



Johannes Burmeister

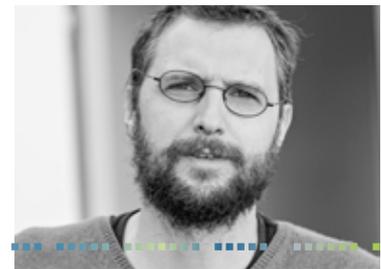
»Angesichts des fortschreitenden Rückgangs der Insekten, der auch häufige Arten erfasst hat, ist es nötig, deren Bestand zu überwachen, um ein Zusammenleben von Menschen und Insekten auf Äckern und Wiesen langfristig zu gewährleisten.«



ÖKOLOGISCHE VIELFALT MIT DNA-METABARCODING

Weltweit gibt es einen dramatischen Rückgang der Insekten.

Diese Entwicklung ist leider auch für die bayerische Kulturlandschaft zu beklagen. Dabei sind Insekten für unsere Landwirtschaft nicht nur Fressfeinde, Parasiten und Krankheitsüberträger, sondern auch Bestäuber oder Widersacher von Pflanzenschädlingen. Die Landwirtschaft trägt für den Insektenschwund eine Mitverantwortung. Darum ist es wichtig, durch effektive Agrarumweltmaßnahmen, durch neue Anbausysteme oder bestimmte förderliche Pflanzenarten, Menge und Vielfalt an Insekten wieder zu erhöhen.



Johannes Burmeister,
Ökologe mit Schwerpunkt Insekten in der Agrarlandschaft

Die LfL mit ihrem Institut für Ökologischen Landbau, Bodenkultur und Ressourcenschutz beobachtet seit Jahren die Veränderungen in Agrarökosystemen. Die Erfassung der Artenvielfalt und das Monitoring der Insektenbestände auf Agrarland, sowie der Zusammenhang mit der Bewirtschaftung sind eine wichtige Aufgabe aktueller angewandter Forschung. Johannes Burmeister und seine Kolleginnen und Kollegen arbeiten dabei mit einer der modernsten Methoden zur Artenbestimmung: Dem DNA-Metabarcoding, der genetischen Analyse von DNA-Sequenzen von Mischproben. Das DNA-Metabarcoding zeigt schnell und verlässlich den Zustand der Biodiversität auf Agrarflächen und überprüft die Wirksamkeit von Umweltmaßnahmen für eine bessere Landwirtschaft.

Insektenmonitoring auf Basis der bayerischen DNA-Bibliothek

Drei Viertel aller Tierarten in Bayern sind Insekten und leider auch bei uns geht Vielfalt und Masse an Käfern, Fliegen, Schmetterlingen, Libellen oder Wanzen in den letzten Jahrzehnten deutlich zurück. Umso wichtiger ist das Monitoring zum Zustand der Insektenbestände in Bayern, vor allem weil dies Rückschlüsse auf die gesamte ökologische Vielfalt der Agrarlandschaft zulässt. Das Institut für Ökologischen Landbau, Bodenkultur und Ressourcenschutz untersucht seit seinem Bestehen die komplexen Ökosysteme auf landwirtschaftlichen Flächen. Um den Zustand der Artenvielfalt zu messen und zu bewerten, sammelt die Arbeitsgruppe Bodentiere an repräsentativen Beobachtungsflächen Regenwürmer und Gliederfüßer. In mühevoller Arbeit werden die Tiere unter dem Mikroskop sortiert und gezählt. Diese Arbeit im Labor nimmt viel Zeit in Anspruch. Das Team um den Ökologen Johannes Burmeister setzt bei der Erfassung und Bestimmung von Insekten darum jetzt

verstärkt auf die genetische Analyse durch das DNA-Metabarcoding. Dies ist möglich geworden, nachdem an der Zoologischen Staatssammlung in München (ZSM) mit dem Projekt „Barcoding Fauna Bavarica“ an der Erfassung eines mitochondrialen DNA-Abschnittes der gesamten Tierwelt Bayerns gearbeitet wird. In Zusammenarbeit mit dem ZSM-Spin off Advanced Identification Methods GmbH können die Wissenschaftler der LfL diese DNA-Bibliothek des Lebens in Bayern als Grundlage für die automatisierte Erkennung von DNA-Sequenzen für die Artzuordnung im Hochdurchsatz nutzen.

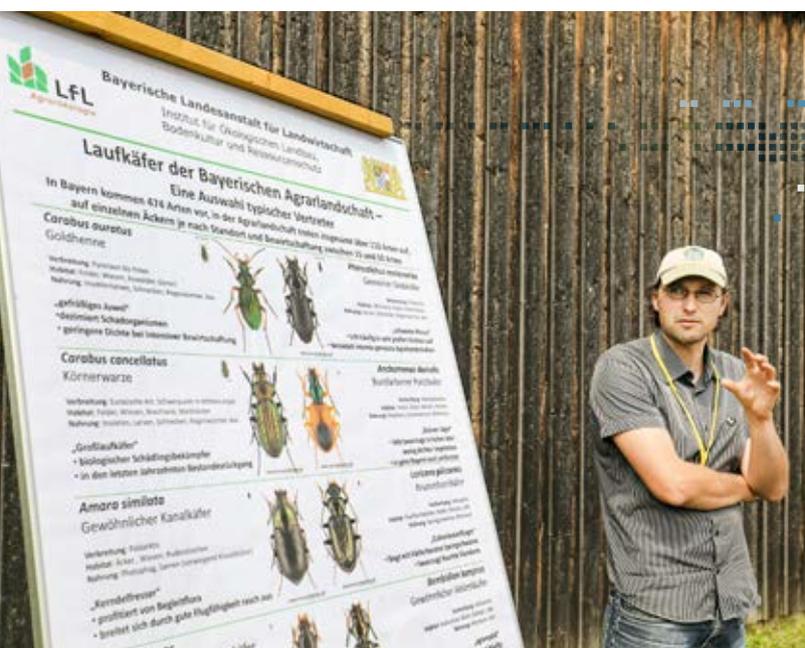
Leuchtturmprojekte der LfL zur Artenvielfalt in Agrarlandschaften

Ein Schwerpunkt der Arbeit am Institut für Ökologischen Landbau, Bodenkultur und Ressourcenschutz sind derzeit Projekte zur Bewertung von Agrarumweltmaßnahmen. Dabei wird bei der Analyse erstmals im größeren Stil auf das DNA-Metabarcoding gesetzt. Premiere hatte die Methode bei der

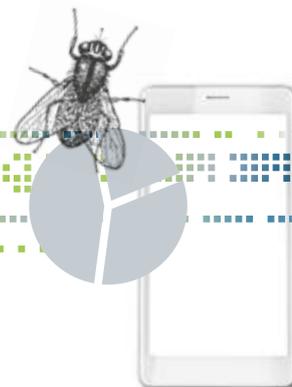


Hightech-Alternative zum Insektenzählen: DNA-Analytik im Genetik-Labor

Suche nach Alternativen für den Mais als Energiepflanze. Beim Testanbau von mehrjährigen Energiepflanzen wurde die Fauna an zwei Standorten und je vier verschiedenen Kulturen untersucht. Dazu wurden Insekten mit Laubsaugern gesammelt, aussortiert und analysiert. Bei der Energiepflanze Riesenweizengras konnten die meisten Arten (138) nachgewiesen werden, gefolgt von den Flächen mit abgeernteter Sida (113) und Silphie (112). Die geringste Artenzahl wurde auf den Vergleichspartellen mit Mais nach der Ernte festgestellt (84).



Auch die Agrarlandschaft ist ein Lebensraum: Johannes Burmeister erläutert das anhand einer Tafel zu Laufkäfern auf bayerischen Äckern



Johannes Burmeister

»Die insektenfreundliche Gestaltung der bayerischen Gewässerränder, die Nutzung von alternativen Energiepflanzen und der ökologische Landbau können eine Antwort auf aktuelle Herausforderungen sein.«



Deutlich mehr Insekten: Gewässerrandstreifen in der Kulturlandschaft sind potenzielle Hotspots für die Artenvielfalt

Aktuell nimmt die Landesanstalt besonders die Gewässerrandstreifen und das Grünland unter die Lupe. 2019 und 2020 wurden in acht Regionen Bayerns (72 Grünlandflächen, 40 Gewässerränder, 40 Ackerflächen) sogenannte Malaise-Fallen aufgestellt. Das Abtropfgewicht der Insekten in den Malaisefallen betrug auf Ackerflächen gemittelt über alle Proben 2,9 g pro Tag und lag auf den Grünlandflächen durchschnittlich bei 3,5 g pro Tag. Bei der Bewertung von Gewässerrandstreifen ist die Gesamtauswertung für das Jahr 2019 dank DNA-Metabarcoding bereits abgeschlossen. In den Proben von 78 Malaise-Fallen konnten mindestens 1642 Insektenarten nachgewiesen werden. Über 90 Prozent entfielen dabei auf die fünf artenreichen Ordnungen der Zweiflügler (Fliegen,

Mücken), Hautflügler (Wespen, Bienen, Schlupfwespen, Ameisen), Schmetterlinge und Käfer. Alle in Bayern heimischen Insektenordnungen mit Ausnahme der Flöhe und Läuse konnten nachgewiesen werden. Die Landesanstalt entwickelt gerade weitere Fallstudien zur Insektenfauna in der Agrarlandschaft und prüft Möglichkeiten zur Umsetzung eines auf die Bedürfnisse der Landwirtschaft ausgerichteten Monitorings der biologischen Vielfalt. Schon jetzt ist aber klar: Die insektenfreundliche Gestaltung der bayerischen Gewässerränder, die Nutzung von alternativen Energiepflanzen und der ökologische Landbau sind gute Beispiele, wie man aktuellen Herausforderungen wie dem Insektensterben begegnen kann.



Praktisches Instrument der Biodiversitätserfassung: die Malaise-Falle

Die Fangmethode: Malaise-Fallen

Malaise-Fallen sind Zeltfallen zum Fang von fliegenden Insekten, benannt nach dem schwedischen Entomologen René Malaise (1892 bis 1978). Die Insekten geraten während ihres Fluges in den dunklen unteren Teil des Zeltes und fliegen dann dem Licht entgegen in den hellen oberen Teil des Zeltes. Dort befindet sich ein Gefäß mit hochprozentigem Alkohol, indem die Tiere konserviert werden. Malaise-Fallen sind automatische Fallen und selektieren nicht. Daher dürfen sie nur kontrolliert zum Einsatz kommen und müssen regelmäßig gewartet werden. In Deutschland muss ihre Verwendung genehmigt werden. Sie eignen sich hervorragend zur Biodiversitätserfassung und im Monitoring und werden von der Landesanstalt seit einigen Jahren mit Erfolg genutzt.



Bewohner bayerischer Kulturlandschaft (von oben nach unten): Kupferfarbener Buntgräbläufer – *Poecilus cupreus*; Großes Grünes Heupferd – *Tettigonia viridissima*; Körniger Laufkäfer – *Carabus granulatus*; Rotgelber Weichkäfer – *Rhagonyha fulva* – zusätzlich Stachel- und Schnellkäfer; Streifenwanze – *Graphosoma italicum*

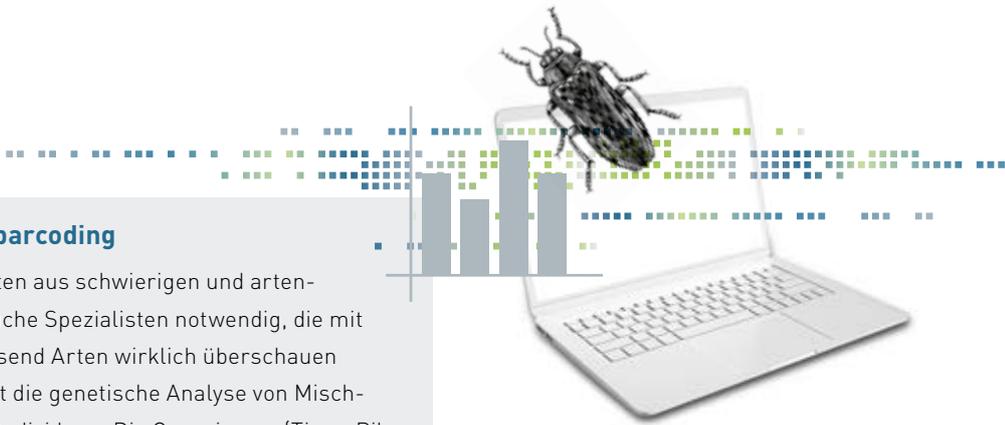
ÜBERSICHT

Insektenordnungen	Ordnung	Sequenzen analysiert	OTUs ("operational taxonomic units")	Arten (geschätztes Minimum)
Zweiflügler	Diptera	20.257.000	4252	823
Hautflügler	Hymenoptera	1.054.900	1377	401
Schmetterlinge	Lepidoptera	1.640.500	409	341
Käfer	Coleoptera	1.111.200	451	321
Schnabelkerfe	Hemiptera	356.000	421	185
Köcherfliegen	Trichoptera	28.800	68	58
Heuschrecken	Orthoptera	620.000	1273	21
Netzflügler	Neuroptera	13.400	21	18
Eintagsfliegen	Ephemeroptera	3.000	15	11
Steinfliegen	Plecoptera	34.000	12	11
Staubläuse	Psocoptera	1.100	19	9
Kamelhalsfliegen	Raphidioptera	1.700	8	4
Libellen	Odonata	800	4	4
Schlammfliegen	Megaloptera	200	3	3
Schnabelfliegen	Mecoptera	1.600	3	3
Fransenflügler	Thysanoptera	<100	3	2
Schaben	Blattodea	1900	4	1
Ohrwürmer	Dermaptera	54.900	3	1
Fächerflügler	Strepsiptera	<100	1	1
Summe		25.181.100	8347	2218

Große Artenvielfalt ist auch in der Agrarlandschaft möglich: Mindestens 2218 Insektenarten konnte die LfL mithilfe des Metabarcodings nachweisen

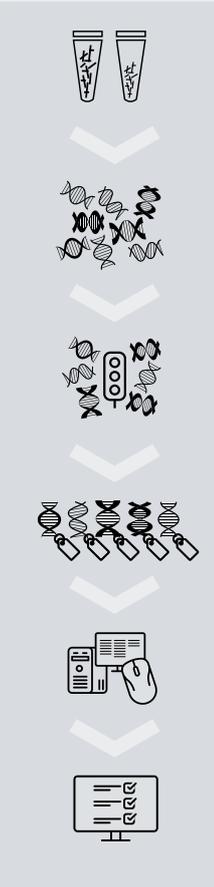
Johannes Burmeister

»Viele Arten sind in der Agrarlandschaft zu Hause, für diese Arten muss die Landwirtschaft Verantwortung übernehmen und mit geeigneten Agrarumweltmaßnahmen ihre Vielfalt, Menge und im eigenen Sinne auch ihre Funktionen für die Landwirtschaft erhalten und fördern.«



Das Analyseverfahren: DNA-Metabarcoding

Bisher waren für die Bestimmung von Arten aus schwierigen und artenreichen Gruppen wie den Insekten zahlreiche Spezialisten notwendig, die mit einiger Sicherheit jeweils nur wenige Tausend Arten wirklich überschauen konnten. Das DNA-Metabarcoding erlaubt die genetische Analyse von Mischproben bestehend aus einer Vielzahl von Individuen. Die Organismen (Tiere, Pilze, Pflanzen, Mikroorganismen) können in einem einzigen Analyseschritt beim DNA-Metabarcoding erfasst werden und müssen nicht wie bei klassischen Methoden einzeln sortiert und identifiziert werden. Ganze Proben von tausenden Individuen werden homogenisiert und mittels Hochdurchsatzmethode (NGS - Next Generation Sequencing) analysiert. Ergebnis sind komplette Artenlisten, die auch selten bearbeitete Tiergruppen wie zum Beispiel Fliegen und Mücken beinhalten und so einen umfassenden Einblick in die Lebensgemeinschaft vor Ort ermöglichen.



1. Homogenisierung der Proben:

Proben werden in zwei Größen fraktioniert, getrocknet, vermahlen und homogenisiert

2. DNA-Extraktion:

Proben werden lysiert und die DNA extrahiert

3. Amplifikation der CO1 Region:

DNA-Barcode Region wird amplifiziert und mit spezifischen Markern versehen

4. Sequenzierung der Amplicons:

Sequenzierung der Abschnitte mit Illumina NGS-Technik

5. Bioinformatische Aufbereitung:

Qualitätskontrolle und Aufbereitung der Sequenzen

6. Taxonomische Klassifizierung

Daten werden mit Referenzbibliotheken abgeglichen und einem Taxon zugeordnet



DNA-Metabarcoding: Komplexe Analysen aus einer einzelnen Probenentnahme