

Der Nachweis von Libellen mittels eDNA-Methoden als Ergänzung zu klassischen Erfassungsmethoden

von Daniel Härrer¹, Ferdinand Schmid¹ & Alexander Herrmann²

¹*Privates Institut für molekulare Analytik Karlsruhe GmbH
Mathystraße 13, D-76133 Karlsruhe
d.haerrer@ima-ka.de, f.schmid@ima-ka.de*

²*Modus Consult Gericke GmbH & Co. KG
Pforzheimer Straße 15B, D-76227 Karlsruhe
a.herrmann@modusconsult.net*

Abstract

The ongoing decline of biodiversity in inland waters calls for robust and efficient monitoring approaches to detect changes in species assemblages and to support evidence-based conservation management. Dragonflies (Odonata), owing to their biphasic life cycle and close association with aquatic habitats, are widely recognised as key indicators of the ecological status of freshwater ecosystems. Traditional survey methods such as adult observations, exuviae searches and larval sampling provide indispensable information on reproduction, habitat use and population persistence, but are often time-consuming, weather-dependent and logistically demanding. Against this background, this article evaluates the potential of environmental DNA (eDNA) analysis as a complementary tool for dragonfly monitoring. Based on a synthesis of recent literature and a detailed case study from the project “Dragonflies and Crayfish of Vienna”, the study examines methodological principles, application fields and limitations of eDNA detection in comparison with classical survey approaches. The results demonstrate that eDNA can

provide additional evidence of species presence, particularly for rare, cryptic or temporally limited species and in structurally complex or difficult-to-access aquatic habitats. At the same time, numerous studies highlight important methodological constraints, including false-positive and false-negative detections, hydrological transport of DNA and the limited temporal resolution of eDNA signals. The analysis confirms that eDNA does not provide information on reproduction, abundance or population structure and therefore cannot replace classical field-based surveys. Its primary value lies in its role as a non-invasive screening and support tool that can increase detection probabilities and help prioritise targeted field investigations. Overall, the findings indicate that integrated monitoring approaches combining molecular and traditional methods currently offer the most robust and ecologically meaningful framework for dragonfly monitoring. The gradual integration of eDNA into existing monitoring programmes, supported by standardised protocols and quality assurance measures, has the potential to enhance the efficiency and interpretability of freshwater biodiversity assessments.

Zusammenfassung

Der fortschreitende Rückgang der Biodiversität in Binnengewässern erfordert effiziente und belastbare Monitoringansätze, um Veränderungen der Artengemeinschaften frühzeitig zu erfassen und naturschutzfachlich bewerten zu können. Libellen (Odonata) gelten aufgrund ihres zweiphasigen Lebenszyklus und ihrer engen Bindung an aquatische Lebensräume als zentrale Indikatorgruppe für den ökologischen Zustand von Gewässern. Klassische Erfassungsmethoden wie Imagines-Beobachtungen, Exuviansuche und Larvennachweise liefern dabei unverzichtbare Informationen zu Reproduktion, Bodenständigkeit und Habitatqualität, sind jedoch zeit- und ressourcenintensiv und unterliegen methodischen Einschränkungen. Vor diesem Hintergrund untersucht der vorliegende Beitrag das Potenzial der Umwelt-DNA-Analyse (eDNA) als ergänzendes Werkzeug im Libellenmonitoring. Auf Basis aktueller Literatur sowie einer detaillierten Fallstudie aus dem Projekt „Libellen und Krebse Wiens“ wird dargestellt, unter welchen Rahmenbedingungen eDNA-Nachweise klassische Kartierungen sinnvoll unterstützen können. Die Ergebnisse zeigen, dass eDNA insbesondere bei seltenen, kurzzeitig aktiven oder schwer nachweisbaren Arten zusätzliche Hinweise auf deren Präsenz liefern kann, vor allem in strukturell komplexen oder schwer zugänglichen Gewässern. Gleichzeitig verdeutlichen methodische Analysen und Übersichtsarbeiten, dass eDNA-Nachweise mit spezifischen Unsicherheiten behaftet sind, etwa durch falsch positive (insbesondere durch hydrologisch bedingte Verdriftung) oder falsch negative Ergebnisse, oder eine begrenzte zeitliche Aussagekraft. Die Auswertung belegt,

dass eDNA keine Aussagen zu Reproduktion, Abundanz oder Populationsstruktur erlaubt und klassische Erfassungsmethoden daher nicht ersetzen kann. Ihr Mehrwert liegt vielmehr in der Funktion als Screening-Instrument, das die Planung und Priorisierung feldökologischer Untersuchungen unterstützt und Nachweiswahrscheinlichkeiten erhöhen kann. Insgesamt zeigt sich, dass ein integrierter Ansatz, der molekulare und klassische Methoden gezielt miteinander verknüpft, derzeit den robustesten und ökologisch aussagekräftigsten Weg für ein zeitgemäßes Libellenmonitoring darstellt. Die schrittweise Integration von eDNA in bestehende Monitoringprogramme – unter Anwendung einheitlicher Qualitätsstandards – eröffnet neue Perspektiven für eine effiziente und fundierte Erfassung der Biodiversität in aquatischen Systemen.

Einleitung

Der Rückgang der Biodiversität in Binnengewässern stellt eine der größten Herausforderungen des modernen Naturschutzes dar. Klimawandel, Eutrophierung, Habitatfragmentierung, invasive Neozoen und Flächenversiegelung verändern aquatische Lebensräume tiefgreifend und wirken sich nachhaltig auf Artenzusammensetzung und ökologische Funktionen aus (DUDGEON et al. 2006, REID et al. 2019). Libellen reagieren aufgrund ihres zweiphasigen Lebenszyklus sensibel auf solche Veränderungen und gelten als verlässliche Indikatoren für die strukturelle und chemische Qualität von Gewässern (CHOVANEC 2000).

Auch auf Landesebene wird ihre Bedeutung hervorgehoben. Das Ministerium

für Umwelt, Klima und Energiewirtschaft Baden-Württemberg benennt Libellen im Wirkungsbericht zum Sonderprogramm zur Stärkung der biologischen Vielfalt ausdrücklich als zentrale Indikatorgruppe für den Zustand von Binnengewässern (UMBW 2024). Vor diesem Hintergrund unterstützt das Land die landesweite Artenkartierung Libellen, um Veränderungen der Libellenfauna systematisch zu erfassen und als Grundlage für datenbasierte Schutz- und Managementstrategien zu nutzen. Die konzeptionellen Grundlagen der Landesweiten Artenkartierung Libellen (LAK Libellen) wurden von BITTNER (2019) erarbeitet und im Sonderprogramm des Landes verankert; erste Ergebnisse und der aktuelle Stand des Monitorings wurden von BENKEN & SCHWANDNER (2021) vorgestellt. Damit leisten Libellen einen wesentlichen Beitrag zur Umsetzung der Landesstrategie Biologische Vielfalt Baden-Württemberg und zur Bewertung der Wirksamkeit von Renaturierungs- und Gewässerschutzmaßnahmen (LUBW, UMBW 2024).

Die Erfassung von Libellenvorkommen basiert traditionell auf feldökologischen Methoden wie Beobachtungen von Imagines, Exuviansuche und Larvennachweisen. Diese Verfahren liefern belastbare Informationen zu Reproduktion, Bodenständigkeit und Habitatbindung und bilden die Grundlage naturschutzfachlicher Bewertungen nach dem methodischen Standardwerk ALBRECHT et al. (2014). Aufgrund der artspezifischen Phänologie und variierender Aktivitätsmuster sind für eine zuverlässige Erfassung in der Regel wiederholte Begehungen erforderlich, wie sie für Planungs- und Genehmigungsverfahren empfohlen werden. Vor dem Hintergrund steigender Anforderungen an Monitoringprogramme und begrenz-

ter personeller Ressourcen rücken ergänzende methodische Ansätze zunehmend in den Fokus. Die Analyse von Umwelt-DNA (eDNA) hat sich zunächst in der Fisch- und Amphibienforschung etabliert und findet inzwischen verstärkt Anwendung in der Insektenökologie (SMART et al. 2016, STERNHAGEN et al. 2024, UCHE-DIKE et al. 2025). Anwendungsfelder reichen von reinen Anwesenheitsanalysen bis hin zu großräumigen Monitoringansätzen. Aufgrund ihrer aquatischen Larvenphase und der engen Bindung an Gewässer eignen sich Libellen grundsätzlich als Modellorganismen für eDNA-basierte Untersuchungen im Gewässermonitoring (FISCHER et al. 2023, KHELIFA et al. 2023).

Vor diesem Hintergrund untersucht der vorliegende Beitrag, inwiefern eDNA-Methoden das bestehende Methodenspektrum der Libellenerfassung sinnvoll ergänzen können und welche Rolle ihnen im Zusammenspiel mit klassischen Erfassungsverfahren zukommt. Ziel ist es, die methodischen Grundlagen, Anwendungsmöglichkeiten und Grenzen des eDNA-Nachweises darzustellen und in Relation zu klassischen Erfassungsverfahren einzuordnen.

Methodische Grundlagen / Einflussfaktoren auf die Nachweiswahrscheinlichkeit

Genetische Spuren von Libellen gelangen über verschiedene biologische Prozesse in aquatische Systeme. Häutungsreste, abgestorbene Larven, Eiablagen sowie organische Sekrete setzen kontinuierlich DNA in das Gewässer frei (KHELIFA et al. 2023). Diese Umwelt-DNA (eDNA) unterliegt einem natürlichen Abbauprozess, der durch biologische, physikalische und chemische

Faktoren beeinflusst wird (ZULKEFLI et al. 2019, BRUCE et al. 2021). Der sogenannte „Haltbarkeitszyklus“ der eDNA umfasst die Phasen Freisetzung, Verteilung, Persistenz und Abbau (BARNES & TURNER 2016). Entsprechend liefert die Analyse von eDNA keine statische Information, sondern eine zeitlich begrenzte Momentaufnahme biologischer Aktivität im Gewässer.

Die Konzentration nachweisbarer eDNA variiert in Abhängigkeit von der biologischen Aktivität der Zielorganismen. Während Phasen hoher Aktivität, etwa während der Larvalentwicklung, ist die Freisetzung genetischen Materials erhöht, während sie in Zeiten geringer Aktivität deutlich abnimmt (SPEAR et al. 2015). Zusätzlich beeinflussen Umweltfaktoren wie Temperatur, Nährstoffgehalt und mikrobielle Aktivität die Abbaurate der DNA, wobei warme und nährstoffreiche Bedingungen den Abbau beschleunigen können (FISCHER et al. 2023).

Eine zentrale Rolle für die räumliche Verteilung von eDNA spielt die Hydrodynamik des Gewässers. In Fließgewässern kann turbulente Durchmischung zu einer raschen Verdünnung und zum Transport genetischen Materials über größere Distanzen führen (DEINER & ALTERMATT 2014). In Stillgewässern hingegen sedimentiert eDNA vergleichsweise schnell und kann sich in feinkörnigen Sedimenten anreichern, wodurch die Signale räumlich stärker gebunden und zeitlich stabiler sind (TURNER et al. 2015, KHELIFA et al. 2023). Untersuchungen zur Persistenz von eDNA zeigen, dass Sedimente deutlich höhere DNA-Konzentrationen aufweisen können als das Oberflächenwasser. Während eDNA im Wasser häufig nur über Tage bis wenige Wochen nachweisbar ist, kann sie in Sedimenten über mehrere Monate er-

halten bleiben (SASSOUBRE et al. 2016). Diese Unterschiede sind bei der Interpretation von Nachweisen zu berücksichtigen, insbesondere im Hinblick auf den zeitlichen Bezug der erfassten Signale.

Für eine belastbare eDNA-Analyse ist eine standardisierte Probenahme von zentraler Bedeutung. Maßnahmen wie Dunkel Lagerung, UV-Abschirmung und Kühlung unmittelbar nach der Entnahme reduzieren DNA-Degradation und sichern die Analysequalität. Empirische Studien belegen, dass ungefilterte Wasserproben bei erhöhten Temperaturen innerhalb kurzer Zeit stark degradieren können, weshalb eine zeitnahe Filtration vor Ort empfohlen wird (SCHWESIG et al. 2024). Üblicherweise werden Filter mit Porengrößen zwischen 0,2 und 0,45 µm eingesetzt, um Zellfragmente und freie DNA effektiv zu binden.

Im Labor erfolgt die Extraktion der DNA sowie die Entfernung potenziell hemmender Substanzen wie Huminsäuren oder mineralischer Partikel, die den Amplifikationsprozess beeinträchtigen können (UCHE-DIKE et al. 2025). Zusätzliche Reinigungsschritte und Kontrollproben tragen dazu bei, die Reaktionsausbeute zu stabilisieren und methodisch bedingte Verzerrungen zu minimieren (HARRISON et al. 2023). Die anschließende Amplifikation erfolgt mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR), wobei in der Regel mitochondriale Marker wie das Cytochrom-c-Oxidase-Untereinheit-I-Gen (COI) verwendet werden, das sich als Standardmarker für tierische Organismen etabliert hat (FOLMER et al. 1994, HEBERT et al. 2003).

Abhängig von der Fragestellung kommen entweder artspezifische quantitative PCR-Ansätze (qPCR) oder metabarcoding-basierte Verfahren zum Einsatz. Während

qPCR gezielte Nachweise einzelner Arten ermöglicht, erlaubt Metabarcoding die Erfassung ganzer Artengemeinschaften und die Analyse von Biodiversitätsmustern (TABERLET et al. 2012). Die nachfolgende Abbildung (Abb. 1) stellt schematisch die wesentlichen Prozesse von der Freisetzung der eDNA bis zur molekularen Auswertung dar.

Ökologische und praktische Anwendungen

Klassische Erfassungsmethoden wie Beobachtungen von Imagines, Exuvien suchen und Larven nachweise bilden weiterhin die tragende Grundlage naturschutzfachlicher Bewertungen und liefern den für die Interpretation von Libellenvorkommen notwendigen ökologischen Kontext (STERNBERG & BUCHWALD 1999, 2000, ALBRECHT et al. 2014). Unter bestimmten Rahmenbe-

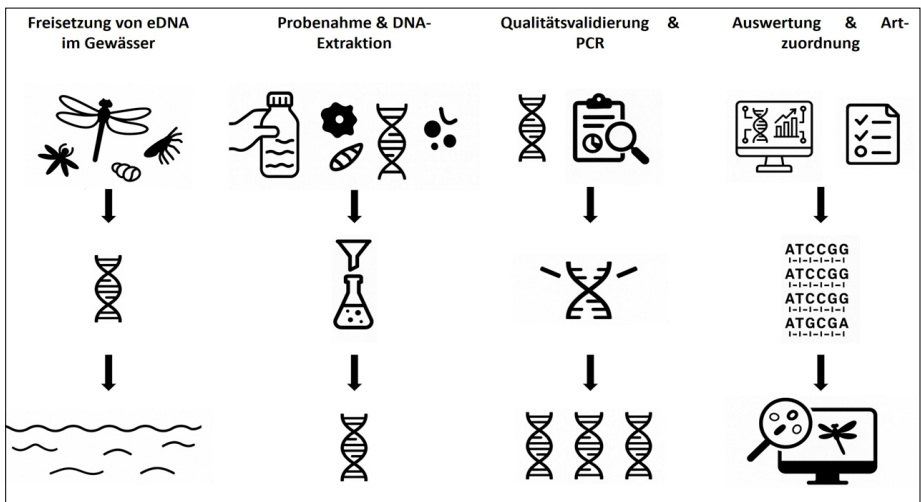


Abb. 1: Schematische Übersicht der Prozesse, die zur Erfassung von Umwelt-DNA (eDNA) bei Libellen führen. Biologische Aktivitäten wie Häutungereignisse, Eiablagen, Sekretionen oder das Absterben von Larven setzen kontinuierlich genetisches Material in das Gewässer frei. Die im Wasser suspendierte oder sedimentierte DNA wird im Rahmen der Probenahme durch Filtration angereichert und anschließend im Labor extrahiert und von hemmenden Substanzen gereinigt. Mittels PCR wird ein definierter Markerabschnitt amplifiziert, bevor die resultierenden Sequenzen bioinformatisch ausgewertet und durch Abgleich mit Referenzdatenbanken den entsprechenden Arten zugeordnet werden. /

Schematic overview of the processes leading to the detection of environmental DNA (eDNA) in dragonflies. Biological activities such as moulting events, oviposition, secretions, or the death of larvae continuously release genetic material into aquatic environments. The DNA suspended or deposited in the water is concentrated during sampling through filtration and subsequently extracted in the laboratory and inhibitory substances are removed. A defined marker region is then amplified via PCR, after which the resulting sequences are analysed bioinformatically and assigned to species by comparison with reference databases.

dingungen können klassische Kartierungen jedoch mit erhöhtem Aufwand oder Beeinträchtigungen der Vegetation der Gewässer und ihrer Umgebung verbunden sein. Geringe Individuenzahlen, kurze Flugzeiten oder eingeschränkte Zugänglichkeit einzelner Gewässerabschnitte können dazu führen, dass Nachweise nur mit erheblichem zeitlichem Einsatz oder nicht in allen Fällen erbracht werden. Auch witterungsbedingte Einschränkungen können Ergebnisse beeinträchtigen. Der Nachweis von eDNA stellt in diesem Zusammenhang eine ergänzende methodische Option dar und kann in der Praxis vor allem als Such- und Screening-Instrument eingesetzt werden, um potenzielle Artenvorkommen zu identifizieren und die Planung weiterführender feldökologischer Kartierungen gezielt zu unterstützen (REES et al. 2014, BRUCE et al. 2021).

Ergänzend zum klassischen Gewässermonitoring kann eDNA Hinweise auf Veränderungen in der Zusammensetzung der Libellenfauna liefern und damit die Interpretation klassischer Erfassungsergebnisse unterstützen (FISCHER et al. 2022). Für die naturschutzfachliche Praxis ist dabei entscheidend, die Aussagekraft von eDNA-Nachweisen korrekt einzuordnen. eDNA liefert lediglich Hinweise auf das Vorhandensein genetischen Materials, erlaubt jedoch keine Aussagen zu erfolgreicher Reproduktion, Populationsgröße oder Habitatqualität. Belastbare Bewertungen des Erhaltungszustands oder der ökologischen Funktion eines Gewässers erfordern den Nachweis durch etablierte feldökologische Methoden.

Wie sich dieser ergänzende Ansatz in der Praxis bewährt, zeigt exemplarisch das Projekt „Libellen und Krebse Wiens“.

Praxisbeispiel: Kombination klassischer Kartierungen und eDNA im Projekt „Libellen und Krebse Wiens“

Im Projekt „Libellen und Krebse Wiens“, das im Rahmen des Österreichischen Programms für die ländliche Entwicklung (2014–2020) durchgeführt wurde, wurden klassische Libellenkartierungen systematisch mit eDNA-Analysen kombiniert (FISCHER et al. 2023). Ziel war es, die Nachweisleistung beider Methoden für ausgewählte Libellenarten in unterschiedlichen Gewässertypen vergleichend zu untersuchen. Dabei wurden Still- und Fließgewässer im Raum Wien sowie im angrenzenden Wiener Umland beprobt. Im Rahmen der eDNA-Erhebungen kamen unterschiedliche Wasserfiltersysteme zum Einsatz, und die Probenahmen erfolgten zu verschiedenen Zeitpunkten innerhalb der Aktivitätsperioden, um mögliche methodische und saisonale Effekte auf die Nachweiswahrscheinlichkeit zu berücksichtigen. Parallel dazu erfolgten klassische Erfassungen durch Beobachtungen von Imagines sowie durch Exuvien und Larvennachweise nach etablierten feldökologischen Standards (ALBRECHT et al. 2014). Dadurch lagen für alle Untersuchungsstandorte unmittelbar vergleichbare Datensätze aus klassischer Kartierung und molekularem Nachweis vor.

In Fließgewässern des Wiener Umlandes, insbesondere in Wienerwaldbächen außerhalb des dicht bebauten Stadtgebiets, konnten die FFH-Art Große Quelljungfer (*Cordulegaster heros*) und auch die Gestreifte Quelljungfer (*C. bidentata*) mittels eDNA an allen 16 untersuchten Abschnitten nachgewiesen werden. Larvenfunde gelangen hingegen nur an neun beziehungsweise dreizehn Standorten.

Im Lainzer Tiergarten im 13. Wiener Gemeindebezirk (Hietzing), am Ostrand des Wienerwaldes, konnten an drei untersuchten Stillgewässern insgesamt sechs Zielarten nachgewiesen werden. Der Nachweis der Kleinen Pechlibelle (*Ischnura pumilio*) gelang ausschließlich über eDNA, während weder Imagines noch Exuvien gefunden wurden. Auch für den Plattbauch (*Libellula depressa*) und den Südlichen Blaupfeil (*Orthetrum brunneum*) lagen molekulare Nachweise vor, während klassische Kartierungen dort nur sporadische oder keine Sichtnachweise erbrachten. Diese Befunde liefern Hinweise darauf, dass eDNA unter bestimmten Bedingungen zusätzliche Informationen zur potenziellen Präsenz von Arten liefern kann.

Untersuchungen in einem urbanen Stillgewässer im Wiener Stadtgebiet („Blaues Wasser“) machten zudem deutlich, dass technische Aspekte der Probenahme das erfasste Artenspektrum beeinflussen können. Der eingesetzte eDNA-Sampler ist ein pumpenbasiertes System zur Filtration definierter Wasservolumina direkt im Feld und unterscheidet sich funktional von geschlossenen Kartuschenfiltern wie Sterivex-Filtern, die in der Regel kleinere Volumina erfassen und unterschiedliche Partikelfractionen der eDNA binden. In diesem Zusammenhang wurde die Blutrote Heidelibelle (*Sympetrum sanguineum*) ausschließlich mit Sterivex-Filtern nachgewiesen, während der Nachweis des Kleinen Granatauges (*Erythromma viridulum*) nur mit dem eDNA-Sampler gelang. Diese Ergebnisse weisen darauf hin, dass methodische Unterschiede in der Probenahme die Detektionswahrscheinlichkeit einzelner Arten beeinflussen können.

Darüber hinaus zeigte sich, dass der Zeit-

punkt der Probenahme für die Nachweiswahrscheinlichkeit von Bedeutung ist. Die höchsten eDNA-Detektionsraten wurden während der Phase aktiver Larven im Frühjahr und Frühsommer erzielt. So wurde die Gestreifte Quellschwärmerin (*Cordulegaster bidentata*) im Mai und Juni an rund 94 % der beprobten Gewässerabschnitte mittels eDNA nachgewiesen, während für die Große Quellschwärmerin (*C. heros*) im September sogar alle untersuchten Abschnitte (100 %) positiv waren. Außerhalb dieser Zeiträume nahm die Detektionswahrscheinlichkeit deutlich ab.

Insgesamt unterstreichen die Ergebnisse, dass eDNA-Nachweise kontextabhängig sind und eine sorgfältige Standardisierung der Probenahme sowie eine vorsichtige Interpretation erforderlich machen. Die Studie zeigt, dass eDNA klassische Kartierungen nicht ersetzen, jedoch im Rahmen integrierter Erfassungsansätze zusätzliche Hinweise auf potenzielle Artenvorkommen liefern kann (BARNES & TURNER 2016, SCHWESIG et al. 2024).

Weitere praxisrelevante Anwendungsfelder

Über die Wiener Fallstudie hinaus zeigen weitere Untersuchungen aus Mitteleuropa und anderen gemäßigten Regionen Europas, dass eDNA-Analysen insbesondere bei seltenen, kurzzeitig aktiven oder schwer nachweisbaren Libellenarten einen zusätzlichen Erkenntnisgewinn liefern können (HARRISON et al. 2023). Die zugrunde liegenden Studien stammen überwiegend aus kleinen Still- und Fließgewässern in Deutschland, Österreich und der Schweiz sowie aus vergleichbaren Landschaftsräumen Nordeuropas. Untersucht wurden dabei vor allem naturnahe

und strukturell komplexe Gewässer.

Ein häufiges Einsatzfeld ist das Screening kleiner Stillgewässer wie Weiher, Tümpel oder Abgrabungsgewässer, etwa in Moorlandschaften, ehemaligen Abbauflächen oder strukturreichen Waldgebieten. Für mitteleuropäische Stillgewässer zeigen insbesondere die Arbeiten von KHELIFA et al. (2023), dass eDNA-Nachweise bei stillgewässergebundenen Arten der Moosjungfern (Gattung *Leucorrhinia*) erfolgreich eingesetzt werden können. In vegetationsreichen Kleingewässern gelang der molekulare Nachweis der Zierlichen Moosjungfer (*Leucorrhinia caudalis*), der Großen Moosjungfer (*L. pectoralis*) und der Östlichen Moosjungfer (*L. albifrons*), obwohl klassische Kartierungen aufgrund eingeschränkter Begehrbarkeit nur bedingt möglich waren oder keine eindeutigen Imaginal- oder Exuvienfunde erbrachten. Vergleichbare Befunde wurden auch in der Wiener Fallstudie dokumentiert.

Auch im FFH-Monitoring wird eDNA in mehreren Arbeiten als ergänzendes Instrument diskutiert, insbesondere zur Absicherung von Negativnachweisen unter ungünstigen Erfassungsbedingungen. REES et al. (2014) sowie HARRISON et al. (2023) beschreiben Anwendungen in mitteleuropäischen Fließgewässern, bei denen artspezifische eDNA-Nachweise für FFH-relevante Arten erbracht wurden, obwohl klassische Erfassungen ohne Ergebnis blieben. Für die Grüne Flussjungfer (*Ophiogomphus cecilia*) liegen ebenfalls bestätigte eDNA-Nachweise vor (FISCHER et al. 2023).

Diskussion

Die vorliegenden Ergebnisse und Praxisbeispiele zeigen, dass die kombinierte Anwendung klassischer feldökologischer Erfassungsmethoden und Umwelt-DNA-Analysen (eDNA) derzeit den umfassendsten und ökologisch aussagekräftigsten Ansatz zur Erfassung der Libellenfauna eines Gebietes darstellt. Während eDNA aufgrund ihrer hohen analytischen Sensitivität insbesondere bei seltenen, kurzzeitig aktiven oder schwer nachweisbaren Arten zusätzliche Hinweise auf deren Präsenz liefern kann, bleiben klassische Kartierungen die unverzichtbare Grundlage für naturschutzfachliche Bewertungen, da sie Informationen zu Reproduktion, Habitatbindung und Populationsstruktur bereitstellen. Erst das Zusammenspiel beider Ansätze ermöglicht eine belastbare Einordnung von Artvorkommen im ökologischen Kontext.

Zahlreiche Übersichtsarbeiten und methodische Synthesen weisen darauf hin, dass eDNA-Nachweise nicht isoliert interpretiert werden dürfen und mit spezifischen Unsicherheiten behaftet sind (THOMSEN & WILLERSLEV 2015, BARNES & TURNER 2016, GOLDBERG et al. 2016, PAWLOWSKI et al. 2021). Die nachweisbare Menge der DNA stellt keine direkte Abbildung der Abundanz dar, sondern ist das Ergebnis komplexer biologischer, physikalischer und chemischer Prozesse. Artspezifische Freisetzungsraten, Aktivitätsmuster sowie Umweltfaktoren wie Temperatur, UV-Strahlung und mikrobielle Aktivität beeinflussen die Nachweiswahrscheinlichkeit erheblich, sodass trotz tatsächlicher Präsenz einer Art falsch negative Ergebnisse auftreten können, insbesondere bei geringer Individuendichte oder

ungünstigem Probenahmezeitpunkt (BARNES & TURNER 2016, SCHWESIG et al. 2024). Darüber hinaus thematisieren mehrere Arbeiten die Problematik falsch positiver Nachweise, vor allem in Fließgewässern. Transportprozesse können dazu führen, dass eDNA über größere Distanzen verdriftet wird oder aus stromaufwärts gelegenen Bereichen stammt, ohne dass am Probenahmepunkt eine reproduzierende Population existiert (DEINER & ALTERMATT 2014, ROUSSEL et al. 2015). Auch die unterschiedliche Persistenz von eDNA im Wasser und in Sedimenten erschwert eine eindeutige zeitliche Zuordnung der Signale und limitiert Rückschlüsse auf die Aktualität eines Vorkommens (TURNER et al. 2015, SASSOUBRE et al. 2016).

Diese methodischen Einschränkungen unterstreichen zugleich die fortbestehende Bedeutung klassischer Erfassungsmethoden. Der Nachweis von Larven und Exuvien liefert direkte Informationen zur Reproduktion und zur räumlichen Bindung von Populationen an ein Gewässer und ermöglicht eine zeitlich integrierte Bewertung von Vorkommen und Trends. Wiederholte Begehungen berücksichtigen phänologische Unterschiede zwischen Arten und liefern ökologische Zusatzinformationen, die durch eDNA-Daten allein nicht abgebildet werden können (BARNES & TURNER 2016, PAWLOWSKI et al. 2021, CRISTESCU & HEBERT 2018).

Gleichzeitig zeigen internationale Studien, dass eDNA bei sorgfältiger Anwendung einen substanziellen Mehrwert für das Gewässermonitoring bietet, insbesondere in Habitaten, in denen klassische Methoden an praktische oder logistische Grenzen stoßen (BIGGS et al. 2015, DJURHUUS et al. 2017, HARRISON et al. 2023). Als stan-

dardisierbares, die Untersuchungsgewässer schonendes Such- und Screening-Instrument eignet sich eDNA insbesondere für Voruntersuchungen, für die Absicherung von Negativnachweisen sowie als Frühwarnsystem für Arealverschiebungen oder Wiederbesiedlungen. Voraussetzung hierfür sind jedoch einheitliche Qualitätsstandards, belastbare Referenzdatenbanken sowie transparente Interpretationsrahmen, wie sie von mehreren Autor:innen gefordert werden (PAWLOWSKI et al. 2021).

Ausblick

Die vorliegenden Ergebnisse unterstreichen, dass die Zukunft des Libellenmonitorings in integrierten Ansätzen liegt. Diese verknüpfen klassische feldökologische Erfassungsmethoden, molekulare Analytik und ökologische Modellierung gezielt miteinander. Nur durch diese Kombination lässt sich das Potenzial der Umwelt-DNA sachgerecht ausschöpfen. Der eDNA-Nachweis ist dabei nicht als Ersatz bewährter Verfahren zu verstehen, sondern als strategische Erweiterung des bestehenden Methodenspektrums. Er ermöglicht die frühzeitige Erfassung von Artenvorkommen, unterstützt Schutz- und Managemententscheidungen und trägt zu einem vertieften Verständnis der ökologischen Dynamik aquatischer Lebensräume bei. Die schrittweise Integration von eDNA in nationale und regionale Monitoringprogramme, begleitet von methodischen Standards, Qualitätsrichtlinien und belastbaren Referenzdatenbanken, bietet die Chance, Effizienz, Vergleichbarkeit und ökologische Aussagekraft der Biodiversitätsüberwachung langfristig zu erhöhen. Für Baden-Württemberg eröffnet dies die Möglichkeit, eDNA gezielt in

bestehende Monitoringstrukturen einzubinden, etwa in das FFH-Monitoring, die Landesweite Artenkartierung Libellen (LAK Libellen) sowie in die Umsetzung der Landesstrategie Biologische Vielfalt.

Im Rahmen einer geplanten Pilotstudie sollen artspezifische Primer für ausgewählte, planungsrelevante Libellenarten entwickelt und auf ihre Praxistauglichkeit in Monitoringverfahren getestet werden. Hierzu zählen unter anderem die Zierliche Moosjungfer (*Leucorrhinia caudalis*), die Große Moosjungfer (*L. pectoralis*), die Östliche Moosjungfer (*L. albifrons*), die Grüne Flussjungfer (*Ophiogomphus cecilia*) sowie die Helm-Azurjungfer (*Coenagrion mercuriale*). Ziel ist die Validierung und Standardisierung dieser Marker für den Einsatz in Gewässeruntersuchungen und artenschutzrechtlichen Verfahren. Hierbei sollen durch FachexpertInnen gesammelte Exuvien der Arten zur Entwicklung der Primer genutzt werden. Im selben Jahr werden für die spätere Validierung zu verschiedenen Zeitpunkten Referenzproben von bestätigten Emergenzgewässern der jeweiligen Art entnommen. In einem letzten Schritt werden die eDNA-Analysen im Freiland getestet und mit einem Feldtest überprüft. Sobald standardisierte Primer entwickelt sind, können diese als Ergänzung zur Anwendung kommen.

Langfristig kann eDNA einen molekularen Fingerabdruck der Gewässerzönose liefern, der sowohl aktuelle als auch kürzlich vergangene Präsenz von Arten widerspiegelt. Besonders bei seltenen, kryptischen oder früh fliegenden Libellenarten stellt sie eine wertvolle Ergänzung zu klassischen Kartierungen dar. Zukünftige Hybridansätze, die Metabarcoding und quantitative PCR (qPCR) kombinieren, ver-

sprechen eine weiter erhöhte ökologische Aussagekraft. Durch die Verbindung qualitativer Informationen (Artenzusammensetzung) mit quantitativen Signalstärken können Biodiversitätsmuster präziser erfasst und Veränderungen in der Artengemeinschaft differenzierter interpretiert werden (FISCHER et al. 2023, HARRISON et al. 2023). Damit steht eDNA am Beginn einer Entwicklung, die das Gewässermonitoring in Baden-Württemberg und darüber hinaus nachhaltig erweitern kann – hin zu einer effizienteren, objektiveren und ökologisch fundierten Erfassung der Biodiversität in aquatischen Systemen.

Literatur

- ALBRECHT, A., G. KUNZ, F. SUHLING & K. STERNBERG (2014): Handbuch zur Erfassung von Libellen (Odonata) für artenschutzrechtliche Prüfungen. – *Naturschutz und Landschaftsplanung* 46 (7): 219–227.
- BARNES, M.A. & C.R. TURNER (2016): The ecology of environmental DNA and implications for conservation genetics. – *Conservation Genetics* 17: 1–17.
- BENKEN, T. & J. SCHWANDNER (2021): Landesweite Artenkartierung Libellen – Aktueller Zwischenstand. – *Mercuriale* 21: 13–21.
- BIGGS, J., N. EWALD, A. VALENTINI, S. GUILLOTTREAU, T. DEJEAN, R.A. GRIFFITHS, J. FOSTER, J.W. WILKINSON, A. ARNELL, P. BROTHERTON, P. WILLIAMS & F. DUNN (2015): Using eDNA to develop a national citizen science-based monitoring programme for the great crested newt (*Triturus cristatus*). – *Biological Conservation* 183: 19–28.
- BITTNER, T. (2019): Landesweite Kartierung – Libellen. – *Mercuriale* 18/19: 1–8.
- BRUCE, K., M.B. LARAMIE & D.S. PILLIOD (2021): Environmental DNA sampling protocols and considerations for aquatic ecosys-

- tems. – *Environmental Monitoring and Assessment* 193: 63.
- CHOVANEC, A. (2000): Odonata as indicators of the ecological integrity of aquatic systems – a new assessment approach. – *SIL Proceedings, 1922-2010*, 27 (2): 887–890.
- CRISTESCU, M.E. & P.D.N. HEBERT (2018): Uses and misuses of environmental DNA in biodiversity science and conservation. – *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 49: 209–230.
- DEINER, K. & F. ALTERMATT (2014): Transport distance of invertebrate environmental DNA in a natural river. – *PLoS ONE* 9 (2): e88786.
- DUDGEON, D., A.H. ARTHINGTON, M.O. GESSNER, Z. KAWABATA, D.J. KNOWLER, C. LÉVÊQUE, R.J. NAIMAN, A.-H. PRIEUR-RICHARD, D. SOTO, M.L.J. STIASSNY & C.A. SULLIVAN (2006): Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. – *Biological Reviews* 81: 163–182.
- FISCHER, C., S. HUBER & M. LAHNSTEINER (2023): Molecular detection of dragonflies (Odonata) via environmental DNA in Central European wetlands. – *Freshwater Biology* 68 (4): 521–535.
- FOLMER, O., M. BLACK, W. HOEH, R. LUTZ & R. VRIJENHOEK (1994): DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. – *Molecular Marine Biology and Biotechnology* 3(5): 294–299.
- GOLDBERG, C.S., K.M. STRICKLER & D.S. PILLIOD (2016): Moving environmental DNA methods from concept to practice for monitoring aquatic macroorganisms. – *Biological Conservation* 183: 1–3.
- HARRISON, J.B., J.M. SUNDAY & S. MANEL (2023): Environmental DNA applications and quality control in aquatic biodiversity monitoring. – *Ecological Indicators* 154: 110926.
- HEBERT, P.D.N., A. CYWINSKA, S.L. BALL & J.R. DEWAARD (2003): Biological identifications through DNA barcodes. – *Proceedings of the Royal Society B* 270: 313–321.
- KHELIFA, R., S. VERNE & I. ZEISSET (2023): Persistence and detection of Odonata environmental DNA in freshwater habitats. – *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* 33 (1): 87–99.
- LANDESANSTALT FÜR UMWELT BADEN-WÜRTTEMBERG (LUBW): Libellen – Verfügbar unter: <https://www.lubw.baden-wuerttemberg.de/natur-und-landschaft/libellen>
- MINISTERIUM FÜR UMWELT, KLIMA UND ENERGIEWIRTSCHAFT BADEN-WÜRTTEMBERG (UMBW) (2024): Wirkungsbericht zum Sonderprogramm zur Stärkung der biologischen Vielfalt. – Stuttgart. Verfügbar unter: https://um.baden-wuerttemberg.de/fileadmin/redaktion/m-um/intern/Dateien/Dokumente/3_Umwelt/Naturschutz/Biologische_Vielfalt/Wirkungsbericht-Sonderprogramm-biologische-Vielfalt.pdf?utm_source=chatgpt.com
- PAWLOWSKI, J., A. BONIN, F. BOYER, T. CORDIER, M. DE BARBA, Y. DUFRESNE, S. FRITSCH, C.F. GOMES, C. JERDE, M. LERAY, E. MÄCHLER, B.C. STOECKLE, A. VALENTINI, M. VASQUEZ-HADJILYRA & I. WIDMER (2021): Environmental DNA for biomonitoring. – *Molecular Ecology* 30: 2939–2954.
- REES, H.C., B.C. MADDISON, D.J. MIDDLEDITCH, J.R.M. PATMORE & K.C. GOUGH (2014): The detection of aquatic animal species using environmental DNA – a review of eDNA as a survey tool in ecology. – *Journal of Applied Ecology* 51 (5): 1450–1459.
- REID, A.J., A.K. CARLSON, I.F. CREED, E.J. ELIASON, P.A. GELL, P.T.J. JOHNSON, K.A. KIDD, T.J. MACCORMACK, J.D. OLDEN, S.J. ORMEROD, J.P. SMOL, W.W. TAYLOR, K. TOCKNER, J.C. VERMAIRE, D. DUDGEON & S.J. COOKE (2019): Emerging threats and persistent conservation challenges for freshwater biodiversity. – *Biological Reviews* 94: 849–873.

- ROUSSEL, J.-M., J.-C. PAOLI, J.L. RUPPERT, A. HERMAN, L. TAILLIEZ & T. DEJEAN (2015): The relevance of environmental DNA (eDNA) for the monitoring of fish populations: a review. – *Freshwater Biology* 60: 2165–2186.
- SASSOUBRE, L.M., K.M. YAMAHARA, L.D. GARDNER, B.A. BLOCK & A.B. BOEHM (2016): Quantification of environmental DNA (eDNA) shedding and decay rates for three marine fish. – *Environmental Science & Technology* 50 (19): 10456–10464.
- SCHWESIG, D., S. KRAUSE & C. BÄSSLER (2024): Environmental DNA persistence and decay under natural conditions in temperate aquatic systems. – *Hydrobiologia* 851 (2): 433–449.
- SMART, A.S., R. TINGLEY, A.R. WEEKS, A.R. VAN ROOYEN & M.A. MCCARTHY (2016): Monitoring freshwater biodiversity using environmental DNA – A review. – *Biological Conservation* 199: 31–39.
- SPEAR, S.F., J.D. GROVES, L.A. WILLIAMS & L.P. WAITS (2015): Using environmental DNA methods to improve detectability in a hellbender (*Cryptobranchus alleganiensis*) monitoring program. – *Biological Conservation* 183: 38–45.
- STERNBERG, K. & R. BUCHWALD (1999): Die Libellen Baden-Württembergs. Band 1. – Stuttgart (Eugen Ulmer).
- STERNBERG, K. & R. BUCHWALD (2000): Die Libellen Baden-Württembergs. Band 2. – Stuttgart (Eugen Ulmer).
- STERNHAGEN, L., C.E. LEE & A. DJURHUUS (2024): Advances in insect eDNA detection for ecological monitoring. – *Ecological Indicators* 158: 112487.
- TABERLET, P., E. COISSAC, F. POMPANON, C. BROCHMANN & E. WILLERSLEV (2012): Environmental DNA. – *Molecular Ecology* 21: 1789–1793.
- THOMSEN, P.F. & E. WILLERSLEV (2015): Environmental DNA – An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. – *Biological Conservation* 183: 4–18.
- TURNER, C.R., K.L. UY & R.C. EVERHART (2015): Fish environmental DNA is more concentrated in aquatic sediments than in surface water. – *Biological Conservation* 183: 93–102.
- UCHE-DIKE, R., T. KENTA & S. YAMAMOTO (2025): Emerging applications of eDNA in insect ecology – Opportunities and challenges. – *Insect Conservation and Diversity* 18 (1): 45–60.
- ZULKEFLI, N.A., M.D. MASHITAH & Y.P. LEE (2019): The fate and transport of environmental DNA (eDNA) in aquatic systems – A review. – *Environmental Pollution* 252: 1417–1426.