KURZFASSUNGEN DER BEITRÄGE ZUM 56. ENTOMOLOGENTAG 2018

Barcoding-Bäume: wozu und wie lesen?

Gerhard HASZPRUNAR

Abstract

This review article provides an introduction on the barcoding reasoning and purpose. It focuses on establishing the reference library and in particular to establish the Barcoding Index Number (BIN)-System and explains variants of so-called barcoding trees and their interpretation.

Einleitung

Das prinzipielle Problem bei jeder Artdefinition und -bestimmung liegt darin begründet, dass es Evolution tatsächlich gibt. Arten bilden sich bekanntlich über mehrere Prozesse: entweder durch das Auf- oder das Abspaltung von einer Elternart, seltener durch genetische Fusion bei Hybridisierung oder durch Transfer von Genen eines intrazellulären Endosymbionten in das Wirtsgenom (Endocytobiose). Nur bei Hybridisierung erfolgt die genetische Veränderung schlagartig, bei allen anderen Artbildungsvarianten geschieht sie über mehr oder minder längere Zeiträume hinweg. Es kann daher kein allgemein gültiges Artkonzept geben – und keine der bislang 26 vorgeschlagenen Definitionen mit ihren Kriterien kann alle Fälle abdecken.

Für die Praxis bedeutet dies, dass zu erwarten ist, in der freien Natur alle denkbaren Zwischenformen aufzufinden, also Arten, die sich gerade anschicken auf- oder abzuspalten, Fälle auf halbem Wege, oder Populationen, deren Artstatus schon sehr weit, aber eben noch nicht vollständig gediehen ist. Die aus dieser Tatsache entwickelte aktuelle Konsens-Definition zum Artkonzept, "eine Art ist eine eigenständige genetische Linie (lineage)" – ist daher extrem allgemein gehalten und enthält bewusst keinerlei Kriterium, wie denn diese Eigenständigkeit zu ermitteln wäre.

Um dieser komplexen Realproblematik des Artstatus möglichst nahe zu kommen, ist es grundsätzlich angebracht, möglichst viele Merkmale von fraglichen Populationen vergleichend zu überprüfen und ein Gesamturteil anzustreben, die so genannte "Integrative Taxonomie". Diese umfasst zunächst die klassische Morphologie, aktuell durch viele hochtechnische Visualisierungsmethoden (Raster-Elektronen-Mikroskopie, Mikro-Computer-Tomographie, 3D-Rekonstruktionen, etc.) hochgradig verfeinert und nach wie vor in vielen Fällen unverzichtbar. Spezifische Verhaltensweisen wie Bioakustik, Balzverhalten und ähnliche Parameter, aber auch biochemische Merkmale (v.a. bei Pflanzen, aber auch bei vielen Evertebraten) können die phänotypische Merkmalsanalyse entscheidend verbessern.

Die in den letzten 30 Jahren bezüglich Durchsatzgeschwindigkeit, Genauigkeit und Kosteneffizienz enorm verbesserten molekularen Analysen ergänzen die phänotpyische Analyse zu einer Integrativen Systematik ganz entscheidend. Seit dem Initialpapier aus dem Jahre 2003 (HEBERT et al. 2003) hat sich innerhalb der Metazoen und insbesondere in der Entomologie das **DNA-Barcoding** geradezu stürmisch entwickelt. Dabei dient in den allermeisten Fällen die Sequenz eines Teilstücks des mitochondrialen COI-Gens als wichtigstes Kriterium. Aber wie alles in der Biologie, so ist auch der COI-Barcode eine diverse Angelegenheit. Eine einfache Regel, "ab x Prozent Unterschied in der COI-Sequenz ist es eine andere Art" wurde vielfach widerlegt.

Erstellen der Barcoding-Referenz-Bibliothek mit BINs

Daher ist es notwendig, in jedem einzelnen Fall mittels Integrativer Systematik eine Überprüfung vorzunehmen, um danach den Anwendern die notwendige Sicherheit zu vermitteln, mittels einer Sequenzanalyse die Art zu ermitteln. Diese Überprüfungen werden mit dem Ziel einer deutschen Metazoa-Barcoding-Referenz-Bibliothek an der Zoologischen Staatssammlung München (ZSM) seit

fast 10 Jahren im Rahmen mehrerer Projekte, insbesondere bei „Barcoding Fauna Bavarica“ < BFB: http://www.faunabavarica.de/ >) und des German Barcoding of Life Projektes < GBOL: https://www.bolgermany.de/ >) durchgeführt. Dabei wurden und werden insgesamt mehr als 22.000 Arten eingebracht, die entsprechenden Daten stehen über die internationale Datenbank (BOLD: < http://www.boldsystems.org/ >) jederman/frau und allen Behörden und Ämtern kostenfrei zur Verfügung. Eine detaillierte (englischsprachige) Einführung in BOLD ist verfügbar (< http://v3.boldsystems.org/index.php/resources/handbook?chapter=1_gettingstarted.html >).

Die **Tabelle 1** gibt einen Überblick über die bisherigen entomologischen Datenausgaben aus der Zoologischen Staatssammlung.

Insektengruppe	**Geografischer Raum**	**Zitat**
Asiatische Insektenbuffets	Deutschland	SPIELMANN et al. 2018
Forensische Insekten (Diptera, Coleoptera, ...)	Bayern	CHIMENO et al. 2018
Faunistik	Bayern	HAUSMANN 2017
Ephemeroptera, Plecoptera and Trichoptera	Deutschland	MORINIÉRE et al. 2017
Orthoptera	Deutschland, Österreich, Schweiz	HAWLITSCHEK et al. 2017
Heteroptera	Europa	GOSSNER et al. 2014
Heteroptera	Europe	RAUPACH et al. 2014
Heteroptera aquatische	Deutschland	HAVEMANN et al. 2018
Hymenoptera - Apoidea	Mitteleuropa	SCHMIDT et al. 2015
Coleoptera	Mitteleuropa	HENDRICH et al. 2015
Coleoptera: Carabidae: Amara	Deutschland	RAUPACH et al. 2016
Coleoptera: Carabidae: Bembidion	Deutschland	RAUPACH et al. 2018
Neuropteroidea: Raphidioptera, Megaloptera, Neuroptera	Bayern	MORINIÉRE et al. 2014
Lepidoptera: Rhopalocera, Macroheterocera	Deutschland	HAUSMANN et al. 2011b
Lepidoptera: Geometridae	Europa	HAUSMANN et al. 2013
Lepidoptera: Geometridae	Bayern	HAUSMANN et al. 2011a
Lepidoptera: arctic-alpine	Europa	MUTANEN et al. 2012

Tab. 1: Barcoding-Analysen europäischer Insekten aus der ZSM. Odonata, Diptera und weitere Coleoptera sind aktuell in Vorbereitung.

In der Regel wird bei der Erstellung der Referenzbibliothek in zwei Schritten vorgegangen. Mehrere geografisch separierte und von unabhängigen Spezialisten bestimmte Proben (hier geht die gesamte Morphologie in die Analyse ein!) werden sequenziert. Stimmen in mindestens vier Fällen ermittelter Name mit der Sequenz überein, so halten wir die Korrelation „Name – Sequenz“ für abgesichert und diese Art für „gebarcoded“.

Wie schon in der Einleitung begründet, gibt es aber auch Fälle, wo diese Korrelation nicht eindeutig ist. Auch gilt das Ergebnis immer nur für den geographischen Raum, aus dem die Proben genommen wurden, also für Bayern bzw. Deutschland (und Umgebung). Arten halten sich aber nicht an

Landesgrenzen. Seit mehreren Jahren ist daher ein neues, weltweit gültiges System aufgebaut worden, jeder Art eine sogenannte Barcode Index Number (BIN) zuzuordnen (RATSASINGHAM & HEBERT 2013). Damit kann auch in Fällen noch ungeklärter Nomenklatur solide vergleichend gearbeitet werden.

Wie der Artname selbst eine Hypothese darstellt (HASZPRUNAR 2011), so ist auch eine BIN grundsätzlich nur eine wahrscheinliche Annäherung an die Realität, ein Art-Proxi. Um eine BIN und damit eine Artkorrelation zu vergeben, wird mittels spezieller Algorithmen die innerartliche Variabilität der COI-Sequenzen gegen den „Barcoding-Gap" zu den Nachbar-Arten verglichen. Es gibt zwar noch immer Diskussionen darüber, welcher Algorithmus für die Art-Annahme am geeignetsten ist (z.B. JÖRGER et al. 2012), das BIN-System mit dem zugrunde gelegten Cluster-Algorithmus hat sich aber weitgehend durchgesetzt. Das Ergebnis ist stets zunächst eine Baumgraphik, aus der unter Einbezug aller Fakten eine Wahrscheinlichkeitsaussage (Sicherheit gibt es nie!) über den Artstatus gemacht wird. Das ist nicht immer ganz einfach und soll nun an einigen typischen Beispielen dargestellt werden.

Beispiele für Barcoding-Bäume und ihre Interpretation

Andrena-Arten (Hymenoptera: Apidae): Idealfall mit Korrektur

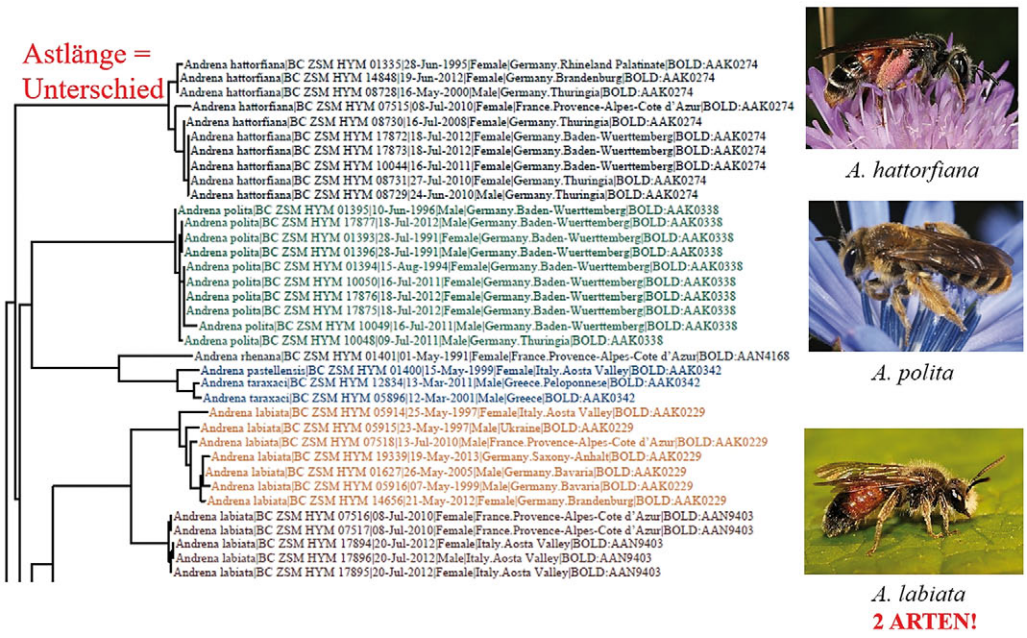

Abb. 1: *Andrena*

Abb. 1 zeigt einen Teilaspekt eines Barcoding-Baumes aus dem Apoidea-Release der ZSM (SCHMIDT et al. 2015) bezüglich mehrerer Arten der Sandbienen (*Andrena*), die horizontalen Astlängen entsprechen dabei den Sequenz-Unterschieden. Alle untersuchten Arten zeigen wenig interne Variabilität und klare Unterschiede zu den Nachbararten. Die Arten *Andrena hattorfiana* FABRICIUS, 1775 und *Andrena polita* SMITH, 1847 können bestätigt werden, für *Andrena rhenana* STOECKHERT, 1930, *A. pastellensis* SCHWENNINGER, 2007 und *A. taraxaci* GIRAUD, 1861 bedarf es noch zusätzlicher Proben. Dem gegenüber erweist sich *Andrena labiata* FABRICIUS, 1781 wahrscheinlich als ein Artkomplex aus zwei zwar nahe verwandten, dennoch unterschiedlichen Arten, eine aus Mittel-, Süd- und Osteuropa (vermutlich die „echte" *A. labiata*), eine andere (möglicherweise neu zu beschreibende) aus dem nordwestlichen Mittelmeerraum. Anders ausgedrückt: *Andrena labiata* nach aktuellem Verständnis ist nach Überprüfung der Morphologie und Autökologie (nicht selten finden sich hier weitere differenzierende Zusatzmerkmale) in zwei Arten zu splitten.

Ephemeriden: ähnliche Bäume, aber unterschiedliche Interpretation

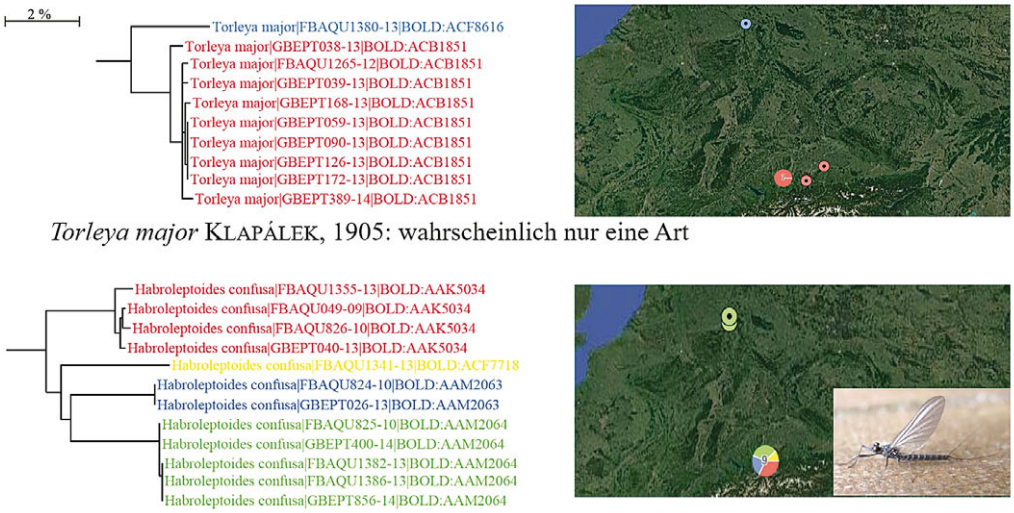

Abb. 2 Ephemeroptera

Abb. 2 zeigt zwei recht ähnliche Teilbäume aus dem Release der Wasserinsekten (MORINIÈRE et al. 2017). Die obere Abbildung (*Torleya major* KLAPÁLEK, 1905) zeigt den Vertreter aus dem Norden Deutschlands, mit deutlichen Unterschiede zu den bayerischen Populationen. Es wäre aber möglich, dass diese Unterschiede durch geografisch dazwischen liegende Populationen überbrückt werden, daher wäre in diesem Fall eine Artabtrennung voreilig.

Die untere Abbildung zeigt hingegen deutliche genetische Unterschiede innerhalb von *Habroleptoides confusa* SARTORI & JACOB, 1986 und dies auch an identen Standorten; hier ist nach wiederum anzuratender Überprüfung der Morphologie und Ökologie wahrscheinlich Splitting angesagt.

Caelifera: Hybridisierung macht Probleme

Aus unserem Heuschrecken-Release (HAWLITSCHEK et al. 2017) stammt das letzte Beispiel **(Abb. 3)**: Je zwei „Arten" der Gattung *Chorthippus* bzw. *Tetrix,* die sich auf der Basis von Morphologie und Bioakustik (Gesänge) gut differenzieren lassen, laufen genetisch wirr durcheinander – liegen die Moleküle hier falsch? Es ist stets zu bedenken, dass mitochondriale Gene (mit ganz wenigen Ausnahmen, etwa bei Muscheln) stets über die Mutter vererbt werden, ein Hybride also stets die COI-Sequenz des Muttertieres zeigen wird, während Morphologie meist intermediär, die Bioakustik jedenfalls anders ausfallen wird. Das hier gezeigte Muster lässt daher entweder auf Hybridisierung oder zumindest auf Introgression, d.h. teilweise Durchmischung oder Rückkreuzung mit den Elternarten, schließen. Eine solche Hypothese muss allerdings durch Zusatzuntersuchungen (etwa von nuklearen Genen) erhärtet werden.

Die Praxis des Barcodens bzw. der Re-Identifikation

Die in BOLD eingestellten Sequenzen sind von Fachleuten entsprechend überprüft worden und daher verlässlich – zumindest im geografischen Bereich der der Analyse zugrunde gelegten Untersuchungsexemplare. Wie kann nun eine fragliche Probe determiniert werden?

Dazu wird in BOLD die ermittelte Sequenz der fraglichen Probe über die entsprechende Maske eingegeben und eine „BLAST-search" durchgeführt, die einfach auf prozentualer Sequenzähnlichkeit aufbaut. Im Idealfall erscheint eine Namensliste mit den ersten Einträgen mit > 99% Ähnlichkeit und

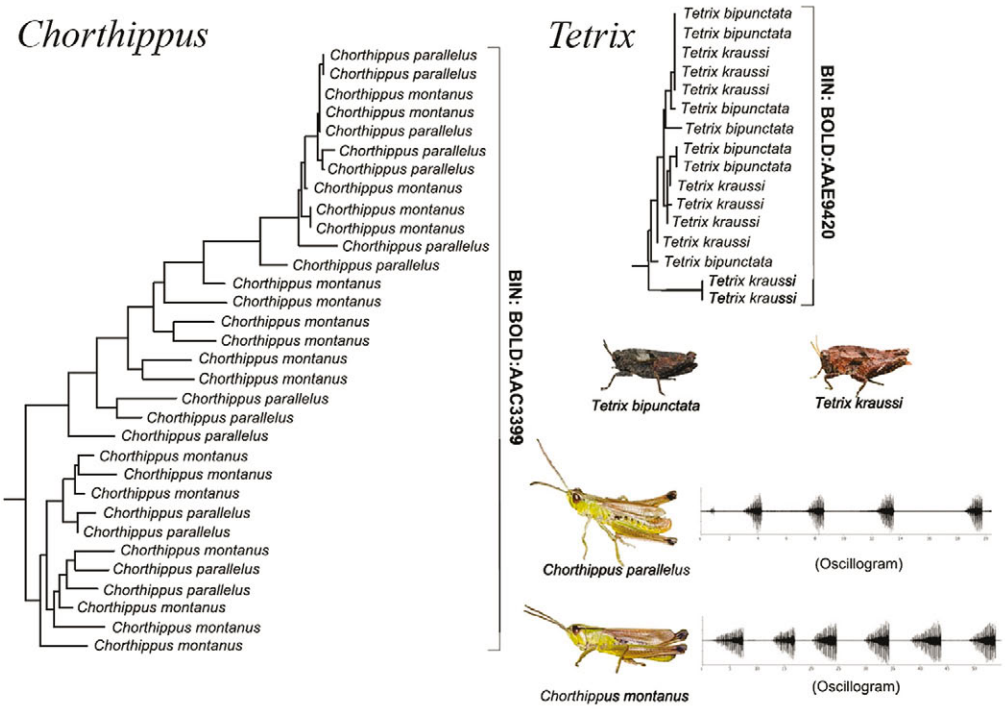

Abb. 3: Caelifera

lauter identischen Namen – die Bestimmung ist dann mit ganz hoher Wahrscheinlichkeit korrekt. Ist die Ähnlichkeit geringer oder mit mehreren Namen verknüpft, bedarf es einer weitergehenden Analyse. Bei Ähnlichkeit < 95% ist es wahrscheinlich, dass ein Art vorliegt, die noch nicht in der BOLD-Datenbank erfasst wurde – es bleibt (auch in Bayern) noch viel zu tun.

Danksagung

Ich nutze die Gelegenheit, mich bei allen Mitarbeitern und Helfern der diversen Barcoding-Projekte (Tabelle1) ganz herzlich zu bedanken. Ohne Ihre Mithilfe – und ich spreche hier insbesondere die Fachamateure an (auch viele MEG-Mitglieder sind dabei), die uns Tausende von Proben verfügbar gemacht haben – könnte es den herausragenden Erfolg der bayerischen Barcoding-Initiative nicht geben.

Zusammenfassung

Dieser Überblicksartikel gibt eine Einführung in die Begründung des DNA-Barcoding und dessen Ziele. Fokussiert wird auf die Erstellung der Hintergrund-Bibliothek und insbesondere auf die Etablierung des sogenannten Barcoding Index Number (BIN)-Systems. Erläutert werden weiters die auftretenden Varianten von Barcoding Bäumen und deren Interpretation.

Literatur

CHIMENO, C., MORINIÈRE, J., PODHORNA, J., HARDULAK, L., HAUSMANN, A., RECKEL, F., GRUNWALD, J.E., PENNING, R. & G. HASZPRUNAR 2018: DNA barcoding in forensic entomology – Establishing a DNA reference library of potentially forensic relevant arthropod species. – Journal of Forensic Sciences (online first), 9 pp. https://doi.org/10.1111/1556-4029.13869

GOSSNER, M.M., HENDRICH, L., KÜCHLER, S.M., & J.M. RAUPACH 2014: Barcoding europäischer Wanzen - Möglichkeiten und Grenzen. – Heteropteron **41**, 7-11.

HASZPRUNAR, G. 2011: Species delimitations – not 'only descriptive'. – Organisms, Diversity & Evolution **11** (3), 249-252.

HAUSMANN, A. 2017: Das Projekt Barcoding Fauna Bavarica: Monitoring von Bestandsveränderungen und Einwanderungen von Insekten in Bayern. – In: BAYER. AKADEMIE DER WISSENSCHAFTEN (Hrsg.): Tierwelt im Wandel: Wanderung, Zuwanderung, Rückgang. – Verlag Pfeil, München. Rundgespräche Forum Ökologie **46**, 91-104.

HAUSMANN, A., HASZPRUNAR, G. & P.D.N. HEBERT 2011a: DNA Barcoding the geometrid fauna of Bavaria (Lepidoptera): Successes, surprises, and questions. – PLoS ONE, **6** (2), e17134, 1-9.

HAUSMANN, A., HASZPRUNAR, G., SEGERER, A. H., SPEIDEL, W., BEHOUNEK, G. & P. D. N. HEBERT 2011b: Now DNA-barcoded: the butterflies and larger moths of Germany (Lepidoptera: Rhopalocera, Macroheterocera). – Spixiana **34 (1)**, 47-58 + S1 (28 pp) + S2 (25 pp).

HAUSMANN, A., GODFRAY, H. C. J., HUEMER, P., MUTANEN, M., ROUGERIE, R., VAN NIEUKERKEN, E. J., RATNASINGHAM, S. & P. D. N. HEBERT 2013: Genetic patterns in European geometrid moths revealed by the Barcode Index Number (BIN) System. – PLoS ONE, **8** (12), e84518, 1-11.

HAWLITSCHEK, O., MORINIÉRE, J., LEHMANN, G. U. C., LEHMANN, A.W., KROPF, S. M., DUNZ, A., GLAW, F., DETCHAROEN, M., SCHMIDT, S., HAUSMANN, A., SZUCSICH, N. U., CAETANO-WYLER, S. A. & G. HASZPRUNAR 2017: DNA barcoding of crickets, katydids and grasshoppers (Orthoptera) from Central Europe with focus on Austria, Germany and Switzerland. – Molecular Ecology Resources **17** (5), 1037-1053, Supplements.

HAVEMANN, N., GOSSNER, M. M., HENDRICH, L., MORINIÈRE, J., NIEDERINGHAUS, R., SCHÄFER, P. & M. J. RAUPACH 2018: From water striders to water bugs: the molecular diversity of aquatic Heteroptera (Gerromorpha, Nepomorpha) of Germany based on DNA barcodes. – PeerJ, **6**, e4577, 1-30.

HEBERT, P. D. N., CYWINSKA, A., BALL, S. L. & J. R. DE WAARD 2003: Biological identifications through DNA barcodes. – Proceedings of the Royal Society of London **B 270**, 313-321.

HENDRICH, L., MORINIÈRE, J., HASZPRUNAR, G., HEBERT, P.D.N., HAUSMANN, A. & F. KÖHLER 2015: A comprehensive DNA barcode database for Central European beetles: Adding more than 3,500 identified species to BOLD. – Molecular Ecology Resources **15** (4), 795-818, supplements.

JÖRGER, K. M., NORENBURG, J. L., WILSON, N. G., & M. SCHRÖDL 2012: Barcoding against a paradox? Combined molecular species delineations reveal multiple cryptic lineages in elusive meiofaunal sea slugs. – BMC Evolutionary Biology **12** (245), 1-18.

MORINIÈRE, J., HENDRICH, L., BALKE, M., BEERMAN, A. J., KOENIG, T., HESS, M., KOCHS, S., MÜLLER, R., HEBERT, P. D. N., HAUSMANN, A., SCHUBARTS, D. & G. HASZPRUNAR 2017: A DNA barcode library for Germany s mayflies, stoneflies and caddisflies (Ephemeroptera, Plecoptera and Trichoptera). – Molecular Ecology Ressources **17 (6)**, 1293-1307, supplements.

MORINIÈRE, J., HENDRICH, L., HAUSMANN, A., HEBERT, P. D. N., HASZPRUNAR, G. & A. GRUPPE 2014: Barcoding Fauna Bavarica: 78% of the Neuropterida fauna barcoded! – PLoS ONE, **9** (10), e109719, 1-8, supplements.

MUTANEN, M., HAUSMANN, A., HEBERT, P. D. N., LANDRY, J.-F., DE WAARD, J. R. & P. HUEMER 2012: Allopatry as a Gordian knot for taxonomists: Patterns of DNA barcode divergence in Arctic-Alpine Lepidoptera. – PLoS ONE, **7** (10), e47214, 1-9.

RAUPACH, M. J., HANNIG, C., MORINIERE, J. & L. HENDRICH 2016: A DNA barcode library for ground beetles (Insecta, Coleoptera, Carabidae) of Germany: The genus *Bembidion* LATREILLE, 1802 and allied taxa. – ZooKeys **592,** 121-141.

RAUPACH, M. J., HANNIG, C., MORINIERE, J. & L. HENDRICH 2018: A DNA barcode library for ground beetles of Germany: the genus *Amara* Bonelli, 1810 (Insecta, Coleoptera, Carabidae). – ZooKeys **859**, 57-80.

RAUPACH, M. J., HENDRICH, L., KÜCHLER, S. M., DEISTER, F., MORINIÈRE, J. & M. M. GOSSNER 2014: Building-Up of a DNA barcode library for true bugs (Insecta: Hemiptera: Heteroptera) of Germany reveals taxonomic uncertainties and surprises. – PLoS ONE **9** (9), e106940, 1-13, supplements.

RATSASINGHAM, S. & P. D. N. HEBERT 2013: A DNA-based registry for all animal species: The Barcode Index Number (BIN) System. – PLoS ONE **8** (8), e66213, 1-16.

SCHMIDT, S., SCHMID-EGGER, C., MORINIÈRE, J., HASZPRUNAR, G. & P. D. N. HEBERT 2015: DNA barcoding largely supports 250 years of classical taxonomy: Identifications for Central European bees (Hymenoptera, Apoidea partim). – Molecular Ecology Resources **15** (4), 985-1000, supplements.

SCHMIDT, S., TAEGER, A., MORINIÈRE, J., LISTON, A., BLANK, S. M., KRAMP, K., KRAUS, M., SCHMIDT, O., HEIBO, E., PROUS, M., NYMAN, T., MALM, T., J. STAHLHUT 2017: Identification of sawflies and horntails (Hymenoptera, 'Symphyta') through DNA barcodes: successes and caveats. – Molecular Ecology Resources **17** (4), 670-685, supplements.

SPIELMANN, G., GERDES. L., MILLER, A., VERHAELEN, K., SCHLICHT, C., SCHALCH, B., HASZPRUNAR, G., BUSCH, U. & I. HUBER 2018: Molecular biological species identification of animal samples from Asian buffets. – Journal of Consumer Protection and Food Safety **13** (3), 271-278.

Anschrift des Verfassers:

Prof. Dr. Gerhard HASZPRUNAR
SNSB – Zoologische Staatssammlung München
Münchhausenstr. 21
81247 München
E-mail: haszprunar@snsb.de

Froschmücken in Panguana

(Diptera: Nematocera, Corethrellidae)

Amelie HÖCHERL

Die Familie der Froschmücken (Corethrellidae), welche nur die Gattung *Corethrella* (COQUILLETT, 1902) umfasst, ist eine Gruppe nur wenige Millimeter messender Nematoceren (Insecta, Diptera). Sie ist die Schwestergruppe der Büschelmücken (Chaoboridae) und Stechmücken (Culicidae). Das altgriechische Wort „korethron", was so viel wie „kleine Bürste" bedeutet, bildet dabei nach BORKENT (2008) die Grundlage für den wissenschaftlichen Namen des Taxons. Dieser bezieht sich auf den sehr stark behaarten Gesamthabitus des Typusexemplares von *Corethrella brakeleyi* (COQUILLETT, 1902). Der Trivialname des Taxons (‚frog-biting-midges') bezieht sich auf die Wirte dieser Ektoparasiten. Dabei handelt es sich ausschließlich um Froschlurche (Amphibia, Anura). Die Wirtslokalisation erfolgt rein akustisch.

Im Tierreich werden innerartliche akustische Signale nicht selten von Prädatoren oder Parasiten zur Lokalisation der Beute bzw. des Wirts genutzt. Im Englischen wird dies als „eavesdropping", lauschen, bezeichnet. Einige parasitische Nematocerengattungen nutzen unter anderem die Rufe männlicher Froschlurche zur Wirtslokalisation. Dies ist beispielsweise für Mücken aus der Gattung *Uranotaenia* (Culicidae) bekannt (BORKENT & BELTON 2006). Corethrellidae hingegen nutzen ausschließlich diese akustische Form der Wirtslokalisation, was die bisher nur wenig erforschten Froschmücken zu interessanten Forschungsobjekten macht (BERNAL & DE SILVA 2015, BORKENT 2008).

Weibliche Corethrelliden sind hämatophag, sie benötigen Proteine aus dem Blut von Froschlurchen zur Eiproduktion (BERNAL & DE SILVA 2015). Ihre Larven leben aquatisch in Kleinstgewässern, wo sie sich räuberisch von anderen kleinen Arthropoden ernähren (BORKENT 1993). Die Verbreitung von Froschmücken ist pantropisch, in Gebieten unter 1500 m ü. NN (BORKENT 2008).

Andere hämatophage Nematoceren, zum Beispiel Stechmücken (Culicidae) bedienen sich verschiedener Mechanismen, wie beispielsweise der Detektion von CO_2 in der Luft, um ihren Wirt zu lokalisieren. Da Frösche CO_2 hauptsächlich über die Haut ausscheiden und eine sehr geringe Stoff-

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen

Jahr/Year: 2018

Band/Volume: 067

Autor(en)/Author(s): Haszprunar Gerhard

Artikel/Article: Kurzfassung der Beiträge zum 56. Entomologentag 2018: Barcoding-Bäume: wozu und wie lesen? 113-119