STELLUNGNAHME DES GLOBAL HONEY INTEGRITY COUNCIL (GHIC)

Zur zweiten BVL-Stellungnahme über NGS in der Honigauthentizitätsprüfung

On the BVL's second statement concerning NGS in honey authenticity testing

15 September 2026 · Deutsche und englische Fassung · German and English edition

BEZUG / REFERENCE

Zweite Stellungnahme der Arbeitsgruppe § 64 LFGB „NGS-Speziesidentifizierung“ zu den Möglichkeiten und Grenzen der Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung zur Detektion von Lebensmittelverfälschungen bei Honig, veröffentlicht vom BVL am 9. September 2026.

Global Honey Integrity Council — GHIC
Public statement

DEUTSCHE FASSUNG

Stellungnahme zur zweiten BVL-Stellungnahme über NGS in der Honigauthentizitätsprüfung

Stellungnahme des Global Honey Integrity Council (GHIC)

15. September 2026

BEZUG

Zweite Stellungnahme der Arbeitsgruppe § 64 LFGB „NGS-Speziesidentifizierung“ zu den Möglichkeiten und Grenzen der Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung zur Detektion von Lebensmittelverfälschungen bei Honig, veröffentlicht vom BVL am 9. September 2026. Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf

Methodische Grenzen anerkennen – zusätzliche Evidenz nicht verwerfen

Der Global Honey Integrity Council begrüßt, dass sich die BVL-Arbeitsgruppe erneut und anhand eigener Untersuchungen mit der Leistungsfähigkeit DNA-basierter Verfahren zur Honigauthentizitätsprüfung auseinandersetzt. Die Forderungen nach nachvollziehbaren Auswerteverfahren, belastbaren Referenzdatenbanken, standardisierter Probenvorbereitung und unabhängiger Validierung sind berechtigt. Auch die ausdrückliche Anerkennung, dass NGS-Verfahren Hinweise auf Verfälschungen liefern können, ist wichtig. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

Aus Sicht des GHIC gehen jedoch einzelne Schlussfolgerungen über das hinaus, was der beschriebene Versuchsaufbau belegt. Insbesondere müssen der direkte Nachweis eines bestimmten Zuckersirups, die Beurteilung eines biologischen Profils und die Bewertung der Authentizität anhand mehrerer voneinander unabhängiger Beweislinien klar unterschieden werden.

GHIC fordert weder die unkritische Anerkennung jedes DNA-Befundes noch den Ersatz bestehender Methoden durch einen vermeintlich universellen Honigtest. Wir fordern eine ergebnisoffene, anwendungsbezogene Bewertung des zusätzlichen Erkenntnisgewinns.

1. Was die BVL-Untersuchungen zeigen – und was nicht

Die ausdrücklich beschriebene Laborvergleichsuntersuchung umfasste vier Metabarcoding-Labore und ein Metagenomics-Labor. Untersucht wurden fünf Blindproben: ein Maisstärkesirup, zwei Rohhonige sowie die entsprechenden versetzten Honige, einer mit 40 Prozent und einer mit 10 Prozent Sirupzusatz. In diesem Versuchsaufbau konnten die eingesetzten DNA-Verfahren nicht eindeutig zwischen den ursprünglichen und den versetzten Honigen unterscheiden. Weitere Sirupuntersuchungen werden erwähnt, jedoch nicht mit vergleichbarer Detailtiefe dargestellt. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

Dieses Ergebnis ist relevant und muss anerkannt werden. Es zeigt eine wesentliche Grenze: Wenn ein praktisch DNA-freier Zusatz das ausgewertete relative DNA-Profil nicht verändert, kann eine ausschließlich auf diesem Profil beruhende Auswertung den Zusatz nicht zuverlässig erkennen. Auch maschinelles Lernen kann keine Information erzeugen, die in den Messdaten nicht vorhanden ist.

Daraus folgt jedoch nicht, dass sämtliche NGS-gestützten Verfahren für sämtliche Formen der Authentizitätsprüfung ungeeignet wären. Eine Aussage über eine ganze Technologiegruppe erfordert eine klare Abgrenzung der tatsächlich untersuchten Arbeitsabläufe, Referenzdatenbanken, Auswertemodelle und Entscheidungsregeln.

Aus der Stellungnahme geht insbesondere nicht ausreichend hervor, inwieweit die geprüften Verfahren den vollständigen kommerziellen Prüfabläufen entsprechen, deren Ergebnisse in der öffentlichen Diskussion stehen. Ohne diese Zuordnung ist eine unmittelbare Übertragung der Vergleichsergebnisse auf bestimmte Anbieter oder Modellversionen nicht gerechtfertigt. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

Die angemessene Schlussfolgerung lautet daher zunächst: Die untersuchten Verfahren erkannten den beschriebenen Sirupzusatz unter den gewählten Bedingungen nicht eindeutig. Weitergehende Aussagen müssen gesondert belegt werden.

2. Direkter Sirupnachweis und Profilbewertung sind unterschiedliche Aufgaben

Ein Test kann nach einem bestimmten Fremdbestandteil suchen. Ein anderer kann untersuchen, ob ein Gesamtprofil innerhalb eines belastbar definierten Bereichs authentischer Honige liegt. Diese Fragestellungen sind nicht identisch. Auch der vom BVL zitierte JRC-Kommentar unterscheidet quantitative Messungen von qualitativen, musterbezogenen Authentizitätsverfahren und verlangt für Letztere insbesondere eine Bewertung falsch-positiver und falsch-negativer Ergebnisse.

Ein auffälliges DNA-Profil ist deshalb nicht automatisch ein direkter Zuckersirupnachweis. Es identifiziert für sich genommen weder den Herstellungsweg noch eine verantwortliche Person oder einen Betrugsvorsatz. Umgekehrt widerlegt das Ausbleiben eines direkten Sirupnachweises nicht automatisch jede anderweitige Auffälligkeit.

Auch innerhalb der DNA-Analytik ist zu differenzieren. Die vom BVL angeführte Arbeit von Dodd und Kollegen beschreibt den Nachweis bestimmter Mais- und Reissirupzusätze mittels gezielter DNA-Marker und qPCR. Das ist keine Validierung eines NGS-Authentizitätsmodells und keine Lösung für DNA-freie Sirupe. Es zeigt aber, weshalb Aussagen über DNA-basierte Nachweismöglichkeiten stets an das konkrete Verfahren und die untersuchten Materialien gebunden werden müssen.

3. Relative Daten sind begrenzt – aber nicht grundsätzlich wertlos

GHIC stimmt dem BVL zu: Relative Sequenzanteile dürfen nicht ohne zusätzliche Grundlage in absolute Stoffmengen oder Sirupanteile umgerechnet werden. Ebenso können Extraktion, Datenbankabdeckung, Primerwahl und natürliche Unterschiede die Ergebnisse beeinflussen. Ein artenarmes Profil beweist keine Verfälschung; ein artenreiches Profil beweist keine Echtheit. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

Die fehlende Möglichkeit einer unmittelbaren Mengenbestimmung schließt eine validierte qualitative Klassifikation jedoch nicht grundsätzlich aus. Entscheidend ist, ob ein festgelegtes Verfahren unter unabhängigen Prüfbedingungen zuverlässig zwischen den für seinen Anwendungsbereich relevanten Zuständen unterscheiden kann.

Dafür ist nicht zwingend ein exakt identischer Referenzhonig für jedes Handelsprodukt erforderlich. Erforderlich ist vielmehr der Nachweis, dass die Referenzgrundlage und die Entscheidungsregeln die relevante natürliche und verarbeitungsbedingte Vielfalt angemessen abbilden. Ein Modell darf nicht lediglich deutsche Imkerhonige von internationalen Handelsmischungen unterscheiden und diese Trennung anschließend als Beweis für Echtheit beziehungsweise Verfälschung interpretieren.

Auch der Vergleich mit dem individuellen genetischen Fingerabdruck eines Menschen ist ungeeignet. GHIC unterstützt hier eine präzise Sprache: Ein Honig-DNA-Profil ist ein zusammengesetztes biologisches Profil, kein unveränderlicher Identitätsnachweis. Das begrenzt seine Interpretation, beseitigt aber nicht automatisch seinen möglichen Informationswert. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

4. Die GHIC-Erfahrungen zeigen sowohl Übereinstimmungen als auch Klärungsbedarf

Für GHIC ist die Diskussion nicht ausschließlich theoretisch. Unsere dokumentierten Fallauswertungen enthalten sowohl übereinstimmende Ergebnisse unterschiedlicher Verfahren als auch Befunde, deren Verhältnis zueinander noch geklärt werden muss.

Bei der bulgarischen Handelsprobe D339H berichtete Celvia mittels MDA v2 die Einstufung „NON-AUTHENTIC“. Die zugeordnete Eurofins-Proteomik berichtete zwei Fremdenzyme – Alpha-Amylase aus *Aspergillus oryzae* und Invertase aus *Saccharomyces cerevisiae* – sowie Auffälligkeiten bei den untersuchten bieneneigenen Proteinen. Bei der

Vergleichsprobe D340H lautete die DNA-Einstufung „AUTHENTIC“; die proteomisch untersuchten Parameter waren unauffällig. Diese Ergebnisse sind in der GHIC-Fallauswertung ausdrücklich auf die jeweiligen Proben und Prüfbereiche begrenzt. *GHIC_Celvia_Orthogonal_Concordance_Report_ET_EN_2026-07-24.pdf*

Dieses Probenpaar ist keine statistische Validierung des DNA-Verfahrens. Es ist jedoch ein konkretes Beispiel dafür, dass verschiedene molekulare Untersuchungsebenen in einem belastenden und einem unauffälligen Fall zu miteinander vereinbaren Ergebnissen gelangen können. Solche Fälle verdienen eine unabhängige wissenschaftliche Nachprüfung, nicht ihre Ausblendung aus der Methodendiskussion.

GHIC dokumentiert zugleich deutsche Handelsprodukte, bei denen eine Einstufung als „NON-AUTHENTIC“ im DNA-Verfahren einem unauffälligen gezielten Fremdenzympanel gegenübersteht. Der aktuelle Arbeitsstand weist ausdrücklich auf unterschiedliche Einsendewege hin. Bevor dies als gesicherte Abweichung zwischen Methoden an derselben physischen Probe bewertet werden kann, müssen Probenidentität, Aufteilung, Lagerung und Übergaben nachvollzogen werden. Eine Produkt- oder Chargenzuordnung allein ersetzt diese Prüfung nicht. *GHIC_Arbeitsbericht_2026-09-10.pdf*

Unsere Konsequenz ist eindeutig: Ein unauffälliges begrenztes Prüfpanel darf nicht zur pauschalen Entlastung aller Authentizitätsfragen ausgeweitet werden. Eine auffällige Modellklassifikation darf umgekehrt nicht zum pauschalen Verfälschungsbeweis werden. Unterschiedliche Ergebnisse sind ein Untersuchungsauftrag – kein Anlass, das jeweils bevorzugte Ergebnis auszuwählen.

5. Ergänzende Methoden müssen zur Fragestellung passen

Das BVL stellt selbst klar, dass die eindeutige Zuordnung und Abschätzung des Sirupzusatzes mittels NMR im beschriebenen Versuch durch die Kenntnis der Ausgangshonige und des verwendeten Sirups ermöglicht wurde. Auch die erfolgreiche Zuordnung anhand absoluter Pollenzahlen beruhte auf bekannten Ausgangswerten. Die Stellungnahme begrenzt daher ausdrücklich die Übertragbarkeit dieser Ergebnisse auf unbekannte Handelsproben. Diese Einschränkung muss auch beim Vergleich mit DNA-Verfahren berücksichtigt werden. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

GHIC befürwortet die Kombination geeigneter Methoden. Wir halten jedoch eine generelle Beschränkung von NGS auf eine ergänzende Rolle zur mikroskopischen Pollenanalyse für zu eng. Die Pollenanalyse ist ein wichtiger Vergleich für botanische Fragestellungen. Sie ist nicht automatisch der geeignete alleinige Maßstab zur Bewertung sämtlicher Informationen über Bienen, Mikroorganismen oder andere biologische Bestandteile, die das BVL selbst als mögliche Ergebnisse der Metagenomik beschreibt. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

Die Auswahl ergänzender Prüfungen sollte deshalb vom konkreten Befund abhängen: botanische Untersuchung, chemische Analytik, Proteomik, erneute DNA-Untersuchung oder Prüfung der Lieferkette. Nicht jede Probe benötigt dieselbe Methodenkombination.

6. Akkreditierung und Publikationsstand müssen präzise dargestellt werden

Das BVL hat recht: Eine Akkreditierung ist weder eine universelle Methodennorm noch eine Garantie für jede denkbare Authentizitätsaussage. Sie sollte aber auch nicht auf dokumentierte Laborabläufe reduziert werden. ISO/IEC 17025 betrifft ausdrücklich die technische Kompetenz, Unparteilichkeit und konsistente Arbeitsweise eines Labors. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

Der offizielle Akkreditierungsumfang von Celvia nennt konkret MDA v2 mit einem arten- und anteilsbezogenen maschinellen Lernmodell, die taxonomische Ähnlichkeit des DNA-Profils zur Datenbank MDA2_v1.1 und die Methode MDA_P002, Version 2.0. Dieser konkrete Prüfumfang sollte Gegenstand der Bewertung sein. Er ist nicht mit einer pauschalen Akkreditierung zum Nachweis sämtlicher Sirupzusätze oder von Lebensmittelbetrug gleichzusetzen.

Auch beim Publikationsstand ist Differenzierung erforderlich. Paluoja und Kollegen veröffentlichten 2025 eine begutachtete Studie zur metagenomischen Untersuchung der biologischen Zusammensetzung von Honig. Eine solche Grundlagen- und Anwendungsstudie ist jedoch nicht gleichbedeutend mit einer vollständigen unabhängigen Validierung des kommerziellen Authentizitätsklassifikators. Die Existenz wissenschaftlicher Publikationen und der Validierungsstand einer konkreten Entscheidungsregel sind getrennt zu beurteilen.

7. GHIC fordert ein gemeinsames, überprüfbares Prüfprogramm

Aus den BVL-Ergebnissen und den dokumentierten GHIC-Fällen ergibt sich aus unserer Sicht kein sinnvoller Gegensatz zwischen „NGS anerkennen“ und „NGS verwerfen“. Erforderlich ist ein konkret finanziertes Prüfprogramm mit transparenten Zuständigkeiten und einem veröffentlichten Zeitplan.

Erstens: Die tatsächlichen Prüfverfahren offenlegen. Für eine unabhängige fachliche Bewertung müssen Probenvorbereitung, Extraktion, Sequenzierung, Datenbank- und Modellversionen, Qualitätskontrollen und Entscheidungsregeln nachvollziehbar sein. Geschäftsgeheimnisse können gegebenenfalls durch geregelten Zugang geschützt werden; sie dürfen eine belastbare Überprüfung der beanspruchten Aussage nicht verhindern.

Zweitens: Die relevanten Anwendungen getrennt validieren. Botanische Herkunft, geografische Plausibilität, bestimmte Verfälschungsszenarien und ein allgemeineres Auffälligkeitsscreening benötigen jeweils passende Leistungsnachweise. Eine Sammelbezeichnung wie „DNA-Honigtest“ ist dafür nicht ausreichend.

Drittens: Unabhängige Blindvergleiche mit realistischen Proben durchführen. Dazu gehören dokumentierte authentische Honige unterschiedlicher Herkunft, Saison und Verarbeitung, nachvollziehbare Mischungen, verschiedene Siruparten sowie belastbar charakterisierte Handelsfälle. Authentizität sollte nicht allein dadurch definiert werden, dass eine Probe in einem anderen begrenzten Test unauffällig war. Die Prüfungen müssen sowohl übersehene Verfälschungen als auch falsche Belastungen authentischer Ware erfassen.

Viertens: Unsicherheit sichtbar machen. Zu veröffentlichen sind nicht nur Treffer, sondern auch Fehlklassifikationen, nicht auswertbare Proben, Grenzfälle und die Unsicherheit der ermittelten Leistungskennzahlen. Eine ausdrücklich vorgesehene Kategorie „nicht eindeutig beurteilbar“ ist einem erzwungenen Ja-Nein-Urteil vorzuziehen.

Fünftens: Analytik mit nachvollziehbaren Warenströmen verbinden. Auffällige Befunde sollten zu verhältnismäßigen Folgeprüfungen führen: Sicherung von Rückstellproben, kontrollierte Wiederholungsanalysen sowie Prüfung von Herkunftsunterlagen, Massenbilanzen, Mischprotokollen und Chargenbeziehungen. Die methodische Bewertung darf nicht mit einer abschließenden Feststellung von Rechtsverstoß, Verantwortlichkeit oder Vorsatz verwechselt werden.

Diese Forderungen konkretisieren den vom BVL selbst benannten Bedarf an Standardisierung, Referenzmaterialien und Laborvergleichsuntersuchungen. GHIC fordert, daraus einen umsetzbaren Arbeitsplan zu machen.
Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf

8. Schlussfolgerung

GHIC bittet das BVL, die Reichweite seiner Schlussfolgerungen enger an die tatsächlich untersuchten Verfahren und Fragestellungen zu binden und dokumentierte Erkenntnisse aus der praktischen Anwendung systematisch in weitere Untersuchungen einzubeziehen.

Wissenschaftliche Vorsicht ist notwendig. Sie muss jedoch in beide Richtungen gelten: gegenüber überzogenen Wirksamkeitsversprechen ebenso wie gegenüber zu weitreichenden Aussagen über die Ungeeignetheit einer Technologie.

Dass ein Verfahren nicht jede Verfälschung erkennt, macht es nicht wertlos. Dass es in einzelnen Fällen zusätzliche Hinweise liefert, macht es nicht universell beweiskräftig.

Der Maßstab des GHIC ist der nachgewiesene Beitrag zum Schutz authentischen Honigs: belastbare Befunde, nachvollziehbare Bewertungen, wirksame Aufklärung und der Schutz ehrlicher Marktteilnehmer vor unbegründeten Anschuldigungen.

Global Honey Integrity Council — GHIC

ENGLISH VERSION

Statement on the BVL's second statement concerning NGS in honey authenticity testing

Statement by the Global Honey Integrity Council

15 September 2026

REFERENCE

Second statement by the Section 64 LFGB Working Group on NGS Species Identification concerning the possibilities and limitations of high-throughput DNA sequencing for detecting adulteration in honey, published by the BVL on 9 September 2026. Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf

Recognise methodological limitations — do not dismiss additional evidence

The Global Honey Integrity Council welcomes the BVL working group's renewed examination of DNA-based methods for honey authenticity testing, including its own experimental investigations. Its calls for transparent data interpretation, reliable reference databases, standardised sample preparation and independent validation are justified. Its explicit recognition that NGS methods may provide indications of adulteration is also important. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

However, GHIC considers that some conclusions extend beyond what the described experimental design establishes. In particular, direct detection of a specific sugar syrup, assessment of a biological profile and evaluation of authenticity through several independent lines of evidence must be clearly distinguished.

GHIC advocates neither the uncritical acceptance of every DNA finding nor the replacement of existing methods with a supposedly universal honey test. We advocate an open-minded, application-specific assessment of the additional information a method can provide.

1. What the BVL investigations demonstrate — and what they do not

The explicitly described interlaboratory exercise involved four metabarcoding laboratories and one metagenomics laboratory. Five blind samples were examined: a corn-starch syrup, two raw honeys and the corresponding spiked honeys, one containing 40 per cent added syrup and the other 10 per cent. Under these conditions, the DNA methods used could not reliably distinguish the original honeys from their spiked counterparts. Further syrup investigations are mentioned but are not described in comparable detail. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

This finding is relevant and must be acknowledged. It demonstrates an important limitation: where an essentially DNA-free addition leaves the relative DNA profile being evaluated unchanged, an assessment based solely on that profile cannot reliably detect the addition. Machine learning cannot create information absent from the measurements.

However, this does not establish that all NGS-based methods are unsuitable for all authenticity applications. A conclusion covering an entire technology group requires a clear definition of the workflows, reference databases, analytical models and decision rules actually examined.

In particular, the statement does not adequately establish how the tested procedures correspond to the complete commercial workflows whose results have featured in public debate. Without that correspondence, directly transferring the exercise's findings to particular providers or model versions is not justified. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

The appropriate initial conclusion is therefore: the methods examined did not unambiguously identify the specified syrup additions under the conditions used. Broader conclusions require separate evidence.

2. Direct syrup detection and profile assessment are different tasks

One test may search for a specific foreign constituent. Another may assess whether an overall profile falls within a reliably defined range for authentic honeys. These are different questions. The JRC commentary cited by the BVL also distinguishes quantitative measurements from qualitative, pattern-based authenticity approaches and calls for the latter to be evaluated through measures including false-positive and false-negative rates.

An atypical DNA profile is therefore not automatically direct evidence of added sugar syrup. On its own, it does not identify a production process, a responsible individual or fraudulent intent. Conversely, failure to detect a syrup directly does not automatically invalidate every other anomalous finding.

Distinctions are also necessary within DNA testing itself. The paper by Dodd and colleagues cited by the BVL describes the detection of certain corn and rice syrup additions using targeted DNA markers and qPCR. This does not validate an NGS authenticity model and does not solve the problem of DNA-free syrups. It does, however, illustrate why statements about DNA-based detection must remain specific to the method and materials examined.

3. Relative data have limitations — but are not inherently without value

GHIC agrees with the BVL that relative sequence proportions cannot, without additional evidence, be converted into absolute quantities or percentages of added syrup. Extraction, database coverage, primer selection and natural variation can also affect results. A species-poor profile does not prove adulteration; a species-rich profile does not prove authenticity. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

Nevertheless, the inability to determine quantities directly does not, in principle, exclude validated qualitative classification. The relevant question is whether a specified procedure can reliably distinguish the conditions relevant to its intended application when independently tested.

This does not necessarily require an exactly identical reference honey for every retail product. It requires evidence that the reference material and decision rules adequately represent the relevant natural and processing-related variation. A model must not merely distinguish German beekeeper honeys from international commercial blends and then interpret that distinction as proof of authenticity or adulteration.

Comparison with an individual human genetic fingerprint is also inappropriate. GHIC supports precise terminology: a honey DNA profile is a composite biological profile, not an immutable identifier. This limits its interpretation but does not automatically eliminate its potential information value. *Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf*

4. GHIC's experience includes both agreement and unresolved findings

For GHIC, this is not an exclusively theoretical discussion. Our documented case assessments include both agreement between different methods and findings whose relationship still requires clarification.

For the Bulgarian retail sample D339H, Celvia reported a "NON-AUTHENTIC" classification using MDA v2. The associated Eurofins proteomics results reported two foreign enzymes — alpha-amylase from *Aspergillus oryzae* and invertase from *Saccharomyces cerevisiae* — together with abnormalities in the bee-derived proteins examined. For comparator sample D340H, the DNA classification was "AUTHENTIC", while the parameters investigated by proteomics were unremarkable. GHIC's case assessment expressly limits these findings to the respective samples and analytical scopes.
GHIC_Celvia_Orthogonal_Concordance_Report_ET_EN_2026-07-24.pdf

This sample pair is not a statistical validation of the DNA method. It is, however, a concrete example of different molecular approaches producing mutually compatible findings in both an adverse and an unremarkable case. Such cases warrant independent scientific examination, rather than exclusion from the methodological debate.

GHIC also documents German retail products for which a "NON-AUTHENTIC" DNA classification is associated with an unremarkable targeted foreign-enzyme panel. The current assessment explicitly identifies different sample-submission pathways. Before this can be treated as an established difference between methods applied to the same physical sample, sample identity, splitting, storage and transfers must be reconstructed. Product or batch correspondence alone does not replace that examination. *GHIC_Arbeitsbericht_2026-09-10.pdf*

Our conclusion is clear: an unremarkable result from a limited analytical panel must not be expanded into comprehensive clearance of every authenticity question. Conversely, an adverse model classification must not become a blanket finding of adulteration. Different results are a reason to investigate — not a reason to select whichever result is preferred.

5. Complementary methods must address the relevant question

The BVL itself explains that the clear identification and estimation of syrup addition by NMR in its experiment depended on knowledge of the original honeys and the syrup used. Successful assignment using absolute pollen counts likewise depended on known starting values. The statement therefore expressly limits the transferability of those findings to unknown commercial samples. This qualification must also be reflected in comparisons with DNA methods.
Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf

GHIC supports combining appropriate methods. However, we consider a general restriction of NGS to a supporting role alongside microscopic pollen analysis too narrow. Pollen analysis is an important comparator for botanical questions. It is not automatically the appropriate sole benchmark for assessing every finding concerning bees, microorganisms or other biological constituents that the BVL itself identifies as potential outputs of metagenomics.
Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf

The choice of follow-up examination should therefore depend on the finding: botanical assessment, chemical analysis, proteomics, repeat DNA testing or supply-chain investigation. Not every sample requires the same combination of methods.

6. Accreditation and publication status require precise descriptions

The BVL is correct that accreditation is neither a universal method standard nor a guarantee covering every conceivable authenticity claim. However, it should not be reduced to documented laboratory procedures either. ISO/IEC 17025 explicitly addresses laboratory technical competence, impartiality and consistent operation.
Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf

Celvia's official accreditation scope specifically includes MDA v2 with a species- and proportion-based machine-learning model, assessment of DNA-profile taxonomic similarity against the MDA2_v1.1 database, and method MDA_P002, version 2.0. That defined scope should be assessed on its merits. It is not equivalent to blanket accreditation for detecting every syrup addition or establishing food fraud.

Publication status also requires differentiation. Paluoja and colleagues published a peer-reviewed study in 2025 on metagenomic investigation of honey's biological composition. However, a study of the underlying approach and its applications is not equivalent to complete independent validation of the commercial authenticity classifier. The existence of scientific publications and the validation status of a specific decision rule must be assessed separately.

7. GHIC calls for a joint, verifiable testing programme

In our assessment, neither the BVL findings nor the documented GHIC cases support a useful binary choice between "accept NGS" and "reject NGS". What is needed is a specifically funded testing programme with clear responsibilities and a published timetable.

First, make the actual testing procedures available for scrutiny. Independent scientific assessment requires traceable information on sample preparation, extraction, sequencing, database and model versions, quality controls and decision rules. Commercial confidentiality may be addressed through controlled access where appropriate; it must not prevent meaningful examination of the claims being made.

Second, validate the relevant applications separately. Botanical origin, geographical plausibility, particular adulteration scenarios and broader anomaly screening each require appropriate performance evidence. A general label such as "DNA honey test" is insufficient.

Third, conduct independent blind comparisons using realistic samples. These should include documented authentic honeys from different origins, seasons and processing conditions; traceable blends; different syrup types; and well-

characterised commercial cases. Authenticity should not be defined solely by an unremarkable result in another limited test. The exercises must examine both missed adulteration and the incorrect classification of authentic products.

Fourth, make uncertainty visible. Reporting should cover not only successful detections but also misclassifications, samples that cannot be evaluated, borderline results and uncertainty around performance estimates. An explicitly defined “inconclusive” category is preferable to a forced binary judgement.

Fifth, connect analytical findings with traceable product movements. Anomalous findings should lead to proportionate follow-up: securing retained samples, controlled repeat analyses, and examination of origin documentation, mass balances, blending records and batch relationships. Methodological assessment must not be confused with a final determination of non-compliance, responsibility or intent.

These proposals give practical effect to the BVL’s own identified need for standardisation, reference materials and interlaboratory comparisons. GHIC calls for that need to be translated into an executable work programme.
Zweite_Stellungnahme_Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung-Honig.pdf

8. Conclusion

GHIC asks the BVL to align the scope of its conclusions more closely with the methods and questions actually investigated, and to incorporate documented findings from practical applications systematically into further work.

Scientific caution is necessary. It must operate in both directions: towards exaggerated performance claims and towards excessively broad conclusions that a technology is unsuitable.

A method’s inability to detect every form of adulteration does not make it worthless. Its ability to provide additional indications in individual cases does not make it universally conclusive.

GHIC’s benchmark is the demonstrated contribution to protecting authentic honey: reliable findings, transparent assessments, effective investigation and protection of honest market participants from unfounded allegations.

Global Honey Integrity Council — GHIC

Document date: 15 September 2026