

M. BAHR, München

Sollen wir noch Arten beschreiben? Und wenn ja, wie?

Zusammenfassung Angesichts der sinkenden Anzahl aktiv arbeitender Taxonomen, der enormen noch zu beschreibenden Artenzahl und neuer Vorschläge von Molekularbiologen, wie Taxonomie in Zukunft zu betreiben sei, wird die Frage erörtert, wie koleopterologisch arbeitende Taxonomen sich zukünftig verhalten sollen, und es werden Vorschläge gemacht, wie man taxonomische Arbeit beschleunigen und vereinfachen könnte.

Summary **Why still describing species? And how?** – Facing the decrease of the number of actively working taxonomists, the enormous quantity of yet undescribed species, and new proposals by molecular biologists about future taxonomic work, the question is discussed, how coleopterists should behave in future. Some proposals, how taxonomic work could be forced and simplified are presented.

Einleitung

Dieser Titel wirkt gewiss provozierend auf Taxonomen. Und dennoch ist er bei Licht besehen nicht ganz so unsinnig, wie er scheint. Die Gründe dafür sollen in den folgenden Ausführungen dargelegt werden, die auf einem Vortrag beruhen, der anlässlich des Deutschen Koleopterologentreffens 2003 in Beutelsbach gehalten wurde.

Die Anzahl beschriebener Tierarten erscheint gewaltig, denn wir kennen heutzutage etwa 1.750.000 Arten, für deren Beschreibung die Wissenschaft ziemlich genau 250 Jahre gebraucht hat. Noch gewaltiger aber sind die Zahlen, die von manchen Autoren genannt werden, wenn abgeschätzt werden soll, wie viele Arten es denn tatsächlich auf der Erde gibt. Eine frühe, auf der Extrapolation von im südamerikanischen Regenwald gewonnenen Zahlen beruhende Schätzung von T. ERWIN (1982) rechnet mit 30 Millionen existierender Tierarten. Man hat ERWIN zwar fehlerhafte Annahmen vorgeworfen und diese Zahlen beträchtlich heruntergerechnet, doch werden andererseits auch noch höhere Zahlen diskutiert (bis 100 Millionen). Die ganze Diskussion ist allerdings nicht sehr gut begründet, weil die Ausgangspositionen schwierig zu fixieren sind und sich überdies für jede Tiergruppe und auch für jeden Kontinent unterscheiden (s. z. B. GASTON 1991, STORK 1993, ERWIN 1995, ØDEGAARD 2000).

Da das Diskussionsforum ausschließlich aus Koleopterologen bestand, sind die nachfolgenden Gedanken auch nur auf die Käfer zugeschnitten. Prinzipiell können sie aber auf die meisten anderen Tiergruppen übertragen werden.

Wie viele Arten gibt es?

Die neue Frage ist daher: Wie viele Käferarten existieren denn überhaupt? Annähernd 500.000 wurden bisher beschrieben, wobei selbst diese Zahl nicht gesichert ist.

Über die Anzahl der tatsächlich existierenden Arten gibt es jedoch überhaupt keine schlüssigen Vorstellungen. Anhand von drei Beispielen aus der Familie Carabidae sei gezeigt, mit welchen Verhältnissen zwischen beschriebenen und tatsächlich existierenden Arten man in einer großen, allerdings vergleichsweise gut durchgearbeiteten Käferfamilie rechnen kann. Dies kann durch Extrapolation der Artenzahlen vor und nach der gründlichen Revision größerer Gruppen (z. B. Gattungen oder Tribus) geschehen.

1. WHITEHEAD (1973) behandelte in einem Review ca. 125 Arten der Gattung *Platynus* (sensu lato) aus Mexiko. Er gab darin an, dass er ca. 100 weitere unbeschriebene Arten kenne.

Extrapoliert man derartige Zahlen und verbindet sie mit dem Wissen, das wir aus gründlichen Aufsammlungen besitzen, kann man leicht auf eine tatsächlich existierende Zahl von 400-500 Arten der Gattung *Platynus* in Mexiko gelangen.

2. In einem Gespräch anlässlich einer Tagung äußerte T. ERWIN 1996, dass er von der süd- und mittelamerikanischen Gattung *Agra* über die gut 500 beschriebenen Arten hinaus mindestens 2.000 weitere Arten kenne.

Diese Käfer leben auf Bäumen im Regenwald und können vor allem mit der Methode des 'Fogging' in größerer Anzahl gefangen werden. Da ERWIN seither sehr zahlreiche neue Arten beschrieben hat, kann man diese Schätzung durchaus für zutreffend halten. Bedenkt man jedoch, dass ERWIN nur an verhältnismäßig wenigen Stellen in dem riesigen Verbreitungsgebiet der Gattung gründlich gesammelt hat, kann man mit einer tatsächlich existierenden Artenzahl von 4.000-5.000 rechnen.

3. DARLINGTON (1963) beschrieb einen *Tachys trunci* aus Queensland nach einem einzigen Exemplar, das durch Zufall gefangen wurde.

Inzwischen wurden aus den intensiven Aufsammlungen von G. MONTEITH 38 Arten der heute *Philipis* genannten

Gattung aus den Bergregenwäldern Nordost-Queenslands beschrieben. Die tatsächliche Artenzahl dürfte vermutlich bei etwa 50 liegen.

Das Verhältnis von beschriebenen : existierenden Arten ist demnach für:

Mexikanische <i>Platynus</i> :	1	3-4
Südamerikanische <i>Agra</i> :	1	8-10
Australische <i>Philipis</i> :	1	40-50

Extrapoliert man diese Zahlen, die natürlich von Familie zu Familie und ebenfalls geographisch enorm variieren, so kommt man auf 2,5 bis 5 Millionen existierender Käferarten. Unter Berücksichtigung, dass bei den außereuropäischen Vertretern einiger Käferfamilien (z. B. Staphylinidae sensu stricto, Curculionidae, Chrysomelidae oder gar Pselaphidae oder anderen Gruppen kleinster Käfer der Bodenstreu oder der Baumschwämme) die Unterschiede möglicherweise noch bedeutender sind, kann man die obigen Schätzungen vielleicht sogar als konservativ bezeichnen.

Wie schnell beschreiben wir?

Für die Beschreibung von annähernd 500.000 Käferarten hat die Wissenschaft 250 Jahre gebraucht, das entspricht einem Durchschnitt von 2.000 Arten/Jahr. Selbstverständlich hat es Zeiten größerer Aktivität gegeben, aber auch solche mit geringerer. Dass aber diese Quote größenordnungsmäßig realistisch ist, dafür ein Beispiel:

Die 'Insects of Australia' (1970) geben für Australien 54.000 Insektenarten an. Die 2. Auflage (1990) enthält bereits 86.000 Arten, das bedeutet einen Zuwachs von 32.000 Arten in 20 Jahren und ergibt eine Quote von neu beschriebenen 1.600 Arten/Jahr.

Man kann somit eine einfache Rechnung aufmachen: Bei einer durchschnittlichen Quote von 2.000 Neubeschreibungen/Jahr würden wir für die Beschreibung von 2 Millionen zusätzlicher Arten 1.000 Jahre brauchen, für 5 Millionen 2.500 Jahre, vorausgesetzt die Beschreibungsquote bleibt konstant.

Die Berechnung dieser Beschreibungsquote beruht allerdings auf mehreren Annahmen, die zu untersuchen wären:

1. Früher war die Anzahl der systematisch tätigen Koleopterologen geringer.

Diese Annahme dürfte nur für die ersten 100 Jahre der systematischen Entomologie stimmen, aber vermutlich nicht für die letzten 50 Jahre, wenn man nämlich den enormen Rückgang der systematischen Entomologie an den Universitäten, aber leider auch an Museen und anderen entomologisch ausgerichteten Institutionen bedenkt.

2. Früher wurde schneller beschrieben. Auch diese Annahme wäre zu prüfen. Es sei hier ein Beispiel aus dem

Bereich des Autors herausgegriffen, das diese Annahme beleuchtet.

Der Reverend T. BLACKBURN beschrieb in 40 Jahren (ca. 1870-1910) über 5.000 Arten. Er tat das ausschließlich in seiner Freizeit, denn er war Dekan einer großen Episkopalkirche. Bei Annahme von etwa 1.000 Arten, die später als Synonyme erkannt wurden, beschrieb er etwa 4.000 valide Arten. Die Beschreibungsquote Blackburns ist daher 100 (bzw. 125) Arten/Jahr.

Der Verfasser beschrieb in drei großen Revisionen (Dauer insgesamt ca. 15 Jahre): ca. 275 Arten neu und weitere 105 vollständig nach. Die Beschreibungsquote ist demnach ca. 18 (bzw. 25) Arten/Jahr. Doch wurde diese Arbeit wenigstens teilweise während der Dienstzeit geleistet.

Die Beschreibungsquote dieser beiden Autoren wäre daher etwa 5 : 1, bzw. sogar 8 : 1 oder 10 : 1, wenn man nämlich den gleichen Zeitaufwand zugrundelegt. Das heißt, in der gleichen Zeit beschrieb T. BLACKBURN 5-10 mal so viele Arten wie ein durchschnittlich fleißiger heutiger Taxonom.

Wie kommt das? Sind wir heutzutage fauler oder dümmer als die damaligen Autoren?

Gründe für abnehmende Beschreibungsquantität

Es lassen sich eine ganze Reihe von Gründen aufzählen, die uns heutzutage die Arbeit erschweren bzw. diese verlangsamen, die aber andererseits die Qualität der Beschreibungen beträchtlich verbessern.

1. Genauigkeit und Ausführlichkeit der Beschreibungen.

Jeder Taxonom kennt die sehr kurzen und häufig auch recht vagen Beschreibungen älterer Autoren, die heute in vielen Fällen eine einwandfreie Bestimmung unmöglich machen. Solche Beschreibungen können wir uns heutzutage nicht mehr leisten.

2. Abbildungen.

Der Großteil der älteren Autoren hat gänzlich auf Abbildungen verzichtet, und wenn es überhaupt Abbildungen gibt, dann sind es meist sehr kleine und oftmals ungenügende Habitusbilder. Die ausführliche Bebilderung vieler heutiger Beschreibungen mit Habitusabbildungen und Detailzeichnungen ist demgegenüber sehr zeitraubend.

3. Untersuchungsmethoden.

Die meisten früheren Autoren haben nur wenige auffällige äußere Merkmale durch die Lupe beobachtet. Heutzutage ist der Kanon der Merkmale, die untersucht werden (müssen), viel umfangreicher und die Arbeit ist um ein Vielfaches zeitaufwendiger: z.B. Genitalpräparation und -untersuchung, umfangreiche Längen- und Verhältnismessungen, DNA-Analyse. Überdies sind für manche Merkmalskomplexe aufwendige und komplizierte Untersuchungsmethoden notwendig: z. B. REM-Darstellungen, Makrophotographie etc.

4. Zu berücksichtigende Artenzahl.

Da heutzutage viel mehr Arten zu berücksichtigen sind als beispielsweise vor hundert Jahren, haben die Schwierigkeiten bei der Unterscheidung der Arten naturgemäß beträchtlich zugenommen. Es muss daher erheblich genauer untersucht werden, da Arten in vielen Fällen einander ähnlicher sind, als man früher annahm.

5. Typenbeschaffung.

Nur wenige ältere Autoren hatten Zugang zu den Typen anderer Autoren, bzw. sie haben sich zuweilen auch nicht darum bemüht. Heutzutage kommen Neubeschreibungen nur selten ohne die Untersuchung der Typen verwandter Arten aus. Die Beschaffung der Typen ist jedoch zeitraubend und zuweilen schwierig.

Sicher ließen sich noch weitere Faktoren finden, welche die Arbeit der heutigen Taxonomen erschweren bzw. sehr zeitaufwendig machen. Man kann aber bereits jetzt einige Schlüsse ziehen:

Fazit 1

1. Die Anzahl der Arten, die mit gleichem Zeitaufwand beschrieben werden können (Beschreibungsquote), hat stetig abgenommen (1 5, eventuell 1 10, bzw. darunter)
2. Die Anzahl der zu beschreibenden Arten (Arten, von denen wir wissen, dass sie beschrieben werden müssen), hat stark zugenommen (1 4, evtl. 1 10, bzw. darüber).
3. Die Anzahl der Bearbeiter ist wahrscheinlich heutzutage eher geringer als früher; sie ist es in jedem Fall in Bezug zur Anzahl der Arten, von denen wir wissen oder annehmen, dass sie der Beschreibung harren.

Fazit 2

Unsere Kenntnis der Fauna nimmt daher – relativ gesehen – stetig ab! Der Zeitraum, der für die Beschreibung aller existierenden Arten benötigt wird, muss daher wahrscheinlich entscheidend verlängert werden.

Das bedeutet: Wir werden niemals fertig!

In diesem Zusammenhang sollte beachtet werden, dass es bei all diesen Überlegungen **nur** um die reine Beschreibung, nicht um die Untersuchung der Morphologie, Physiologie, Ethologie, Ökologie, Phylogenese, oder gar der Entwicklungsstadien geht!

Wie kann man der Menge der zu beschreibenden Arten Herr werden?

Man muss sich daher dringend überlegen, wie man die ungeheure Menge der noch zu beschreibenden Arten in den Griff bekommen kann, um in einem absehbaren Zeitraum einen Überblick über die uns umgebende, noch vorhandene Biodiversität zu erhalten. Es lassen sich einige Optionen denken, die allerdings in ihren Auswirkungen untersucht werden müssen.

1. Keine Arten mehr beschreiben, sondern die bekannten besser untersuchen?

Das Letztere wäre zwar sehr nötig, weil wir von den meisten beschriebenen außereuropäischen Arten, abgesehen von ihrem Namen, so gut wie nichts wissen, aber es wäre der Verzicht auf taxonomisch, phylogenetisch, biologisch, ökonomisch u. a. sehr wertvolle Information, die zum Teil unwiederbringlich verloren geht (durch Aussterben infolge von Biotopvernichtung, Übernutzung, Umweltverschmutzung u. a.). Ich denke, das wollen und können wir uns nicht leisten.

2. So weiterarbeiten wie bisher?

Das, haben wir gesehen, ist ebenfalls fragwürdig, weil wir – relativ gesehen – in rasantem Tempo an biologischer Information verlieren (Gründe s. o.). Daher müssen die heute noch in der Natur vorhandenen Informationen irgendwie, und zwar möglichst schnell gesichert werden.

3. Nur noch bestimmte – wichtige – Arten beschreiben? Dies ist eine häufig geäußerte Meinung. Wie aber werden 'wichtige' Arten definiert? Sind es

- a. phylogenetisch wichtige, z.B. basisnahe oder an wichtigen Stellen im Stammbaum stehende?
- b. morphologisch oder ökologisch oder ethologisch besonders interessante?
- c. besonders naturschutzrelevante?
- d. ökonomisch nutzbare?
- e. an sogenannten 'hot spots' der Evolution vorkommende?

Die Entscheidung wird noch zusätzlich dadurch erschwert, dass man vor der Beschreibung in der Regel nicht weiß, dass die zu beschreibende Art in irgendeiner Weise 'wichtig' ist? Denn das ergibt sich meist erst aus der weiteren Bearbeitung, die aber erst stattfinden kann, nachdem der Name fixiert ist.

4. Beschreibungen entscheidend verkürzen bzw. vereinfachen?

Vermutlich ist das der einzige Weg, das Problem der Flut unbeschriebener Arten zu bewältigen. Die Frage ist nur: Wie kann man das Beschreiben vereinfachen und vor allem beschleunigen?

Wie kann man das Beschreiben beschleunigen?

Es gibt zwei denkbare Methoden der Vereinfachung bzw. Beschleunigung von Beschreibungen, von denen die erste im Augenblick stark propagiert, aber auch sehr kontrovers diskutiert wird.

1. Beschreibungen nur noch in Form einer DNS-Analyse.

Von Molekularbiologen ist kürzlich der radikale Vorschlag eingebracht worden, die umständliche morpho-

logische Beschreibung ganz aufzugeben zugunsten einer ausschließlich auf der DNS-Analyse beruhenden Taxonomie („Barcoding“). Als Begründung gaben z.B. TAUTZ et al. (2003) und andere an, dass die klassische Taxonomie der Biodiversität nicht mehr Herr wird und eine Art DNS-Strichcode als Kennzeichnung für jedes Taxon ausreichend sei. Auf die anschließende Diskussion dieser Vorschläge sei hier nur hingewiesen, da sie nicht das Thema dieses Artikels ist. Es sei jedoch angemerkt, dass man bei Befolgung dieser Vorschläge auf 250 Jahre morphologischer, phylogenetischer u.a. Information verzichten würde (s. z. B. LIPSCOMB et al. 2003). Auch über die sonstigen Möglichkeiten bzw. Nachteile der reinen DNS-Taxonomie sei hier nicht diskutiert.

2. Stark vereinfachte morphologische Beschreibungen.

Wünscht man die reine DNS-Taxonomie nicht, bleibt dennoch der Zwang, die Biodiversität schneller in den Griff zu bekommen durch Vereinfachung der auf morphologischen Merkmalen beruhenden Taxonomie.

Prinzipiell sind zwei Methoden der Beschreibung denkbar:

a. Die vollkommene Beschreibung aller bekannten (und womöglich auch der bisher nicht ausdrücklich genannten) Merkmale.

In der Theorie soll diese Art der Beschreibung die Beschäftigung mit dem Typus (und damit auch dessen wiederholte Ausleihe) überflüssig machen. Auch Bestimmungsschlüssel würden danach selbst dann noch brauchbar sein, wenn neu entdeckte Arten hinzugefügt werden, denn sie beinhalten für jede Art ja eine große Anzahl charakteristischer Merkmale. Das gleiche würde für phylogenetische Matrices zutreffen. Eine vollkommene Beschreibung ist allerdings illusorisch, weil es sicher zahlreiche uns noch unbekannte Merkmale gibt, die nur zum Teil enkaptisch in einer derartigen Beschreibung enthalten wären.

b. Die nur die für die Arterkennung und -unterscheidung nötigsten Merkmale enthaltende ‘diagnostische’ Beschreibung.

Die diagnostische Beschreibung kann nur für den bekannten Artenbestand gültig sein, weil mit jeder neuen Art neue Merkmale hinzukommen können, bzw. die morphologischen Unterschiede zwischen den Arten geringer werden. Solche Beschreibungen können niemals das Studium der Typen ersetzen, sie haben auch zeitlich nur eine beschränkte Gültigkeit. Dies gilt selbstverständlich auch für die auf derartigen Beschreibungen beruhenden Bestimmungsschlüssel.

Da eine ‘vollkommene’ Beschreibung ohnehin niemals möglich sein wird, wird hier für eine Art von taxonomischer ‘Diagnostik’ anstatt ausführlicher Beschreibungen plädiert, da nur so das Ziel schnellerer Aneignung

der Biodiversität erreicht werden kann. Die Frage ist demnach: Sollten wir, nur um den Namen zu sichern und der Menge Herr zu werden, nicht lieber zu kurzen, rein diagnostischen Beschreibungen übergehen?

Diese könnte man in der Art einer Matrix gestalten, die alle die Merkmale enthält, die in der bearbeiteten Gruppe für die Unterscheidung der jetzt bekannten Arten von Bedeutung sind. Das hätte auch den Vorteil, dass für alle bearbeiteten Taxa die gleichen Merkmale berücksichtigt werden, und würde daher die Benutzung enorm erleichtern.

Dieses Vorgehen würde außerdem die Einfügung neuer zu beschreibender Arten in die Matrix erleichtern, weil ja bereits ein Gerüst der wichtigen morphologischen Merkmale vorliegt, in die – im günstigen Fall – die neue Art nur eingefügt werden muss. Und das kann dann ebenso gut auch von einem anderen Autor getan werden, ohne dass sich am Stil der Beschreibung etwas ändert.

Eine Matrix der Merkmalszustände sollte eigentlich jeder erstellen, der eine größere Gruppe im Zusammenhang bearbeitet, selbst wenn er keine phylogenetische Analyse vorhat. Die Matrix würde nämlich zugleich Redundanzen vermindern, diagnostisch überflüssige Merkmale zeigen und auf fehlende Merkmale hinweisen. Dass die Tiere einen Kopf haben, braucht nicht in jeder Beschreibung aufzutauchen – wenn er aber z. B. unterschiedlich gefärbt ist, sollte das bei allen Arten dargestellt werden.

Für diejenigen, die auf formale Beschreibungen nicht verzichten wollen, sei daher auch angeregt, standardisierte, immer gleich gestaltete, sehr deutlich gegliederte Beschreibungen zu verfassen. Diese ermöglichen es dem Benutzer, sehr schnell die gleichen Merkmalszustände zu finden und zu vergleichen. Und dem Bearbeiter geben sie eine Gliederung an die Hand, die ihm gleichermaßen hilft, Zeit zu sparen, wichtige Merkmale nicht zu vergessen und Wiederholungen zu vermeiden.

Vorschläge für verkürzte, zeitsparende, ‘diagnostische’ Beschreibungen

1. Deutliche Gliederung der Beschreibung (z. B.: Maße, Färbung, Kopf, Prothorax, Elytren, Abdomen, Beine, etc.).

2. Immer gleiche Reihenfolge der Gliederung (nicht nur in der gleichen Arbeit, sondern grundsätzlich!).

3. Immer gleiche Reihenfolge der beschriebenen Merkmale (z. B. beim Kopf: Form, Chaetotaxie, Oberflächenstruktur, Augen, Mundwerkzeuge: Labrum, Mandibeln, Maxillen, Mentum, Labium, Palpen usw.; Antennen).

4. (Zumindest vorbereitende) Anordnung der diagnostisch relevanten Merkmale in einer Matrix.

5. Vermeidung von Wiederholungen in den Artbeschreibungen, d. h. allgemeine Merkmale nur unter der Gattung, Artengruppe u. ä.

6. Hinweise auf Abbildungen im Text und im Bestimmungsschlüssel, keine zusätzlichen Beschreibungen abgebildeter Merkmale.

7. Nutzung neuerer Methoden der bildlichen Darstellung (REM-Fotografie, computergestützte Fotografie), um zeitraubendes Zeichnen zu vermeiden.

8. Generelle Einordnung in einen bestehenden Schlüssel oder Erstellung eines neuen Bestimmungsschlüssels. Dies hilft sowohl dem Bearbeiter, Fehler zu vermeiden, wie dem Benutzer, der nicht mühsam Diagnosen zusammensuchen und vergleichen muss.

9. Vermeidung von Einzelbeschreibungen, nach Möglichkeit vergleichende Bearbeitung von größeren Gruppen (Revisionen). Hat den gleichen Effekt wie unter 8. ausgeführt und würde vor allem die sehr zeitraubende Literaturrecherche vereinfachen.

Die meisten der oben genannten Vorschläge können sowohl dem Bearbeiter wie dem Benutzer Zeit und Mühe ersparen, sie würden zugleich Druckraum einsparen, Redundanzen vermeiden und die taxonomische Arbeit durchsichtiger gestalten.

Schlussfolgerungen

Unser Kenntnisstand der vorhandenen Biodiversität sinkt – relativ gesehen – ständig und kann nur durch Rationalisierung der taxonomischen Arbeit aufrechterhalten oder gar verbessert werden. Es wird daher vorgeschlagen, sich darüber Gedanken zu machen, welche Möglichkeiten es gibt, um Beschreibungen zu vereinfachen und zu beschleunigen:

Möglichkeiten:

1. Verkürzung auf das diagnostisch unbedingt Notwendige.

2. Standardisierung, so dass die notwendige Information schnellstmöglich

a. vom Verfasser zusammengetragen

b. vom Benutzer gefunden und verglichen werden kann

3. Vermeidung von Einzelbeschreibungen.

4. Verzicht auf morphologische Untersuchung und Beschreibung, Kennzeichnung der Arten ausschließlich mit einem DNS-Code.

Auch wenn die morphologisch arbeitenden Taxonomen diese letzte Möglichkeit – aus guten Gründen – ablehnen, sollten sie diese aber nicht nur als Bedrohung für ihre Arbeitsrichtung ansehen, sondern auch als Ansporn

dafür, sich zu überlegen, wie man die vorhandenen Ressourcen bündeln und die taxonomische Arbeit effektiver gestalten könnte, um die Biodiversität doch noch in vertretbarer Zeit in den Griff zu bekommen.

Dank

Ich danke einer Reihe von Kollegen in und außerhalb der Zoologischen Staatssammlung, München, mit denen einige der in dieser Arbeit aufgegriffenen Probleme diskutiert wurden, sowie Herrn Prof. KLAUSNITZER für die kritische Durchsicht des Entwurfs.

Literatur

- DARLINGTON, P. J. Jr. (1963): Australian carabid beetles XII. More *Tachys*. – *Psyche*, Cambridge 70: 22-33.
- ERWIN, T. L. (1982): Tropical forests: their richness in Coleoptera and other Arthropod species. – *Coleopterists Bulletin* 36: 75-75.
- ERWIN, T. L. (1995): Measuring arthropod biodiversity in the tropical forest canopy, pp. 109-127. In: LOWMAN, N. D. & N. M. NADKARNI (eds.): *Forest canopies*. – Academic Press, San Diego.
- GASTON, K. J. (1991): The magnitude of global insect species richness. – *Conservation Biology* 5: 283-296.
- LIPSCOMB, D., N. PLATNICK & Q. WHEELER (2003): The intellectual content of taxonomy. – *Trends in Ecology and Evolution* 18: 65-66.
- ØDEGAARD, F. (2000): How many species of arthropods? Erwin's estimate reviewed. – *Biological Journal of the Linnean Society* London 71: 583-597.
- STORK, N. E. (1993): How many species are there? – *Biodiversity and Conservation* 2: 215-232.
- TAUTZ, D., P. ARCTANDER, A. MINELLI, R. H. THOMAS & A. P. VOGLER (2003): A plea for DNA taxonomy. – *Trends in Ecology and Evolution* 18: 70-74.
- The Insects of Australia (1970): – Melbourne University Press.
- The Insects of Australia. 2nd Ed. (1990): – Melbourne University Press.
- WHITEHEAD, D. R. (1973): Annotated key to *Platynus*, including *Mexisphodrus* and most „*Colpodes*“, so far described from North America including Mexico (Coleoptera: Carabidae: Agonini). – *Quaestiones Entomologicae* 9: 173-217.

Manuskripteingang: 14.03.2005

Anschrift des Verfassers:

Dr. Martin Baehr

Zoologische Staatssammlung München

Münchhausenstraße 21

D-81247 München

martin.baehr@zsm.mwn.de

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Entomologische Nachrichten und Berichte](#)

Jahr/Year: 2005/2006

Band/Volume: [49](#)

Autor(en)/Author(s): Baehr Martin

Artikel/Article: [Sollen wir noch Arten beschreiben? Und wenn ja, wie? 91-95](#)