

Gallmücken in Bayern: DNA Barcoding vermittelt neue Einblicke in die Mega-Vielfalt bislang (zu oft) ignoriertter Mikrodipteren

(Diptera, Cecidomyiidae)

Caroline CHIMENO, Dieter DOCZKAL, Gerhard HASZPRUNAR, Axel HAUSMANN, Mathias JASCHHOF, Marion KOTRBA, Kate PEREZ, Michael RAUPACH & Stefan SCHMIDT

Abstract

531 genetic clusters (BINs) of gall midges were retrieved in a single Malaise trap that was set up in 2017 within the inner-city premises of the Bavarian State Collection of Zoology in Munich, Germany. Although the sample obtained from this trap is very limited in time and space, the number of detected BINs correspond to 63,5% of the number of Cecidomyiidae species known in Germany up to date. Based on data collected from our utterly limited sample, and taking the variety of yet unexplored habitats into account, we conclude that Germany's fauna of gall midges must comprise considerably more species than previously expected.

Einleitung

„Wie viele Tierarten gibt es?“ ist eine Frage, die Biologen schon immer beschäftigt hat und gleichzeitig eine, die stets nur mit mehr oder weniger vagen Schätzungen beantwortet wurde. Obwohl es immer wieder neue Abschätzungen gab und gibt, haben diese bislang wenig Gewissheiten gebracht. Das liegt unter anderem daran, dass vor allem taxonomisch gut bearbeitete Gruppen untersucht wurden, während weniger bekannte, oftmals kryptisch-vielfältige Gruppen unberücksichtigt blieben (z. B. ØDEGAARD 2000, MORA et al. 2011, CICONARDI et al. 2013, CALEY et al. 2014, WUEHRL et al., 2021). Aktuellere Studien, welche die Artenzahl anhand von Sequenzvariationen in der COI-DNA Barcode Region des mitochondrialen Genoms erfassen, sind vom taxonomischen Bearbeitungsstand weitgehend unabhängig. Dabei fasst ein Algorithmus ähnliche Sequenzen zu sogenannten „molecular Operational Taxonomic Units“ (mOTUs) zusammen. Diesen werden im internationalen Barcode of Life Data System (BOLD) sogenannte „Barcode Index Numbers“ (BINs) zugeordnet, welche biologische Arten verhältnismäßig gut abbilden können (RATNASINGHAM & HEBERT, 2013, SCHMIDT et al. 2015, HAUSMANN et al. 2013). Eine entsprechende Studie von HEBERT et al. (2016) kommt für die Insektenfauna zu dem Schluss, dass es global weit über 10 Millionen Insektenarten geben könnte. Diese Zahl überschreitet die kurz zuvor veröffentlichte, auf einer Extrapolation aus Käfer-Pflanzen-Interaktionen beruhenden Schätzung von 5,5 Millionen Arten bei weitem (STORK et al. 2015). Frühere Schätzungen lagen bei 5–10 Millionen (MORA et al. 2011) bis hin zu 30 Millionen Arten (ERWIN 1982).

Innerhalb der Insekten gehören die Zweiflügler (Diptera; Fliegen und Mücken) und Hautflügler (Hymenoptera; Ameisen, Bienen und Wespen) zu den vier artenreichsten Ordnungen, zusammen mit den Coleoptera und Lepidoptera. Beide Ordnungen enthalten Familien, die trotz eines vermuteten extrem hohen Artenreichtums in der taxonomischen Forschungslandschaft bislang nicht gebührend berücksichtigt wurden. Es ist heute offenkundig, dass die weltweiten Schätzungen von Artenzahlen vor allem deshalb so ungenau und widersprüchlich ausfallen, weil man über das unüberschaubare Heer kleiner Fliegen und Wespen bislang nur sehr vage Vorstellungen hat. Einige der in diesem Sinne vernachlässigten Familien – auch bekannt als „Dark Taxa“ – stehen jetzt im Mittelpunkt des neuen Großprojekts „German Barcode of Life III: Dark Taxa“ (GBOL III), das im Juli 2020 begann. Ziel dieses Projekts ist es, das taxonomische und molekulare Wissen für diese Gruppen mittels eines integrativ-taxonomischen Ansatzes erheblich zu erweitern, um die erfassten Arten weiterführende Forschung (z.B. Nutzpflanzenschutz) zugänglich zu machen. Eine der Zielgruppen von GBOL III sind die Gallmücken (Cecidomyiidae), nach Meinung vieler Dipterologen *das* „dunkle Taxon“ schlechthin. Die Vertreter dieser Familie gehören mit einer Körperlänge von etwa 1,5–2,5 mm zu den kleinsten Dipteren („Mikrodipteren“). Die Imagines vieler Arten sind sogar kleiner als 1 mm. HEBERT et al. (2016) kamen

zu dem Schluss, dass allein in Kanada von etwa 16.000 Gallmücken-Arten auszugehen ist, was eine Verzehnfachung bisheriger Erwartungen bedeutet und nahelegt, dass es weltweit 1,8 Millionen Gallmücken-Spezies geben könnte. Somit wäre diese Gruppe die mit Abstand artenreichste Familie im Tierreich (HEBERT et al. 2016). Für Deutschland wurden bisher ca. 840 Arten der Familie Cecidomyiidae identifiziert (MEYER & JASCHHOF 1999). Eine von MORINIÈRE et al. (2019) publizierte DNA Barcode Sammlung – ein Ergebnis von GBOL I und II – umfasst 927 BINs, von denen nur 44 ein Artname zugeordnet werden konnte.

Als Teil von GBOL III hat die Zoologische Staatssammlung München (SNSB-ZSM) den Projektteil „Gallmücken“ übernommen. Schon im Vorfeld der Studie war im Rahmen des internationalen „Global Malaise Trap Program“ ein Jahr lang (2017) eine Malaisefalle auf dem Gelände des Instituts im Münchener Stadtgebiet betrieben worden.

Materialien und Methoden

Die Feldarbeit

Im Jahr 2017 wurde eine Malaisefalle auf dem Gelände der Zoologischen Staatssammlung aufgestellt (48.165° N, 11.485° O; 519 m ü.N.N.). Der im Münchener Stadtgebiet gelegene Fallenstandort liegt in einem Wohnviertel mit kleinräumigen Gartenanlagen, während das Gelände der ZSM auf ca. 25.000 qm Fläche von Wiesen und einigen Gehölzen bedeckt ist. Auf dem Gelände wurden vom Bund Naturschutz in Bayern e.V. seit mehreren Jahren Pflegemaßnahmen zur Erhöhung der Biodiversität durchgeführt. Die Malaisefalle wurde von April bis Dezember betrieben und die Fangflasche zweiwöchentlich ausgetauscht.

Jede zweite Sammelprobe wurde zur nachfolgenden Bearbeitung ausgewählt, mit den folgenden Leerungsterminen: 10. April, 08. Mai, 05. Juni, 03. Juli, 31. Juli, 28. August, 25. September, 23. Oktober, 20. November und 29. Dezember 2017.

Probenbearbeitung

Alle Proben wurden zur Bearbeitung an das Centre for Biodiversity Genomics (CBG) in Guelph, Kanada, geschickt. Dort wurden nach morphologischen Kriterien insgesamt 32.592 Arthropoden einzeln aus den Sammelproben selektiert. Da die Arthropoden im Ganzen für die Sequenzierung verwendet wurden, wurden nicht-invasive Voucher-Recovery-Protokolle für die DNA-Extraktion verwendet, d.h. die äußere Insektenhülle blieb intakt für morphologische Untersuchungen. Die Belegexemplare wurden im Nachhinein zur anschließenden Dokumentation und Archivierung an die ZSM zurückgeschickt. Das CBG verarbeitete die Proben unter Verwendung standardisierter Protokolle zur DNA-Extraktion, PCR-Amplifikation und Sanger-Sequenzierung (<http://ccdb.ca/resources/>). Alle Sequenzdaten und Trace-Dateien (Sequenz-Chromatogramme) sind in der Barcode of Life Database (BOLD; <http://www.boldsystems.org>) im Container-Projekt GMTBZ in den Einzel-Projekten GMGMO bis GMGMX hinterlegt. Die in dieser Arbeit analysierten Daten der Familie Cecidomyiidae sind im Datensatz DS-CECIDZSM (doi: [dx.doi.org/10.5883/DS-CECIDZSM](https://doi.org/10.5883/DS-CECIDZSM)) öffentlich zugänglich. Zurückgesendete Proben wurden für neue BINs z. T. fotografiert und dokumentiert.

Datenanalyse

Zur Analyse der Daten wurden die in BOLD verfügbaren Analyse-Tools verwendet. Die mittlere und maximale intraspezifische Variation und die minimale genetische Distanz zur nächsten Art wurden unter Verwendung des Kimura-2-Parameter-Modells berechnet (KIMURA 1980, PUILANDRE et al. 2012). Anhand der Distanzen wurden für die Sequenzen mittels RESL-Algorithmus mOTUs ermittelt und BINs zugewiesen (RATNASINGHAM & HEBERT 2013).

Resultate

Von 32.593 Sequenzen wurden 26.534 (81,4%) der Sequenzen BINs zugeteilt, die insgesamt 3.870 BIN-Clustern zuzuordnen sind. Voraussetzung für die Zuordnung einer Sequenz zu einer bereits existierenden BIN ist eine Mindestlänge von 300 bp. Für die Generierung einer neuen BIN ist eine Sequenzlänge von mindestens 500 bp erforderlich. Die 26.534 Sequenzen erstrecken sich über drei Arthropoden-Klassen und decken 21 Ordnungen ab, von denen Diptera (14.850 Exemplare) und Hymenoptera (7.859 Exemplare) bei weitem den Großteil ausmachen. Von den insgesamt 2.643 Sequenzen von Vertretern der Familie Cecidomyiidae konnten 325 Sequenzen (12,3%) insgesamt 30 bekannten Arten zugeordnet werden, da diese in BOLD bereits erfasst waren. Die restlichen 2.318 Sequenzen konnten bisher keiner bekannten Art zugeordnet werden (**Tab. 1**). Dabei ließen sich 2.157 Sequenzen nur bis zur Familie, und 161 nur bis zur Gattung bestimmen. Den 2.643 Cecidomyiidae-Sequenzen wurden insgesamt 531 BINs zugewiesen. In vier Fällen ist eine bislang vermeintlich gute „Art“ jeweils durch zwei BINs repräsentiert: *Dasineura spadicea* RÜBSAAMEN, 1917; *Campylomyza flavipes* MEIGEN, 1818; *Lestodiplosis juniperina* FELT, 1907; *Peromyia caricis* KIEFFER 1901. 175 der insgesamt 531 BINs (33%) haben durch dieses Projekt erstmalig Eingang in BOLD gefunden; diesen neuen BINs wurden insgesamt 453 Individuen zugeordnet.

Tabelle 1: Übersicht der 2.643 Sequenzen im Cecidomyiidae-Datensatz: Anzahl der Sequenzen für die entsprechende Gattung sowie Anzahl der Sequenzen mit Artname und prozentualer Anteil (in Klammer) und Auflistung der beschriebenen Arten.

Gattung/Art	Anzahlen:	Sequenzen	Sequenzen mit Artname (%)	BINs	Arten
<i>Asphondylia</i>		11	0 (0%)	1	0
<i>Asteromyia</i>		62	0 (0%)	2	0
<i>Campylomyza</i> <i>Campylomyza dilatata</i> (FELT, 1907) <i>Campylomyza flavipes</i> (MEIGEN, 1818)		220	220 (100%)	3	2
<i>CecidIntGen*</i>		24	0 (0%)	2	0
<i>Clinodiplosis</i> <i>Clinodiplosis cilicrus</i> (KIEFFER, 1889)		4	4 (100%)	1	1
<i>Contarinia</i> <i>Contarinia asclepiadis</i> (GIRAUD, 1863)		6	2 (33,3%)	3	1
<i>Dasineura</i> <i>Dasineura leguminicola</i> (LINTNER, 1879) <i>Dasineura spadicea</i> (RÜBSAAMEN, 1917)		15	11 (73.3%)	6	2
<i>Feltiella</i>		7	0 (0%)	2	0
<i>Leptosyna</i> <i>Leptosyna nervosa</i> (WINNERTZ, 1852)		2	2 (100%)	1	1
<i>Lestodiplosis</i> <i>Lestodiplosis juniperina</i> (FELT, 1907)		6	6 (100%)	2	1
<i>Micromya</i> <i>Micromya lucorum</i> (RONDANI, 1840)		2	1 (50%)	2	1

Gattung/Art	Anzahlen:	Sequenzen	Sequenzen mit Artname (%)	BINs	Arten
<i>Mikiola</i>		3	0 (0%)	1	0
<i>Monardia</i> <i>Monardia toxicodendri</i> (FELT, 1907)		3	3 (100%)	1	1
<i>Monobremia</i> <i>Monobremia subterranea</i> (KIEFFER, 1898)		2	2 (100%)	1	1
<i>Nikandria</i> <i>Nikandria brevitarsis</i> (MAMAEV, 1964)		1	1 (100%)	1	1
<i>Obolodiplosis</i> <i>Obolodiplosis robiniae</i> (HALDEMAN, 1847)		1	1 (100%)	1	1
<i>Ozirhincus</i> <i>Ozirhincus millefolli</i> (WACHTL, 1884)		22	1 (4,5%)	3	1
<i>Peromyia</i> <i>Peromyia aeratipennis</i> (SKUSE, 1888) <i>Peromyia borealis</i> (HACKMAN, 1970) <i>Peromyia boreophila</i> (JASCHHOF, 2001) <i>Peromyia caricis</i> (KIEFFER, 1901) <i>Peromyia cornuta</i> (EDWARDS, 1938) <i>Peromyia fungicola</i> (KIEFFER, 1901) <i>Peromyia impexa</i> (SKUSE, 1888) <i>Peromyia monilis</i> (MAMAEV, 1965) <i>Peromyia ovalis</i> (EDWARDS, 1938) <i>Peromyia perpusilla</i> (WINNERTZ, 1870) <i>Peromyia ramose</i> (EDWARD, 1938) <i>Peromyia scutellata</i> (MAMAEV, 1990) <i>Peromyia upupoides</i> (JASCHHOF, 1997)		46	44 (95,7%)	16	13
<i>Porricondyla</i> <i>Porricondyla colpodoides</i> (MAMAEV, 1963)		25	25 (100%)	1	1
<i>Resseliella</i> <i>Resseliella theobaldi</i> (BARNES, 1927)		1	1 (100%)	1	1
<i>Rhopalomyia</i>		14	0 (0%)	5	0

Gattung/Art	Anzahlen:	Sequenzen	Sequenzen mit Artnamen (%)	BINs	Arten
<i>Scizomyia</i>		6	0 (0%)	5	0
<i>Sitodiplosis</i>		2	0 (0%)	1	0
<i>Winnertzia</i> <i>Winnertzia tridens</i> (PANELIUS, 1965)		1	1 (100%)	1	1
nicht identifiziert		2.157	0 (0%)	472	0
Summe		2.643	325 (12,3%)	535**	30

* Temporär-Name

** Vier Sequenzen wurden zwar jeweils einer BIN zugeordnet, blieben jedoch unbestimmt. Diese BINs erscheinen doppelt in der Tabelle: einmal unter der dazugehörigen Art, und nochmal unter „nicht identifizierte Sequenzen“. Aus diesem Grund sind in der Summe 535 BINs aufgelistet, obwohl es sich um 531 eindeutige BINs handelt.

Die 531 BINs aus dieser Studie entsprechen 63,5% der Anzahl der aktuell für ganz Deutschland bekannten Arten und 57,3% der von MORINIÈRE et al. (2019) gefundenen Anzahl von BINs, wobei nur 153 BINs dieser Studie auch von MORINIÈRE et al. (l.c.) nachgewiesen wurden. Abbildung 1 stellt die Häufigkeitsverteilung der Sequenzzahlen pro BIN im Datensatz dar. Einige wenige BINs waren in sehr großen Individuenzahlen vertreten, während einem Großteil der BINs sehr wenige Individuen zuzuordnen waren. 251 BINs, fast die Hälfte aller BINs, wurden durch ein einziges Individuum repräsentiert (Abb. 1).

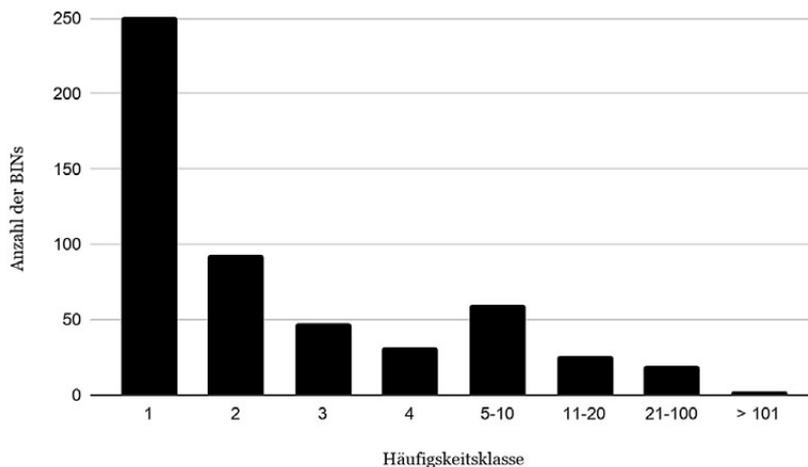


Abb. 1: Anzahl der BINs pro Häufigkeitsklasse (abhängig von der Individuenzahl pro BIN). Fast zwei Drittel aller BINs sind nur durch ein (251) oder zwei (93) Individuen vertreten.

Diskussion

Mit einer einzigen Falle im Stadtgebiet von München konnte auf dem Gelände der Zoologischen Staatssammlung München eine Diversität von 531 Gallmücken-BINs nachgewiesen werden. Auch wenn BINs nicht Arten gleichzusetzen sind, so besteht doch eine hohe Übereinstimmung zwischen Anzahl BINs und Anzahl Arten (HAUSMANN et al. 2013, PENTINSAARI et al. 2014, SCHMIDT et al. 2015, RATNASINGHAM & HEBERT 2013), so dass mit einer Artenzahl von über 500 Arten von Gallmücken zu rechnen ist. Diese hohe Artenvielfalt an Gallmücken ist auch deshalb bemerkenswert, weil mit hoher

Wahrscheinlichkeit bei weitem nicht alle am Standort vorkommenden Arten erfasst wurden. Zum einen beschränkt sich die bisherige Auswertung auf lediglich 10 Wochen. Zum anderen ist die Erfassung des Artenspektrums eines Standortes von zahlreichen Faktoren abhängig. Im bisher ausgewerteten Material sind fast zwei Drittel aller BINs nur durch ein oder zwei Individuen vertreten, also als selten einzustufen. Es ist davon auszugehen, dass es noch viel mehr seltene Arten im Untersuchungsgebiet gibt, deren Erfassung noch aussteht. Hinzu kommt die Erfahrung, dass bei der Vorauswahl von Morphospezies am Stereomikroskop für das nachfolgende Sequenzieren 20% oder sogar deutlich mehr der Arten nicht erkannt werden. Die tatsächliche Diversität dürfte also deutlich höher liegen, so dass es prinzipiell denkbar ist, dass allein an dem von uns untersuchten Standort mehr Arten vorkommen, als bisher in ganz Deutschland nachgewiesen wurden. Die tatsächliche Diversität der Gallmücken in Deutschland dürfte alle bisherigen Schätzungen weit übersteigen.

Von den bislang ermittelten 531 BINs konnten nur 30 (<6%) per Sequenzvergleich einer bereits beschriebenen und in BOLD identifizierten Art zugeordnet werden. Die übrigen 501 BINs blieben unbestimmt. Zudem waren 175 Sequenzen neu für die internationale Barcode of Life-Datenbank (BOLD), d.h. sie wurden bisher ausschließlich auf dem Gelände der ZSM nachgewiesen. Diese Befunde verdeutlichen zweierlei: in BOLD ist der Anteil bestimmter Arten bei taxonomisch vernachlässigten „Dark Taxa“ nach wie vor sehr gering, und es ist mit der Entdeckung einer großen Anzahl neuer Arten zu rechnen, und das selbst im Stadtgebiet von München.

Ausblick

Mit der Erforschung der Gallmücken im Rahmen des Projektes „GBOL III - Dark Taxa“ verfolgt die Zoologische Staatssammlung München das Ziel, die Diversität der deutschen Gallmückenfauna mit einem integrativ-taxonomischen Ansatz in einer Weise zu erfassen, dass (1) die Gesamtartenzahl realistischer als bisher abgeschätzt werden kann, (2) das Verhältnis von beschriebenen zu unbeschriebenen Arten deutlich wird und (3) für eine möglichst große Zahl von Arten ein deutscher Nachweis per DNA-Barcode erbracht wird. Zudem erwarten wir, dass die Taxonomie der Gallmücken um eine Reihe von Art-Neubeschreibungen aus Deutschland bereichert werden kann. Im Rahmen von „GBOL III: Dark Taxa“ werden an der SNSB-ZSM in den Jahren 2020 bis 2023 weitere wenig bekannte Insektengruppen bearbeitet: die Chironomidae (Diptera), Microgastrinae (Hymenoptera, Braconidae), Diapriidae (Hymenoptera) und einige weitere Gruppen. Die SNSB-ZSM reiht sich damit in das internationale Netzwerk von Forschern ein, die in den Jahren 2019–2026 die ehrgeizigen Ziele des globalen BIOSCAN Programms (<https://ibol.org/programs/bioscan/>) zu verwirklichen suchen.

Literatur

- CALEY, J.M., FISHER, R. & K. MENGERSEN 2014: Global species richness estimates have not converged. – *Trends in Ecology and Evolution* **29**, 187–188.
- CICCONARDI, F., FANCIULLI, P.P. & B. C. EMERSON 2013: Collembola, the biological species concept and the underestimation of global species richness. – *Molecular Ecology* **22**, 5382–5396.
- ERWIN, T. L. 1982. Tropical forests: their richness in Coleoptera and other arthropod species. – *The Coleopterists Bulletin* **6**, 74–75.
- GAGNÉ, R.J. & M. JASCHHOF 2017: A Catalog of the Cecidomyiidae (Diptera) of the World. – Digital, 762. Verfügbar unter: http://www.ars.usda.gov/ARUserFiles/80420580/Gagne_2017_World_Cat_4th_ed.pdf.
- HAUSMANN, A., GODFRAY, H. C. J., HUEMER, P., MUTANEN, M., ROUGERIE, R., VAN NIEUKERKEN, E. J., RATNASINGHAM, S. & P. D. HEBERT 2013: Genetic patterns in European geometrid moths revealed by the Barcode Index Number (BIN) system. – *PloS ONE* **8** (12), e84518 (11 pp).
- HEBERT, P. D. N., RATNASINGHAM, S., ZAKHAROV, E. V., TELFER, A. C., LEVESQUE-BEAUDIN, V., MILTON, M. A., PEDERSON, S., JANNETTA, P. & J. R. DEWAARD 2016: Counting animal species with DNA barcodes: Canadian insects. – *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, **371** (1702), 20150333 (10 pp).

- KIMURA, M. 1980: A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. – *Journal of Molecular Evolution* **16** (2), 111–120.
- MEYER, H. & M. JASCHHOF 1999: Cecidomyiidae, 18–32. In: SCHUMANN, H., BÄHRMANN, R. & A. STARK (eds): *Entomofauna Germanica 2. Checkliste der Dipteren Deutschlands*. – *Studia dipterologica*, Supplement **2**, 1–354.
- MORA, C., TITTENSOR, D.P., ADI, S., SIMPSON, A.G.B. & B. WORM 2011: How many species are there on earth and in the ocean? – *PLOS Biology* **9**, e1001127 (8 pp).
- MORINIÈRE, J., BALKE, M., DOCZKAL, D., GEIGER, M. F., HARDULAK, L. A., HASZPRUNAR, G., HAUSMANN, A., HENDRICH, L., REGALADO, L., RULIK, B., SCHMIDT, S., WÄGELE, J. W. & P. D. N. HEBERT, 2019: A DNA barcode library for 5,200 German flies and midges (Insecta: Diptera) and its implications for metabarcoding-based biomonitoring. – *Molecular Ecology Resources* **19**, 900–928.
- ÖDEGAARD, F. 2000: How many species of arthropods? Erwin’s estimate revisited. – *Biological Journal of the Linnean Society* **71**, 583–597.
- PENTINSAARI, M., HEBERT, P. D. N. & M. MUTANEN 2014: Barcoding beetles: a regional survey of 1872 species reveals high identification success and unusually deep interspecific divergences. – *PLOS ONE* **9**, e108651 (10 pp).
- PULLANDRE, N., LAMBERT, A., BROUILLET, S. & G. ACHAZ 2012: ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. – *Molecular Ecology* **21** (8), 1864–1877.
- RATNASINGHAM, S. & P.D.N. HEBERT 2013: A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) system. – *PLOS ONE* **8** (7), e66213 (16 pp).
- 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.
- STORK, N.E., MCBROOM, J., GELY, C. & HAMILTON, A.J. 2015: New approaches narrow global species estimates for beetles, insects, and terrestrial arthropods. – *PNAS* June 16, 2015 112 (24) 7519–7523; first published June 1, 2015; <https://doi.org/10.1073/pnas.1502408112>.
- WUEHRL, L., PYLATIUK, C., GIERSCH, M., LAPP, F., VON RINTELEN, T., BALKE, M., SCHMIDT, S., CERRETTI, P. & R. MEIER 2021: DiversityScanner: Robotic discovery of small invertebrates with machine learning methods. *bioRxiv*, 2021.05.17.444523.

Anschriften der Verfasser:

M.Sc. Caroline CHIMENO
Münchhausenstraße 21
81247 München, Deutschland
E-Mail: chimeno@snsb.de

Dieter DOCZKAL
Münchhausenstraße 2
81247 München, Deutschland
E-Mail: doczkal@snsb.de

Prof. Dr. Gerhard HASZPRUNAR
Münchhausenstraße 21
81247 München, Deutschland
E-Mail: haszprunar@snsb.de

Dr. Axel HAUSMANN
Münchhausenstraße 21
81247 München, Deutschland
E-Mail: hausmann.a@snsb.de

Dr. Mathias JASCHHOF
Ölands Skogsby 161
38693 Färjestaden, Schweden
E-Mail: mjaschhof@yahoo.de

Dr. Marion KOTRBA
Münchhausenstraße 21
81247 München, Deutschland
E-Mail: kotrba@snsb.de

Kate PEREZ
50 Stone Road East
Guelph, Ontario, N1G2W1,
Kanada
E-Mail: kperez@uoguelph.ca

Dr. habil. Michael RAUPACH
Münchhausenstraße 21
81247 München, Deutschland
E-Mail: raupach@snsb.de

Dr. Stefan SCHMIDT
Münchhausenstraße 21
81247 München, Deutschland
E-Mail: schmidt.s@snsb.de

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen](#)

Jahr/Year: 2021

Band/Volume: [070](#)

Autor(en)/Author(s): Chimeno Caroline, Doczkal Dieter, Haszprunar Gerhard, Hausmann Axel, Jaschhof Mathias, Kotrba Marion, Perez Kate, Raupach Michael J., Schmidt Stefan

Artikel/Article: [Gallmücken in Bayern: DNA Barcoding vermittelt neue Einblicke in die Mega-Vielfalt bislang \(zu oft\) ignoriertes Mikrodpteren \(Diptera, Cecidomyiidae\) 101-107](#)