IV | 3 Eintagsfliegen (Ephemeroptera)

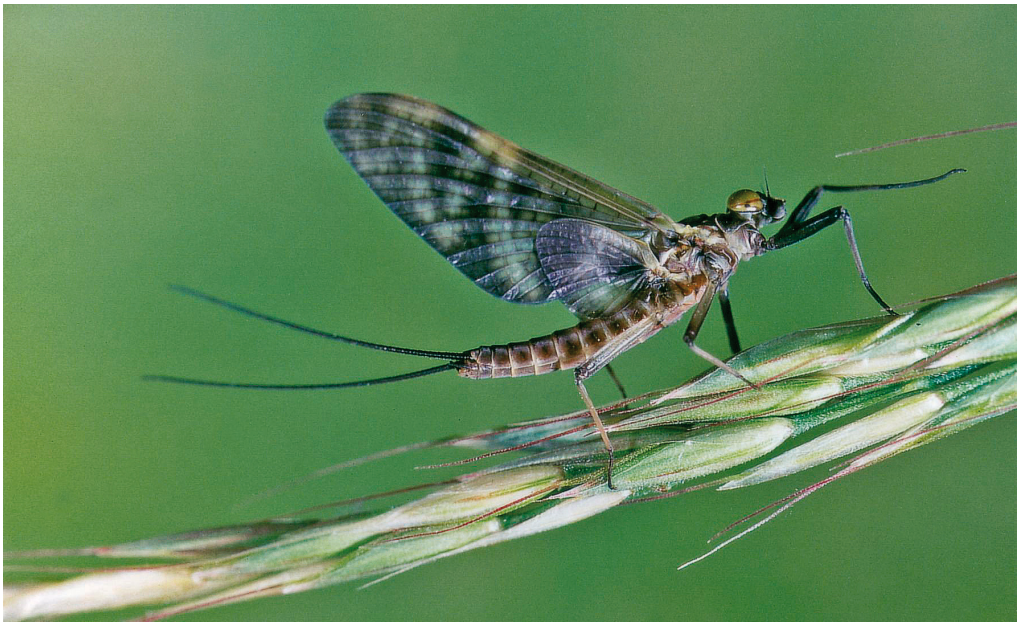
Von Reinhard Gerecke & Michael T. Monaghan

IV | 3 | 1 ALLGEMEINES

Eintagsfliegen finden oft nicht die Beachtung, die sie aufgrund ihrer Sonderstellung in der Insektenwelt verdienen. Mancher Naturliebhaber wird sich schon klar gemacht haben, dass Insekten, wenn sie einmal Flügel haben, nicht weiter wachsen und ein kleiner Käfer es im Lauf seines Lebens niemals zu einem großen Käfer bringen wird. Aber nur wenige wissen, dass es auch von dieser Regel eine Ausnahme gibt: Zwar hat das wenig oder gar nichts mehr mit Wachstum zu tun, aber Eintagsfliegen vermögen sich auch im geflügelten Stadium noch einmal zu häuten. Aus der Larve entwickelt sich zunächst direkt, ohne Einschaltung eines Puppenstadiums, ein Insekt mit milchig getrübten, aber funktionsfähigen Flügeln und relativ starker Behaarung (es sind keine „echten", eingelenkten Haare sondern sogenannte „Trichome", zugespitzte Auswüchse der Hautoberfläche). Diese sogenannte „Subimago" pflanzt sich in der Regel noch nicht fort und muss eine weitere Häutung zur „Imago", dem fertigen geflügelten Insekt, durchlaufen. Diese erfolgt meist nach 12 bis 24 Stunden im Ufergebüsch, nur bei wenigen Arten (etwa der Familie Caenidae) fast unmittelbar nach dem Schlupf der Subimago. In manchen Familien (Oligoneuriidae, Palingeniidae) ist das Imaginalstadium teilweise oder ganz unterdrückt und die Paarung erfolgt im Vorstadium oder nach nur teilweiser Häutung (Bauernfeind 2003).

Die beiden annähernd dreieckigen Flügelpaare erwachsener Eintagsfliegen werden in Ruhe über den Rücken geklappt getragen, die hinteren sind deutlich kleiner als die vorderen,

Abb. 1 | **Eintagsfliege *Ecdyonurus picteti*, ♂ Subimago** | Foto: F. Stich



gelegentlich auch vollkommen reduziert. Die reiche, netzartige Flügeladerung mancher Familien und lange Schwanzanhänge („Cerci") gelten als typische Merkmale eher ursprünglicher Insektengruppen.

Die meisten Eintagsfliegen sind im Larvenstadium, mit dem sie die meiste Zeit ihrer Existenz im Wasser verbringen, Weidegänger oder Detritusfresser. Räuberische Arten finden sich in Europa nur vereinzelt und spielen in dem hier besprochenen Material keine Rolle. Die sprichwörtliche Kurzlebigkeit der Eintagsfliegen betrifft nur die Phase des Erwachsenen- oder Adultstadiums, denn die Mundwerkzeuge erwachsener Tiere sind fast vollständig reduziert. In diesem Stadium verbrauchen sie die während der Larvenstadien angereicherten Energievorräte, die in die Fortpflanzungsprodukte und in die Flugmuskulatur investiert werden. Zur Paarung können sich die Tiere einer Art zu beeindruckend großen Schwärmen zusammenfinden. Solche Schwärme bestehen oft aus Männchen, die wie in einer Säule auf- und absteigen und aus seitwärts in diese Ansammlungen hineinfliegenden Weibchen, die dann zur Begattung von den Männchen ergriffen werden. Anschließend sterben die Tiere ab, die Weibchen natürlich erst, nachdem sie ihre Eier in einem naheliegenden Gewässer abgelegt haben.

Die frühesten Larvalstadien sind noch kiemenlos. Nach den ersten Häutungen bilden sich Kiemen an den Hinterleibssegmenten. Das ist der Hauptunterschied zu den heimischen Steinfliegenlarven, die ähnlich aussehen, aber keine Hinterleibskiemen besitzen. Die Larven der Eintagsfliegen haben auch nur eine Klaue an den Beinen (die der Steinfliegen zwei) und in den meisten Fällen drei Anhänge am Abdomenhinterende (bei den Steinfliegen und allen anderen Ordnungen geflügelter Insekten reduziert). Mit der Morphologie stehen auch die Verhaltensunterschiede zwischen Vertretern beider Ordnungen im Zusammenhang: Manche Eintagsfliegenlarven können mit Hilfe ihrer (oft stark beborsteten) Hinterleibsanhänge durch Auf- und Abschlagen des Abdomens einen rasanten Vortrieb erzeugen. Steinfliegen bewegen diesen Körperabschnitt nur gemächlich in einer horizontalen Ebene.

Eintagsfliegen treten vorwiegend in Bächen und Flüssen arten- und individuenreich auf, meiden aber meist den unmittelbaren Quellbereich (Minckley 1963, Kownacka & Kownacki 1972, Erman 1998). Einige Arte finden sich auch in (meist oligotrophen) Stillgewässern.

Aus Österreich sind derzeit 117 Arten nachgewiesen (Bauernfeind 1990, Weichselbaumer & Hutter 2007, Kovács et al. 2002). Eine zweifelsfreie Bestimmung kritischer Taxa erfordert schlüpfreife Larven („Nymphen"), Männchen und reifes Ei-Material aus einer räumlich und zeitlich abgegrenzten homogenen Aufsammlung. Solche Bedingungen konnten in diesem Projekt nur in Ausnahmefällen gewährleistet werden. Ausserdem leiden Eintagsfliegen mehr als andere Insekten unter Transportschäden – sowohl als lebendes Material, wegen des frühen Absterbens, als auch im alkoholfixierten Zustand, wegen des Verlustes der Extremitäten. Wir entschlossen uns daher, Anteile des Materials einer Bearbeitung mit molekularbiologischen Methoden zuzuführen (Kap. 2). Die Liste der nachgewiesenen Taxa (siehe Anhang ab S. 280) stützt sich weitgehend auf die Auswertung des morphologisch bearbeiteten Teiles unserer Ausbeute, die von E. Bauernfeind (Naturhistorisches Museum Wien) bestimmt wurde. Viele Vertreter der Gruppe befanden sich in frühen Larvenstadien, die oft nicht bis zur Art bestimmbar sind. Soweit ein Röhrchen augenscheinlich zahlreiche Exemplare einer einzigen Art enthielt, wurde nur eine Stichprobe (n = 3) mikroskopisch bestimmt. Es liegt in der Natur molekularbiologischer Technik, dass unser gegenwärtiger Kenntnisstand stets geographisch weiträumige Untersuchungen erfordert. Dementsprechend sind nur vorläufige Betrachtungen möglich.

IV | 3 | 2 ERGEBNISSE

Auch in dieser Untersuchung bestätigt sich, dass Eintagsfliegen in vielen Quellen nur von geringer Bedeutung sind, jedenfalls, wenn man diese an Artenzahl und Populationsgröße misst. Unter den acht Taxa, die festgestellt werden konnten, wurden lediglich Vertreter der Gattung *Baetis* in höherer Frequenz angetroffen (*B. alpinus* und *B. rhodani*: fünf oder mehr Fundorte), alle anderen liegen nur von vereinzelten Stellen und meist in kleinen Individuenzahlen vor.

Familie Baetidae

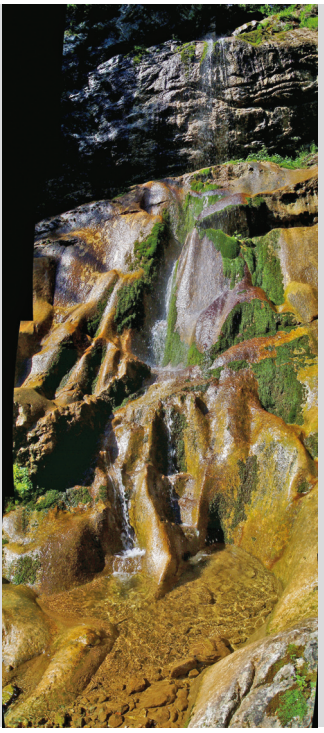
Baetis alpinus (Pictet, 1843) s.l.

Unter den Eintagsfliegen der Alpen ist *Baetis alpinus* die am regelmäßigsten in Quellen anzutreffende Art (Haybach et al. 2006, Maiolini et al. 2011), die aber ihren Verbreitungsschwerpunkt dennoch in Fließgewässern größerer Ordnung hat. Auch in den Quellgebieten im Gesäuse erweist sie sich als die Eintagsfliege mit der größten Stetigkeit (22 Fundorte, über alle Bergstöcke verteilt). Die Hälfte der Funde wurde nach morphologischen Kriterien (Righetti & Thomas 2001, Peru & Thomas 2003) beurteilt und ist danach als *B. alpinus* zu bezeichnen. Die Art tritt in allen Bergstöcken des Gesäuses zwischen 600 und 1.700 m Seehöhe auf: ETZ, FEKA, FEKA2, GSCH, HAIU, KAEL, SCHAF, SHROEK, URO, WEIBA. Nach einer molekulargenetischen Analyse an den übrigen Populationen treten jedoch drei genetisch distinkte Gruppen auf:

Eine deutlich abgetrennte Gruppe wird durch die Population der auch geographisch isolierten hygropetrischen Wasserfallquelle im Höllboden (Hartelsgraben, HOEBO) repräsentiert. Populationen von 10 weiteren Fundorten repräsentieren offensichtlich zwei miteinander verwandte Schwestergruppen – Gruppe 1: nur am Buchstein PIS, BRUG, DRAXL; Gruppe 2 in allen drei Bergmassiven: Gofergraben GOWA, Brunngrabenbründl BGB, unterer Hartelsgraben HABE + UHA, Siebenbrünn 7B1 + 7B2.

Abb. 2 | Quelle im Waaggraben bei Hieflau (WAAG), Treffpunkt zweier genetisch voneinander entfernter *Baetis-alpinus*-Gruppen | beide Fotos: H. Haseke, 2008

Abb. 3 | Wasserfallquelle HOEBO im Höllboden im Hartelsgraben, hier tritt eine isolierte *Baetis-alpinus*-Gruppe auf



Interessanterweise treten Vertreter beider Gruppen in der talnahen Quelle WAAG bei Hieflau gemeinsam auf).

Verbreitung: *Baetis alpinus* s.l. kommt in ganz Europa vor, vorwiegend oberhalb 1.000 m Meereshöhe. Die drei genannten genetischen Gruppen, die sich morphologisch (noch) nicht trennen lassen, sind in ihrer geographischen Verbreitung noch nicht untersucht.

Baetis rhodani (Pictet, 1843) s.l.

Die Art tritt in fast allen für Ephemeropteren geeigneten Fließgewässern auf, doch liegt der Vorkommensschwerpunkt in kleineren und mittelgroßen Bächen. Es handelt sich aber auch bei *B. rhodani* um eine Gruppe von Arten, die sich bislang nur molekulargenetisch trennen lassen (Williams et al. 2006, Gattoliat & Sartori 2008). An vier Stellen beiderseits der westlichen Gesäuse-Enns (BRUG, DRAXL, DRAXL2, GOFU) konnte eine bereits von Williams et al. (2006) definierte Gruppe („group IV") nachgewiesen werden, an zwei Stellen am Hochtor (östlich Kölblalm/Johnsbach KOE14, Zigeunerbrunnen ZIB) fanden sich Vertreter einer bislang unbekannten genetischen Einheit.

Verbreitung: *Baetis rhodani* s.l. ist in Westeuropa weit verbreitet, *B. rhodani* group IV wurde aus der Schweiz beschrieben. Bei den Populationen von KOE14 und ZIB könnte es sich um eine bislang nur aus dem Gesäuse bekannte, noch zu beschreibende neue Art handeln.

Abb. 4 | **Die Gips-Tuffquelle KOE14 bei der Kölblalm (Johnsbach) – Fundort einer genetisch eigenständigen *Baetis*-Population** | Foto: H. Haseke, 2004

Abb. 5 | **Eintagsfliege *Baetis rhodani*, ♂ Imago**
Foto: W. Reisinger

Baetis sp.

Funde nicht bis zur Art bestimmbarer Larven, beschädigter Weibchen oder Subimagines der Gattung stammen von mehreren Quellen, darunter auch sechs Stellen, von denen ansonsten keine Nachweise der Gattung vorliegen: Schröckengraben SHROEK Emergenz 18.11.06, Weißenbachl WEIBA Emergenz 18.11.06, Sulzkaralm SUHUE Emergenz, Langgries LASCH 20.7.2007, Haindlkar HAIHUE 18.7.2007 und Pfarreralmquelle PFARR 17.7.2007.

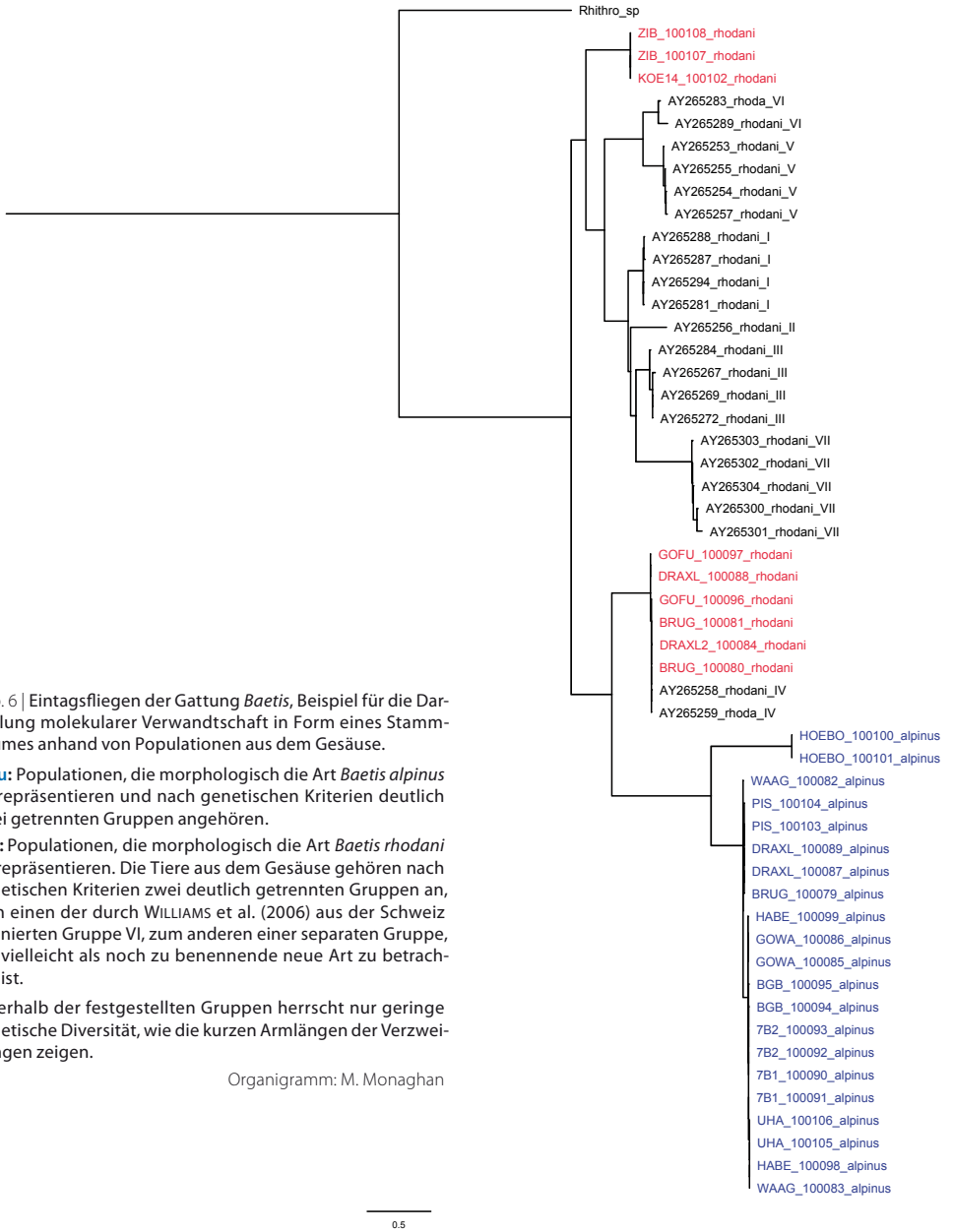


Abb. 6 | Eintagsfliegen der Gattung *Baetis*, Beispiel für die Darstellung molekularer Verwandtschaft in Form eines Stammbaumes anhand von Populationen aus dem Gesäuse.

Blau: Populationen, die morphologisch die Art *Baetis alpinus* s.l. repräsentieren und nach genetischen Kriterien deutlich zwei getrennten Gruppen angehören.

Rot: Populationen, die morphologisch die Art *Baetis rhodani* s.l. repräsentieren. Die Tiere aus dem Gesäuse gehören nach genetischen Kriterien zwei deutlich getrennten Gruppen an, zum einen der durch Williams et al. (2006) aus der Schweiz definierten Gruppe VI, zum anderen einer separaten Gruppe, die vielleicht als noch zu benennende neue Art zu betrachten ist.

Innerhalb der festgestellten Gruppen herrscht nur geringe genetische Diversität, wie die kurzen Armlängen der Verzweigungen zeigen.

Organigramm: M. Monaghan

Möglichkeiten einer molekularbiologischen Untersuchung zur Diversität einer Tiergruppe – das Beispiel der Gattung *Baetis*

Die biologische Systematik hat die Artenvielfalt in ihrer Frühzeit hauptsächlich nach optischen Unterschieden eingeteilt. Seit langem haben aber auch akustische und chemische Analysen in diesem Wissenschaftsbereich Einzug gehalten.

Eine erweiterte Sicht auf die Artunterschiede bietet sich uns, seit die Entschlüsselung der Erbinformation möglich ist. Sie steuert ja letztlich alle Lebensfunktionen, auch die spezifischen Eigenschaften, in denen die Arten sich unterscheiden. Über die optisch und akustisch wahrnehmbaren Unterschiede hinaus lassen sich viele weitere „Alleinstellungsmerkmale" im Erbgut finden. Das sind einerseits all jene Abschnitte des DNA-Moleküls, die Informationen für die lebenswichtigen Funktionen enthalten, andererseits die Abschnitte, die als „Relikte" früherer Funktionen vorhanden sind. Die genetische Analyse ist ein technisches Hilfsmittel, das, richtig angewandt, unsere Vorstellung von der Evolution der Organismen erheblich bereichern kann.

So reichhaltig das genetische Material jeder Organismenart ist, so vielfältig sind die Möglichkeiten seiner Analyse. Es bedarf eines umfangreichen Fachwissens, um für jede Fragestellung die besonders geeigneten Gene und Molekülabschnitte auszuwählen. Für ein standardisiertes „barcoding", mit dem genetische Eigenschaften aller Tierarten in einheitlicher Weise erfasst werden können, hat sich mittlerweile jedoch ein System etabliert, das auf einem 658 Basenpaare langen Bereich eines Gens beruht, das den Aufbau des mitochondrialen Enzyms Cytochrom c Oxidase I (COI) kontrolliert (Valentini et al. 2008). Die eigentliche Analyse selbst ist ein relativ einfaches, schnell durchführbares Verfahren: Moleküle mit genetischer Information (DNA) werden zunächst aus den Zellen extrahiert. Anschließend kommen „Primer" genannte Moleküle zur Anwendung, die DNA-Abschnitte erkennen und identisch multiplizieren können. Sie produzieren 1.000- bis 1.000.000-fach vervielfältigte identische Kopien der interessanten DNA-Abschnitte, deren Information mit Hilfe moderner Sequenziergeräte abgelesen werden kann. Die ermittelte Sequenz lässt sich mit bereits bekannten Sequenzen anderer Individuen vergleichen, die in einer Referenzdatenbank im Internet verfügbar sind. Die Beziehungen zwischen den verglichenen DNA-Strängen lassen sich mit statistischen Methoden ermitteln und in Form eines Stammbaumes darstellen.

Vozugsweise werden Organismengruppen molekulargenetisch analysiert, bei denen wir ansonsten „mit unserem Latein am Ende sind". In fast jeder taxonomischen Großgruppe gibt es irgendwo eine Ecke, in der sich die Problemfälle angehäuft haben – oft gibt es davon sogar mehrere. Hinweise auf sogenannte „kryptische Arten", die sich mit unseren klassischen Methoden nicht voneinander trennen lassen, können verschiedenster Art sein: Beispielsweise beobachten wir, dass Populationen, die wir zu einer Tierart gestellt haben, in verschiedenen geographischen Regionen unterschiedliche Farbmuster aufweisen. Solche Unterschiede zeigen oft alle Zwischenstufen, können gelegentlich nur mit statistischen Methoden wahrgenommen werden und mögen, wie bei den Rassen des Menschen, lediglich lokale, klimatisch oder anderweitig historisch bedingte Modifikationen im Erbgut einer einzigen Art sein. Sie können aber auch die Koexistenz mehrerer, morphologisch nicht klar zu trennender, aber genetisch seit langem streng voneinander getrennter Schwesterarten belegen. Hinweise auf das Vorliegen solcher Artkomplexe ergeben sich gelegentlich auch aus den ökologischen An-

sprüchen (wenn optisch einander ähnelnde Populationen einer „Art" in verschiedenen Gebieten verschiedene Lebensräume bevorzugen) oder aus unterschiedlichen Lebenszyklen (wenn Populationen sich in der Zeit, Dauer oder Art und Weise ihrer Individualentwicklung unterscheiden). Solche Differenzen sind jedem speziell mit einer Organismengruppe beschäftigten Wissenschaftler bekannt. Molekulare Analysen können helfen, die Bedeutung solcher Phänomene zu „lesen", liefern oft auch darüber hinaus interessante zusätzliche Informationen – letztlich ein erweitertes Merkmalspektrum.

Im Quellprojekt Gesäuse sind wir an vielen Stellen auf offene taxonomische Probleme gestoßen – überall da, wo in den Artenlisten Fragezeichen oder die in der Biologie übliche Abkürzung „cf." (lateinisch „confer" = vergleiche: der genannten Art zuzuordnen oder ihr nahestehend) angeführt sind. Im Rahmen unserer Aufsammlungen waren wir bemüht, möglichst viele Organismen in einer Weise zu fixieren, dass sie für spätere molekularbiologische Studien verwendbar sind (in konzentriertem unvergälltem Alkohol, kühle Lagerung). Ausgewählte Teile der Eintagsfliegen sind mittlerweile bereits molekularbiologisch untersucht. Am Beispiel der unter morphologischen Aspekten schwierigen Gattung *Baetis* lassen sich die so erweiterten Möglichkeiten anschaulich demonstrieren.

Eintagsfliegen der Gattung *Baetis* sind fast kosmopolitisch verbreitet (außer Neuseeland) und fehlen wahrscheinlich in der Neotropischen Region (Patagonisch-Andine Subregion), haben aber selbst einige isolierte ozeanische Inseln besiedelt. Eintagsfliegenarten, die in extreme Habitate wie die Kälte-Tundra oder hochgelegene Gletscherabflüsse bis in rd. 5.000 m Seehöhe vordringen, gehören oft zu *Baetis*. Gegenwärtig sind ca. 480 Arten beschrieben, von denen 64 aus Europa nachgewiesen, aber teilweise in ihrem Status ungewiss sind. Ältere Artbeschreibungen basieren oft auf schwer bestimmbaren Adulttieren. Die spätesten Larvenstadien, die morphologisch die am stärksten differenzierten Merkmalskombinationen aufweisen, sind von etlichen Arten noch nicht bekannt und manche früher als „Arten" aufgefassten taxonomischen Einheiten haben sich nach molekularen Untersuchungen als weitgefächerte Artenkreise erwiesen. Auf der Basis solcher bereits zugänglicher neuer Erkenntnisse war es naheliegend, die Diversität der Quellpopulationen aus dem Gesäuse molekulargenetisch zu untersuchen. Wie auch bei anderen Eintagsfliegengattungen unserer Aufsammlungen ist die Untersuchung mit dieser Methodik noch in vollem Gange, aber anhand erster Ergebnisse lässt sich eine Vorstellung von den Möglichkeiten dieser Technik gewinnen.

Abb. 6 zeigt das Ergebnis einer auf der Basis der analysierten DNA-Moleküle errechneten Computeranalyse zur Verwandtschaft der Populationen aus dem Gesäuse mit Populationen aus anderen Teilen Europas. Die zugrundeliegenden Daten sind noch nicht publiziert, können aber vom Zweitautor erfragt werden.

Familie Siphlonuridae

Siphlonurus croaticus Ulmer, 1920

Typischer Bewohner mittlerer und größerer Fließgewässer, ohne eigentliche Beziehung zu Quellhabitaten. In dieser Untersuchung ein Einzelfund im Abfluss der Etzbachquelle.

Verbreitung: Von Kroatien und Makedonien über den Westbalkan nördlich entlang der Donau bis Deutschland.

Familie Heptageniidae

Epeorus alpicola (Eaton, 1871)

Eigentlich ein Bachbewohner, der gelegentlich in stark strömende Rheokrenen vordringt. An Quellen des Gesäuses wurden an zwei Fundorten (Waaggraben bei Hieflau WAAG, Hartelsgraben-Hochreidquelle HORE) adulte Weibchen gekeschert.

Verbreitung: Gebirgsregionen Süd-Zentraleuropas, Alpen und Pyrenäen. Südöstliche Verbreitungsgrenze nicht genau bekannt, Meldungen aus Rumänien, Bulgarien und der Türkei fragwürdig.

Ecdyonurus picteti (Meyer-Dür, 1864)

Habitatpräferenz wie bei *E. austriacus*. Funde: Brunngrabenbründl BGB, Rohrloch ROLO, ETZ (Etzbachquelle Stillwasserzone).

Verbreitung: Ungenügend bekannt, wohl weitgehend auf die Alpen beschränkt (nördlich bis zum Thüringer Wald, BRD). Südöstliche Verbreitungsgrenze unklar.

Ecdyonurus austriacus Kimmins, 1958

Typische Art kleiner und mittelgroßer alpiner Bäche, die gelegentlich in Quellen vordringt, im Gesäuse an drei Stellen (Gscheidegg GSCH-W, Rohrloch URO, Oberer Johnsbach SCHAF).

Verbreitung: Ungenügend bekannt, wahrscheinlich auf die (Ost-) Alpen und Karpathen beschränkt.

***Ecdyonurus* sp.**

Weitere, nicht auf Artniveau bestimmbare Exemplare der Gattung stammen von den Stellen Bruckgraben BRUG, Gscheideggkogel GSCH-W + SCHAF und Weißenbachl WEIBA.

Abb. 7 | **Eintagsfliege *Ecdyonurus picteti*, schlüpfreife Larve** | Foto: F. Stich

Rhithrogena gr. *loyolaea*

Außer *Rhithrogena loyolaea* Navas, 1922 sind noch zwei weitere, nahe verwandte Arten beschrieben worden. Die Art ist typisch für alpine Bäche, wo sie gerne in Quellnähe, aber selten in den Quellen selbst vorkommt. Aus dem Gesäuse liegen Einzelexemplare von drei Stellen im Johnsbachgebiet vor (Gscheidegg GSCH; Langgries LASCH; Etzbachquelle ETZ), die wahrscheinlich zu dieser Art zu stellen sind.

Verbreitung: Ungenügend bekannt, von den östlichen (?) Karpaten und dem Herzynischen System in Zentraleuropa über die Alpen bis zu den westlichen Pyrenäen.

Rhithrogena sp.

Weitere, nicht auf Artniveau bestimmbare Exemplare der Gattung stammen von den Stellen Rohrloch ROLO und Schröckengraben SHROEK.

Familie Ephemerellidae

Ephemerella iginita Poda, 1761

Art mit sehr breiter ökologischer Toleranz, aus Fließ- und Stillgewässern bekannt. In dieser Untersuchung gemeinsam mit *R.* cf. *loyolaea* und *S. lacustris* in Stillwasserbereichen des Quellbachs der Etzbachquelle nachgewiesen.

Verbreitung: Transpaläarktisch, von den Britischen Inseln zum Amur Becken und dem Primoriye Gebiet. Südliche Verbreitungsgrenze in Nordafrika, Kleinasien, der Mongolei, China und Korea (fehlt aber in Japan).

Dank

Für die morphologische Bestimmung (11 Proben Imagines / Subimagines, 24 Proben Larven), die Verbreitungsangaben und Hinweise zum Manuskript danken wir Herrn Dr. Ernst Bauernfeind (Naturhistorisches Museum Wien). Für die genetische Analyse danken wir Herrn Laurent Vuataz (Lausanne). Die Abbildungsvorlagen stellten freundlichst Herr Walter Reisinger (Weißenberg) und Herr Franz Stich (Ferlach) zur Verfügung.

Literatur

Bauernfeind, E. 1990: Der derzeitige Stand der Eintagsfliegenfaunistik in Österreich (Insecta: Ephemeroptera). – Verhandlungen der zoolog.-botan. Gesellschaft Österreich 127, S. 61–82

Bauernfeind, E. 2003: Ordnung Ephemeroptera, Eintagsfliegen, S. 108–120 – In: Dathe H. H. (Hrsg.) Lehrbuch der Speziellen Zoologie. Band I: Wirbellose Tiere. 5. Teil: Insecta. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Berlin origin. – Zoologischer Anzeiger 250, S. 151–159

Erman, N. A. 1998: Invertebrate richness and Trichoptera phenology in Sierra Nevada (California, U.S.A.) cold springs: sources of variation, S. 95–108 – In: Botosaneanu L. (Hrsg.): Studies in Crenobiology. The biology of springs and springbrooks. Backhuys, Leiden

Gattolliat, J.-L.; Sartori, M. 2008: What is *Baetis rhodani* (Pictet, 1843) (Insecta, Ephemeroptera, Baetidae)? Designation of a neotype and redescription of the species from its original area. – Zootaxa 1957, S. 69–80

Godunko, R. J.; Prokopov, G. A.; Soldán, T. 2004: Mayflies of the Crimean Peninsula. III. The description of *Baetis milani* sp. n. with notes on taxonomy of the subgenus Rhodobaetis Jacob, 2003 (Ephemeroptera: Baetidae). – Acta zoologica cracoviensia 47 (3–4), S. 231–248

Haybach, A.; Dorn, A.; Gerecke, R. 2006: Eintagsfliegen (Ephemeroptera), S. 157–160. – In: Gerecke, R.; Franz, H. (Hrsg.): Quellen im Nationalpark Berchtesgaden. Lebensgemeinschaften als Indikatoren des Klimawandels. – Nationalpark Berchtesgaden, Forschungsbericht 51

Kovács, T.; Bauernfeind, E.; Ambrus, A.; Reisinger, W. 2002: New records of mayflies from Austria (Insecta: Ephemeroptera). – Linzer biologische Beiträge 34, S. 1035–1042

Kownacka, M.; Kownacki, A. 1972: Vertical distribution of zoocenoses in the streams of the Tatra, Caucasus and Balkans Mts. – Verhandlungen des internationalen Vereins für theoretische und an-gewandte Limnologie 18, S. 742–750

Maiolini, B.; Carolli, M.; Silveri, L. 2011: Ephemeroptera, Plecoptera and Trichoptera in springs in Trentino (south-eastern Alps). – In: Cantonati, M.; Gerecke, R.; Jüttner, I.; Cox, E. J. (Gast Hrsg.): Springs: neglected key habitats for biodiversity conservation. Journal of Limnology 70 (suppl. 1), S. 122–133

Minckley, W. L. 1963: The ecology of a spring stream, Doe Run, Meade County, Kentucky. Wildlife Monographies 11, S. 1–124

Peru, N.; Thomas, A. 2003: Compléments et corrections à la faune des Éphéméroptères d'Afrique du Nord. 7. Description complémentaire de *Baetis berberus* Thomas, 1986 [Ephemeroptera, Baetidae]. – Ephemera 2001 [publ. 2003] 3(2), S. 75–82

Righetti, B.; Thomas, A. 2001: *Baetis catharus* Thomas, 1986: description des imagos, comparativement aux espèces ouest-euroméditerranéenes du group *alpinus* Pictet [Ephemeroptera, Baetidae]. – Ephemera 2000 [publ. 2001] 2(2), S. 73–78

Weichselbaumer, P.; Hutter, G. 2007: Eintagsfliegen aus Vorarlberg (Österreich) (Insecta: Ephemeroptera). – Vorarlberger Naturschau Forschen und Entdecken 20, S. 95–118

Williams, H. C.; Ormerod, S. J.; Bruford, M. W. 2006: Molecular systematics and phylogeography of the cryptic species complex *Baetis rhodani* (Ephemeroptera, Baetidae). – Molecular Phylogenetics and Evolution 40, S. 370–382

Valentini, A.; Pompanon, F.; Taberlet, P. 2008: DNA barcoding for ecologists. – Trends in Ecology and Evolution 24 (2), S. 110–117

Anschriften der Verfasser:

Dr. Reinhard Gerecke
Biesingerstr. 11 | D-72070 Tübingen
mailto: reinhard.gerecke@uni-tuebingen.de

Dr. Michael T. Monaghan
Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei (IGB)
Müggelseedamm 301 | D-12587 Berlin
mailto: monaghan@igb-berlin.de

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Schriften des Nationalparks Gesäuse

Jahr/Year: 2012

Band/Volume: 7

Autor(en)/Author(s): Gerecke Reinhard, Monaghan Michael T.

Artikel/Article: IV 3 Eintagsfliegen (Ephemeroptera). 132-141