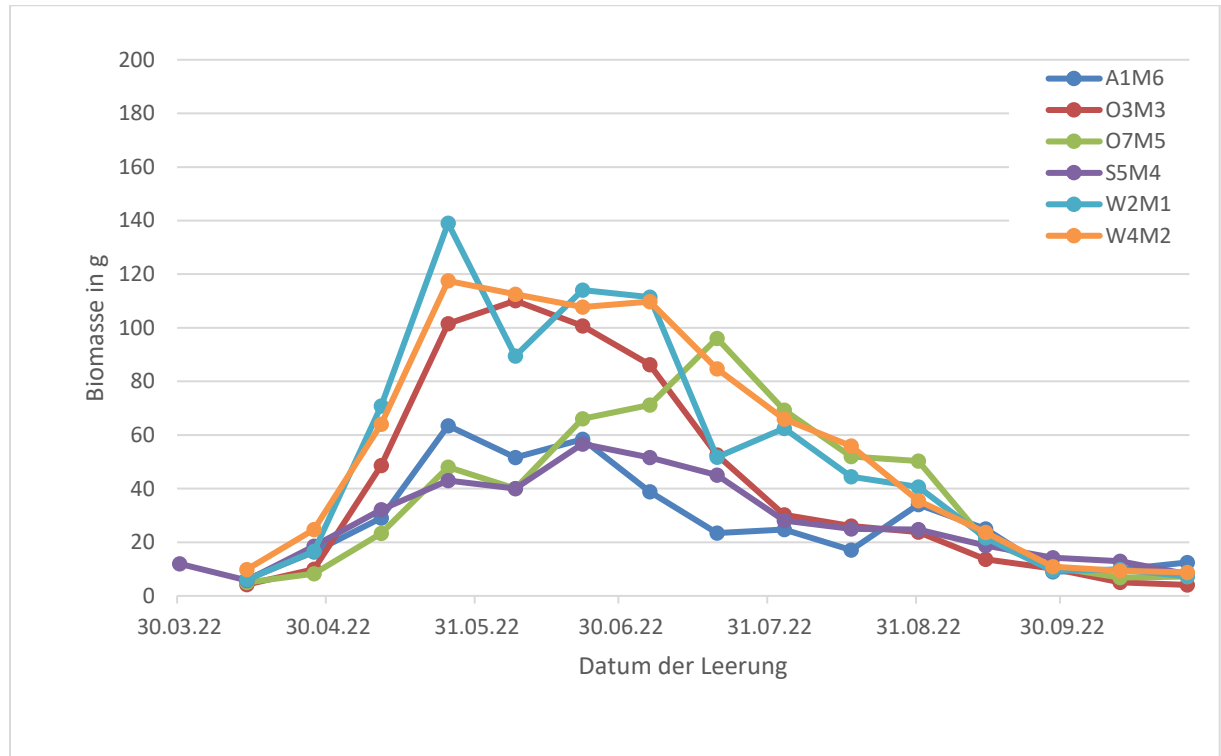


Abb. 14: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (14 Sammeltage) im Jahr 2022 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Rhein-Main-Observatorium. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode

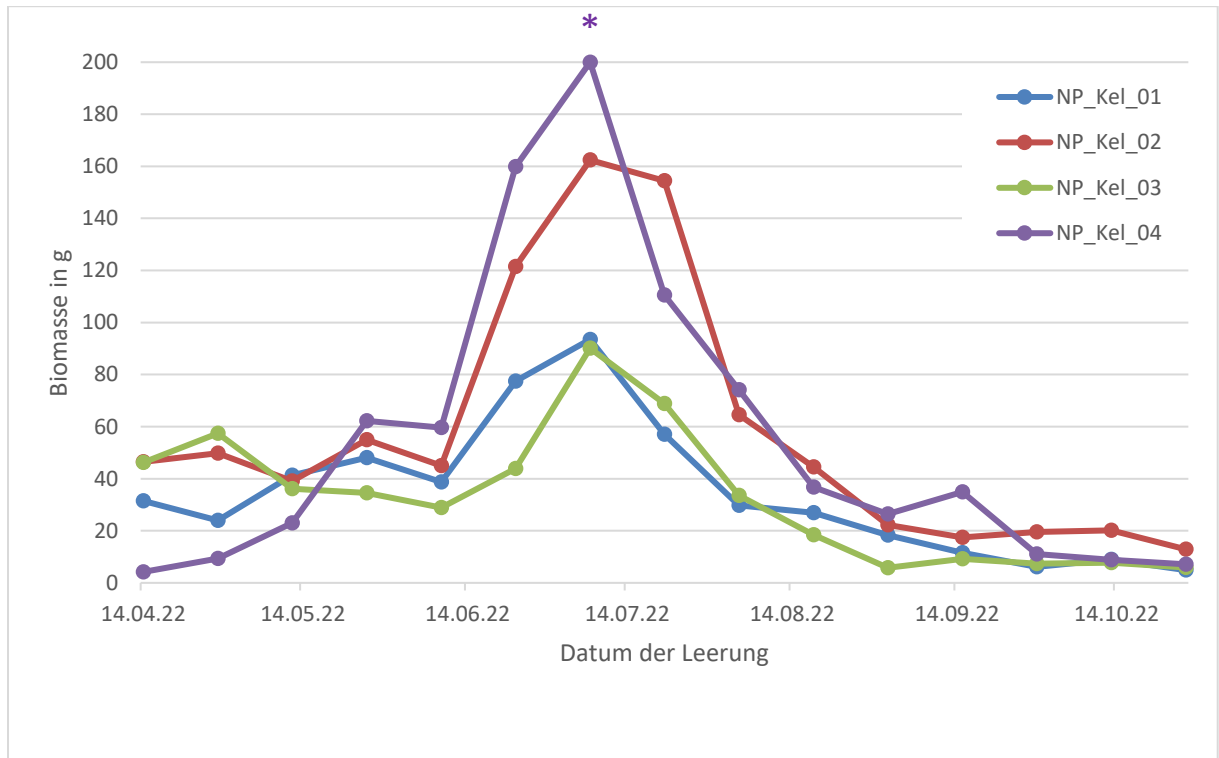


Abb. 15: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (14 Sammeltage) im Jahr 2022 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Nationalpark Kellerwald-Edersee. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode. Der mit * markierte Wert liegt bei 210,1 g.

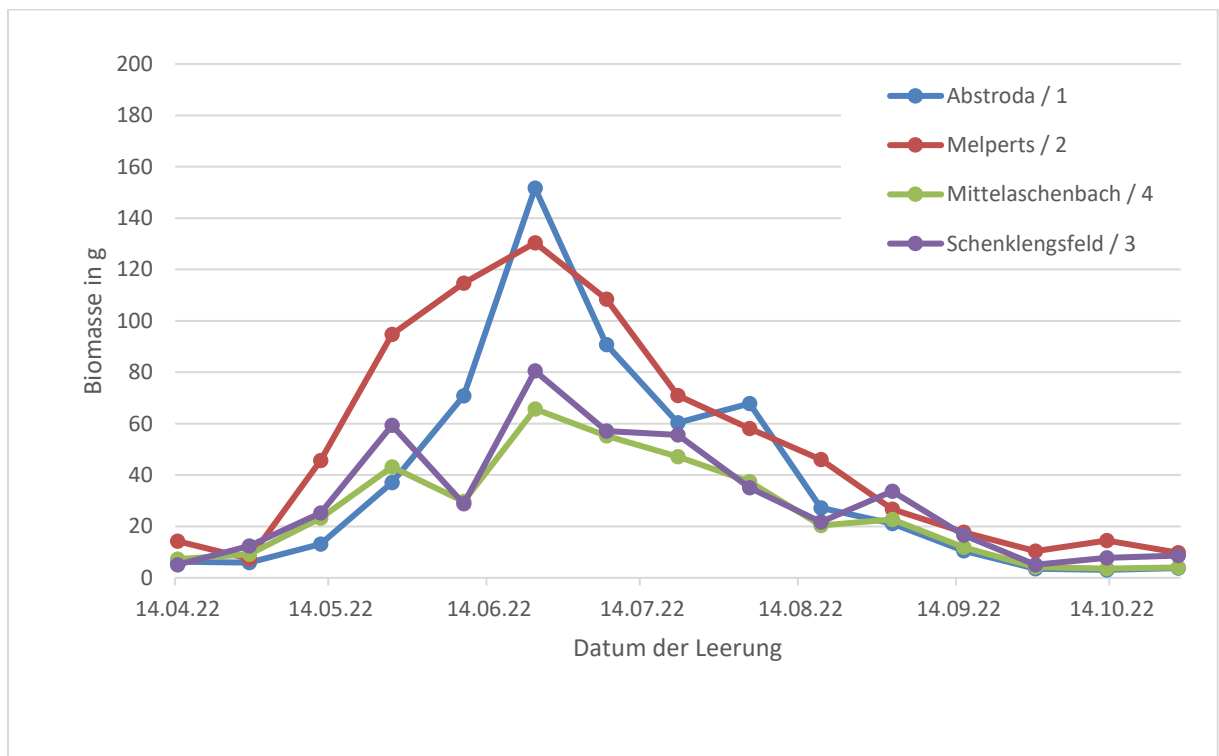


Abb.16: Gesammelte Insektenbiomasse in g pro Leerung (14 Sammeltage) im Jahr 2021 über die Daten der Leerungen für jede Falle (dargestellt in verschiedenen Farben) im Biosphärenreservat Hessische Rhön. Der Datenpunkt markiert die Biomasse am Ende der Fangperiode.