

# 10 Jahre Förderung & Untersuchung der Insekten-Biodiversität im Apfelanbau

2012 - 2016

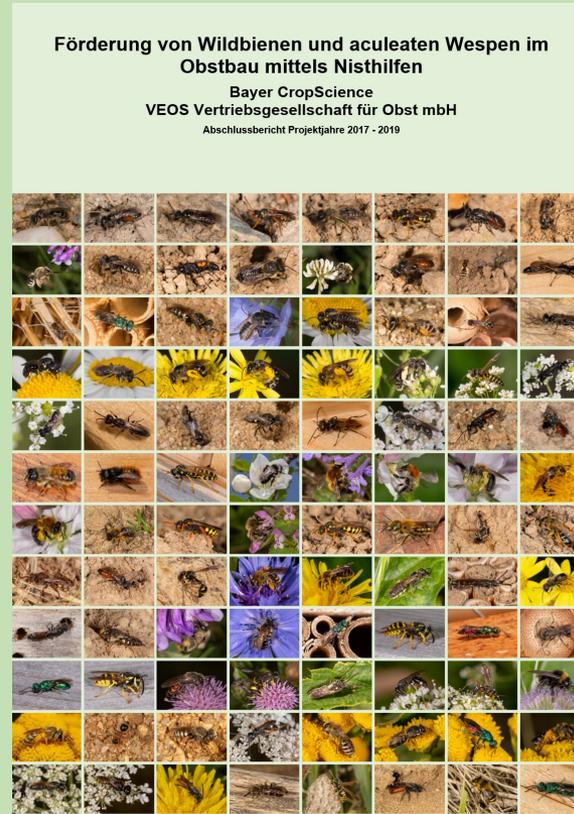
Untersuchung Blühstreifen



Abschlussbericht 2016

2017 - 2019

Erprobung Nisthilfen



Abschlussbericht 2020

2020 - 2021

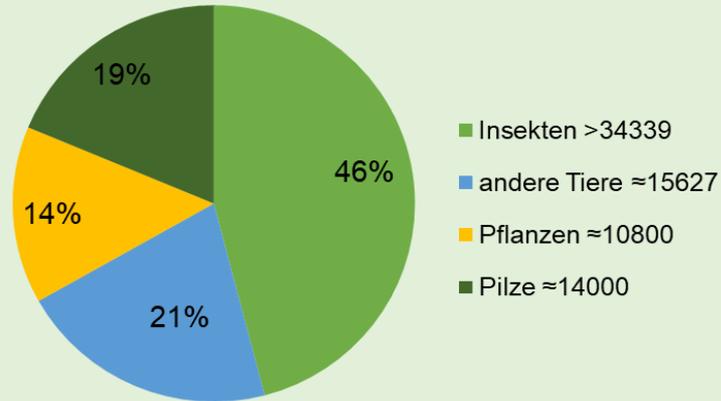
DNA-Metabarcoding

Abschlussbericht geplant 2022

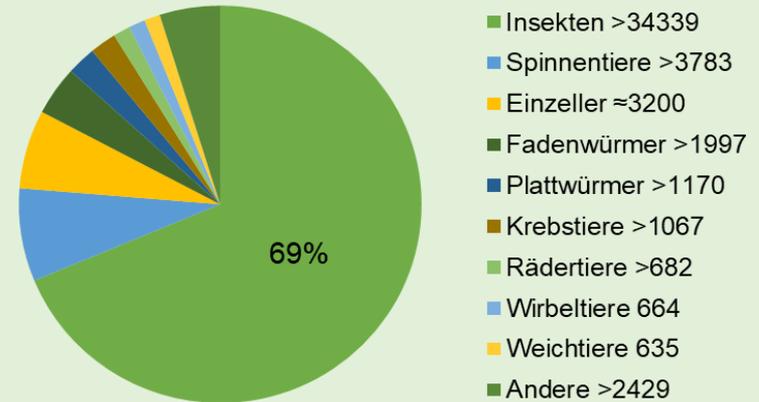
Download der Berichte: <https://freilandoekologie-esser.de/projekte/>

# Organismische Biodiversität in Deutschland

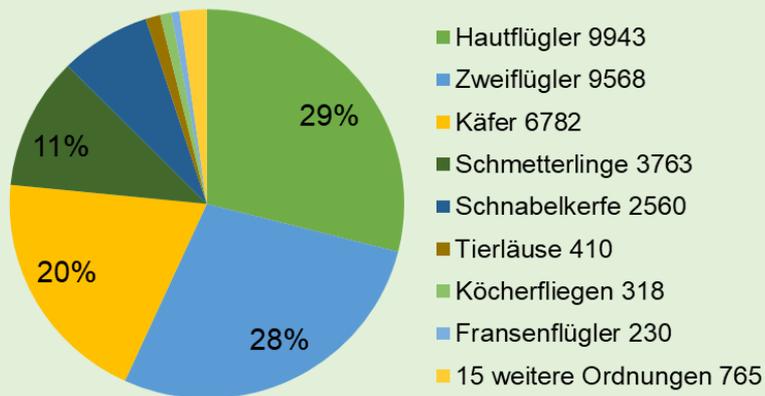
## ≈ 74766 Organismen in Deutschland



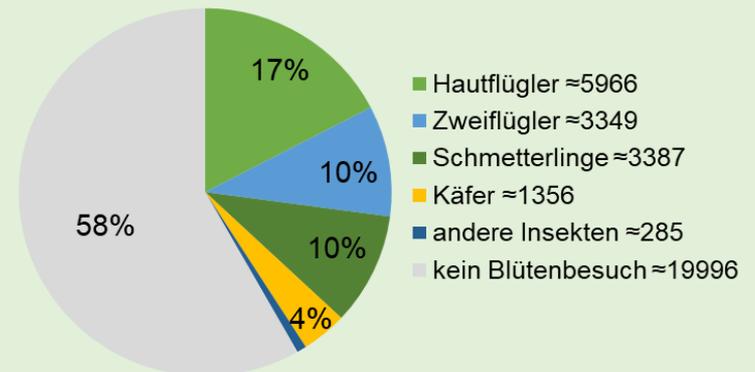
## ≈ 49996 Tierarten in Deutschland



## > 34339 Insektenarten in Deutschland (Stand 05/2021)



## ≈ 14000 von 34339 Insektenarten in Deutschland besuchen Blüten



# Untersuchung Blühstreifen 2012 - 2016



4-jähriger Blühstreifen neben Altanlage



2-jähriger Blühstreifen innerhalb Junganlage

**Fragestellung:** Kann die Biodiversität mittels Blühstreifen gefördert werden?

**Methode:** Klassische Insektenkartierung mittels Kescher & verschiedenen Fallen.

# Blühstreifen 2012 – 2016: Erfassungsmethoden



**a/b:** Malaise-Fallen Blühstreifen/Erntegasse  
**c/d/e:** Gelschalen Blühstreifen/Apfelbaum/Erntegasse  
**f:** Bodenelektor Baumgasse  
**g/h:** Bodenfallen unter Apfelbäumen/aus dem Blühstreifen komplett mit Schnecken gefüllt

**a/b:** Luftelektoren Apfelbäume/Hecke  
**c:** Bodenelektor Blühstreifen  
**f:** Klopfschirm Apfelbäume

**Nicht abgebildet:** Kescherfang, Streifnetzfang, Beobachtungen, Transektzählungen.

# Blühstreifen 2012 – 2016: Ergebnisse



## Untersuchte Insektengruppen:

- Bienen
- aculeate Wespen
- Schwebfliegen
- Bohrfliegen
- Raupenfliegen
- Tagfalter

## Arten in den Blühstreifen:

insgesamt **227**

## Geschätzte Gesamtanzahl

Insektenarten in den

Blühstreifen:

**1600**

## Förderung der Biodiversität:

**Sehr erfolgreich!**

# Erprobung Nisthilfen 2017 – 2019



Erdhügel



Sandfläche und Steilwand

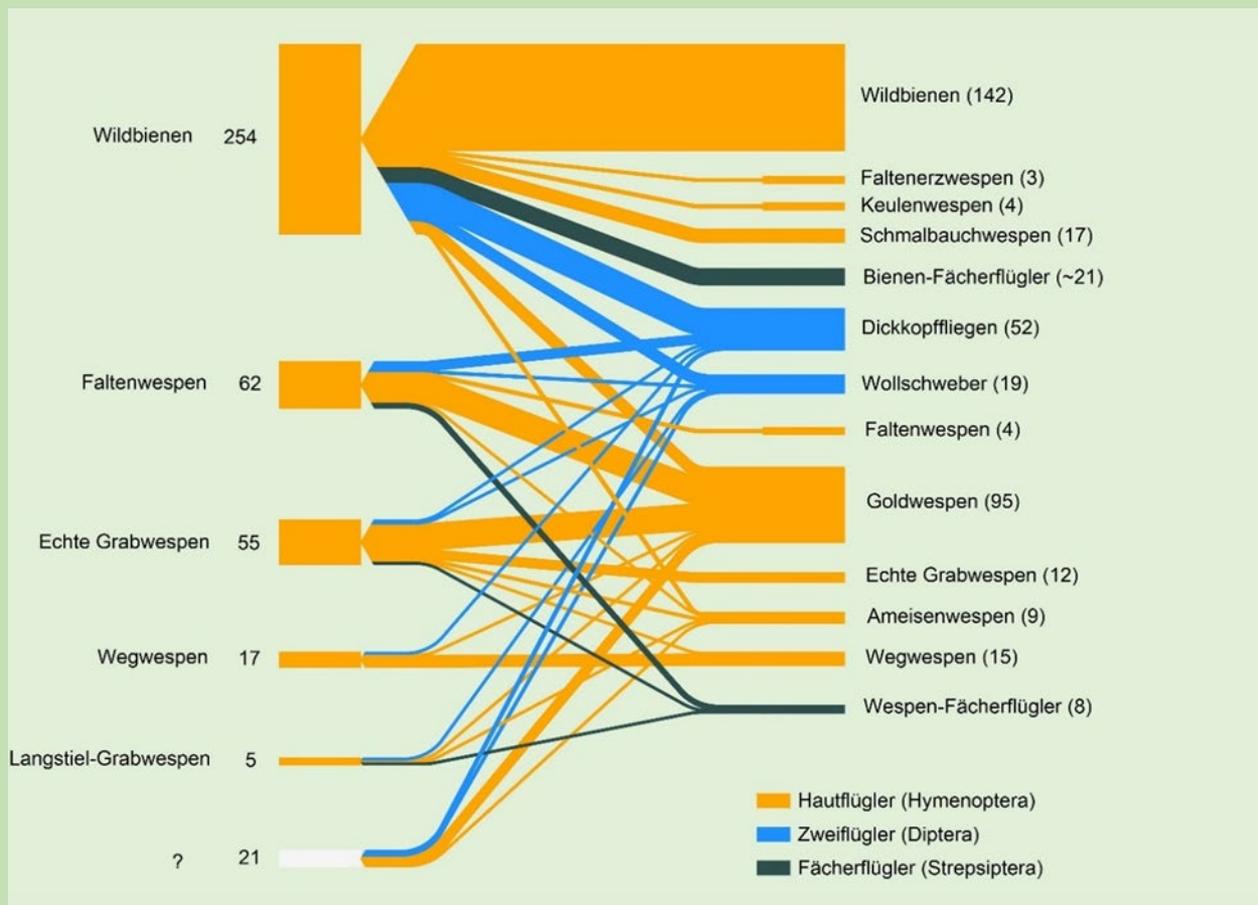


Insektenhotels

**Fragestellung:** Mit welchen Nisthilfen können Bienen und Wespen am besten gefördert werden?

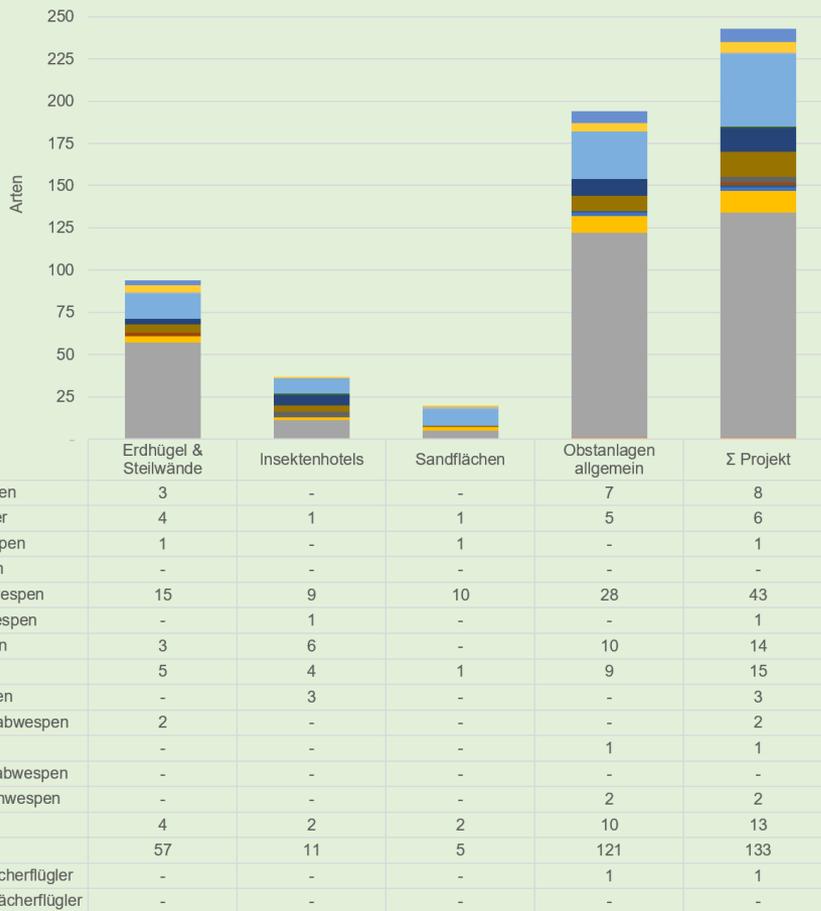
**Methode:** Anlage verschiedener Nisthilfen und Kartierung der Besiedlung (inklusive spezifischer Gegenspieler) über drei Jahre.

# Erprobung Nisthilfen 2017 - 2019: untersuchte Biozönose



In Deutschland sind ca. 401 Arten aus 13 Familien und 3 Insektenordnungen (rechte Spalte, Artenzahl in Klammern) spezifische Gegenspieler von Wildbienen und Wespen. Die linke Spalte summiert die Anzahl der Gegenspieler je Wirtsfamilie. Für 21 Arten ist eine konkrete Zuordnung noch nicht möglich. Da einige Gegenspieler Arten aus verschiedenen Familien als Wirt nutzen, ist die Summe der linken Spalte mit 414 etwas höher als die Anzahl von 401 Gegenspielern.

# Erprobung Nisthilfen 2017 – 2019: Ergebnisse



## Wildbienen, aculeaten Wespen und ihrer spezifischen Gegenspieler in den untersuchten Obstanlagen

	Arten	Population
Wildbienen	133	gestört
Echte Grabwespen	43	gestört
Goldwespen	15	verarmt
Faltenwespen	14	verarmt
Wegwespen	13	verarmt
Dickkopffliegen	8	verarmt
Wollschweber	6	verarmt
Keulenwespen	3	gestört
Langstiel-Grabwespen	2	verarmt
Schmalbauchwespen	2	stark verarmt
Bienen-Fächerflügler	1	fast erloschen
Ameisenwespen	1	stark verarmt
Falten-Erzwespen	1	gestört
Rollwespen	1	verarmt
Wespen-Fächerflügler	0	erloschen
Schaben-Grabwespen	0	?
Dolchwespen	0	?

### Eignung der erprobten Nisthilfen

Erdhügel & Steilwände	sehr gut geeignet
Insektenhotels	gut geeignet
Sandflächen	wenig geeignet

- 243 Arten aus 14 Familien
- geschätzte Gesamtartenzahl ca. 300
- 61 (34 %) der 178 nachgewiesenen Wildbienen und Grabwespen gelten in Sachsen als gefährdet

# DNA-Metabarcoding 2020 - 2021



Brache am Rand einer Altanlage



innerhalb Altanlage



Blühstreifen innerhalb Junganlage

**Fragestellung:** Welche Insektenarten kommen insgesamt in den Anlagen vor und insbesondere welche Nützlinge?

**Methode:** Malaise-Fallen und DNA-Metabarcoding.

# DNA-Metabarcoding 2020 – 2021: Methodik

## NUCLEOTIDE SEQUENCE

Sequence:

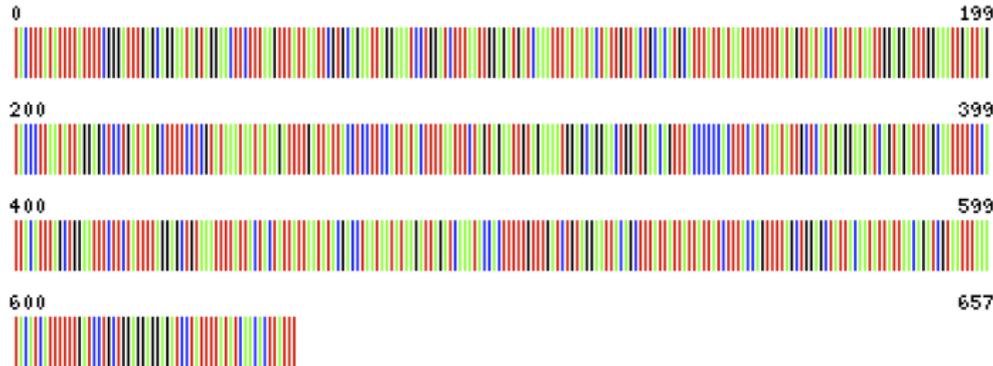
658 bp

```
TACTTTATATTTTATTTTCGGGATTTGAGCAGGAATAGTAGGAACTTCTTTAAGTTTATT
AATTCGTGCAGAATTAGGAAATCCTGGATCTTTAATTGGAGATGATCAAATTTATAATAC
TATTGTTACTGCACATGCATTTATTATAATTTTTTTTATAGTTTATACCTATTATAATTGG
AGGATTTGGAAATTGATTAGTACCCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCTCG
TATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCTCCTCCATTATACTTTTAATTTCTAGTAG
AATTGTAGAAAATGGAGCAGGAACTGGATGAACAGTTTACCCCCACTTTCATCTAATAT
TGCTCATAGAGGAAGATCAGTAGATTTAGCAATTTTCTCATTACATTTAGCTGGAATTC
TTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATFACTACTATTATTAATATACGACCTAATAATAT
AAGATTAGATCAAATACCACCTTTTTGTTTGATCTGTAGGAATTACAGCTTTATTATTATT
ATTATCTTTACCAGTTTGTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGTAATTTAAA
TACATCATTTTTGTGATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTT
```

Composition:

A (206), G (95), C (89), T (268)

## ILLUSTRATIVE BARCODE



**Genetische Artbestimmung:**  
anhand der Basenabfolge eines spezifischen Gens (dem „Barcode“).

**Metabarcoding:**  
Beliebig viele Tiere werden in **einem** Arbeitsgang analysiert (im Projekt jeweils eine komplette Malaise-Fallen Probe).

# BOLD: weltweite Barcoding Datenbank

BOLDSYSTEMS

DATABASES IDENTIFICATION TAXONOMY WORKBENCH RESOURCES LOGIN Q

## BARCODE OF LIFE DATA SYSTEM v4

Advancing biodiversity science through DNA-based species identification.

EXPLORE THE DATA

### DESIGNED TO SUPPORT THE GENERATION & APPLICATION OF DNA BARCODE DATA

BOLD is a cloud-based data storage and analysis platform developed at the Centre for Biodiversity Genomics in Canada. It consists of four main modules, a data portal, an educational portal, a registry of BINs (putative species), and a data collection and analysis workbench.



#### DATA PORTAL

A data retrieval interface that allows for searching over 1.7M public records in BOLD using multiple search criteria including, but not limited to, geography, taxonomy, and depository.



#### EDUCATION PORTAL

A custom platform for educators and students to explore barcode data and contribute novel barcodes to the BOLD database.



#### BIN DATABASE

A searchable database of Barcode Index Numbers (BINs), sequence clusters that closely approximate species.



#### WORKBENCH

A data collection and analysis environment that supports the assembly and validation of DNA barcodes and other sequences.

9,759k

Barcodes

729k

BINs

233k

Animal Species

70k

Plant Species

24k

Fungi & Other Species

Quelle: <http://www.boldsystems.org/> [03.08.2021]

# BOLD: Bearbeitungsstand Insekten

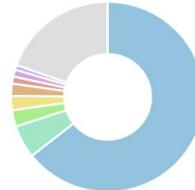
## Statistics

Specimen Records:	9,621,960
Specimens with Sequences:	7,840,509
Specimens with Barcodes:	7,341,784
Species:	294,792
Species With Barcodes:	227,844
Public Records:	5,877,651
Public Species:	203,568
Public BINs:	436,571

SPECIES LIST

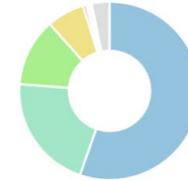
PUBLIC DATA

## Specimen Depositories



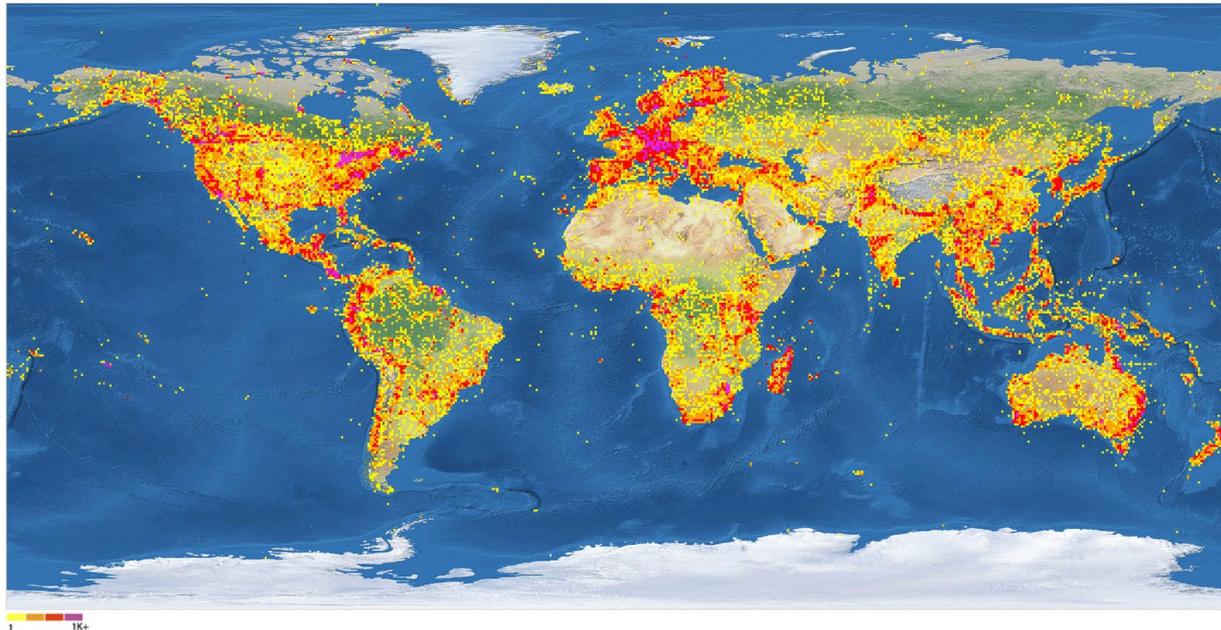
- Centre for Biodiversity Genomics [5809525]
- Mined from GenBank, NCBI [504994]
- SNSB, Zoologische Staatssammlung Muenchen [252830]
- University of Pennsylvania [217401]
- Canadian National Collection of Insects, Arachnids and... [188456]
- Museo Argentino de Ciencias Naturales, Bernardino Riva... [108896]
- Smithsonian Institution, National Museum of Natural Hi... [105546]
- Area de Conservacion Guanacaste [72506]
- 2800 Others [1766498]

## Sequencing Labs



- Biodiversity Institute of Ontario [4177224]
- Canadian Centre for DNA Barcoding [1577059]
- Centre for Biodiversity Genomics [926320]
- Mined from GenBank, NCBI [509848]
- University of Malaya, Museum of Zoology [42203]
- Naturalis Biodiversity Center [30671]
- Beijing Genomics Institute [26329]
- Southern China DNA Barcoding Center [20846]
- 682 Others [239563]

## Collection Sites



Quelle: <http://www.boldsystems.org/> [03.08.2021]

# Morphologische versus genetische Artbestimmung

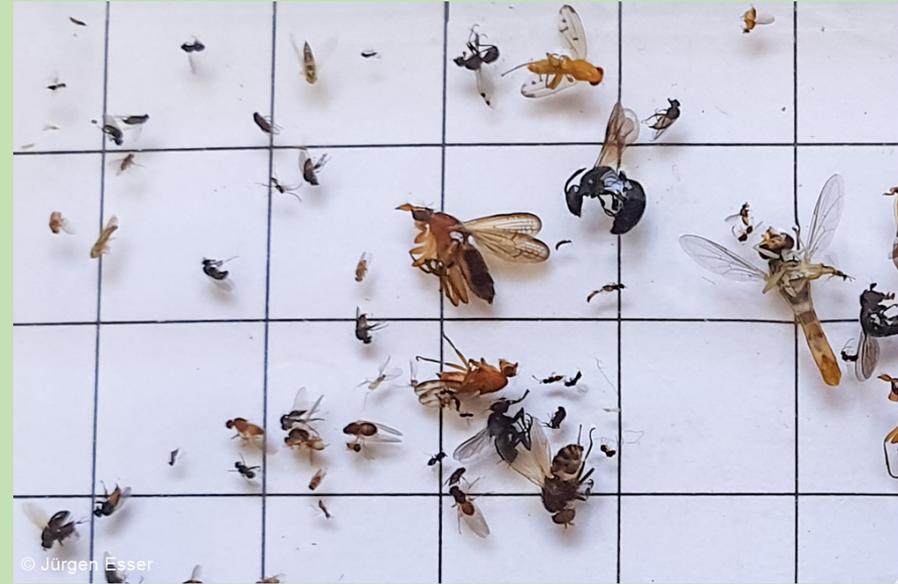
## Klassische Methode:

Präparation der Insekten & morphologische Artbestimmung



## Metabarcoding:

Artbestimmung anhand der Basenabfolge eines spezifischen Gens („Barcode“)



### Vorteile:

- Tiermaterial bleibt erhalten
- quantitative Daten möglich

### Nachteile:

- hoher bis extremer Zeitaufwand (Jahre!)
- hoher bis extremer finanzieller Aufwand
- viele Insektengruppen nicht bearbeitbar (Fehlen von Experten oder morphologische Artbestimmung unmöglich)

### Vorteile:

- geringer Zeitaufwand
- relativ geringer finanzieller Aufwand
- ALLE Tiergruppen bearbeitbar
- Bestimmung per „Mausklick“ beliebig oft wiederholbar: zukünftiger Wissenszuwachs kann immer wieder genutzt werden

### Nachteile:

- Tiermaterial geht verloren
- (noch) keine quantitativen Daten

# Artnachweise 2012 - 2020

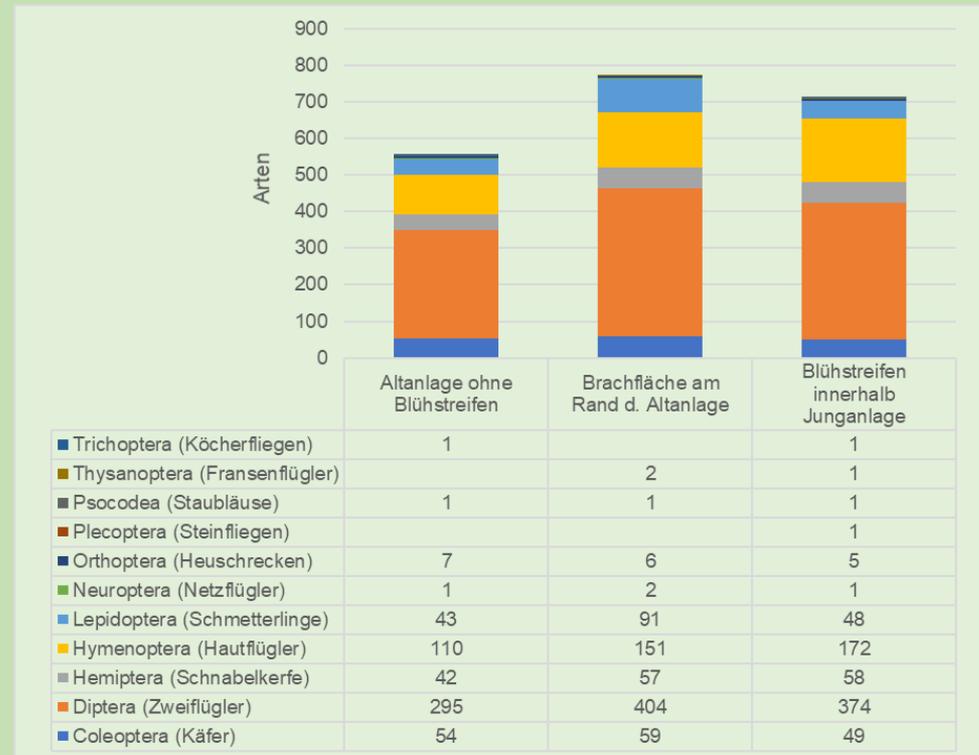
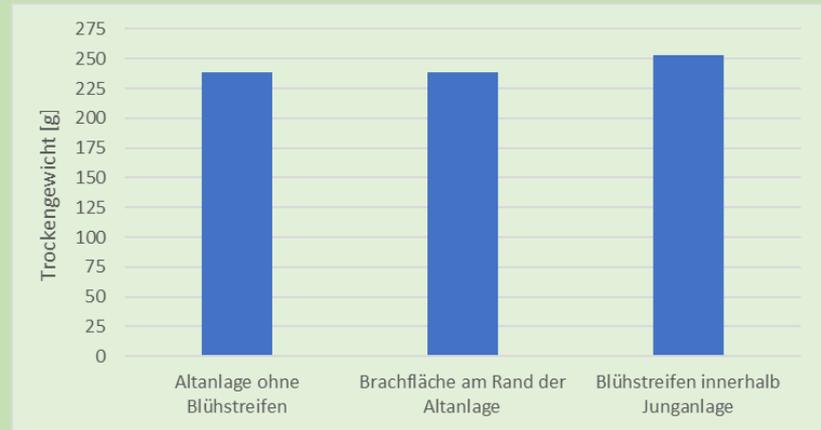


	2012-2016	2017-2019	2020
Trichoptera (Köcherfliegen)			2
Thysanoptera (Fransenflügler)			3
Strepsiptera (Fächerflügler)	1	1	
Psocodea (Staubläuse)			1
Plecoptera (Steinfliegen)			1
Orthoptera (Heuschrecken)	3	1	11
Neuroptera (Netzflügler)	1		2
Mecoptera (Schnabelfliegen)	1		
Lepidoptera (Schmetterlinge)	21		128
Hymenoptera (Hautflügler)	123	228	274
Hemiptera (Schnabelkerfe)	5		103
Diptera (Zweiflügler)	125	53	572
Dermaptera (Ohrwürmer)	1		
Coleoptera (Käfer)	27	1	110

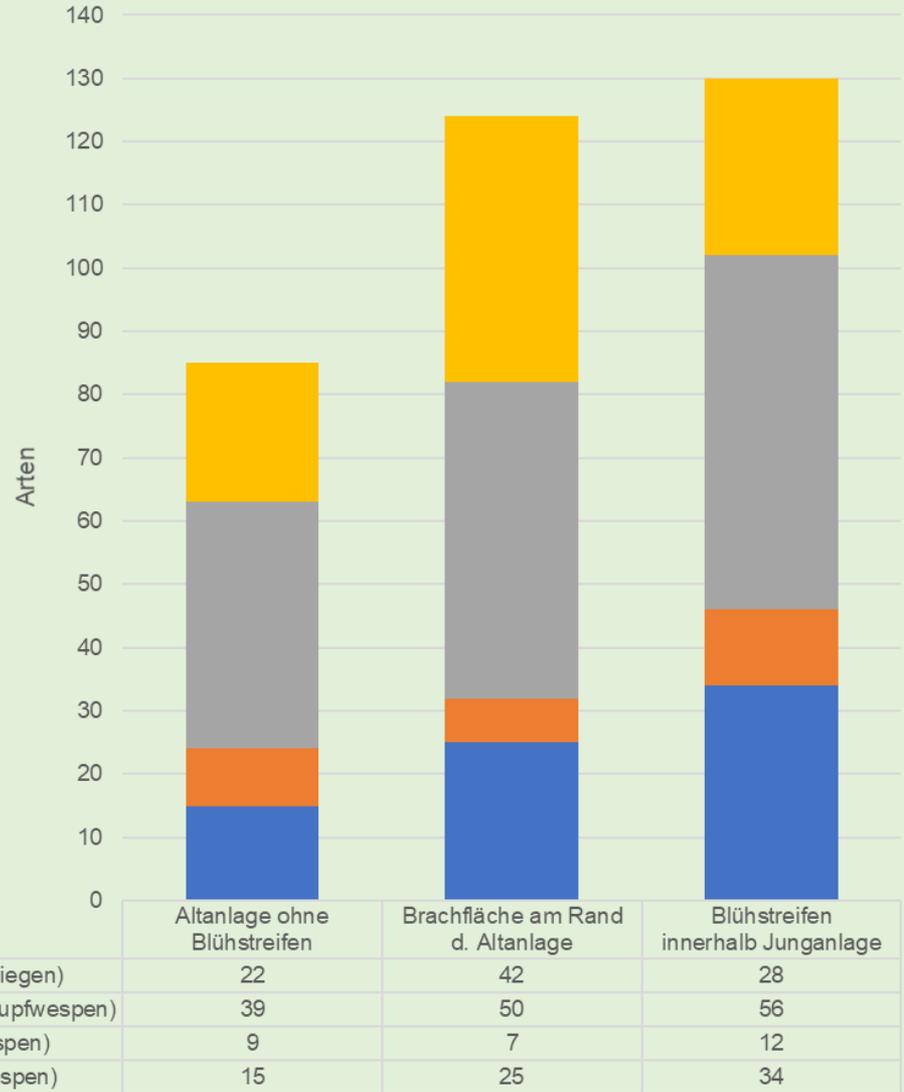
# Barcoding 2020 - 2021: Untersuchungsstandorte



# Barcoding 2020: Vergleich der Standorte



# Barcoding 2020: die wichtigsten Nützlingsfamilien





**Vielen Dank für Ihre  
Aufmerksamkeit !**

Büro für Freilandökologie  
Dr. Jürgen Esser