

Neue Erkenntnisse über die endosymbiontischen Strukturen in Wanzen (Heteroptera) und Mooswanzen (Coleorrhyncha: Peloridiidae)

STEFAN M. KÜCHLER

Abstract

Most hemipteran insects are associated with endosymbiotic bacteria, which are located in specific gut crypts or special organs, called bacteriomes. During the last years, a lot of new publications about endosymbiotic structures in the subgroups Heteroptera, especially in the superfamilies Pentatomoidea, Coreoidea and Lygaeoidea, and Coleorrhyncha have been published. Amongst others, it could be demonstrated that more than five different systems of bacteriome-associated endosymbiosis exist in lygaeoid (sub)families, which are quite different in matters of localization and structure of the bacteriomes as well as the phylogenetic position of the endosymbionts.

Vertreter aus der Gruppe Hemiptera weisen aufgrund ihrer in erster Linie, phytophagen Lebensweise eine Vielzahl von essentiellen Assoziationen mit endosymbiontischen Mikroorganismen auf. Diese Symbioseformen wurden/werden, bedingt durch die Vielzahl an Pflanzenschädlingen, bereits sehr gut in den Untergruppen Sternorrhyncha (BAUMANN 2006) und Auchenorrhyncha (BENNETT & MORAN 2013) untersucht. Die Symbiosen der Wanzen (Heteroptera) und deren Schwestergruppe, die Mooswanzen (Coleorrhyncha), wurden, mit Ausnahme hervorragender, älterer Arbeiten (BUCHNER 1965, MÜLLER 1951, PENDERGRAS 1962), hingegen lange Zeit nur mäßig bearbeitet. Im Zuge neuer Untersuchungsmethoden sind aber auch diese beiden Gruppen in den letzten Jahren verstärkt in den Fokus der Forschung gerückt, wie die Fülle an neuen Publikationen zeigt.

Die Symbiosen der Wanzen können allgemein in zwei Formen untergliedert werden: eine extrazelluläre und eine intrazelluläre Form. Die extrazelluläre Form beschreibt alle Symbiosen, in denen die Symbionten im Lumen des Darmes und/oder in speziellen Ausstülpungen, den sogenannten Krypten, lokalisiert sind (in der Regel durch γ -Proteobacteria). Die Charakterisierung der im Darmlumen (primär Mitteldarm) vorkommenden Symbionten wurde bislang nur anhand weniger Arten vorgenommen (z.B. Pyrrhocoridae, (SALEM et al. 2013) oder Pentatomidae (ZUCCHI et al. 2012)). Im Gegensatz zum Lumen wurden die Kryptensymbiosen, die charakteristisch für die meisten phytophagen Arten aus der Gruppe Pentatomoidea sind, in zahlreichen Arbeiten analysiert (z.B. aktuelle Arbeiten über Darmsymbionten der Pentatomidae: BANSAL et al. 2014, BISTOLAS et al. 2014, MATSUURA et al. 2014). Die Kryptensymbionten können hierbei spezifisch für die jeweilige Familie sein und eine gemeinsame Koevolution zwischen Wirt und Symbiont aufweisen, oder es lässt sich kein eindeutiger evolutiver Zusammenhang zwischen beiden herstellen.

Dies dürfte in engem Bezug mit der Form der Übertragung zusammenhängen, die recht unterschiedlich sein kann und verschiedene Formen aufweist; von Koprophagie, Beschmieren der Eier (ebenfalls unterschiedliche Varianten) bis hin zur Ablage von Symbionten-haltigen Kapseln (FUNKHOUSER & BORDENSTEIN 2013).

Neben Arten der Pentatomoidea weisen auch Vertreter der Coreoidea und Lygaeoidea eine Krypten-assoziierte Symbiose auf. Bislang wurde diese Symbioseform in den Familien Alydidae, Berytidae, Blissidae, Coreidae, Pachygronthidae und Rhyparochromidae beschrieben (BOUCIAS et al. 2012, GARCIA et al. 2014, ITOH et al. 2014, KIKUCHI et al. 2011a, OLIVIER-ESPEJEL et al. 2011). Im Gegensatz zum breiten Symbiontenspektrum der Pentatomoidea, weisen diese Gruppen eine einheitliche Assoziation mit verschiedenen *Burkholderia*-Stämmen (β -Proteobacteria) auf.

Eine Form dieser *Burkholderia*/Wanzen-Symbiose wurde exemplarisch bislang

besonders detailliert charakterisiert. Die Krummfühlerwanze *Riptortus pedestris* (Alydidae), die als Schädling der Sojabohne und anderen Hülsenfrüchtlern auftritt, wurde als "Modellorganismus" ausgewählt und eingehend untersucht (KIKUCHI et al. 2005, 2007, 2011b, 2013). Aufgrund ihrer unkomplizierten Haltung eignet sich *R. pedestris* hervorragend, um die Parameter für eine erfolgreiche, sowie persistente Besiedlung durch den *Burkholderia*-Symbionten (der ebenso leicht zu kultivieren wie auch zu manipulieren ist) zu ergründen. Auf diese Weise konnte bereits gezeigt werden, dass bestimmte Stoffwechselfunktion wie z.B. bestimmte Zellwandsynthesegene oder Proteine des Purinbiosyntheseweges essentiell für die erfolgreiche und dauerhafte Kolonisierung sind (KIM et al. 2013a, 2013b, 2014). Durch die Erzeugung transgener *Burkholderia*-Stämme kann der Kolonierungsprozess unmittelbar beobachtet werden (KIKUCHI & FUKATSU 2014). Obgleich die Funktion der Symbionten, trotz kompletter Sequenzierung des Symbiontengenoms (SHIBATA et al. 2013, TAKESHITA et al. 2014), noch nicht vollständig geklärt werden konnte, wurde bereits ein interessanter Nebeneffekt dieser Symbioseform beschrieben. Es konnte gezeigt werden, dass *R. pedestris* dank der funktionellen Hilfe seiner Symbionten resistent gegenüber bestimmten Insektiziden ist (KIKUCHI et al. 2012). Die *Burkholderia*-Stämme verstoffwechseln das für Insekten giftige Fenitrothion in eine ungiftige Form und vermitteln so eine 100%ige Toleranz gegenüber den für sie schädlichen Chemikalien.

Ebenso wie die extrazelluläre Form, weist auch die intrazelluläre Symbioseform verschiedene Ausprägungen auf. Grundsätzlich kann sie wiederum in zwei Untergruppen unterteilt werden: eine primäre/obligate Form und eine sekundäre/fakultative Form.

Im Folgenden soll jedoch in erster Linie die obligate Form im Fokus der Betrachtung stehen. Sie wurde bei Wanzen bislang nur innerhalb der Plattwanzen (Cimicoidea: Cimicidae) und verschiedenen Familien der "Bodenwanzen" (Lygaeoidea: Lygaeidae, Blissidae, Artheneidae) beschrieben (HOSOKAWA et al. 2010, KUECHLER et al. 2010, 2011, 2012, MATSUURA et al. 2012a, NIKOH et al. 2014). Hierbei handelt es sich um essentielle Symbiosen in Assoziation mit obligaten Endosymbionten, ohne die die Tiere nicht lebensfähig wären. Charakteristisch hierfür ist das Vorhandensein spezieller Organe, die sogenannten Bakteriome (veraltet Myzetome).

Interessanterweise handelt es sich bei der Symbiose der Bettwanzen um eine obligate Assoziation mit einem *Wolbachia*-Stamm (α -Proteobacteria). Dies ist insofern ungewöhnlich, da diese Bakterien in erster Linie als fakultative, häufig parasitäre Symbionten in Erscheinung treten. Im Fall der Bettwanzensymbiose scheint jedoch durch einen lateralen Gentransfer, bei dem ein essentieller Gencluster zur Vitamin B-Synthese aufgenommen wurde, eine "funktionale Transformation" des ehemals fakultativen Bakteriums zu einem obligaten *Wolbachia*-Stamm stattgefunden zu haben (NIKOH et al., 2014). Diese Form der "Versklavung", bei der die Synthese essentieller Verbindungen wie Aminosäuren oder Vitamine durch den Symbionten von hohem Nutzen für die Wirte ist, scheint auch auf Vertreter der Lygaeoidea zuzutreffen. Deren Symbionten leiten sich hingegen von ehemals freilebenden γ -Proteobacteria (Enterobacteriaceae) ab. Jedoch scheint es auch in diesem Fall durch z.B. Reduzierung des Symbiontengenoms zu einer schrittweisen Verflechtung über ein fakultatives hin zu einem obligaten Stadium gekommen zu sein (MATSUURA, persönl. Kommunikation; KUECHLER unpubliziert).

Innerhalb der Lygaeoidea konnten bislang fünf verschiedene Bakteriom-assoziierte Symbiosen beschrieben werden. Interessanterweise sind sowohl die Form als auch die Lage der Bakteriome, sowie die darin lokalisierten Endosymbionten, in allen fünf Systemen recht unterschiedlich. Ein einzelnes traubenförmiges Bakteriom konnte z.B. in Vertretern der Gattung *Kleidocerys* (Lygaeidae: Ischnorhynchinae) beobachtet werden (KUECHLER et al. 2010). Darüber hinaus konnte gezeigt werden, dass in *K. resedae* ein spezifischer, fakultativer

Endosymbiont aus der Gruppe der Rickettsien vorkommt (MATSUURA et al., 2012b), der jedoch im gesamten Körpergewebe zu finden ist. Ein vereinzelt und mit seiner gürtelartigen Struktur auch äußerst ungewöhnliches Bakteriom, wurde desweiteren in *Chilacis typhae* (Artheneidae) beschrieben (KUECHLER et al. 2011). Dieses bildet eine Art Manschette, die den Übergang vom ersten zum zweiten Mitteldarmabschnitt bildet. Die anderen Bakteriom-assoziierten Vertreter weisen hingegen paarig angelegte Bakteriome auf, so in der Schmalwanze *Ischnodemus sabuleti* (Blissidae), *Arocatus longiceps* (Lygaeidae: Lygaeinae) und diverse andere Vertreter der Lygaeidae, z.B. *Nysius*, *Orsillus* oder *Ortholomus* (Lygaeidae: Orsillinae) (KUECHLER et al. 2012, MATSUURA et al. 2012a). Letztere weisen kein einheitliches Bakteriom auf, sondern mehrere einzelne Teilbakteriome, die z.T. auch miteinander verschmolzen sein können.

Die phylogenetische Stellung der Endosymbionten weist keine einheitliche Position im Stammbaum und somit gemeinsamen Ursprung auf (KUECHLER et al. 2012). Lediglich auf (Unter-)Familienniveau scheint es eine gemeinsame Koevolution von Wirt und Endosymbiont zu geben. Dies deutet darauf hin, dass sich die verschiedenen Bakteriom-assoziierten Endosymbiosen innerhalb der Lygaeoidea unabhängig voneinander bzw. in großem evolutiven Abstand zueinander entwickelt haben.

Allen fünf Endosymbiosen ist jedoch gemein, dass die Endosymbionten, im Gegensatz zur extrazellulären Endosymbiose, direkt in die Eizelle auf vertikalem Wege überführt werden und dort einen "Symbiontenpol" bilden (KUECHLER et al. 2012, MATSUURA et al., 2012b, SWIATONIEWSKA et al. 2012). Im Zuge der Embryonalentwicklung bilden sich wiederum neue Bakteriome mit den entsprechenden Endosymbionten aus.

Die Schwestergruppe der Wanzen, die Mooswanzen (Coleorrhyncha: Peloridiidae), weisen ebenfalls eine Bakteriom-assoziierte Endosymbiose auf, die aufgrund ihrer verborgenen Lebensweise und seltenen Verfügbarkeit lange Zeit nur bedingt untersucht wurde (MÜLLER 1951, PENDERGRAST, 1962). Erst kürzlich wurde der Endosymbiont, der sich in einer gemeinsamen Koevolution mit dem Wirt in der gesamten Gruppe entwickelt haben dürfte, mittels molekularer Methoden genauer untersucht (KUECHLER et al. 2013). Auch in dieser Gruppe gibt es orange gefärbte, paarig angelegte Bakteriome, die in drei Teilbakteriome untergliedert sind. Der Endosymbiont, *Cand. Evansia muelleri*, gehört ebenfalls in die Gruppe der γ -Proteobacteria (Halomonadaceae) und ist interessanterweise mit den Endosymbionten der "Weißen Fliegen" (Sternorrhyncha: Aleyrodidae) und Blattflöhe (Sternorrhyncha: Psyllidae) nahe verwandt (KUECHLER et al. 2013, SANTOS-GARCIA et al. 2014). Es scheint hiermit einen gemeinsamen evolutiven Ursprung zwischen den Endosymbionten dieser beiden hemipteren Untergruppen zu geben.

Die vollständige Sequenzierung des Symbiontengenoms machte auch in diesem Fall deutlich, dass die Endosymbionten zur Synthese von essentiellen Aminosäuren und verschiedener Cofaktoren befähigt und somit für den Wirt wohl unabdingbar sind. Darüber hinaus könnte der Endosymbiont auch eine entscheidende Rolle am Schwefelkreislauf im gesamten Mooswanzensystem spielen (SANTOS-GARCIA et al. 2014). Neben dem obligaten Endosymbionten konnte auch ein fakultativer Endosymbiont (*Rickettsia*) beschrieben werden (KUECHLER et al., 2013). Dieser wurde in Zellkernen der Malpighischen Gefäße gefunden, ein durchaus bekanntes, aber wohl häufig übersehenes Phänomen in Insekten (ZIELINSKI & DUBILIER, 2010).

Literatur

BANSAL, R., MICHEL, A.P. & SABREE Z.L. (2014): The crypt-dwelling primary bacterial symbiont of the polyphagous pentatomid pest *Halyomorpha halys* (Hemiptera: Pentatomidae). – Environ. Entomol. **43**, 617-625.

- BAUMANN, P. (2006): Diversity of prokaryote-insect associations within the Sternorrhyncha (psyllids, whiteflies, aphids, mealybugs). – In: MILLER, T.A. & BOURTZIS, K. (ed.): *Insect Symbiosis*. Vol. 2. CRC Press. Boca Raton. FL. USA, 1-24.
- BENNETT, G.M. & MORAN, N.A. (2013): Small, smaller, smallest: the origins and evolution of ancient dual symbioses in a phloem-feeding insect. – *Genome Biol. Evol.* **5**, 1675-1688.
- BISTOLAS, K.S., SAKAMOTO, R.I., FERNANDES, J.A. & GOFFREDI, S.K. (2014): Symbiont polyphyly, co-evolution, and necessity in pentatomid stinkbugs from Costa Rica. – *Front Microbiol.* **5**, 349.
- BOUCIAS, D.G., GARCIA-MARUNIAK, A., CHERRY, R., LU, H., MARUNIAK, J.E. & LIETZE, V.U. (2012): Detection and characterization of bacterial symbionts in the Heteropteran, *Blissus insularis*. – *FEMS Microbiol. Ecol.* **82**, 629-641.
- BUCHNER, P. (1965): *Endosymbiosis of animals with plant microorganisms*. - Interscience Publishers, New York, NY.
- FUNKHOUSER, L.J. & BORDENSTEIN, S.R. (2013): Mom knows best: the universality of maternal microbial transmission. – *PLoS Biol.* **11**, e1001631.
- GARCIA, J.R., LAUGHTON, A.M., MALIK, Z., PARKER, B.J., TRINCOT, C., CHIANG, S.S.L., CHUNG, E. & GERARDO, N.M. (2014): Partner associations across sympatric broad-headed bug species and their environmentally acquired bacterial symbionts. – *Mol. Ecol.* **23**, 1333-1347.
- HOSOKAWA, T., KOGA, R., KIKUCHI, Y., MENG X.-Y. & FUKATSU, T. (2010): *Wolbachia* as a bacteriocyte-associated nutritional mutualist. – *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **107**, 769-774.
- ITOH, H., AITA, M., NAGAYAMA, A., MENG, X.-Y., KAMAGATA, Y., NAVARRO, R., HORI, T., OHGIYA, S. & KIKUCHI, Y. (2014): Evidence of Environmental and Vertical Transmission of *Burkholderia* Symbionts in the Oriental Chinch Bug, *Cavelerius saccharivorus* (Heteroptera: Blissidae). – *Appl. Environ. Microbiol.* **80**, 5974-5983.
- KIKUCHI, Y., MENG, X.-Y. & FUKATSU, T. (2005): Gut symbiotic bacteria of the genus *Burkholderia* in the broad-headed bugs *Riptortus clavatus* and *Leptocoris chinensis* (Heteroptera: Alydidae). – *Appl. Environ. Microbiol.* **71**, 4035-4043.
- KIKUCHI, Y., HOSOKAWA, T. & FUKATSU, T. (2007): Insect-microbe mutualism without vertical transmission: a stinkbug acquires a beneficial gut symbiont from the environment every generation. – *Appl. Environ. Microbiol.* **73**, 4308-4316.
- KIKUCHI, Y., HOSOKAWA, T. & FUKATSU, T. (2011): An ancient but promiscuous host-symbiont association between *Burkholderia* gut symbionts and their heteropteran hosts. – *Isme J.* **5**, 446-460.
- KIKUCHI, Y., HAYATSU, M., HOSOKAWA, T., NAGAYAMA, A., TAGO, K. & FUKATSU, T. (2012): Symbiont-mediated insecticide resistance. – *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **109**, 8618-8622.
- KIKUCHI, Y. & FUKATSU, T. (2014): Live imaging of symbiosis: spatiotemporal infection dynamics of a GFP-labelled *Burkholderia* symbiont in the bean bug *Riptortus pedestris*. – *Mol. Ecol.* **23**, 1445-1456.
- KIM, J.K., LEE, H.J., KIKUCHI, Y., KITAGAWA, W., NIKOH, N., FUKATSU, T. & LEE, B.L. (2013a): Bacterial cell wall synthesis gene *uppP* is required for *Burkholderia* colonization of the Stinkbug Gut. – *Appl. Environ. Microbiol.* **79**, 4879-4886.
- KIM, J.K., KIM, N.H., JANG, H.A., KIKUCHI, Y., KIM, C.H., FUKATSU, T. & LEE, B.L. (2013b): Specific midgut region controlling the symbiont population in an insect-microbe gut symbiotic association. – *Appl. Environ. Microbiol.* **79**, 7229-7233.
- KIM, J.K., JANG, H.A., WON, Y.J., KIKUCHI, Y., HAN, S.H., KIM, C.H., NIKOH, N., FUKATSU, T. & LEE, B.L. (2014): Purine biosynthesis-deficient *Burkholderia* mutants are incapable of symbiotic accommodation in the stinkbug. – *Isme J.* **8**, 552-563.
- KUECHLER, S.M., DETTNER, K. & KEHL, S. (2010): Molecular characterization and localization of the obligate endosymbiotic bacterium in the birch catkin bug *Kleidocerys resedae* (Heteroptera: Lygaeidae, Ischnorrhynchinae). – *FEMS Microbiol. Ecol.* **73**, 408-418.
- KUECHLER, S.M., DETTNER, K. & KEHL, S. (2011): Characterization of an obligate intracellular bacterium in the midgut epithelium of the bulrush bug *Chilacis typhae* (Heteroptera, Lygaeidae, Artheneinae). – *Appl. Environ. Microbiol.* **77**, 2869-2876.
- KUECHLER, S.M., RENZ, P., DETTNER, K. & KEHL, S. (2012): Diversity of symbiotic organs and bacterial endosymbionts of lygaeoid bugs of the families Blissidae and Lygaeidae (Hemiptera: Heteroptera: Lygaeoidea). – *Appl. Environ. Microbiol.* **78**, 2648-2659.
- KUECHLER, S.M., GIBBS, G., BURCKHARDT, D., DETTNER, K. & HARTUNG, V. (2013): Diversity of bacterial endosymbionts and bacteria-host co-evolution in Gondwanan relict moss bugs (Hemiptera: Coleorrhyncha: Peloridiidae). – *Environ. Microbiol.* **15**, 2031-2042.
- MATSUURA, Y., KIKUCHI, Y., HOSOKAWA, T., KOGA, R., MENG, X.-Y., KAMAGATA, Y., NIKOH, N. & FUKATSU, T. (2012a): Evolution of symbiotic organs and endosymbionts in lygaeid stinkbugs. – *Isme J.* **6**, 397- 409.

- MATSUURA, Y., KIKUCHI, Y., MENG, X.-Y., KOGA, R. & FUKATSU, T. (2012b): Novel clade of alphaproteobacterial endosymbionts associated with stinkbugs and other arthropods. – *Appl. Environ. Microbiol.* **78**, 4149-4156.
- MATSUURA, Y., HOSOKAWA, T., SERRACIN, M., TULGETSKE, G.M., MILLER, T.A. & FUKATSU, T. (2014): Bacterial symbionts of a devastating coffee plant pest, the stinkbug *Antestiopsis thunbergii* (Hemiptera: Pentatomidae). – *Appl. Environ. Microbiol.* **80**, 3769-3775.
- MÜLLER, H.J. (1951): Über die intrazelluläre Symbiose der Peloridiidae *Hemiodoecus fidelis* Evans und ihre Stellung unter den Homopterensymbiosen. – *Zool. Anz.* **146**, 150-167.
- NIKOH, N., HOSOKAWA, T., MORIYAMA, M., OSHIMA, K., HATTORI, M. & FUKATSU, T. (2014): Evolutionary origin of insect-*Wolbachia* nutritional mutualism. – *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **111**, 10257-10262.
- OLIVIER-ESPEJEL, S., SABREE, Z.L., NOGE, K. & BECERRA, J.X. (2011): Gut microbiota in nymph and adults of the giant mesquite bug (*Thasus neocalifornicus*) (Heteroptera: Coreidae) is dominated by *Burkholderia* acquired de novo every generation. – *Environ. Entomol.* **40**, 1102-1110.
- PENDERGRAST, J.G. (1962): The internal anatomy of the Peloridiidae. – *T. Roy. Entomol. Soc. Lond.* **114**, 49-65.
- SALEM, H., KREUTZER, E., SUDAKARAN, S. & KALTENPOTH, M. (2013): Actinobacteria as essential symbionts in firebugs and cotton stainers (Hemiptera, Pyrrhocoridae). – *Environ. Microbiol.* **15**, 1956-1968.
- SANTOS-GARCIA, D., LATORRE, A., MOYA, A., GIBBS, G., HARTUNG, V., DETTNER, K., KUECHLER, S.M. & SILVA, F.J. (2014): Small but powerful, the primary endosymbiont of moss bugs, *Candidatus Evansia muelleri*, holds a reduced genome with large biosynthetic capabilities. – *Genome Biol. Evol.* **6**, 1875- 1893.
- SHIBATA, T.F., MAEDA, T., NIKOH, N., YAMAGUCHI, K., OSHIMA, K., HATTORI, M., NISHIYAMA, T., HASEBE, M., FUKATSU, T., KIKUCHI, Y. & SHIGENOBU, S. (2013): Complete Genome Sequence of *Burkholderia* sp. Strain RPE64, Bacterial Symbiont of the Bean Bug *Riptortus pedestris*. – *Genome Announc.* **1**.
- SWIATONIOWSKA, M., OGORZALEK, A., GOLAS, A., MICHALIK, A. & SZKLARZEWICZ, T. (2012): Ultrastructure, distribution, and transovarial transmission of symbiotic microorganisms in *Nysius ericae* and *Nithecus jacobaeae* (Heteroptera: Lygaeidae: Orsillinae). – *Protoplasma* **250**, 325-332.
- TAKESHITA, K., SHIBATA, T.F., NIKOH, N., NISHIYAMA, T., HASEBE, M., FUKATSU, T., SHIGENOBU, S. & KIKUCHI, Y. (2014): Whole-Genome Sequence of *Burkholderia* sp. Strain RPE67, a Bacterial Gut Symbiont of the Bean Bug *Riptortus pedestris*. – *Genome Announc.* **2**.
- ZIELINSKI, F. & DUBILIER, N. (2010): Der Eukaryoten-Zellkern als ökologische Nische für Bakterien. – *Biospektrum* **16**, 12-15.
- ZUCCHI, T.D., PRADO, S.S. & CONSOLI, F.L. (2012): The gastric caeca of pentatomids as a house for actinomycetes. – *BMC Microbiol.* **12**, 101.

Anschrift des Autors:

Stefan M. Küchler, Lehrstuhl für Tierökologie II, Universität Bayreuth, Universitätsstraße 30,
D-95440 BAYREUTH, email: stefan.kuechler@uni-bayreuth.de

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Heteropteron - Mitteilungsblatt der Arbeitsgruppe Mitteleuropäischer Heteropterologen](#)

Jahr/Year: 2014

Band/Volume: [42](#)

Autor(en)/Author(s): Küchler Stefan

Artikel/Article: [Neue Erkenntnisse über die endosymbiontischen Strukturen in Wanzen \(Heteroptera\) und Mooswanzen \(Coleorrhyncha: Peloridiidae\) 10-14](#)