

ZEITSCHRIFT FÜR ACULEATE HYMENOPTEREN

# AMPULEX

JOURNAL FOR HYMENOPTERA ACULEATA RESEARCH

A T T G T G C T A C A T T G A  
G G T A A T T T C T T T T T A  
C C T A T G C G T C C A A G G  
C T G G A A A G C  
T T C T C A G G  
G A A C T T A A  
G G A G T C C  
C T T T T A A  
A T C C C G G A A T A C C A C



## Impressum | Imprint

### Herausgeber | Publisher

Dr. Christian Schmid-Egger | Fischerstraße 1 | 10317 Berlin | Germany | 030-89 638 925 | christian@ampulex.de  
Rolf Witt | Friedrich-Rüder-Straße 20 | 26135 Oldenburg | Germany | 0441-85 043 | witt@umbw.de

### Redaktion | Editorial board

Dr. Christian Schmid-Egger | Fischerstraße 1 | 10317 Berlin | Germany | 030-89 638 925 | christian@ampulex.de  
Eckart Stolle | Inst. f. Biologie, AG Molekulare Ökologie; Martin-Luther-Univ. Halle-Wittenberg | Hoher Weg 4 | 06120 Halle (Saale) | Germany | eckart@ampulex.de  
Rolf Witt | Friedrich-Rüder-Straße 20 | 26135 Oldenburg | Germany | 0441-85043 | witt@umbw.de

### Grafik|Layout & Satz | Graphics & Typo

Umwelt- & MedienBüro Witt, Oldenburg | Rolf Witt | ► [www.umbw.de](http://www.umbw.de) | ► [www.vademecumverlag.de](http://www.vademecumverlag.de)

### Internet

► [www.ampulex.de](http://www.ampulex.de)

### Titelfoto | Cover

Grafik + Wildbienenporträts [Rolf Witt]. Laborfoto eines PCR-Gels einer DNA-Analyse von ca. 100 Hautflügler-Exemplaren [Foto: Stefan Schmidt]

Graphic + portaitphotos [Rolf Witt]. Lab-photo of a PCR-gel from a DNA-analyse of approx. 100 Hymenoptera-samples [photo: Stefan Schmidt]

Ampulex Heft 5 | issue 5

Berlin und Oldenburg, 31. Oktober 2012

ISSN 2190-3700

V.i.S.d.P. ist der Autor des jeweiligen Artikels. Die Artikel geben nicht unbedingt die Meinung der Redaktion wieder. Die Zeitung und alle in ihr enthaltenen Texte, Abbildungen und Fotos sind urheberrechtlich geschützt. Das Copyright für die Abbildungen und Artikel liegt bei den jeweiligen Autoren. Trotz sorgfältiger inhaltlicher Kontrolle übernehmen wir keine Haftung für die Inhalte externer Links. Für den Inhalt der verlinkten Seiten sind ausschließlich deren Betreiber verantwortlich.

All rights reserved. Copyright of text, illustrations and photos is reserved by the respective authors. The statements and opinions in the material contained in this journal are those of the individual contributors or advertisers, as indicated. The publishers have used reasonable care and skill in compiling the content of this journal. However, the publishers, editors and content providers make no warranty as to the accuracy or completeness of any information in this journal and accept no responsibility or liability for any inaccuracy or errors and omissions, or for any damage or injury to persons or property arising out of the accessing or use of any files or other materials, instructions, methods or ideas contained in this journal or material accessed from it.

## Inhalt

Vorwort . . . . .	4
Michael Gerth, Robert Mayer, Lars Hering, Ronny Wolf, Stefan Schaffer, Christoph Bleidorn: Zur Stechimmenfauna (Hymenoptera, Aculeata) des Bienitz in Leipzig. . . . .	5
Rainer Neumeyer: <i>Polistes hellenicus</i> Arens, 2011 auch in Kroatien gefunden . . . . .	15
Christian Schmid-Egger & Stefan Schmidt: DNA-Barcoding – Revolution in der Taxonomie? . . . . .	19
Maurizio Mei, Giorgio Pezzi, Remo De Togni, Umberto Devincenzo: Die Orientalische Mörtel- wespe <i>Chalybion bengalense</i> (Dahlbom) eingeführt in Italien (Hymenoptera, Sphecidae) . . . . .	37
Filippo Di Giovanni & Maurizio Mei: Erstfunde der Grabwespe <i>Pison carinatum</i> R. Turner, 1917 (Hymenoptera, Crabronidae) in Italien und Griechenland . . . . .	42
Buchbesprechungen . . . . .	43
Hinweise für Autoren . . . . .	45

## Content

Preface . . . . .	4
Michael Gerth, Robert Mayer, Lars Hering, Ronny Wolf, Stefan Schaffer, Christoph Bleidorn: A faunistic inventory of the aculeate Hymenoptera of the Bienitz in Leipzig (Germany, Saxony) . . . . .	5
Rainer Neumeyer: <i>Polistes hellenicus</i> Arens, 2011, claimed also for Croatia . . . . .	15
Christian Schmid-Egger & Stefan Schmidt: DNA-Barcoding – Revolution in taxonomy? . . . . .	19
Maurizio Mei, Giorgio Pezzi, Remo De Togni, Umberto Devincenzo: The oriental mud-dauber wasp <i>Chalybion bengalense</i> (Dahlbom) introduced in Italy (Hymenoptera, Sphecidae) . . . . .	37
Filippo Di Giovanni & Maurizio Mei: First records of <i>Pison carinatum</i> R. Turner, 1917 from Italy and Greece (Hymenoptera, Crabronidae) . . . . .	42
Book reviews . . . . .	43
Authors guidelines . . . . .	45

## Vorwort

Liebe Freunde und Kollegen,

DNA-Barcoding ist in aller Munde. Die genetische Erfassung und Kartierung von Insekten und anderen Tierarten entwickelt sich immer mehr zum Standard in der taxonomischen Forschung. Doch was ist Barcoding genau? Wo liegen seine Möglichkeiten, und auch seine Grenzen? Und wie wird diese neue Technik die Arbeit eines Taxonomen verändern?

In einem Hintergrundartikel informieren wir am Beispiel der Stechimmen über das Barcoding und geben zahlreiche Antworten auf diese und andere Fragen.

Die übrigen Themen sind der Faunistik gewidmet. Auch in Europa gibt es neu eingewanderte Arten. In zwei Artikel von Maurizio Mei und seinen Kollegen lesen wir, was sich derzeit in Italien und Griechenland tut. Und Rainer Neumeyer informiert über eine Polistes-Art, die erst vor wenigen Jahren aus Griechenland neu beschrieben wurde und inzwischen ihr bekanntes Areal beträchtlich erweitern konnten. Der letzte Artikel behandelt die deutsche Fauna und ist einer großen Erhebung im Raum Leipzig gewidmet.

Mehre Buchbesprechungen runden die aktuelle Ausgabe von Ampulex ab. Insgesamt bieten wir wieder eine bunte Mischung an Artikel und Informationen und wünschen unseren Lesern viel Spass bei der Lektüre.

Weitere Infos gibt es im Netz unter ► [www.ampulex.de](http://www.ampulex.de)

Euer Redaktionsteam

Eckart, Rolf & Christian



## Preface

Dear friends and colleagues,

DNA-Barcoding is a frequent term in entomological research. This new method develops more and more to a standard technique in taxonomy. But what is Barcoding exactly? Where are its possibilities, and restrictions? How will Barcoding change the way of working of taxonomists? We inform in a detailed background article with the example of Aculeata about Barcoding and will give answers to these and other questions.

Remaining topics inform about faunistics. In southern Europe two introduced species were found. Maurizio Mei and colleagues inform about it. Rainer Neumeyer could find a newly described Polistes species in Croatia. And the last contributions deals with a faunistic survey in Leipzig/Germany. Some book reviews are also added.

More information in the internet ► [www.ampulex.de](http://www.ampulex.de)

Enjoy Ampulex

Eckart, Rolf & Christian

# Zur Stechimmenfauna (Hymenoptera, Aculeata) des Bienitz in Leipzig

Michael Gerth<sup>1</sup>, Robert Mayer<sup>1</sup>, Lars Hering<sup>2</sup>, Ronny Wolf<sup>1</sup>, Stefan Schaffer<sup>2</sup>, Christoph Bleidorn<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universität Leipzig, Institut für Biologie, Molekulare Evolution & Systematik der Tiere | Talstr. 33 | 04103 Leipzig | Germany | michael.gerth@uni-leipzig.de, robert.mayer@online.de, rwolf@rz.uni-leipzig.de, stefan.schaffer@uni-leipzig.de, bleidorn@rz.uni-leipzig.de

<sup>2</sup>Universität Leipzig, Institut für Biologie, Evolution und Entwicklung der Tiere | Talstr. 33 | 04103 Leipzig | Germany | lars.hering@uni-leipzig.de

## Zusammenfassung

Auf dem Bienitz bei Leipzig wurden in den Jahren 2010 bis 2012 bei 35 Begehungen insgesamt 244 Arten von Stechimmen (excl. Formicidae) nachgewiesen. Mit 139 Arten stellen die Bienen die artenreichste Gruppe da. Insgesamt konnten 22 Arten festgestellt werden, die in der Roten Liste Deutschlands als gefährdet ausgewiesen sind und 71 in den Roten Listen Sachsens als gefährdet geltende Arten. Besonders bemerkenswert sind die Nachweise der bundesweit stark gefährdeten Arten *Andrena floricola*, *Lasioglossum clypeare*, *Megachile ligniseca*, *Rophites quinquespinosus* und *Symmorphus murarius*. Als Wirt der Spinnen parasitierenden Wegwespe *Aporus unicolor* konnte erstmals für Sachsen die Tapezierspinne *Atypus piceus* nachgewiesen werden. Es werden die Ausweisung des Bienitz als Naturschutzgebiet und zum Erhalt der offenen Bereiche koordinierte Pflegemaßnahmen empfohlen.

## Summary

Michael Gerth, Robert Mayer, Lars Hering, Ronny Wolf, Stefan Schaffer, Christoph Bleidorn: **A faunistic inventory of the aculeate Hymenoptera of the Bienitz in Leipzig (Germany, Sachsen)**. Altogether, 244 species of aculeate Hymenoptera (excl. Formicidae) were recorded during 35 field trips in the area of the Bienitz in Leipzig from 2010 to 2012. The species richest taxon is the bees with 139 species. 22 species are recorded in the national Red List as endangered, and 71 species are regarded as endangered in the regional Red List of Saxony. Remarkable are the records of the nationally strongly endangered species *Andrena floricola*, *Lasioglossum clypeare*, *Megachile ligniseca*, *Rophites quinquespinosus* and *Symmorphus murarius*. Moreover, we found the mygalomorph spider *Atypus piceus* as a host for the spider hunting wasp *Aporus unicolor*, which is the first record of this spider for Saxony. It is recommended to protect the area as nature reserve and coordinated management activities are necessary to preserve open sites of the area.

## Einleitung

Der Leipziger Bienitz ist eine Erhebung am Westrand des Leipziger Stadtgebietes an der Grenze zu Sachsen-Anhalt (51°20'58" N, 2°14'59" E). Der Bienitz ist ein Teil der Dehliitz-Rückmarsdorfer Endmoräne, welche sich während der Saaleeiszeit herausgebildet hat. Schmelzwasseraustritte aus dem Gletscher schütteten Sand und Kies auf und führten damit zur Formation der Endmoräne (Eissmann 1975). Seit dem Ende des 19. Jahrhunderts wurde das Areal erst von den königlich-sächsischen Ulanen und später von der Wehrmacht, der Roten Armee und der NVA als militärisches Übungsgelände genutzt. Zur Errichtung von Schießbahnen wurden größere Bereiche gerodet und diese Freiflächen sind heute noch erhalten. Somit ist es wenig verwunderlich, dass das 68 Hektar große Areal ein Mosaik verschiedener Lebensräume darstellt (siehe Abb. 1). Neben offenen Sandflächen und Trockenrasen, ist das Gebiet durch große Waldbereiche (Eichen-Hainbuchenwald) und Feuchtwiesen entlang des Zschampertbaches charakterisiert. Entlang des das Gebiet teilenden Saale-Elster-Kanals findet sich ein Schilfgürtel.

Die Fundortangabe „Bienitz“ findet sich bei verschiedensten bedeutenden Naturforschern (beispielsweise

Johan Christian Daniel von Schreber, der unter anderen die Crabroniden *Crabro peltarius* (Schreber, 1784) und *Lestica clypeata* (Schreber, 1759) beschrieben hat) bis zurückgehend ins 18. Jahrhundert. Vor allem die Pflanzenwelt dieses interessanten Lebensraumes wurde hierbei eingehend untersucht. Aber auch für die Hymenopterenfauna des Bienitz finden sich einige historische Belege, wie zum Beispiel zu Funden der Gold- und Faltenwespen in Krieger (1895) und der Bienen (zusammengefasst in Müller 1944). Rezentere Aufsammlungen finden sich stichprobenartig zu den Grabwespen (Ampulicidae, Crabronidae und Sphecidae) in Jansen und Kaluza (2007). Im Vergleich zu anderen Bundesländern ist die Hymenopterenfauna Sachsens aber bisher nur unzureichend bearbeitet und vor allem die regionalen Roten Listen fehlen für Teilgruppen der aculeaten Hymenopteren gänzlich (beispielsweise Faltenwespen, Wegwespen) oder sind veraltet (Grabwespen).

Während der Bienitz hinsichtlich seiner Flora als gut untersucht gilt, wurde im Jahr 2010 auf Initiative des Umweltamtes der Stadt Leipzig eine groß angelegte entomologische Inventarisierung ins Leben gerufen, um auch hinsichtlich der Insektenfauna vertiefende Erkenntnisse zu erlangen. Der Bienitz ist Teil des LSG „Leipziger Auwald“ und der Westhang des Bienitz steht als Flächennaturdenkmal unter Schutz. Die hier be-



Abb. 1: Das Gelände des Bienitz bei Leipzig, erstellt nach Informationen aus Sickert (2011). Die meisten Aculeatenfunde stammen aus den gelb markierten Offenlandbereichen; sonstiges Offenland wird landwirtschaftlich genutzt.

schriebenen faunistische Untersuchungen wurden zur Überprüfung der Schutzwürdigkeit des gesamten Areals als Naturschutzgebiet (NSG) vorbereitend durchgeführt. Über einen Zeitraum von zwei Jahren (Frühjahr 2010 bis Frühjahr 2012) haben wir die Fauna der aculeaten Hymenopteren (excl. Formicidae) in zahlreichen Begehungen eingehend untersucht und fassen die Ergebnisse hier zusammen.

### Material und Methode

Es wurden zwischen dem 16.04.2010 und dem 25.03.2012 insgesamt 35 Begehungen im Gebiet durchgeführt. Schwerpunkt aller Begehungen waren vor allem die Offenlandbereiche der Untersuchungsfläche. Alle Tiere wurden durch Kescherfang gesammelt und später im Labor getötet und präpariert. Die Bestimmung erfolgte für die Wildbienen nach Amiet (1996), Amiet et al. (1999, 2001, 2004, 2007), Scheuchl (2000, 2006), Schmid-Egger & Scheuchl (1997) und Straka & Bogusch (2011). Grabwespen (Ampulicidae, Crabronidae und Sphecidae) wurden mit Hilfe von Jacobs (2007) bestimmt. Die Wegwespenbestimmung erfolgte nach Oehlke & Wolf (1987) und Smissen (1996, 2003). Goldwespen (Chrysididae) wurden an Hand von Kunz (1994), Linsenmaier (1997) und Smissen (2010) determiniert, Mutillidae, Tiphiidae und Sapygidae mittels Amiet (2008). Zur Bestimmung der Faltenwespen wurde Schmid-Egger (2004) verwendet. Die Nomenklatur richtet sich nach den aktuellen deutschlandweiten Roten Listen der Wildbienen (Westrich et al. 2011,

vgl. Tabelle 3) und Wespen (Schmid-Egger 2010). Für die Bienen verwenden das ranglose Taxon Anthophila sensu Engel (2005) um mögliche Verwechslungen mit anderen Taxa oder Rängen zu vermeiden. Es ist weiterhin der älteste Name, der für die Bienen als Gesamtheit vorgeschlagen wurde. Für eine ausführliche Erläuterung siehe Engel (2005).

### Ergebnisse

An den 35 Begehungsterminen wurden insgesamt 956 Tiere gesammelt. Mit 644 gefangenen Individuen haben hierbei die gesammelten Wildbienen den größten Anteil. Am zweithäufigsten wurden Grabwespen (Crabronidae und Sphecidae, Ampulicidae wurden im Gebiet nicht nachgewiesen) gefangen und hiervon wurden insgesamt 177 Tiere gesammelt. Insgesamt konnten 244 Stechimmenarten im Gebiet nachgewiesen werden (Tabelle 1, 2). Die artenreichste Gruppe stellen die Bienen mit 139 Arten da, gefolgt von den Grabwespen mit 53 Arten. Bei den Faltenwespen konnten 21 Arten nachgewiesen werden. Fünf der nachgewiesenen Stechimmenarten gelten nach der Roten Liste Deutschlands als stark gefährdet (*Andrena floricola*, *Lasiglossum clypeare*, *Megachile ligniseca*, *Rophites quinquespinosus*, *Symmorphus murarius*). Weitere 15 Arten sind deutschlandweit gefährdet (Tabelle 2). Zahlreiche der nachgewiesenen Arten gelten in den regionalen Roten Listen für Sachsen, bzw. Sachsen-Anhalt als vom Aussterben bedroht oder stark gefährdet (Tabelle 2).

**Tab. 1: Liste der nachgewiesenen Stechimmenarten, gesetzlicher Schutz nach der Bundesartenschutzverordnung und ihr Status in den Roten Listen von Deutschland (D), Sachsen (SA) und Sachsen-Anhalt (Sn). (Legende: § = besonders geschützte Tierart nach BArtSchV, 0 = ausgestorben oder verschollen, 1 = vom Aussterben bedroht, 2 = stark gefährdet, 3 = gefährdet, G = Gefährdung unbekanntes Ausmaßes, R = extrem selten, V = Vorwarnliste, D = Daten unzureichend).**

Artname	§	D	SA	Sn
Anthophila				
<i>Andrena alfkenella</i> Perkins, 1914	§	V	2	V
<i>Andrena barbilabris</i> (Kirby, 1802)	§	V	3	V
<i>Andrena bicolor</i> Fabricius, 1775	§			
<i>Andrena chrysoceles</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Andrena clarkella</i> (Kirby, 1802)	§		2	1
<i>Andrena denticulata</i> (Kirby, 1802)	§	V		3
<i>Andrena dorsata</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Andrena flavipes</i> Panzer, 1799	§			
<i>Andrena floricola</i> Eversmann, 1852	§	2	1	3
<i>Andrena fulva</i> (Müller, 1766)	§			
<i>Andrena gravida</i> Imhoff, 1832	§			
<i>Andrena haemorrhoa</i> (Fabricius, 1781)	§			

Artname	§	D	SA	Sn
<i>Andrena helvola</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Andrena labiata</i> Fabricius, 1781	§			
<i>Andrena lathyri</i> Alfken, 1899	§		3	3
<i>Andrena minutula</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Andrena mitis</i> Schmiedeknecht, 1883	§	V	3	2
<i>Andrena nigroaenea</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Andrena nitida</i> (Müller, 1776)	§			
<i>Andrena ovatula</i> (Kirby, 1802)	§		3	2
<i>Andrena proxima</i> (Kirby, 1802)	§		2	
<i>Andrena scotica</i> Perkins, 1916	§			
<i>Andrena semilaevis</i> Pérez, 1903	§	G		
<i>Andrena strohmeilla</i> Stoeckert, 1928	§			
<i>Andrena subopaca</i> Nylander, 1848	§			

Arname	S	D	SA	Sn
<i>Andrena tibialis</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Andrena vaga</i> Panzer, 1799	§		3	V
<i>Andrena ventralis</i> Imhoff, 1832	§		3	3
<i>Andrena viridescens</i> Viereck, 1916	§	V	1	1
<i>Andrena wilkella</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Anthidium manicatum</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Anthidium punctatum</i> Latreille, 1809	§	V	3	3
<i>Anthidium strigatum</i> (Panzer, 1798)	§	V		
<i>Anthophora furcata</i> (Panzer, 1798)	§	V	3	3
<i>Anthophora plumipes</i> (Pallas, 1772)	§			
<i>Bombus bohemicus</i> Seidl, 1838	§			
<i>Bombus campestris</i> (Panzer, 1801)	§		2	3
<i>Bombus hortorum</i> (Linnaeus, 1761)	§			
<i>Bombus hypnorum</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Bombus lapidarius</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Bombus lucorum</i> (Linnaeus, 1761)	§			
<i>Bombus pascuorum</i> (Scopoli, 1763)	§			
<i>Bombus pratorum</i> (Linnaeus, 1761)	§			
<i>Bombus rupestris</i> (Fabricius, 1793)	§			
<i>Bombus sylvarum</i> (Linnaeus, 1761)	§	V	3	
<i>Bombus terrestris</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Bombus vestalis</i> (Geoffroy, 1758)	§			
<i>Ceratina cyanea</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Coelioxys afra</i> Lepeletier, 1841	§	3	2	2
<i>Coelioxys elongata</i> Lepeletier, 1841	§		2	2
<i>Coelioxys inermis</i> (Kirby, 1802)	§		2	3
<i>Colletes cunicularius</i> (Linnaeus, 1761)	§		3	V
<i>Colletes daviesanus</i> Smith, 1846	§			
<i>Colletes fodiens</i> (Fourcroy, 1785)	§	3	2	3
<i>Epeolus variegatus</i> (Linnaeus, 1758)	§	V	3	3
<i>Eucera nigrescens</i> Pérez, 1903	§		1	V
<i>Halictus confusus</i> Smith, 1853	§		3	V
<i>Halictus leucaheneus</i> Ebmer, 1972	§	3	1	3
<i>Halictus maculatus</i> Smith, 1848	§			
<i>Halictus quadricinctus</i> (Fabricius, 1776)	§	3	2	3
<i>Halictus rubicundus</i> (Christ, 1791)	§			
<i>Halictus scabiosae</i> (Rossi, 1790)	§			
<i>Halictus subauratus</i> (Rossi, 1792)	§			
<i>Halictus tumulorum</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Hylaeus communis</i> Nylander, 1852	§			
<i>Hylaeus confusus</i> Nylander, 1852	§			
<i>Hylaeus dilatatus</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Hylaeus gredleri</i> Förster, 1871	§			
<i>Hylaeus hyalinatus</i> Smith, 1842	§			
<i>Hylaeus nigrinus</i> (Fabricius, 1798)	§			3
<i>Hylaeus paulus</i> Bridwell, 1919	§			D
<i>Hylaeus styriacus</i> Förster, 1871	§			V

Arname	S	D	SA	Sn
<i>Hylaeus variegatus</i> (Fabricius, 1798)	§	V	2	V
<i>Lasioglossum albipes</i> (Fabricius, 1781)	§			
<i>Lasioglossum calceatum</i> (Scopoli, 1763)	§			
<i>Lasioglossum clypeare</i> (Schenck, 1853)	§	2	R	1
<i>Lasioglossum fulvicorne</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Lasioglossum laevigatum</i> (Kirby, 1802)	§	3	2	3
<i>Lasioglossum laticeps</i> (Schenck, 1868)	§			
<i>Lasioglossum leucozonium</i> (Schränk, 1781)	§			
<i>Lasioglossum malachurum</i> (Kirby, 1802)	§		3	
<i>Lasioglossum minutulum</i> (Schenck, 1853)	§	3	2	2
<i>Lasioglossum morio</i> (Fabricius, 1793)	§			
<i>Lasioglossum pauxillum</i> (Schenck, 1853)	§			
<i>Lasioglossum politum</i> (Schenck, 1853)	§		1	
<i>Lasioglossum punctatissimum</i> (Schenck, 1853)	§		3	3
<i>Lasioglossum quadrinotatum</i> (Kirby, 1802)	§	3	2	3
<i>Lasioglossum semilucens</i> (Alfken, 1914)	§		1	3
<i>Lasioglossum sexnotatum</i> (Kirby, 1802)	§	3	2	3
<i>Lasioglossum villosulum</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Lasioglossum zonulum</i> (Smith, 1848)	§		1	3
<i>Macropis europaea</i> Warncke, 1973	§			3
<i>Megachile ericetorum</i> Lepeletier, 1841	§			
<i>Megachile ligniseca</i> (Kirby, 1802)	§	2	3	3
<i>Megachile maritima</i> (Kirby, 1802)	§	3	2	2
<i>Megachile pilidens</i> Alfken, 1924	§	3	2	V
<i>Megachile rotundata</i> (Fabricius, 1787)	§		2	3
<i>Megachile versicolor</i> Smith, 1844	§			
<i>Megachile willughbiella</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Melecta albifrons</i> Förster, 1771	§			
<i>Melitta nigricans</i> Alfken, 1905	§		3	2
<i>Nomada bifasciata</i> Olivier, 1811	§		3	
<i>Nomada conjungens</i> Herrich-Schäffer, 1839	§		2	1
<i>Nomada fabriciana</i> (Linnaeus, 1767)	§			
<i>Nomada flava</i> Panzer, 1798	§			
<i>Nomada flavoguttata</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Nomada flavopicta</i> (Kirby, 1802)	§		3	3
<i>Nomada fucata</i> Panzer, 1798	§			
<i>Nomada fulvicornis</i> Fabricius, 1793	§		3	3
<i>Nomada goodeniana</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Nomada lathburiana</i> (Kirby, 1802)	§		3	V
<i>Nomada leucophthalma</i> (Kirby, 1802)	§		2	2
<i>Nomada marshamella</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Nomada panzeri</i> Lepeletier, 1841	§			
<i>Nomada ruficornis</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Nomada sexfasciata</i> Panzer, 1799	§		2	2
<i>Nomada signata</i> Jurine, 1807	§		2	2
<i>Nomada succincta</i> Panzer, 1798	§			
<i>Nomada zonata</i> Panzer, 1798	§	V	1	2

Artname	§	D	SA	Sn
<i>Osmia adunca</i> (Panzer, 1798)	§			
<i>Osmia aurulenta</i> (Panzer, 1799)	§		2	
<i>Osmia bicornis</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Osmia caerulescens</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Osmia campanularum</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Osmia florissomnis</i> (Linnaeus, 1758)	§			V
<i>Osmia leucomelana</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Osmia truncorum</i> (Linnaeus, 1758)	§			
<i>Panurgus calcaratus</i> (Scopoli, 1763)	§			
<i>Rophites quinquespinosus</i> Spinola, 1808	§	2	3	2
<i>Sphecodes albilabris</i> (Fabricius, 1793)	§		3	2
<i>Sphecodes crassus</i> Thomson, 1870	§			
<i>Sphecodes ephippius</i> (Linnaeus, 1767)	§			
<i>Sphecodes ferruginatus</i> von Hagens, 1882	§			
<i>Sphecodes geofrellus</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Sphecodes monilicornis</i> (Kirby, 1802)	§			
<i>Sphecodes pellucidus</i> Smith, 1845	§	V	3	3
<i>Sphecodes rufiventris</i> (Panzer, 1798)	§		3	V
<i>Stelis breviuscula</i> (Nylander, 1848)	§			3
<b>Chrysididae</b>				
<i>Chrysis equestris</i> Dahlbom, 1845		G		
<i>Chrysis ignita</i> A (Linnaeus, 1758)				
<i>Chrysis ignita</i> B (Linnaeus, 1758)				
<i>Hedychridium ardens</i> (Coquebert, 1801)				
<i>Hedychridium caputaureum</i> (Trautmann, 1919)				
<i>Hedychridium roseum</i> (Rossi, 1790)				
<i>Hedychrum gerstaeckeri</i> Chevriier, 1869				
<i>Hedychrum niemelai</i> Linsenmaier, 1959				
<i>Hedychrum rutilans</i> Dahlbom, 1854				
<i>Holopyga generosa</i> (Förster, 1853)				
<i>Omalus aeneus</i> (Fabricius, 1787)				
<i>Trichrysis cyanea</i> (Linnaeus, 1758)				
<b>Crabronidae</b>				
<i>Astata boops</i> (Schrank, 1781)				
<i>Astata minor</i> Kohl, 1884		3	3	3
<i>Cerceris quadricincta</i> (Panzer, 1799)			2	3
<i>Cerceris quinquefasciata</i> (Rossi, 1792)				
<i>Cerceris ruficornis</i> (Fabricius, 1793)		3	2	
<i>Cerceris rybyensis</i> (Linnaeus, 1771)				
<i>Crabro cribarius</i> (Linnaeus, 1758)				
<i>Crabro peltarius</i> (Schreber, 1784)				
<i>Crossocerus annulipes</i> (Lepeletier & Brulle, 1835)				
<i>Crossocerus cetratus</i> (Shuckard, 1837)				
<i>Crossocerus exiguus</i> (Vander Linden, 1829)				
<i>Crossocerus nigrinus</i> (Lepeletier & Brulle, 1835)			3	
<i>Crossocerus quadrimaculatus</i> (Fabricius, 1793)				
<i>Dinetus pictus</i> (Fabricius, 1793)			2	

Artname	§	D	SA	Sn
<i>Diodontus minutus</i> (Fabricius, 1793)				
<i>Ectemnius cavifrons</i> (Thomson, 1870)				
<i>Ectemnius confinis</i> (Walker, 1871)		3	3	2
<i>Ectemnius continuus</i> (Fabricius, 1804)				
<i>Ectemnius dives</i> (Lepeletier & Brulle, 1835)				
<i>Ectemnius lituratus</i> (Panzer, 1804)			3	
<i>Ectemnius rubicola</i> (Dufour & Perris, 1840)				
<i>Gorytes fallax</i> Handlirsch, 1888		V	2	0
<i>Gorytes laticinctus</i> Lepeletier, 1832				
<i>Gorytes quinquecinctus</i> (Fabricius, 1793)				2
<i>Harpactus laevis</i> (Latreille, 1792)		3	1	2
<i>Harpactus tumidus</i> (Panzer, 1801)			2	3
<i>Lestica alata</i> (Panzer, 1797)		V		3
<i>Lestica clypeata</i> (Schreber, 1759)				
<i>Lindenius albilabris</i> (Fabricius, 1793)				
<i>Lindenius panzeri</i> (Vander Linden, 1829)			3	3
<i>Lindenius pygmaeus</i> (Rossi, 1794)			3	3
<i>Mellinus arvensis</i> (Linnaeus, 1758)				
<i>Mimesa lutaria</i> (Fabricius, 1787)			2	1
<i>Mimumesa dahlbomi</i> (Wesmael, 1852)				
<i>Mimumesa unicolor</i> (Vander Linden, 1829)				
<i>Nitela spinolae</i> Latreille, 1809				
<i>Nysson dimidiatus</i> Jurine, 1807			2	D
<i>Nysson trimaculatus</i> (Rossi, 1790)			2	3
<i>Oxybelus trispinosus</i> (Fabricius, 1787)			3	2
<i>Oxybelus uniglumis</i> (Linnaeus, 1758)				
<i>Passaloecus singularis</i> Dahlbom, 1844				
<i>Pemphredon lethifer</i> (Shuckard, 1837)				
<i>Pemphredon mortifer</i> Valkeila, 1972				
<i>Philantus trinagulum</i> (Fabricius, 1775)				
<i>Psenulus pallipes</i> (Panzer, 1798)				
<i>Psenulus schencki</i> (Tournier, 1889)			3	
<i>Stigmus pendulus</i> Panzer, 1805				
<i>Tachysphex pompiliformis</i> Panzer, 1805				
<i>Trypoxylon attenuatum</i> F. Smith, 1851				
<i>Trypoxylon kostylevi</i> Antropov, 1986				
<i>Trypoxylon minus</i> Beaumont, 1945				
<b>Mutillidae</b>				
<i>Smicromyrme rufipes</i> (Fabricius, 1787)				
<b>Pompilidae</b>				
<i>Agenioideus cinctellus</i> (Spinola, 1808)				
<i>Agenioideus sericeus</i> (Vander Linden, 1827)				
<i>Anoplius concinnus</i> (Dahlbom, 1843)				
<i>Aporus unicolor</i> Spinola, 1808				1
<i>Arachnospila spissa</i> (Schoedte, 1837)				
<i>Arachnospila trivialis</i> (Dahlbom, 1843)				
<i>Auplopus carbonarius</i> (Scopoli, 1763)				
<i>Caliadurgus fasciatellus</i> (Spinola, 1808)				

Artname	S	D	SA	Sn
<i>Cryptocheilus versicolor</i> (Scopoli, 1763)	V			
<i>Episyron rufipes</i> (Linnaeus, 1758)				
<i>Evagetes dubius</i> (Vander Linden, 1827)				
<i>Priocnemis cordivalvata</i> Haupt, 1927				3
<i>Priocnemis coriacea</i> (Dahlbom, 1843)				
<i>Priocnemis hyalinata</i> (Fabricius, 1793)				
<i>Priocnemis minuta</i> (Vander Linden, 1827)	V			
<i>Priocnemis perturbator</i> (Harris, 1780)				
<b>Sapygidae</b>				
<i>Sapygina decemguttata</i> (Jurine, 1807)				
<b>Sphecidae</b>				
<i>Ammophila sabulosa</i> (Linnaeus, 1758)				
<i>Sphex funerarius</i> Gussakovskij, 1934		3	0	0
<b>Tiphiidae</b>				
<i>Tiphia femorata</i> (Fabricius, 1775)				
<b>Vespidae</b>				
<i>Ancistrocerus antilope</i> (Panzer, 1798)				
<i>Ancistrocerus gazella</i> (Panzer, 1798)				
<i>Ancistrocerus nigricornis</i> (Curtis, 1826)				
<i>Ancistrocerus oviventris</i> (Wesmael, 1836)				

Artname	S	D	SA	Sn
<i>Ancistrocerus parietum</i> (Linnaeus, 1758)				
<i>Dolichovespula media</i> (Retzius, 1783)				
<i>Dolichovespula saxonica</i> (Fabricius, 1793)				
<i>Dolichovespula sylvestris</i> (Scopoli, 1763)				
<i>Eumenes coronatus</i> (Panzer, 1798)				
<i>Eumenes pedunculatus</i> (Panzer, 1799)				
<i>Microdynerus parvulus</i> (Herrich-Schaeffer, 1839)				
<i>Odynerus spinipes</i> (Linnaeus, 1758)				
<i>Polistes dominulus</i> (Christ, 1791)				
<i>Polistes nimpha</i> (Christ, 1791)				
<i>Symmorphus bifasciatus</i> (Linnaeus, 1761)				
<i>Symmorphus crassicornis</i> (Panzer, 1798)				
<i>Symmorphus gracilis</i> (Brulle, 1838)				
<i>Symmorphus murarius</i> (Linnaeus, 1758)		2		
<i>Vespa crabro</i> Linnaeus, 1758	§			
<i>Vespula germanica</i> (Fabricius, 1793)				
<i>Vespula vulgaris</i> (Linnaeus, 1758)				

**Tab. 2: Summen der im Gebiet vorkommenden gefährdeten Arten der Kategorien 0–3 und G in den Roten Listen von Deutschland (RL-D), Sachsen (RL-SA) und Sachsen Anhalt (RL-SN) . (Legende: RL 0 = ausgestorben oder verschollen, RL 1 = vom Aussterben bedroht, RL 2 = stark gefährdet, RL 3 = gefährdet, G = Gefährdung unbekanntes Ausmaßes).**

Kategorie	RL-D	RL-SA	RL-SN
RL 0	–	1	2
RL 1	–	9	6
RL 2	3	30	17
RL 3	17	31	34
G	2	–	–
<b>Summen</b>	<b>22</b>	<b>71</b>	<b>59</b>

**Tab. 3: Synonymliste nach Kuhlmann (in lit.)**

Artname nach Westrich (2011)	Artname nach Kuhlmann (in lit.)
<i>Andrena scotica</i> Perkins, 1916	<i>Andrena carantonica</i> Pérez, 1902
<i>Anthidium strigatum</i> (Panzer, 1798)	<i>Anthidiellum strigatum</i> (Panzer, 1805)
<i>Hylaeus annularis</i> (Kirby, 1802)	<i>Hylaeus dilatatus</i> (Kirby, 1802)
<i>Osmia adunca</i> (Panzer, 1798)	<i>Hoplitis adunca</i> (Panzer, 1798)
<i>Osmia campanularum</i> (Kirby, 1802)	<i>Chelostoma campanularum</i> (Kirby, 1802)
<i>Osmia florissomnis</i> (Linnaeus, 1758)	<i>Chelostoma florissomne</i> (Linnaeus, 1758)
<i>Osmia leucomelana</i> (Kirby, 1802)	<i>Hoplitis leucomelana</i> (Kirby, 1802)
<i>Osmia truncorum</i> (Linnaeus, 1758)	<i>Heriades truncorum</i> (Linnaeus, 1758)

## Diskussion

### Anmerkungen zu bemerkenswerten Nachweisen

*Aporus unicolor* ist eine in ganz Deutschland verbreitete, aber nicht häufig nachgewiesene Wegwespe (Pompilidae). Wie bei allen Wegwespen ernähren sich die Larven dieser Art von Spinnen. Die Gattung *Aporus* ist in Deutschland mit zwei Arten vertreten (Schmid-Egger 2010). Beide sind spezialisiert auf die Parasitierung von Tapezierspinnen (Gattung *Atypus*), von denen drei Arten in Deutschland bekannt sind. Während die nur selten nachgewiesene *Atypus muralis* als Wirt von *Aporus pollux* gilt (Wiśniowski 2009), parasitiert *Aporus unicolor* in der Regel bei der häufiger vorkommenden Art *Atypus affinis* (Oehlke & Wolf 1987). Wir konnten im Gebiet neben einigen Individuen von *Aporus unicolor* nun auch die Tapezierspinne *Atypus piceus* als Wirtsart nachweisen. Tapezierspinnen leben in selbst gegrabenen Erdröhren, die sie mit Spinneide auskleiden. Die oberirdische Fortsetzung des Gespinnsts liegt als „Fangschlauch“ mehr oder weniger durch Vegetation getarnt dem Boden auf. Die Beute (verschiedene Arthropoden) wird beim Überqueren des Fangschlauchs von innen ergriffen und in den „Wohnschlauch“ transportiert (Heimer & Nentwig 1991, Kraus & Baur 1974, Roberts 1996). Nach intensiver Suche konnten wir eine Vielzahl der Fangschläuche an trockenen und schütter bewachsenen Hängen im Gebiet nachweisen (Abb. 2). Im Hochsommer waren dann auch an diesen Stellen einige Individuen der Wegwespe zu beobachten. Weibchen von *Aporus* suchen gezielt die Röhren der Wirtsspinnen auf, um diese dann in ihrem Fangschlauch zu paralysieren und mit einem Ei zu belegen (Else 1975). Die Larven der Wespe ernähren sich von der paralysierten Spinne und entwickeln sich dann in deren Fangschlauch. Der Nachweis von *Atypus piceus* ist ein Erstfund für Sachsen. Für *Halictus scabiosae* (Anthophila), *Sphex funerarius* (Sphecidae) und *Symmorphus murarius* (Vespidae) konnte in den letzten 5-10 Jahren eine deutliche Häufung von Funden in Deutschland festgestellt werden. Besonders gut dokumentiert ist hierbei die Ausbreitung von *Halictus scabiosae*, für die eine deutliche Arealerweiterung nach Norden festzustellen ist (Frommer & Flügel 2005). Diese Art ist in den aktuellen Roten Listen für Sachsen (Burger 2005) und Sachsen-Anhalt (Burger & Ruhnke 2004) noch nicht berücksichtigt und wurde erstmals im Jahr 2007 in Sachsen nachgewiesen (Burger & Frommer 2010). Rezent kann sie wohl in ganz Sachsen angetroffen werden.

Die Heuschreckensandwespe *Sphex funerarius* galt für über 30 Jahre deutschlandweit als ausgestorben und wurde erstmals Mitte der 1990er Jahre wieder aus Baden-Württemberg, Hessen und Rheinland-Pfalz ge-

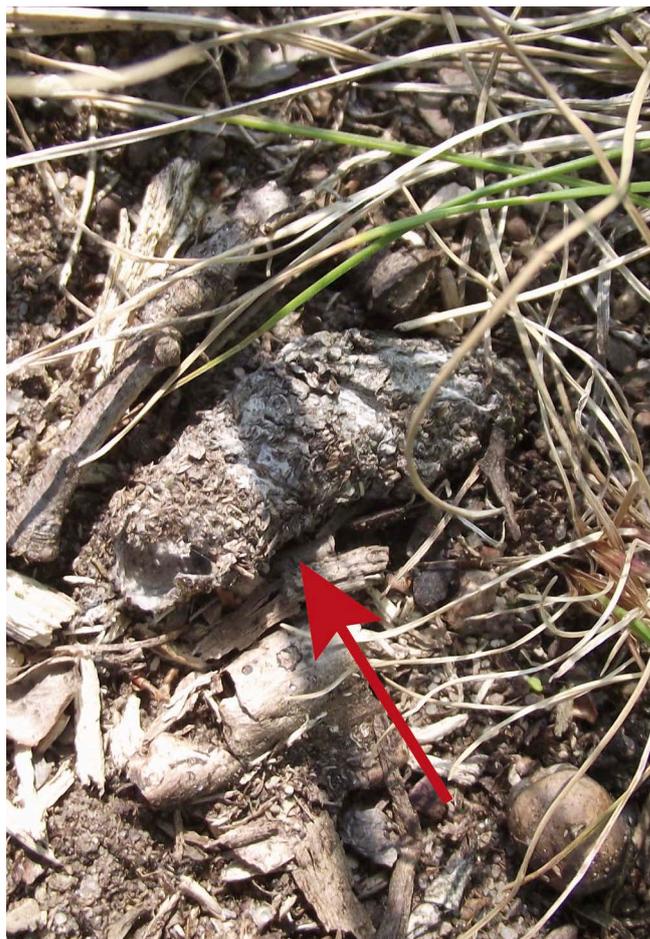


Abb. 2: Ein Fangschlauch der Tapezierspinne *Atypus piceus* (roter Pfeil). (Foto: Gerth)

meldet (Schmidt & Schmid-Egger 1997). Nach über 100 wurde diese Art erst in den letzten Jahren wieder in Sachsen nachgewiesen (Sobczyk & Burger 2008). Aktuell konnte diese auch in Brandenburg als ausgestorben geltende Art ebenfalls dort nach über 50 Jahren wieder zahlreicher nachgewiesen werden (Beutler et al. 2011). Wie der deutsche Name aussagt, ist diese Grabwespe auf das Eintragen von Heuschrecken angewiesen. Hierbei werden in der Regel große Langfühlerschrecken (Ensifera) eingetragen. Potentielle Beute auf dem Bienitz stellen die dort vorkommenden Feldgrillen (*Gryllus campestris*), Schwertschrecken (*Conocephalus* sp.) und Sichelschrecken (*Phaneroptera falcata*) dar (pers. Mitteilung D. Dunger).

Als ebenfalls in der Ausbreitung begriffen gilt die zuvor nur selten oder vereinzelt nachgewiesene solitäre Faltenwespe *Symmorphus murarius*. Wie die beiden vorhergehenden Arten ist diese Wespe relativ groß und auffällig und mit Sicherheit in den letzten Jahrzehnten nicht übersehen worden. Tischendorf (2011) berichtet von Massenvermehrungen dieser Art in Süd- und Norddeutschland. In Ostdeutschland konnte ebenfalls

in den letzten Jahren ein Bestandsanstieg der diese Art parasitierenden Goldwespe *Chrysis iris* festgestellt werden (Sobczyk et al. 2008). Dieser Umstand wird dahingehend gedeutet, dass auch der Wirt hier vermehrt auftreten sollte (Tischendorf 2011). Besonders zahlreich konnten die Populationszunahmen dieser hypergäisch nistenden Art an Nisthilfen festgestellt werden. Das im Untersuchungsgebiet nachgewiesene Individuum wurde in der Nähe eines Totholzstapels gefangen. Interessanterweise wurde in der Nähe dieses Fundplatzes auch die sehr seltene Goldwespe *Chrysis equestris* gefunden, von der aus Deutschland nur wenige aktuelle Nachweise bekannt sind und die einen Schwerpunkt ihrer Verbreitung im nordost-europäischen Raum zu haben scheint. Es bleibt zu spekulieren ob für diese Art ebenfalls *Symmorphus murarius* als Wirt anzunehmen ist – von der Relation der Körpergröße würde diese Beziehung passen. Andere potentielle Wirte konnten zumindest unter der Annahme, dass es sich um solitäre Faltenwespen in entsprechender Größe handelt, mit Ausnahme der weit verbreiteten *Ancistrocerus antilope*, nicht nachgewiesen werden.

#### Anmerkungen zu bemerkenswerten Nicht-Nachweisen

Wie bereits in der Einleitung erläutert gibt es für den Bienitz einige historische Belege. So finden sich in Müller (1944) Nachweise für die heute in Sachsen sehr selten nachgewiesenen, bzw. verschollenen Bienenarten *Biastes truncatus* und *Systropha curvicornis*. Bemerkenswert sind aber vor allem Berichte über das Vorkommen einiger Arten aculeater Hymenopteren die typischerweise sandige Offenlandbereiche bevorzugen, wie beispielsweise *Ammophila campestris* (Sphecidae) und *Dasypoda hirtipes* (Anthophila s.o.) (siehe Müller 1954). Eine weitere auffällige Art, die offenen Sand bevorzugt und trotz intensiver Nachsuche nicht aufgefunden werden konnte, ist die Große Kreiselwespe (*Bembix rostrata*, Crabronidae), die in Jansen und Kaluza (2007) vom Bienitz gemeldet wird. Diese (Nicht-)Beobachtungen gehen damit einher, dass dem Areal des Bienitz in den letzten Jahren aufgrund starker Verbuschung viele Offenlandbereiche verloren gegangen sind.

#### Naturschutzfachliche Bewertung des Bienitz

Insgesamt konnten über einen Zeitraum von knapp zwei Jahren 244 Stechimmenarten (excl. Formicidae) auf dem Bienitz nachgewiesen werden. Orientiert man sich an einem nach den Vorgaben von Reck (1990) und Schmid-Egger (1997) modifizierten Bewertungsschlüssel, so erscheint eine Einstufung des Untersuchungsgebietes in die Wertstufe 8 (landesweit bedeutsam) als

plausibel. Dies wird vor allem durch die große Anzahl an in Sachsen vom Aussterben bedrohter und stark gefährdeter Arten gerechtfertigt. Hierbei ist jedoch zu berücksichtigen, dass auf der einen Seite die Gefährdung einiger Arten durch die geringe Datenlage möglicherweise überschätzt wurde (bspw. RL1-Kategorisierung der häufigen Arten *Andrena florea* und *Osmia cornuta*), andererseits liegen für andere Gruppen nicht einmal regionale Rote Listen Sachsens vor (bspw. Faltenwespen). Da es jedoch unwahrscheinlich erscheint, dass viele der im Untersuchungsgebiet nachgewiesenen Arten aus der stark durch Urbanisierung und Landwirtschaft geprägten Umgebung stammen, stellen diese möglicherweise Refugialpopulationen dar. Viele der dieses Areal charakterisierende Offenlandbereiche sind durch die nicht mehr vorhandene Nutzung durch den Menschen (ehemalige militärische Schießbahnen, Rodelbahn) bedroht. Somit sollte für den Erhalt der Artenvielfalt der aculeaten Hymenopteren ein koordinierter Pflegeplan für dieses Gebiet er-, bzw. überarbeitet werden, damit nicht noch mehr Offenlandbereiche und damit einhergehend charakteristische Arten verloren gehen. Die Erforschung der Fauna und Flora des Bienitz findet seit über 200 Jahren statt und auch aktuell stellt das Gebiet einen Exkursionsort und Ort für den Lehrbetrieb der geologischen und biologischen Institute der Universität Leipzig dar. Zur Erhaltung und Entwicklung der Lebensgemeinschaften von Stechimmen, sowie aus wissenschaftlichen Gründen ist eine zukünftige Ausweisung des Gebietes als Naturschutzgebiet (NSG) wünschenswert, da der jetzige Schutzstatus als Landschaftsschutzgebiet (LSG „Leipziger Auwald“) für die notwendigen Schutzmaßnahmen nicht ausreichend ist.

#### Danksagung

Besonderer Dank gilt Maik Hausotte (Stadt Leipzig), der den Anstoß zu der vorliegenden Untersuchung gab und uns seine umfangreiche Literatur zur Naturforschung auf dem Bienitz bereitgestellt hat. Wir danken Detlef Bernhard, Daniela Dunger, Carina Eisenhardt, Franziska Anni Franke, Conrad Helm, Sandy Richter, Stefan Reh und Juliane Röthe für die Unterstützung bei der Freilandarbeit. Wir danken Arno Grabolle für die Überprüfung der Bestimmung von *Atypus piceus*. Oliver Niehuis hat dankenswerter Weise die Bestimmung von *Chrysis equestris* überprüft. Die Stadt Leipzig hat uns dankenswerterweise Ausnahmegenehmigungen zum Fang geschützter Arten ausgestellt.

## Literatur

- Amiet F. (1996): Hymenoptera: Apidae, 1. Teil. *Insecta Helvetica*, Band 12. Schweizerische Entomologische Gesellschaft, Neuchatel, 98 S.
- Amiet F. (2008): Hymenoptera: Vespoidea, 1. Teil. *Insecta Helvetica*, Schweizerische Entomologische Gesellschaft, Neuchatel, 85S.
- Amiet F., Müller A., Neumeyer R. (1999): Apidae 2. *Fauna Helvetica* 4. Schweizerische Entomologische Gesellschaft, Neuchatel, 210 S.
- Amiet F., Herrmann M., Müller A., Neumeyer R. (2001): Apidae 3. - *Fauna Helvetica* 6. Schweizerische Entomologische Gesellschaft, Neuchatel, 208 S.
- Amiet F., Herrmann M., Müller A., Neumeyer R. (2004): Apidae 4. - *Fauna Helvetica* 9. Schweizerische Entomologische Gesellschaft, Neuchatel, 273 S.
- Amiet F., Herrmann M., Müller A., Neumeyer R. (2007): Apidae 5. - *Fauna Helvetica* 20. Schweizerische Entomologische Gesellschaft, Neuchatel, 356 S.
- Beutler H., Beutler D., Liebig, W.-H. (2011): Wiederfund der Heuschreckensandwespe *Sphex funerarius* Gussakovskij, 1934 in Brandenburg mit Anmerkungen zur Biologie und zum Verhalten (Hymenoptera, Aculeata: Sphecidae s. str.). *Märkische Entomologische Nachrichten* 13: 23-34.
- Burger F., Frommer U. (2010): Zur Ausbreitung von *Halictus scabiosae* (ROSSI, 1790) in Thüringen und Sachsen (Hymenoptera, Apidae). *Entomologische Nachrichten und Berichte* 54: 127-129.
- Burger F., Ruhnke H. (2004): Rote Liste der Wildbienen (Hymenoptera: Apidae) des Landes Sachsen-Anhalt. *Berichte des Landesamtes für Umweltschutz Sachsen-Anhalt* 39: 356-365.
- Eissmann L. (1975): Das Quartär der Leipziger Tieflandsbucht und angrenzender Gebiete. Modell einer Landschaftsentwicklung am Rand der europäischen Kontinentalvereisung. *Schriftenreihe für Geologische Wissenschaften*, H.2, S.1-263.
- Engel M.S. (2005) Family-Group Names for Bees (Hymenoptera: Apoidea). *American Museum Novitates* 3476, 1-33.
- Else G.R. (1975): *Aporus femoralis* (Van der Linden) (Hym. Pompilidae) in Hampshire and the Isle of Wight and a record of its prey. *Entomologist's Monthly Magazine* 110: 82.
- Frommer U., Flügel, H.J. (2005): Zur Ausbreitung der Furchenbiene *Halictus scabiosae* (Rossi, 1790) in Mitteleuropa unter besonderer Berücksichtigung der Situation in Hessen (Hymenoptera, Apidae). *Mitteilungen des internationalen entomologischen Verein Frankfurt* 30, 51-79.
- Heimer S., Nentwig W. (1991): Spinnen Mitteleuropas. Parey Verlag, Berlin, 543 S.
- Jansen E., Kaluza S. (2007): Grabwespen (Hymenoptera, Ampulicidae, Crabronidae, Sphecidae) aus Nordwestsachsen. *Entomologische Nachrichten und Berichte* 51: 21-32.
- Kraus, O., Baur H. (1974): Die Atypidae der West-Paläarktis. Systematik, Verbreitung und Biologie (Arach.: Araneae). *Abhandlungen und Verhandlungen des Naturwissenschaftlichen Vereins zu Hamburg N.F.* 17:85-116.
- Krieger R. (1895): Ein Beitrag zur Kenntnis der Hymenopterenfauna des Königreiches Sachsens. II. Verzeichnis der bis jetzt in Sachsen aufgefundenen Faltenwespen, Goldwespen und Ameisen. *Sitzungsberichte der Naturforschenden Gesellschaft zu Leipzig* 19-21: 136-148.
- Kunz P.X. (1994): Die Goldwespen (Chrysididae) Baden-Württembergs. *Beihefte zu den Veröffentlichungen für Naturschutz und Landschaftspflege in Baden-Württemberg* 77: 1-186.
- Linsenmaier W. (1997): Die Goldwespen der Schweiz. Natur Museum Luzern, 170 Seiten.
- Müller H. (1944): Beiträge zur Kenntnis der Bienenfauna Sachsens. (Hym. Apid.). *Mitteilungen der Deutschen Entomologischen Gesellschaft, E.V.* 13: 65-107.
- Müller, H. (1954): Faunistisch-ökologische Untersuchungen auf den Bienitzwiesen bei Leipzig unter besonderer Berücksichtigung der Heuschrecken. Diplomarbeit am Zoologischen Institut der Universität Leipzig, 97 S.
- Oehlke J., Wolf H. (1987): Beiträge zur Insecten-Fauna der DDR: Hymenoptera- Pompilidae. *Beiträge zur Entomologie* 37: 279-390.
- Reck H.(1990): Zur Auswahl von Tiergruppen als Biodeskriptoren für den tierökologischen Fachbeitrag zu Eingriffsplanungen. *Schriftenreihe für Landschaftspflege und Naturschutz* 32: 99-119.
- Roberts M.J. (1996): Spiders of Britain and Northern Europe. Harper Collins Publishers, 383 S.
- Scheuchl, E. (2000): Illustrierte Bestimmungstabellen der Wildbienen Deutschlands und Österreichs : Band I: Anthophoridae. Eigenverlag, Velden, 158 S.
- Scheuchl, E. (2006): Illustrierte Bestimmungstabellen der Wildbienen Deutschlands und Österreichs. Band II: Megachilidae - Melittidae. Apollo Books, Stenstrup, 192 S.
- Schmid-Egger C. (1997): Biotopbewertung mit Stechimmen (Wildbienen und Wespen). *Berichte Bayerische Akademie für Naturschutz und Landschaftspflege (ANL)* 21: 89-97.
- Schmid-Egger C. (2004): Bestimmungsschlüssel für die deutschen Arten der solitären Faltenwespen (Hymenoptera: Eumeninae). Deutscher Jugendbund für Naturbeobachtung, Hamburg, 153 S.
- Schmid-Egger C. (2010): Rote Liste der Wespen Deutschlands. *Ampulex* 1: 5-39.

- Schmid-Egger C., Scheuchl, E. (1997): Illustrierte Bestimmungstabellen der Wildbienen Deutschlands und Österreichs. Band III: Andrenidae. Eigenverlag, Velden/Vils, 180 S.
- Schmidt K., Schmid-Egger C. (1997): Kritisches Verzeichnis der Deutschen Grabwespenarten (Hymenoptera, Sphecidae). *Mitteilungen der Arbeitsgemeinschaft ostwestfälisch-lippischer Entomologen* 13: 1-35.
- Sickert A. (Red.), Stadt Leipzig Dezernat III: Umwelt, Ordnung, Sport; Amt für Stadtgrün und Gewässer; Abteilung Stadtförsten (Hrsg.) (2011): Exkursion durch den Bienitz. Broschüre.
- Smitten J.v.d. (1996): Zur Kenntnis einzelner *Arachnospila*-Weibchen – mit Bestimmungsschlüssel für die geringbehaarten, kammdorntragenden Weibchen der Gattung *Arachnospila* Kincaid, 19000 (Hymenoptera: Pompilidae). *Drosera* 96: 73-102.
- Smitten J.v.d. (2003): Revision der europäischen und türkischen Arten der Gattung *Evagetes* Lepeletier 1845 unter Berücksichtigung der Geäderabweichungen. *Verhandlungen des Vereins für naturwissenschaftliche Heimatforschung zu Hamburg e.V.* 41: 1-253.
- Smitten J.v.d. (2010): Bilanz aus 20 Jahren entomologischer Aktivitäten (1987–2007) (Hymenoptera Aculeata) *Verhandlungen des Vereins für naturwissenschaftliche Heimatforschung zu Hamburg e.V.* 43: 1–426.
- Sobczyk T., Burger F. (2008): *Sphex funerarius* Gussakovskij, 1934 (Hymenoptera, Sphecidae s. str.) wieder in Sachsen. *Entomologische Nachrichten und Berichte* 52: 181-183.
- Sobczyk T., Liebig W.-H., Burger F. (2008): Dynamik und Parasitoid-Wirt-Beziehungen von Goldwespenpopulationen einer Fachwerkscheune in der Oberlausitz (Hymenoptera: Chrysididae). *Sächsische Entomologische Zeitschrift* 3: 5-29.
- Straka J., Bogusch P. (2011): Contribution to the taxonomy of the *Hylaeus gibbus* species group in Europe (Hymenoptera, Apoidea and Colletidae). *Zootaxa* 2932: 51-67.
- Tischendorf S. (2011): Populationshoch der Faltenwespe *Symmorphus murarius* (Hymenoptera Eumeninae) mit Massenvermehrung an Nisthilfen sowie ergänzende Nachweise der parasitierenden Goldwespe *Chrysis iris* (Hymenoptera Chrysididae). *Bembiex* 32: 36-49.
- Westrich P., Frommer U., Mandery K., Riemann H., Ruhnke H., Saure C., Voith J. (2011): Rote Liste und Gesamtartenliste der Bienen (Hymenoptera, Apidae) Deutschlands (5. Fassung, Stand Februar 2011) Bundesamt für Naturschutz (Hrsg.): *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 70(3): 373-416.
- Wiśniowski B. (2009): Spider-hunting wasps (Hymenoptera: Pompilidae) of Poland. Ojców National Park, Ojców, 432 S.

# *Polistes hellenicus* Arens, 2011 (Hymenoptera: Vespidae: Polistinae) auch in Kroatien gefunden

Rainer Neumeyer

Probsteistrasse 89 | CH-8051 Zürich | Switzerland | neumeyer.funk@bluewin.ch

## Zusammenfassung

Die erst kürzlich beschriebene Griechische Feldwespe *Polistes hellenicus* Arens (2011) konnte nun auch aus der Halbinsel Istrien in Kroatien nachgewiesen werden.

## Summary

Rainer Neumeyer: ***Polistes hellenicus* Arens, 2011, claimed also for Croatia (Hymenoptera: Vespidae: Polistinae)**. The only recently described Greek Paper wasp (*Polistes hellenicus* ARENS, 2011) has been discovered for the first time outside of Greece and far away from there on the peninsula of Istria (Croatia).

## Einleitung

Als Unterfamilie der Faltenwespen (Hymenoptera: Vespidae) kommen die Feldwespen (Polistinae) weltweit mit rund 29 Gattungen und 800 Arten vor (Carpenter 1991). In Europa ist nur die Gattung *Polistes* („Echte Feldwespen“) vertreten und zwar nach gegenwärtigem Wissensstand mit zehn beschriebenen Arten: *asocius* Kohl, 1898, *atrimandibularis* Zimmermann, 1930, *biglumis* (Linnaeus, 1758), *bischoffi* Weyrauch, 1937, *gallicus* (Linnaeus, 1767), *dominula* (Christ, 1791), *hellenicus* Arens, 2011, *nimpha* (Christ, 1791), *semenowi* Morawitz, 1889 und *sulcifer* Zimmermann, 1930. Blüthgen (1961) betrachtete die 3 sozialparasitischen Arten (*atrimandibularis*, *semenowi*, *sulcifer*) noch als eigene Gattung *Sulcopolistes* Blüthgen, 1938 (Schmarotzer-Feldwespen). Von den anderen Arten stellte er diejenigen, deren Männchen schmale und verkürzte Köpfe haben, zur Untergattung *Leptopolistes* Blüthgen, 1943. Dazu würde er heute somit auch die erst kürzlich beschriebene Griechische Feldwespe (*Polistes hellenicus* Arens, 2011) zählen. Es ist fraglich, ob diese Untergattung noch aufrecht erhalten werden kann. Ich verwende den Namen hier im Sinne einer nicht phylogentisch abgesicherten Artengruppe.

Arens (2011: 462) beschrieb *Polistes hellenicus* aus Griechenland und bezweifelt aufgrund seiner weiteren Untersuchungen, dass die Art auch außerhalb dieses Landes vorkommt. Sie ist im männlichen Geschlecht durch eine schwarze Thoraxunterseite charakterisiert und mit diesem auffälligen Merkmal bisher einzig unter den europäischen *Leptopolistes*-Arten.

## Ergebnisse

Am 27.7.2012 fing ich im kroatischen Učka-Gebirge am Strassenrand (45°18' 25.7" N; 14°11' 40.4" E; 824 m ü.M.)

bei einer Feuerschneise (Abb. 1) nahe der Ortschaft Vela Učka 2 Männchen (*Leptopolistes*) mit vollständig schwarzer Thorax-Unterseite (Abb. 2). Beide Tiere befanden sich auf Blütenständen des lokal häufigen Pastinaks (*Pastinaca sativa*) und stimmen mit der Originalbeschreibung von *Polistes hellenicus* überein (Arens 2011: 465 ff.). Selbst die (linksseitigen) Wangenlängen (229 µm, 214 µm) der beiden ♂ lassen sich zwanglos dem Foto („10B“) zuordnen, das Arens (2011: 479) von der Wangenregion eines *hellenicus*-♂ zeigt. Das Verhältnis von Clypeus-Breite zu Wangenlänge beträgt bei meinen beiden *hellenicus*-♂ 4.56 bzw. 4.87.

Weitere Individuen von *Leptopolistes*-Arten waren am Fundort (30 min Aufenthaltszeit) nicht zu sehen, wohl aber auffallend viele Tiere anderer Feldwespenarten. Von letzteren fing ich (stets auf Pastinak) die folgenden Arten: *Polistes dominula* (2 ♂), *P. nimpha* (1 ♀, 3 ♂), *P. biglumis* (1 ♀) und *P. sulcifer* (2 ♂).

Offenbar leichter als auf dem Učka-Gebirge waren kleine Feldwespenarten (*Leptopolistes*) im Tiefland Istriens zu finden, wo ich 2012 in der zweiten Julihälfte an 7 Fundorten (14 m bis 133 m ü. M.) – stets auf Fenchel (*Foeniculum vulgare*)! – während insgesamt vier Stunden 47 Individuen (47 ♀, 0 ♂) zweier Taxa fand. Eines dieser Taxa (Fühlergeißel-Oberseite hell, Fleckenpaar auf Mesonotum, Pronotumstreifen oft getrennt, Wangen tendenziell länger) ist offenbar die Gallische Feldwespe (*Polistes gallicus*), wie ein stichprobenartiger mtDNA-Vergleich (nach Herre et al. 1996) von 4 Individuen (1 Istrien, 3 Wallis) ergab (Leuchtman et al., in Vorb.), die bereits 2011 gefangen worden waren. Das andere Taxon (Fühlergeißel-Oberseite hell, kein Fleckenpaar auf Mesonotum, Pronotumstreifen meist verschmolzen, Wangen tendenziell kürzer) stimmt aufgrund seiner analysierten mt-DNA-Sequenz (Leuchtman et al., in Vorb.) mit einem Weibchen überein, das mir Werner Arens aus Griechenland sandte. Anhand der morpho-



**Abb. 1:** Schneise mit Ruderalflur im locker bewaldeten Karst des Učka-Gebirges von Istrien (Kroatien), aufgenommen vom Strassenrand (45°18'25.7N 14°11'40.4'' E; 824 m ü.M.) aus am 27.7.2012 (Foto Rainer Neumeyer).

logischen Merkmale (sehr lange Wangen) kann es sich bei diesem Weibchen allerdings nicht um *Polistes hellenicus* Arens (2011) handeln. Eine „*Polistes gallicus*“ im Sinne des Bestimmungsschlüssels von Arens (2011: 467) ist es auch nicht, da es helle Fühler besitzt. Womit wir es bei diesen Arten wirklich zu tun haben, müssen weitere Untersuchungen und vor allem DNA-Analysen zeigen.

## Diskussion

Arens (2011: 462) fand die Griechische Feldwespe (*Polistes hellenicus*) auf der griechischen Halbinsel Peloponnes „verbreitet und häufig“. Zusätzlich gibt er noch einen weiteren griechischen Fundort namens „Cephalonia (3.9.1992)“ an. Damit ist die Ionische Insel Kephallonia vor Nordwestgriechenland gemeint. Nach meinen Ergebnissen erweitert sich das bekannte Areal der Art nun im Nordwesten um rund 800 Kilometer bis zur nordwestlichsten Region Kroatiens. Allerdings muss die Identität der Art noch anhand vergleichender genetischer Analysen mit den Typen von *hellenicus*

aus Griechenland abgeglichen werden. Christian Schmid-Egger (pers. Mitt.) konnte mit Ližnjan (44° 49' NB/13° 59' ÖL) einen weiteren Fundort in Istrien/Kroatien melden, wo er bereits am 27.8.2005 und somit als bislang Erster vier ♂ von *Polistes hellenicus* (C. Schmid-Egger leg., det. et coll.) in Kroatien fing. Auch diese Tiere wurden bisher nur anhand der schwarzen Thoraxunterseite determiniert.

Bemerkenswert scheinen mir die farblichen Unterschiede (Fühler, Clypeus) zwischen den ♀ von *Polistes gallicus*, wie sie von Arens (2011: 469) einerseits von der Halbinsel Peloponnes beschrieben werden und wie man sie andererseits in Istrien und in der Schweiz vorfindet. Es sind nämlich mehr oder weniger dieselben Unterschiede, die Guiglia (1972: 48) zwischen den beiden Taxa *foederatus* Kohl, 1898 und *omissus* (Weyrauch, 1939) beschreibt. Beide Taxa werden seit Day (1979: 63) und Gusenleitner (1985: 105) als Synonyme von *Polistes gallicus* (Linnaeus, 1767) aufgefasst. Einiges spricht dafür, so auch ein von Gusenleitner (1985: 105) erwähntes Mischnest aus Dalmatien, das offenbar von beiden Formen (*foederatus*, *omissus*) bewohnt war.

Völlig entgegen den Erwartungen wäre allerdings, dass in der Schweiz und in Istrien nur die helle Form (*omissus*) vorkommen soll, während die düstere Form (*foederatus*) als einzige Südgrichenland bewohnt. Gusenleitner (1985: 105) schreibt nämlich: „... dass die Form *foederatus* Kohl in Südeuropa eher im Frühjahr und dann in den Randgebieten des Mediterraneums und in den Gebirgen gefangen wurde, während die Form *omissus* Weyrauch in den klimatisch wärmeren Zonen ... ganzjährig vorkommt“. Zimmermann (1931: 219) spannt den Bogen noch weiter indem er meint, dass bei der Musterung von palaearktischen *Polistes*-Arten eine klinale Abnahme des Gelbanteils zu beobachten sei, wenn man sich von warmen und trockenen Habitaten hin zu kalten und feuchten bewege. Dem scheinen die hier erwähnten Daten (HR, GR, CH) zu widersprechen, es sei denn, wir hätten es doch mit zwei verschiedenen Arten zu tun, von denen zumindest eine möglicherweise ausserhalb des *omissus-foederatus*-Formkomplexes (so es denn einen solchen gäbe) stünde.

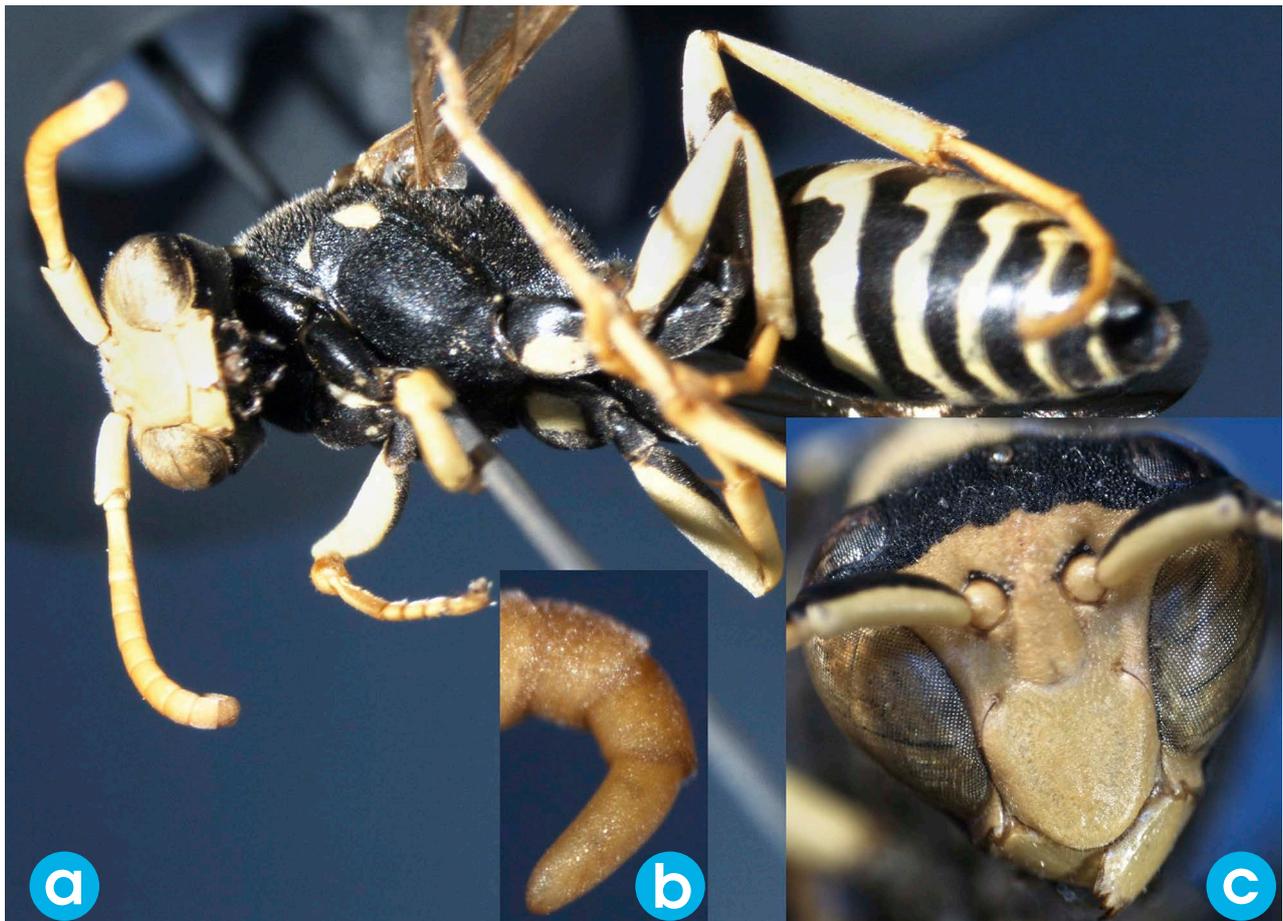
## Dank

Werner Arens (Bad Hersfeld) stellte das ♀ einer *Leptopolistes*-Art aus Griechenland zur Verfügung. Adrian Leuchtmann (ETH Zürich) und Christian Schmid-Egger (Berlin) erlaubten, ihre unpublizierten Daten zu erwähnen.

## Literatur

Arens W. (2011): Die sozialen Faltenwespen der Peloponnes, mit Beschreibung einer neuen *Polistes*-Art und einem regionalen *Polistes*-Bestimmungsschlüssel. *Linzer biologische Beiträge* 43 (1): 443–481.

Blüthgen P. (1961): Die Faltenwespen Mitteleuropas. *Abhandlungen der Deutschen Akademie der Wissenschaften zu Berlin, Klasse für Chemie, Geologie und Biologie* 2: 1–251.



**Abb. 2:** Unterseite (a), Porträt (b) und Fühlerspitze (c) einer männlichen Griechischen Feldwespe (*Polistes hellenicus* Arens, 2011), die am 27.7.2012 am Fundort gemäss Abb. 1 gesammelt wurde (Fotos Gaston-Denis Guex).

- Carpenter J.M. (1991): Phylogenetic relationships and the origin of social behavior in the Vespidae. In: Ross K.G. & Matthews R.W. (ed.). *The social biology of wasps*. pp. 7–32. Comstock Publishing Associates, Cornell University, Ithaca and London.
- Day M.C. (1979): The species of Hymenoptera described by Linnaeus in the genera *Sphex*, *Chrysis*, *Vespa*, *Apis* and *Mutilla*. *Biological Journal of the Linnean Society* 12: 45–84.
- Guiglia D. (1972): Les guêpes sociales d'Europe Occidentale et Septentrionale. *Faune de l'Europe et du Bassin Méditerranéen* 6: 1–181.
- Gusenleitner J. (1985): Bemerkenswertes über Faltenwespen VIII. *Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen* 34: 105–110.
- Herre E.A., C.A. Machado, E. Bermingham, J.D. Nason, D.M. Windsor, S.S. McCafferty, W. van Houten & K. Bachmann (1996): Molecular phylogenies of figs and their pollinator wasps. *Journal of Biogeography* 23: 521–530.
- Zimmermann K. (1931): Studien über individuelle und geographische Variabilität paläarktischer *Polistes* und verwandter Vespiden. *Zeitschrift für Morphologie und Ökologie der Tiere* 22 (1): 173–231.

# DNA-Barcoding – Revolution in der Taxonomie?

Dr. Christian Schmid-Egger<sup>1</sup>, Dr. Stefan Schmidt<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Fischerstraße 1 | 10317 Berlin | Germany | christian@ampulex.de | www.bembix.de

<sup>2</sup>Zoologische Staatssammlung München | Münchhausenstraße 21 | 81247 München | Germany | hymenoptera.zsm@gmail.com

## Zusammenfassung

Die Autoren geben eine Übersicht über den aktuellen Stand und neue Entwicklungen im bayerischen, bzw. deutschlandweiten Barcoding der Hymenopteren. Beim DNA-Barcoding von Tieren wird ein Genabschnitt des mitochondrialen Cytochrome c Oxidase I (COI)-Genes sequenziert und in einer Datenbank im Internet frei zur Verfügung gestellt. Die nationalen Barcoding-Projekte sind Teil des weltweiten International Barcode of Life-Projektes (iBOL) des Forschers Paul Hebert in Guelph/Kanada, bei dem die Zoologische Staatssammlung München die Daten deutscher Tierarten zuliefert. Anhand des COI-Genabschnittes, des DNA-Barcodes, können nahezu alle Tierarten sicher und kostengünstig voneinander unterschieden werden. Die erste Projektphase verfolgt das Ziel, Barcodes von möglichst vielen deutschen Hymenopterenarten zur Verfügung zu stellen. Bei den Stechimmen ist dieses Ziel zu etwa 90 Prozent erreicht. Mit den Barcodes sind verschiedene Nutzenwendungen denkbar: Identifikation von Präimaginalstadien, Identifikation von Schädlingen, die Konservierung taxonomischen Wissens, die Neubewertung kritischer Arten oder Artengruppen. Bisher sind die Ergebnisse vor allem bei den Stechimmen sehr ermunternd. So konnten bereits verschiedene Zwillingartenkomplexe geklärt sowie neue Zwillingarten in Mitteleuropa entdeckt werden. Der Artikel beschäftigt sich ebenfalls mit der Kritik am Barcoding und zeigt, dass häufig vorgebrachte Argumente gegen das Barcoding nicht haltbar sind.

## Summary

Christian Schmid-Egger, Stefan Schmidt: **DNA-Barcoding – Revolution in taxonomy?** An overview is given about current status and new developments of DNA barcoding projects in Germany. DNA Barcoding of animals uses a short, standardised fragment of the mitochondrial cytochrome c oxidase I (COI) gene, the DNA barcode. The DNA sequences and associated data are stored in a database that is accessible through the internet. The German barcoding projects are part of the international Barcode of Life Project (iBOL). iBOL was initiated in 2009 by the Canadian researcher Paul Hebert and the Zoologische Staatssammlung in Munich provides data of German animals. The barcode fragment allows to reliably and cheaply identify animals to species level. The first project phase aims to generate barcodes of as many German animal species as possible. For the aculeate wasps this aim has been achieved for about 90% of the species. DNA barcoding can be used for a wide range of different application, including the identification of pest species, preservation of taxonomic knowledge, and taxonomic revisions of critical species or complexes of species. So far the results for aculeate wasps are very encouraging and several taxonomically difficult species complexes were resolved and new cryptic species were discovered in Central Europe. The criticism of the barcoding is discussed and it is shown that common arguments against the method are not tenable.

## 1. Einleitung

Seit rund zehn Jahren ergänzt die molekulargenetische Technik des DNA-Barcoding die klassische morphologische Taxonomie von Insekten und anderen Organismengruppen, sowohl bei Tieren als auch Pflanzen (Tautz et al. 2004, Hausmann 2011). Die Zoologische Staatssammlung München (ZSM) ist seit 2006 an einem weltweiten Projekt beteiligt, bei dem Forscher genetische „Barcodes“ aller Tierarten erfassen und in einer Internet-Datenbank frei verfügbar machen (siehe [www.boldsystems.org](http://www.boldsystems.org)). Diese „Bibliothek des Lebens“ und die damit verbundenen Möglichkeiten stellen derzeit eines der innovativsten Projekte in den Biowissenschaften dar. Das DNA-Barcoding bietet vielfältige Möglichkeiten, Arten zu determinieren, aber auch völlig neue Einblicke in die Taxonomie und Phylogenie von Arten zu bekommen.

Auf der anderen Seite hat das Barcoding auch Kritik hervorgerufen und manche konventionell arbeitende Taxonomen und Ökologen verunsichert. Gerüchte über die „Abschaffung der morphologischen Bestimmungsarbeit“ bis hin zum Überflüssigwerden von insektenkundlichen Experten machen die Runde.

In unserem Artikel wollen wir am Beispiel der Stechimmen (Hymenoptera: Aculeata) darstellen, was Barcoding ist, was es kann und wo seine Möglichkeiten, aber auch seine Grenzen liegen. Als Datenbasis und Erfahrungshorizont stehen uns derzeit mehr als 4.000 Sequenzen bayerischer, bzw. mitteleuropäischer Stechimmen von etwa 990 Arten zur Verfügung.

## 2. Was ist Barcoding?

Im Jahr 2003 entwickelte der kanadische Forscher und Entomologe Paul Hebert von der Universität Guelph bei Ontario die Idee, Arten mit Hilfe eines kurzen und standardisierten Genfragmentes zu bestimmen (Hebert et al. 2003). Die Idee dahinter ist so einfach wie genial: Nahezu alle Tierarten besitzen in den Mitochondrien, den Kraftwerken der Zelle, das Gen für die Cytochrome Oxidase 1 („cox-1“ oder „COI“). Aus diesem lässt sich schnell und kostengünstig eine bestimmte Region sequenzieren, die 658 Basenpaare lang ist. Das Besondere an dieser Sequenz ist, dass sie sich bei (fast) allen Arten unterscheidet, während sie bei Populationen innerhalb einer Art auch von verschiedenen Fundorten

weitgehend identisch bleibt. Sie ist daher vor allem zur Unterscheidung von Taxa auf dem Niveau der Art oder Gattung geeignet. Bedingt lassen sich damit auch populationsgenetische Fragestellungen untersuchen, die Forschung zum letzteren Punkt steht jedoch noch am Anfang.

Die sehr geringe genetische Variabilität dieses COI Genfragmentes innerhalb einer Art sowie der große Unterschiede, beziehungsweise eine große genetische Distanz zwischen verschiedenen Arten ergibt die so genannte „Barcoding Gap“ (= Barcoding-Lücke), die das DNA-Barcoding überhaupt möglich macht.

Diese Barcode-Sequenz entspricht somit einem Wort aus 658 Buchstaben, welche im Unterschied zum normalen Alphabet nicht aus 24, sondern nur aus insgesamt vier „Buchstaben“ aufgebaut ist, nämlich den vier Basen, aus denen die DNA gebildet wird. Wenn also der genetische Code des COI-Gens einer Art bekannt ist, können weitere Individuen derselben Art genetisch damit determiniert werden. Damit können Forscher auch unbekannte Tiere mit Hilfe einer genetischen Datenbank einfach und vor allem fehlerfrei bestimmen, auch wenn sie keine Experten für die entsprechende Gruppe sind. Das setzt natürlich voraus, dass alle Arten einer bestimmten Tiergruppe und einer geografischen Region in der Datenbank vorhanden sind und sich genetisch einwandfrei voneinander abgrenzen.

Damit ist die einfache, aber geniale Idee von Paul Hebert beschrieben.

Der kanadische Forscher und Visionär wurde Anfangs für seine Idee belacht, weil es doch über 1.8 Millionen beschriebene Organismenarten auf diesem Planeten gibt und die Aufgabe schier unerfüllbar erschien. Die

Anzahl der unbeschriebenen Arten wird zudem noch um einiges höher geschätzt und liegt nach neuesten Schätzungen bei rund 9 Millionen Arten (Mora et. al 2011).

Doch Hebert machte sich ans Werk, konnte kanadische Institutionen von seiner Idee begeistern, gründete das Projekt iBOL (International Barcode of Life) und baute in Guelph ein zentrales Forschungszentrum auf. Dieses stattete er neben einem Team hoch motivierter und kompetenter Mitarbeiter vor allem mit leistungsfähigen Maschinen zur Gensequenzierung sowie einer funktionalen Datenbank aus, die über ein Internetportal die Verwaltung der Daten für alle Mitarbeiter weltweit erlaubt.

Um die Datenbank auch mit Gensequenzen zu füllen, suchte und fand Hebert schnell Projektpartner in aller Welt. Diese stellten ihm sicher determinierten Referenzexemplare, beziehungsweise genetische Proben dieser Tiere zur Verfügung. In Kanada sequenzierten die Forscher die Proben und füllten die iBOL-Datenbank mit den Referenzdaten.

Inzwischen kann das Projekt iBOL beeindruckende Erfolge vorweisen. Hebert war es möglich, eine sehr grosse Anzahl von Genproben von determinierten Belegexemplaren zu gewinnen und auch verschiedene methodische Probleme und Schwierigkeiten bei der Genanalyse in den Griff zu bekommen. Mittlerweise enthält die kanadische Datenbank Sequenzen von rund 113.000 Tierarten, 40.000 Pflanzenarten, und 2.300 Pilzen und anderen Lebensformen. Das ehrgeizige Ziel des iBOL-Projektes ist es, bis zum Dezember 2015 Barcodes von 500.000 Arten zu erstellen.

The screenshot shows the BOLD SYSTEMS Project List interface. At the top, there are navigation links: Databases, Taxonomy, Identification, Workbench, and Resources. Below this is a search filter section with a dropdown menu set to 'Project Code' and buttons for 'Go' and 'Clear'. On the left side, there are several menu items: 'User Console', 'Record Search', 'Project Options' (with sub-links for 'Create New Project', 'Merge Projects', 'View All Primers', and 'Bibliography Submission'), and 'Campaigns' (with sub-links for 'Fauna Bavaria', 'Fauna of Germany', 'General Projects', and 'Problematic Samples'). The main content is a table with the following columns: 'Fauna Bavaria', 'Pub', 'Specimens', 'Species', 'Species with Sequences', 'Sequences', and 'Project Tags'. The 'Species with Sequences' and 'Sequences' columns are further divided into 'COI-5P'. The table lists several projects, including 'FBHER Fauna Bavaria - Herpetology', 'FBHYM Fauna Bavaria - Hymenoptera', 'FBACA Fauna Bavaria - Aculeata I', 'FBACB Fauna Bavaria - Aculeata II', 'FBSPH Fauna Bavaria - Ampulicidae, Crabronidae, Sphecidae', 'FBFOR Fauna Bavaria - Ants', and 'FBAPI Fauna Bavaria - Apoidea'. The 'Project Tags' column contains labels like 'iBOL', 'WG1.9', and 'pollinators'.

Fauna Bavaria	Pub	Specimens	Species	Species with Sequences		Sequences		Project Tags
				COI-5P	COI-5P	COI-5P	COI-5P	
<input type="checkbox"/> FBHER Fauna Bavaria - Herpetology	190	41	38	140				
<input type="checkbox"/> FBHYM Fauna Bavaria - Hymenoptera	6679	1657	1656	6662				
<input type="checkbox"/> FBACA Fauna Bavaria - Aculeata I	0	0	0	0		iBOL	WG1.9	
<input type="checkbox"/> FBACB Fauna Bavaria - Aculeata II	0	0	0	0		iBOL	WG1.9	
<input type="checkbox"/> FBSPH Fauna Bavaria - Ampulicidae, Crabronidae, Sphecidae	928	216	216	928		iBOL	WG1.9	
<input type="checkbox"/> FBFOR Fauna Bavaria - Ants	144	57	57	144		iBOL	WG1.9	
<input type="checkbox"/> FBAPI Fauna Bavaria - Apoidea	2873	546	546	2859		iBOL	pollinators WG1.9	

Abb. 1: Auszug (Screenshot) aus der aktuellen iBOL-Datenbank mit Anzahl aktueller Barcodes im Bayern-Projekt.

## Infokasten Vom Gen zum ‚Baum‘

Wie kommt es überhaupt dazu, dass sich die Genome zweier Arten unterscheiden? Gene unterliegen ständig Mutationen. Meist tauschen sich einzelne Basenpaare einfach aus, oder es werden ganze Genabschnitte ausgetauscht und an einer anderen Stelle eingelagert. Wenn diese Mutation ein hoch proteinkodierendes Gen wie das COI-Gen betrifft, kann der Austausch einer Aminosäure für den Träger tödlich sein. Das betreffende Individuum entwickelt sich erst gar nicht. Die Mutation kann jedoch auch neutral sein. In diesem Fall bleiben die Aminosäuren identisch, nur die Sequenz ändert sich.

Bei Artbildungsprozessen wird in der Regel eine kleine Teilpopulation von der Hauptpopulation abgespalten und entwickelt sich im weiteren Zeitverlauf unterschiedlich weiter. Sobald in dieser Teilpopulation eine erfolgreiche genetische Veränderung – eine Mutation – stattfindet, kann sich diese in der gesamten Teilpopulation ausbreiten, während die Stammpopulation ohne diese Mutation auskommt. Beide Populationen sind ab diesem Zeitpunkt genetisch unterschiedlich und behalten diesen genetischen Unterschied auch in den folgenden Generationen bei, wenn die Unterschiede so groß sind, dass sie sich nicht mehr untereinander paaren. Fortan können sie genetisch unterschieden werden. Natürlich besagt die Mutation in der Teilpopulation noch nicht, dass sich aus den beiden Populationen bereits selbständige Arten entwickelt haben.

Dieser Prozess ist hier natürlich nur sehr einfach und schematisch dargestellt, da die wirklichen Artbildungsprozesse sehr viel komplexer ablaufen.

Als Besonderheit kann das Barcoding-Gen nur über weibliche Tiere weitervererbt werden, weil es nicht im Zellkern, sondern in den Mitochondrien lokalisiert ist. Diese werden bei der sexuellen Paarung in der Regel nicht zwischen den Partnern ausgetauscht, sondern nur vom Weibchen wie in einer Klonlinie direkt an die Nachkommen weitergegeben. Männchen tragen das COI-Gen allerdings auch und können damit ebenfalls „gebarcodet“ werden.

Bei der Genanalyse im Barcoding wird der Abstand zur nächsten Population in Prozent (der veränderten DNA) ermittelt. Das Ergebnis wird als „Baum“ („tree“) bezeichnet. Aus der Lage der Äste (die Äste entsprechen den einzelnen Individuen) lässt sich die Stellung der Individuen, Populationen und Arten zueinander erkennen.

Das primäre Ergebnis der Barcoding-Daten stellt allerdings noch keinen echten phylogenetischen Stammbaum („phylogenetic tree“) dar, sondern zeigt nur Ähnlichkeiten auf und wird „neighbor-joining-tree“ genannt. Dieser ist in idealer Weise dazu geeignet, um auch nahe verwandte Arten gegeneinander abzugrenzen. Ein „neighbor-joining-tree“ hat den Vorteil, dass er sich viel schneller erstellen lässt als ein phylogenetischer Stammbaum, dessen Berechnung bei großen Datenmengen sehr viel Zeit beansprucht. Es ist auch möglich, aus den Barcoding-Sequenzen mit entsprechenden Computer-Programmen phylogenetische Beziehungen zu untersuchen. Ein solcher Stammbaum sagt dann aus, wie sich die Arten aufgespalten haben könnten, allerdings nur auf Basis des COI-Gens. Je nach verwendeter Methode ergibt dies zum Beispiel einen „maximum-likelihood-tree“, „Mr Bayes-tree“ oder einen „parsimony-tree“.

Bei einem solchen Stammbaum werden alte Mutationen vorangegangener Artaufspaltungen miteinander verglichen. Wenn also Art A eine gemeinsame Mutation mit den Arten B und C trägt, sich Art B und C jedoch durch eine weitere Mutation unterscheiden, die bei A nicht vorkommt, so lässt sich daraus ableiten, dass A die Stammart zu B und C ist.

Die Aussagen zur Phylogenie höherer Taxa (Tribus, Unterfamilie, Familie, Ordnung etc) durch das COI-Gen sind allerdings äußerst beschränkt, weil der untersuchte Genabschnitt relativ kurz ist und sich das Gen relativ schnell weiterentwickelt. Dadurch können identische Mutationen zufällig auch bei nicht miteinander verwandten Taxa auftreten, die dann bei der Auswertung als Verwandtschaft interpretiert werden. Zudem ‚verrauschen‘ die phylogenetischen Signale bei hoher Mutationsrate mit zunehmender Zeitdauer schnell durch Hin- und Rückmutationen. Als Faustregel gilt, dass die phylogenetischen Aussagen des Barcoding vor allem innerhalb der Gattungen (Artengruppen und Arten) sehr präzise sind, während sie bei den höheren Taxa (Familie etc.) unschärfer werden. Nicht selten gruppieren aber auch die Gattungen zueinander entsprechend ihrer mutmaßlichen Verwandtschaft. Für aussagekräftige genetische Phylogenien der höheren Taxonomie sollten jedoch möglichst mehrere Gene und vor allem auch Kerngene untersucht werden. Mehr zu diesem Thema findet sich auch weiter unten.

### 3. Der bayerische Beitrag zum Barcoding

Seit dem Jahr 2006 ist die Zoologische Staatssammlung München Projektpartner von iBOL. Die Wissenschaftler der ZSM gründeten 2009 ein eigenes Projekt – Barcoding Fauna Bavarica ([www.faunabavarica.de](http://www.faunabavarica.de)) – mit dem Ziel, alle etwa 34.000 in Bayern nachgewiesenen Tierarten genetisch zu erfassen und die Barcodes über die iBOL-Datenbank („BOLD“) international verfügbar zu machen. Ziel war es, bis 2014 Sequenzen von mindestens 10.000 Arten zu generieren, eine Zahl, die mittlerweile schon übertroffen wurde. Die beiden Autoren des vorliegenden Artikels, Stefan Schmidt und Christian Schmid-Egger betreuen in diesem Projekt die Stechimmen. Die Blattwespen (Symphyta) werden zusätzlich von Andreas Taeger, Andrew Liston, und Stephan Blank im Deutschen Entomologischen Institut in München bearbeitet, während Stefan Schmidt außerdem die parasitischen Hymenopteren verwaltet.

#### 3.1 Die Methode

Proben für die DNA-Gewinnung können von getrockneten Sammlungstieren gewonnen werden. Darin liegt ein grosser Vorteil des Projektes. Die Forscher in Guelph verbesserten die Methoden zur DNA-Gewinnung aus Museumsexemplaren im Lauf der vergangenen Projektjahre zudem beträchtlich. Derzeit ist es möglich, brauchbare DNA aus getrockneten Tieren zu gewinnen, die mehrere Jahrzehnte alt sind. Erklärtes Ziel der Guelpher Forscher ist es, auch altes Typusmaterial genetisch verfügbar zu machen. Inzwischen wurden die Methoden so verfeinert, dass sich über 200 Jahre alte Typenexemplare von Schmetterlingen erfolgreich sequenzieren ließen.

Entscheidend für die Qualität der DNA ist vor allem die Art der Tötung und die Aufbewahrung der Belegtiere direkt nach dem Töten. Alkohol konserviert das Erbmaterial, Feuchtigkeit und damit verbundene Zersetzungsprozesse oder Formaldehyd zerstören sie. Optimalerweise werden die Tiere daher direkt in 96-prozentigem Ethanol abgetötet und die Proben im Kühlschrank in Alkohol gelagert oder rasch verarbeitet. Doch auch Tiere, die aus dem Alkohol heraus getrocknet werden, funktionieren auch nach Jahren noch sehr gut. Alternativ können die Tiere auch im Gefrierfach getötet und genadelt werden.

Für Praxiszwecke reicht es auch aus, die Tiere in 80-prozentigem vergällten Ethanol abzutöten oder nach sehr kurzer Verweildauer in Essigsäureethylester sofort zu nadeln.

Letztendlich hängt der Erfolg der Sequenzierung von verschiedenen Faktoren ab und kann nur schwer vorhergesagt werden. Bei bis zu 10 Jahre altem Sammlungsmaterial aus verschiedenen Herkunftsorten liegen die Erfolgsraten bei rund 70 – 100 Prozent, bei 10 – 20 Jahre alten Exemplaren meist bei rund 40 – 60 Prozent. Zur DNA-Gewinnung reicht ein Bein oder bei größeren Insekten gar nur der Tarsus aus. Das Belegtier bleibt somit weitgehend erhalten und kann später nochmals überprüft werden. Routinemäßig entnehmen die Techniker in der ZSM ein Mittelbein für die Probe, weil es nach allgemeiner Erfahrung die wenigsten bestimmungsrelevanten Merkmale bei den Hymenopteren trägt. Kleinere Insekten wie zum Beispiel parasitische Wespen, die oft nur wenige Millimeter groß sind, werden als Ganzes extrahiert und anschließend präpariert. Die Extraktion erfolgt damit zerstörungsfrei.

#### 3.2 Die Voucherexemplare

Das iBOL Projekt machte von Anfang an zur Voraussetzung, dass jeder Barcode mit einem überprüfbaren Belegtier (Voucher) in der Sammlung verbunden ist. Diese Voucherexemplare spielen eine zentrale Rolle im Barcoding. Sie werden mit einer eindeutigen Nummer versehen, die mit der Nummer in der BOLD-Datenbank übereinstimmt, routinemäßig fotografiert und in öffentlichen Sammlungen wie der ZSM aufbewahrt. Alle Daten wie Fundort, Datum, Sammler und zahlreiche weitere Infos sind in der BOLD-Datenbank zusammen mit dem Referenzfoto abgelegt und verfügbar.

Die Voucherexemplare bestimmen letztendlich, welcher Barcode für welche Art steht. Daher werden beim Barcoding streng genommen keine Tiere determiniert, sondern das zu prüfende Tier über den Barcode mit einem Referenz-Voucherexemplar verglichen. Die Determinations-Qualität der Voucherexemplare bestimmt daher letztendlich, wie gut das Barcoding funktioniert. Dieser Unterschied ist wesentlich, weil er viel von der Kritik entschärft, die am Barcoding geübt wird.

Zu den Aufbauarbeiten der BOLD-Datenbank zählt damit die Pflege der entsprechenden Datensätze und die ständige Überprüfung der Tiere, deren Barcodes nicht mit den übrigen Barcodes der mutmaßlich selben Art übereinstimmen. Fehlerquellen gibt es viele. Sie reichen von Fehlbestimmungen über Fehlern in der Bearbeitung der Tiere bis hin zu Kontaminationen bei der Gen-Sequenzierung. Daher akzeptiert BOLD eine Art auch erst als registriert, wenn sie durch mindestens zwei Belegtiere gleicher Sequenz in der Datenbank vertreten ist.

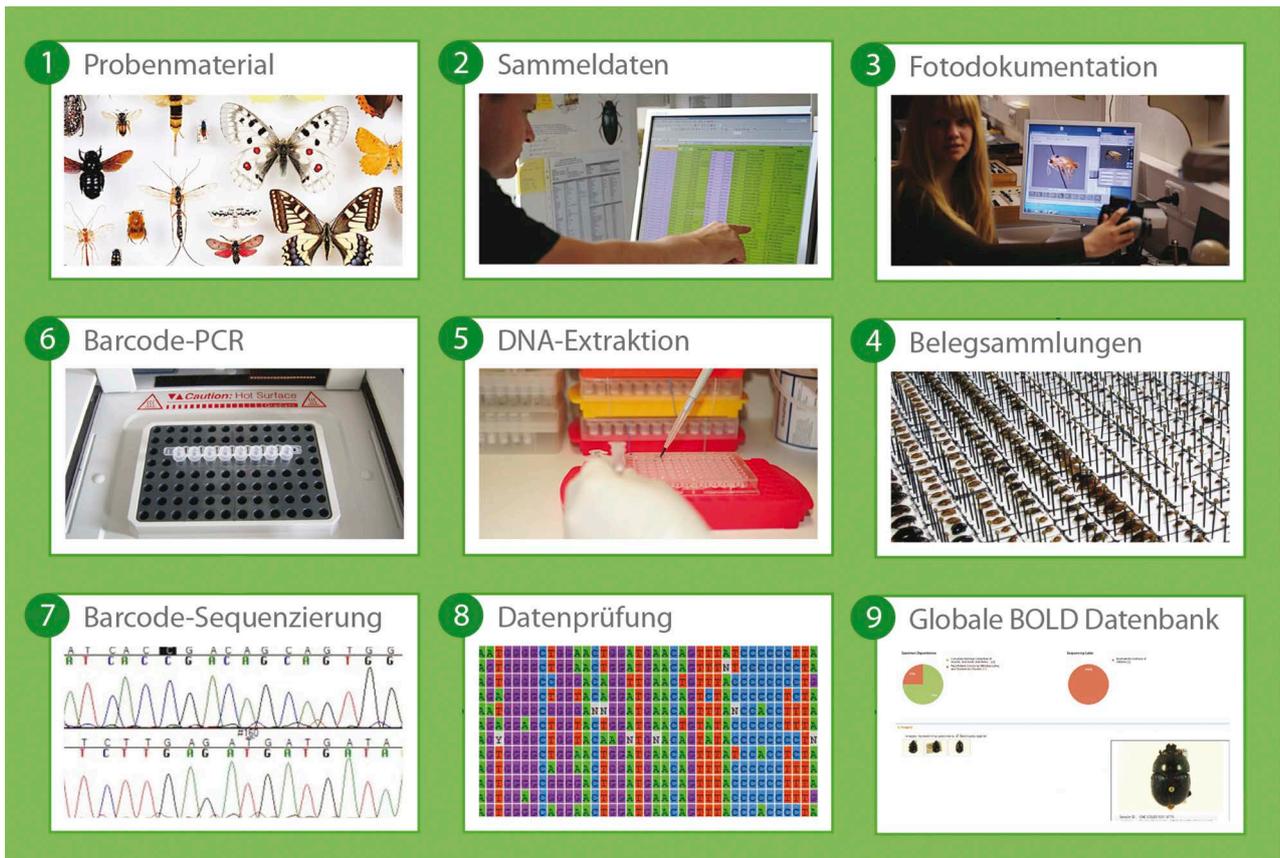


Abb. 2: Notwendige Arbeitsschritte, um einen DNA-Barcode zu erzeugen und in die Datenbank zu überführen. (Grafik: Jasminka Krobot, Fotos: Stefan Schmidt).

### 3.3 Das Material

In der ersten Phase des Fauna Bavarica Projektes von 2009 – 2011 griffen wir vor allem auf frischeres Material im Bestand der ZSM, auf Material der Sammlung Schmid-Egger sowie auf weiteres Material verschiedener Sammler wie Frank Burger, Gerd Reder, Erwin Scheuchl oder Jakob Straka zurück. Ziel dieser Phase war es, mindestens vier Barcodes von möglichst vielen bayerischen Arten für einen ersten Überblick zu gewinnen. Dabei verwendeten wir auch Material aus anderen deutschen Bundesländern, aus den Südalpen, aus der Tschechischen Republik sowie in einzelnen Fällen auch andere Herkünfte im Mittelmeerraum, falls die betreffende Art in Bayern sehr selten und daher nicht zu beschaffen oder ausgestorben ist. Neben den bayerischen Arten werteten wir auch zahlreiche weitere Arten aus dem angrenzenden deutschen Bundesländer sowie dem übrigen Mitteleuropa mit aus. Bis Ende 2011 konnten wir auf diese Weise bei den Hymenopteren bisher ca. 8.200 Barcodes von fast 2.000 Arten gewinnen, darunter rund 990 Stechimmen, 540 Symphyta, und 580 Arten parasitischer Wespen. In der zweiten Projektphase 2012 – 2014 ist geplant, weiteres Material aus verschiedenen deutschen Groß-

regionen auszuwerten, welches vor allem in einem größeren Malaisefallenprojekt gewonnen wird.

## 4. Wie funktioniert Barcoding

Das Barcoding verfolgt in der aktuellen Projektphase das Ziel, möglichst viele gesicherte Datensätze determinierter Tierarten zu erhalten. Dabei wird länder- und tiergruppenweise vorgegangen und der Zugang der Proben durch Projektpartner gesichert. Sobald diese Phase abgeschlossen und die Datenbanken in einem gegebenen Bezugsraum oder für eine Tiergruppe einigermassen vollständig sind, werden die Daten veröffentlicht und über das Internet frei verfügbar gemacht. Die Arbeit mit der BOLD-Datenbank funktioniert dann wie folgt:

1. Ein Forscher will eine unbekannte Tierart identifizieren. Über ein Molekularlabor lässt er die Basenabfolge des COI-Gens bestimmen. Für diese Routinetätigkeit, die wenige Tage dauert, werden derzeit von verschiedenen Anbietern zwischen 20 und 25 Euro berechnet.

2. Diese Basenabfolge kann er nun in die BOLD-Eingabemaske eingeben (► [http://www.boldsystems.org/index.php/IDS\\_OpenIdEngine](http://www.boldsystems.org/index.php/IDS_OpenIdEngine)) Das System zeigt ihm daraufhin diejenigen Arten an, die in der gesamten Datenbank mit derzeit über 1,6 Millionen Barcodes seiner unbekannt Probe am nächsten kommen. Dabei wird der Ausschnitt eines mit Fotos verknüpften „Baumes“ angezeigt, aus dem der Fragesteller ersehen kann, ob seine unbekannt Art mit einer im System hinterlegten Referenzart übereinstimmt oder wie weit sie von dieser entfernt ist. Außerdem wird die Wahrscheinlichkeit angegeben, dass die Platzierung des Individuums im Vergleich zu den Referenzarten richtig ist. Der Vorteil dieser Methode liegt darin, dass auch Arten, die aus Deutschland noch nicht gemeldet sind, einwandfrei identifiziert werden können, sofern sie in der weltweiten Datenbank enthalten sind. Das kann vor allem bei eingeschleppten Schädlingen wichtig werden.
3. Wenn BOLD kein eindeutiges Ergebnis anzeigt, der Forscher aus anderen Gründen unsicher ist oder der Barcode zu einer im System nicht registrierten Art gehört, muss ein Spezialist hinzugezogen werden und die Art auf herkömmliche Weise bestimmen. Ausschlaggebend für die Bestimmungssicherheit ist der Unterschied in Prozent zu den nächsten Referenzarten. Im Durchschnitt aller Proben unterscheiden sich Arten der gleichen Gattung dabei um etwa 2,1 Prozent voneinander, allerdings ist der Unterschied bei einigen wenigen Artenpaaren auch deutlich geringer.

## 5. Praktische Anwendung des DNA-Barcoding

Aus diesem Ablauf heraus sind verschiedenen Nutzungen für das Barcoding denkbar oder werden bereits angewandt. In Zukunft werden sich zudem weitere Möglichkeiten ergeben, die vielfältigen Möglichkeiten des Barcoding zu nutzen.

### 5.1 Schädlinge schnell erkennen

Eine wichtige Nutzenanwendung des Barcoding besteht darin, Schädlinge früh zu erkennen. Diese Möglichkeit betrifft zwar kaum die Stechimmen, weil es hier keine Schädlinge gibt, doch für Fliegen oder Blattwespen sieht es dabei schon ganz anders aus. Einen Präzedenzfall schaffte die ZSM vor kurzem selbst. Dieter Doczkal, Spezialist für Fliegen an der ZSM, fand im Sommer 2011 in Malaisefallenausbeuten aus Baden, die er im Rahmen des Barcoding auswertete, ein Exemplar der Kirsch-Essigfliege *Drosophila suzukii*. Dieser gefährliche

Schädling von Beerenfrüchten und Kirschen stammt aus Ostasien und wurde vor wenigen Jahren nach Südeuropa eingeschleppt. Dort verursachte er bereits verheerende Schäden an Kirschen und im Weinanbau, die lokal bis zum Totalausfall der Ernte reichten. Dieser Fund ist der erste deutsche Nachweis der Kirsch-Essigfliege, dessen Determination über den „genetischen Fingerabdruck“ abgesichert werden konnte – in diesem Fall durch Vergleich mit Barcodes der Art aus Kalifornien, wo die Art ebenfalls als Schädling auftritt. Das stellt einen bedeutenden Vorteil bei einem so schwer zu bestimmenden Schädling dar, für den zudem in Deutschland noch kein Vergleichsmaterial in den Sammlungen vorliegt.

Die immense Bedeutung des Barcoding in der Schädlingsbekämpfung wird vor allem darin liegen, dass Phytopathologen künftig auch Larven von Fruchtfliegen und anderen Schädlingen („Maden“, „Engerlinge“, „Raupe“, „Würmer“ u.s.w.) zuverlässig determinieren können, was bisher selbst für Spezialisten unmöglich war. Dadurch können Landwirte einen solchen Schädling sehr früh erkennen und rechtzeitig gezielt bekämpfen. Bei den Hymenoptera sind vergleichbare Fälle vor allem bei den Symphyta zu erwarten. Ein weiteres Anwendungsgebiet des Barcoding wird in der Bestimmung und Zucht von parasitischen Erzwespen und anderen Nützlingen liegen. Diese Zuchten werden häufig von Hyperparasiten infiziert, deren Identifikation schwierig ist und die mit dem Barcoding ebenfalls zweifelsfrei bestimmbar sind.

### 5.2 Insekten in naturschutzfachlichen Gutachten determinieren

Die potenzielle Anwendung des Barcoding in naturschutzfachlichen Gutachten sorgt bereits jetzt für rege Diskussionen bei Freilandökologen. Häufig ist hier das Argument zu hören, dass mit Hilfe des Barcoding jeder Gutachten machen könne, und die Gutachten nicht mehr an (hoch spezialisierte) Fachleute gebunden wären. Hierzu gibt es eine Reihe interessanter Gesichtspunkte:

- Gutachten werden bereits jetzt häufig von Nichtexperten gemacht. Nicht spezialisierte Gutachterbüros stellen Fallen auf, die Ausbeute wird für die Determination nach aussen gegeben, häufig noch nicht einmal an ausgewiesene Experten, und niemand überprüft die Qualität der Bestimmungen. Der Einsatz des Barcoding würde hier helfen, die Qualität der Determination zu sichern.
- Auch erfahrene Bienen- und Wespenfachleute wissen, wie bei geringer Bezahlung manchmal mit schwierigen zu bestimmenden Arten umgegangen

wird. Sie fallen unter den Tisch oder werden schlam-  
pig und teilweise falsch bestimmt. Würde man Bar-  
coding daher zum Beispiel selektiv für bestimmte  
Gattungen wie *Sphex* oder manche *Andrena*-Ar-  
tengruppen einsetzen, wäre das sicher ein Gewinn  
für die Qualität von Gutachten.

- Weiterhin stellt sich die Frage, ob ein hoch qua-  
lifizierter Biologe oder Landschaftsplaner seine  
wertvolle Arbeitszeit mit dem Determinieren von  
Insekten aus Fallenausbeuten verbringen sollte.  
Meist ist das eine eintönige und wenig kreative Tä-  
tigkeit. In vielen anderen Bereichen werden solche  
Tätigkeiten längst von Maschinen erledigt. Die Inter-  
pretation von Artenlisten oder das Abfassen eines  
Gutachtens hingegen ist wiederum ein Job für Ex-  
perten. Daher könnten entomologische Spezialisten  
durch das Barcoding sogar entlastet werden.

- Das Auffinden naturschutzfachlich relevanter Tier-  
und Pflanzenarten im Freiland wird auch mit dem  
Barcoding nicht einfacher und wird auch weiterhin  
den Einsatz gut ausgebildeter Freilandbiologen  
erfordern.
- Natürlich ist die Determination von Tieren per Bar-  
coding auch eine Kostenfrage. Bei derzeit marktüb-  
lichen Preisen von 0,5 – 2 Euro pro konventionell  
bestimmter Wespe oder Biene für einen Biologen  
und Barcoding-Kosten zwischen 20 und 25 Euro pro  
Tier ist ein Massenbarcoding sicher noch nicht inter-  
essant. Doch das könnte sich schnell ändern, wenn  
die Kosten für das Sequenzieren von Genen weiter  
sinken. Das ist in Kürze zu erwarten.

Fauna\_Bavarica\_-\_Apoidea\_[FBAPI] Tue Sep 11 13:58:20 2012

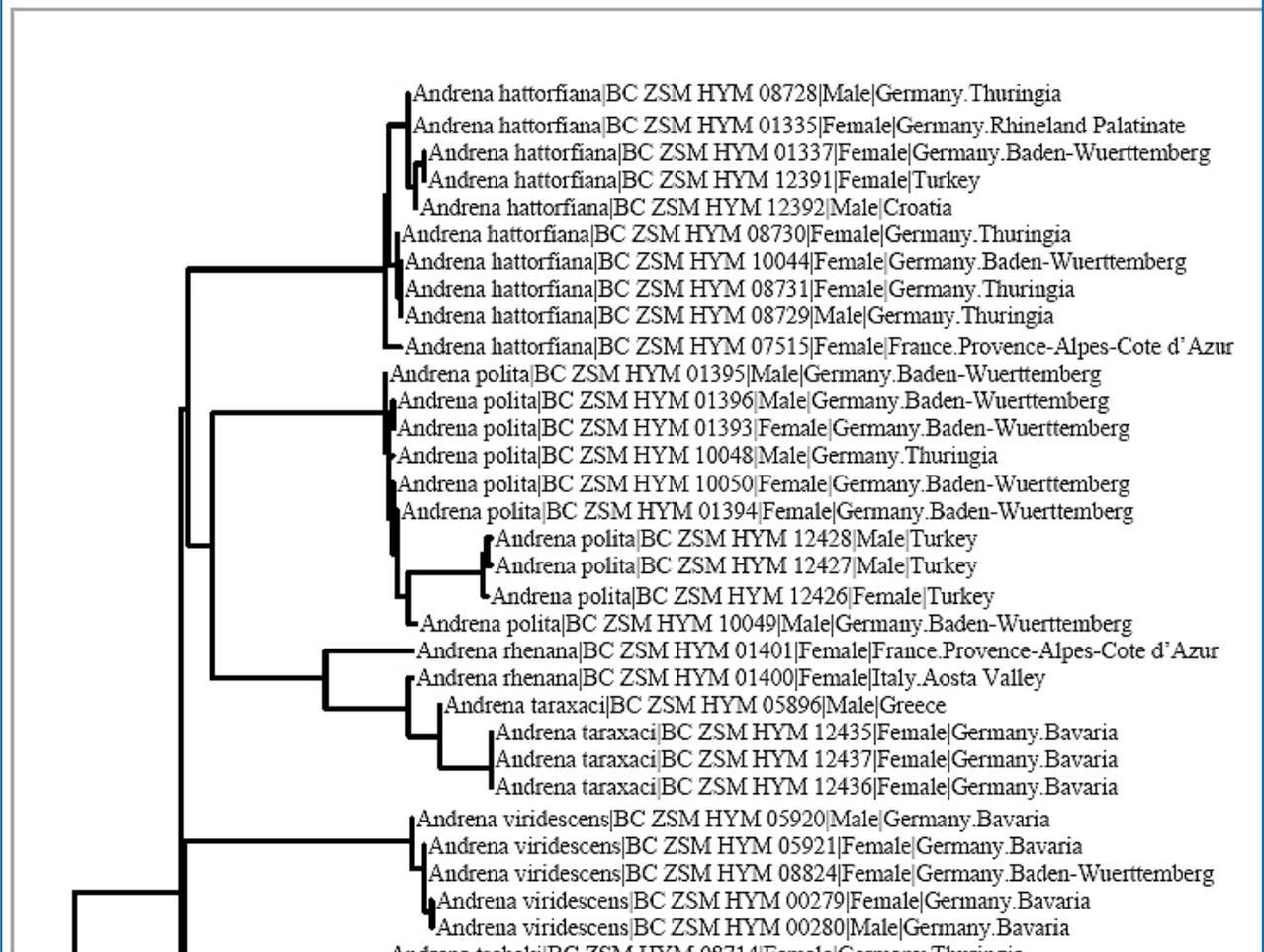


Abb. 3: Ausschnitt aus dem Ergebnisbaum. Hier wird die erste Seite der Bienen dargestellt.

### 5.3 Präimiginalstadien von Insekten determinieren

Ein grosser Vorteil des Barcodings liegt daran, dass auch Präimiginalstadien sicher gebarcodet werden können. Denn die Gene von Eiern, Larven oder Puppen sind natürlich mit denen der Imagines identisch. Für die Grundlagenforschung wird diese Anwendung sicher hoch interessant werden. So scheitert beispielsweise die Frage nach den Wirt-Parasit-Verhältnissen bei Stechimmen häufig daran, dass aus einer Niströhre zahlreiche Arten schlüpfen und die Parasiten wegen überbauter Nester oder mehrfacher Belegung der Niströhren nicht ihrem Wirten zugeordnet werden können. Das könnte sich mit dem Barcoding ändern, weil jetzt Larven direkt aus Nestern untersucht werden können. Das war so bisher noch nicht möglich. Auch Parasitenlarven aus Erdnestern lassen sich künftig mit dieser Methode determinieren. Auch parasitische Wespen phytophager Insekten lassen sich erstmals mit dieser Methode sicher bestimmen, ohne die Notwendigkeit die Larven züchten zu müssen, ein Unterfangen, das oft mit viel Arbeit und hohen Verlusten verbunden ist.

### 5.4 Expertenwissen konservieren

Auch wenn derzeit manche Spezialisten um ihre Zukunft als Experte fürchten, wenn sich das Barcoding etabliert, sieht die Realität ganz anders aus. Taxonomische Spezialisten werden immer älter, sie werden zudem immer weniger und zählen selbst bald zu einer ausgestorbenen Spezies. Doch wie soll sich beispielsweise in 10, 20 oder 30 Jahren ein Diplomand in Wildbienen einarbeiten, wenn es dann vielleicht niemanden mehr gibt, der noch eine gute Artenübersicht besitzt? Die BOLD Datenbank wird dieses Übersichtswissen konservieren und – sofern keine dramatischen Dinge mit dem Internet passieren – dieses Expertenwissen auch in ferner Zukunft noch zur Verfügung stellen. Von der BOLD-Datenbank gibt es inzwischen mehrere identische Kopien, z.B. in Neuseeland, Brasilien, und Australien, um Datenverluste zu vermeiden.

Schon jetzt ist es Realität, dass man als Experte mehr Arbeit hat, als man bewältigen kann. Zudem halten wir es für sinnvoller, wenn sich ein erfahrener Experte ungelösten taxonomischen Fragen oder der Fauna unbekannter Regionen widmet, anstatt seine knappe Zeit mit Determination von Massenausbeuten, zum Beispiel aus Diplomarbeiten oder Doktorarbeiten, zu vergeuden. Denn hochwertige taxonomische Arbeit können nur wenige vollbringen, während solche Massenbestimmungen die Wissenschaft meist kaum oder nur in sehr kleinen Schritten weiterbringen. Doch sie binden enorme zeitliche Ressourcen. Gerade hier sehen wir große Einsatzmöglichkeiten des Barcoding, die

schon jetzt sehr dringend benötigt werden.

Ein aktuelles Beispiel dazu stammt aus der marinen Forschung. Dort fehlen für viele Gruppen von Kleinkrebsen bereits Experten. Dabei geht es hier häufig um wirtschaftliche wichtige Klassifikationen von Organismen, zum Beispiel bei der Suche nach neuen Organismen für die menschliche Ernährung.

Ein weiteres Beispiel sind die parasitischen Wespen (Parasitoide), die mit rund 7.300 Arten über  $\frac{3}{4}$  der heimischen Hymenopterenfauna ausmachen, von denen die meisten jedoch aufgrund fehlender Experten nicht bestimmbar sind.

### 5.5 Taxonomische Bewertung von Arten

Seinen größten aktuellen Nutzen besitzt das Barcoding jedoch in der Grundlagenforschung. So ist es möglich, kritische Artengruppen zu barcoden und anhand der „Ergebnisbäume“ einen zusätzlichen, objektiven Merkmalsatz zur Bewertung des Artranges sowie der systematischen Stellung der Individuen und Arten zueinander zu erhalten. Diese Möglichkeit führte bei den mittel- und südeuropäischen Stechimmen bereits zu verschiedenen Überraschungen, siehe dazu die folgenden Kapitel.

Natürlich kann man das Barcoding auch anders herum nutzen. Wenn man künftig beispielsweise ein unbekanntes Ökosystem zum Beispiel im tropischen Regenwald untersucht, aus dem kaum Arten beschrieben sind, kann man die gefunden Tiere im ersten Schritt barcoden und alle weitere taxonomische Analyse auf den Ergebnissen des Barcoding aufbauen („reverse taxonomy“). Das erspart die mühsame Zuordnung von Männchen und Weibchen sowie Fehler, die durch Polymorphismus entstehen. Gerade bei parasitischen Wespen tritt dieses Phänomen recht häufig auf. Erstbeschreibungen von Arten würden in Zukunft einen Barcode enthalten, was den Aufwand bei späteren Identifikationen deutlich verringern würde.

## 6. Bisherige taxonomische Erfahrungen mit Aculeata

Die oben geschilderten Nutzenanwendungen sind teilweise noch Zukunftsmusik, weil zuerst die Datenerfassung über die Voucherexemplare abgeschlossen werden muss. Doch aus den bisherigen Daten lassen sich vor allem auf der taxonomischen Ebene bereits zahlreiche interessante Ergebnisse erkennen. Unsere vollständigen Ergebnisse zu den Stechimmen und Symphyta sollen in Kürze in einem Data-Release veröffentlicht werden. Vorab möchten wir daher nur ausgewählte Ergebnisse, Trends und Schlussfolgerungen darstellen. Bisher konnten wir im Rahmen des Bar-

coding Fauna Bavarica bei den Hymenoptera Sequenzen von über 9.000 Tieren erhalten, die zu rund 2400 Arten gehören. Auf diesen Datensätzen beruhen die folgenden Einschätzungen.

### 6.1 Bisheriges Artkonzept durch das Barcoding bestätigt

Die bestehenden Artabgrenzungen beruhen bisher fast ausschließlich auf dem Konzept der „Morphospezies“ (= Arten, die aufgrund von Körpermerkmalen unterschieden werden). Das aktuelle Konzept der Morphospecies bildet sich auch über den genetischen Baum mit dem COI-Gen erstaunlich gut ab. Die die genetischen Daten bestätigen damit die bestehende und überwiegend auf morphologischen Merkmalen beruhende Taxonomie. Etwa 80 – 90 Prozent aller bisher bearbeiteten Hymenopterenarten lassen sich eindeutig voneinander trennen. Innerhalb der Arten liegen die Barcodes in der Regel sehr nahe zusammen, zudem gibt es bei sehr vielen Arten kaum Unterschiede zwischen Populationen aus Berlin/Brandenburg, Bayern und den Südalpen, wobei die maximale Variationsbreite meist unter einem Prozent liegt. Interessanterweise lassen sich auch die Arten zahlreicher taxonomischer Problemgruppen und morphologisch schwer ab-

grenzbare Artengruppen bei den Stechimmen wie der *Sphecodes crassus*-Gruppe, die *Nomada sheppardana*-Gruppe oder nahe verwandten *Hylaeus*- und *Lasioglossum*-Arten gut mit dem Barcoding erkennen.

Nur schätzungsweise drei Prozent aller etablierten Stechimmenarten differenzieren über das COI-Gen nicht oder kaum aus. In größeren Umfang ist das vor allen in der Gattung *Nomada* sowie bei einigen *Andrena*-Artengruppen der Fall. Unter „etablierten“ Arten verstehen wir Taxa, die morphologisch unterscheidbar sind und in der Literatur mitteleuropäischer Stechimmen bisher als valide angesehen werden. Doch müssen einige dieser Konflikt-Fälle mit weiterem Material überprüft werden.

### 6.2 Identifikation kritischer Zwillingarten besser als gedacht

Bei Artenpaaren oder Artengruppen, deren Artstatus in der neueren Literatur umstritten ist („kritische Zwillingarten“) zeichnen sich unterschiedliche Fälle ab.

Einige Artenpaare oder Artengruppen lassen sich mit den Barcoding-Ergebnissen einwandfrei in valide Arten differenzieren. Ein Beispiel ist die *Andrena bicolor*-Gruppe. Die aktuellen Ergebnisse zeigen bei der Auswertung der reinen genetischen Ähnlichkei-



Abb. 4: Ausschnitt aus dem Ergebnisbaum: die *Andrena bicolor*-Gruppe (Apidae). Die Abgrenzung und Eigenständigkeit der umstrittenen Taxa *Andrena montana* und *Andrena allosa* ist klar erkennbar. Zusätzlich werden bei *Andrena bicolor* zwei Cluster sichtbar, die noch abgeklärt werden müssen.

ten, dass die fünf untersuchten Taxa alle gute Arten sind. *Andrena bicolor* ist dabei zu *Andrena symphyti* am ähnlichsten. Beide Arten bilden eine „Schwestergruppe“ zu den vier Arten *Andrena montana/allosa* und *fulvata/angustior*. Der Schrägstrich symbolisiert das „Schwestergruppen“verhältnis innerhalb der Teilgruppen. Schwestergruppe ist hier in Anführungszeichen gesetzt, weil hier reine genetische Ähnlichkeiten und keine Verwandtschaften überprüft wurden.

Natürlich sind das noch vorläufige Ergebnisse. Doch sie lassen schon jetzt erkennen, dass die Barcoding-Ergebnisse in diesem und anderen Fällen wahrscheinlich eine mehr als 60jährige Diskussion unter Bienenforschern mit objektivierten Ergebnissen beenden werden. Alle diese Arten scheinen genetisch eindeutig getrennt und damit valide zu sein.

Bei anderen Artenpaaren sind keine genetischen Unterschiede auf dem COI-Gen erkennbar (z.B. *Andrena cineraria/barbareae*). Diese genannten Fälle bedürfen jedoch noch weiterer Untersuchungen, vor allem mit weiteren Tieren auch anderer Fundorte. Doch selbst wenn das Barcoding hier keine Ergebnisse liefert, ist das noch längst kein Beweis für die Konspezifität dieser Artenpaare oder Artengruppen. Vielmehr müssen dann weitere Gene untersucht werden, die bei nahe verwandten Arten aussagekräftiger sind. Vergleiche hierzu auch Sann et. al. (2011) und ihre Anmerkungen zur *Nomada alboguttata*-Gruppe.

### 6.3 Entdeckung neuer Zwillingarten

Ein überraschender Begleiteffekt des Barcoding ist die Entdeckung neuer Arten quasi vor der Haustüre. Insbesondere die Familie der Mutillidae erwies sich als überraschend ergiebig. Wir fanden bisher drei neue Arten, die alle auch in Deutschland vorkommen (Schmid-Egger, Schmidt, Lelej & Burger in Vorbereitung). Für die neuen Arten konnten nach eingehender Untersuchung des Materials basierend auf den genetischen Daten auch morphologische Unterscheidungsmerkmale gefunden werden. Dies war möglich, weil durch das Barcoding feststand, welche Individuen zu welchen Arten gehörten. Daraufhin ließen sich diese Tiere gezielt miteinander vergleichen.

Auch bei den Mauerbienen (*Osmia*) und anderen Bienengattungen gibt es einige genetisch unklare Artengruppen mit zum Teil grossen genetischen Unterschieden innerhalb bekannter Morphospezies. *Tiphia femorata*, eine sehr variable „Art“, besteht alleine in Deutschland nach dem ersten Screening aus mindestens vier deutlich voneinander getrennten genetischen Spezies. Der wirkliche Status dieser und anderer „genetischer Linien“ aus Mitteleuropa muss durch künftige Untersuchungen geklärt werden.

Weitere unerkannte Zwillingarten lassen sich beim Vergleich mitteleuropäischer mit südeuropäischen Populationen erwarten. Bereits aus den wenigen bisher untersuchten Vergleichen mitteleuropäischer mit südeuropäischen Tieren geht hervor, dass wir dort mit

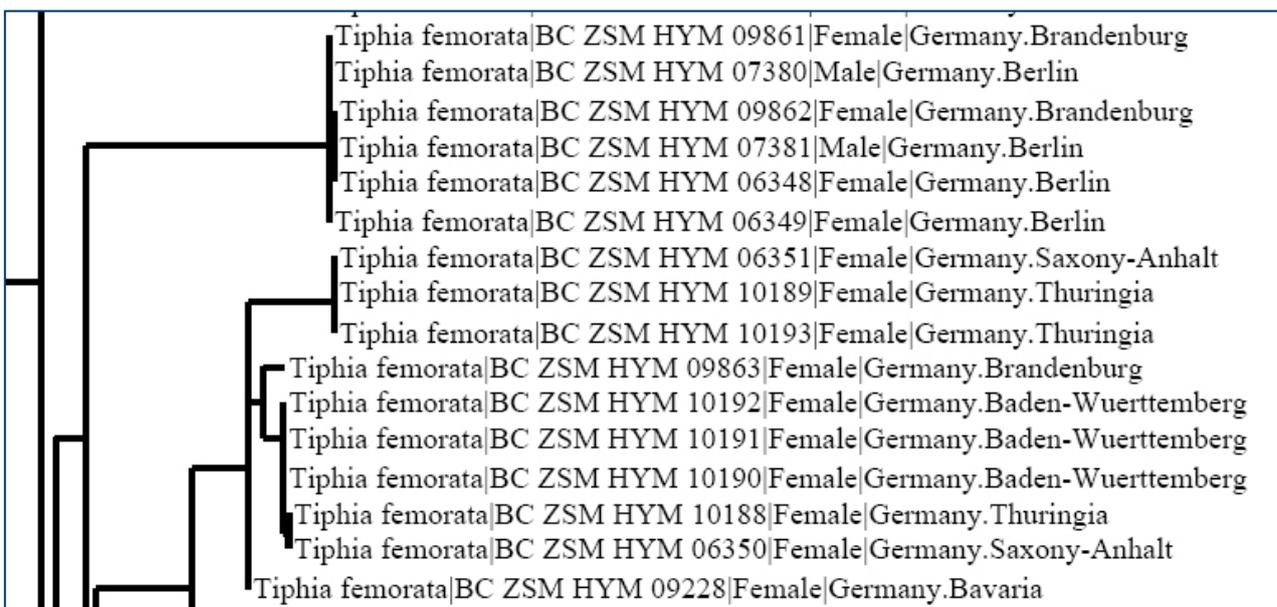


Abb. 5: Ausschnitt aus dem Ergebnisbaum. Hier werden Teile von *Tiphia femorata* (Tiphidae) dargestellt als Beispiel für eine „Art“, die in Wirklichkeit eine bisher unerkannte Artengruppe mit mehreren Arten umfasst.

einer weit größeren Anzahl von genetisch unterscheidbaren Taxa rechnen müssen. Einige der bisher ermittelten Unterschiede übertreffen die erwähnte kritische Distanz von zwei Prozent sehr deutlich und könnten auf valide Arten hinweisen. Das Postulat einer „kritischen Distanz“ von zwei Prozent als Kriterium für separaten Artstatus sollte allerdings primär nur bei sympatrischem Vorkommen angewandt werden und gilt nicht automatisch für allopatrische Populationen, also für Populationen aus entfernten Gebieten. In der Nearktis konnten Buck et al. (2012) zwei neue *Polistes*-Arten (Vespidae) durch das Barcoding neu beschreiben.

#### 6.4 Bewertung genetischer Artunterschiede

Der routinemäßige Einsatz genetischer Analysen mit dem Barcoding-Gen wird die Alpha-Taxonomie (das Erkennen und Beschreiben von Arten) vor neue Herausforderungen stellen. Die folgenden Fälle können auftreten:

1. Bisher bekannte Arten („Morphospezies“) sind mit dem COI-Gen unterscheidbar. Das bestehende Konzept der Morphospezies wird damit bestätigt. Dies ist im weitaus überwiegenden Teil aller Arten der Fall.
2. Arten, die morphologisch unterscheidbar sind, lassen sich über das COI-Gen nicht unterscheiden. Das bedeutet keinesfalls, dass alle Taxa dieser Artengruppen oder –paare synonym sind. In solchen Fällen müssen weitere Merkmale, z.B. andere Gene herangezogen werden, die eine bessere Differenzierung erlauben. Es ist bereits bekannt, dass sich das Barcoding z.B. oft nur schlecht zur Unterscheidung sehr junger Artenpaare eignet. Auch *Wolbachia*-

Bakterien (Sann et al. 2011, siehe unten) oder Introgression durch singuläre Hybridisierungsereignisse können dafür verantwortlich sein.

3. Innerhalb bekannter „Morphospezies“ werden neue „genetische“ Zwillingarten gefunden. Anhand der Voucherexemplare können nun differenzierende morphologische Merkmale gesucht werden. Werden diese gefunden, kann die neue Art wie bisher üblich beschrieben werden.
4. Wie unter 3. werden neue „genetische“ Arten gefunden, doch es lassen sich keine differenzierenden morphologischen Merkmale finden. Hier muss mit Hilfe weiterer Methoden nach Unterscheidungsmerkmalen gesucht werden.
5. Wie unter 3, doch die genetischen Unterschiede zwischen den untersuchten Populationen sind sehr gering. Hier muss überprüft werden, ob auch eine innerartliche Variabilität innerhalb des COI-Gens in Frage kommt. Es muss untersucht werden, ob es sich tatsächlich um verschiedene Arten handelt. Zum Beispiel können innerhalb der Art verschiedene genetische Typen von Mitochondrien-DNA (Haplotypen) vorkommen. Auch das kann vorwiegend durch die Untersuchung weiterer Gene abgeklärt werden. Untersuchungen bei Wasserkäfern weisen darauf hin, dass das COI-Gen geografisch sehr stark variieren kann (Bergsten et al. 2012). Ähnliches gilt für Inselformen von Schmetterlingen (Hausmann 2011).

### Infokasten Was sind genetische Arten

In den Biowissenschaften finden sich verschiedene Artkonzepte, die zum Teil miteinander konkurrieren. Das biologische Artkonzept ist dabei das am weitesten verbreitete und akzeptierte Konzept. Bei den Stechimmen wurden Arten bisher meist aufgrund morphologischer Merkmale definiert („Morphospezies“), doch auch die Phänologie, Ökologie, die Verbreitung oder andere Informationen werden gelegentlich mit herangezogen, um den Artstatus zu untermauern. Diese Ansätze werden seit kurzem unter dem Oberbegriff der „Integrativen Taxonomie“ zusammengefasst.

Was ändert das Barcoding an dieser Praxis? Dazu folgende Grundüberlegung: Ein Individuum besteht aus einem Genotyp und einem Phänotyp. Der Genotyp wird dabei aus der Gesamtheit aller Gene gebildet, die ein Individuum besitzt. Der Phänotyp entsteht erst aus dem Genotyp, das heißt die Gene bestimmen in Abhängigkeit von verschiedenen Umweltfaktoren, wie das Tier später aussieht und welche sonstigen Eigenschaften (Pheromone, Paarungsverhalten, Körpergröße, Nahrungspräferenzen, Sinnesleistungen) es besitzt. Eine neue Art kann zum Beispiel dann entstehen, wenn

eine Population einer Art von der Hauptpopulation abgetrennt wird (Inselbildung, Eiszeit, etc.) und in einem anderen Lebensraum überleben muss als die Stammpopulation. In den meisten Fällen wird die isolierte Population aussterben, oder aber sie schafft es, sich unter dem bestehenden Selektionsdruck den veränderten Umweltbedingungen anzupassen. Genetisch festgelegte Merkmale können in einer isolierten Teilpopulation auch verloren gehen. Innerhalb jeder Teilpopulation werden die Gene jedoch stets zwischen allen Individuen ausgetauscht und bilden einen gemeinsamen „Genpool“. Irgendwann im Verlauf des Artbildungsprozesses geht die Fähigkeit zur sexuellen Fortpflanzung mit der Stammpopulation verloren. Treffen beide Populationen später wieder aufeinander, so können sie keine Gene mehr austauschen. Falls doch, kommt es zur Hybridisierung mit der Folge, dass entweder die nachteiligen Gene ausgemerzt werden oder die kleinere Population in der größeren aufgeht. Andernfalls, d.h. wenn sich die Populationen unter natürlichen Bedingungen nicht mehr untereinander fortpflanzen, ist – vereinfacht beschrieben – eine neue Art entstanden.

Es kann auch sein, dass sich der Phänotyp einer neuen Art in den morphologischen Merkmalen nicht von der Stammart unterscheidet. Vielleicht unterscheidet sich die neue Art nur in Stoffwechselprozessen, in der Bildung unterschiedlicher Pheromone, in Habitat- oder Futterpflanzenpräferenzen, oder in tageszeitlich bzw. saisonal unterschiedlicher Erscheinungsweise. Diese „kryptischen Arten“ kommen bei vielen Tiergruppen vor, zum Beispiel bei parasitischen Wespen, aber auch bei Schmetterlingen, Heuschrecken oder Seefröschen. Das in der bisherigen Taxonomie der Stechimmen verwendete Konzept der „Morphospezies“ ist daher insbesondere bei als taxonomisch schwierig geltenden Artenkomplexen fehleranfällig, weil nicht zwangsläufig morphologische Unterschiede zwischen biologischen Arten vorhanden sein müssen. Oder die Unterschiede sind so geringfügig, dass sie nicht jeder Taxonom erkennt. Gerade das unterschiedliche Bewerten von Merkmalen durch verschiedene Taxonomen verursachte in den letzten 60 Jahren zahlreiche kontroverse Diskussionen vor allem bei den Bienen, die bis heute anhalten und zeigt daher sehr deutlich die Grenzen des Morphospezies-Konzeptes auf.

Der Genotyp hingegen lässt sich durch eine Genuntersuchung nach objektiven Kriterien ermitteln. Das Ergebnis ist beliebig wiederholbar und unabhängig von der Qualität der Technik oder anderer Faktoren. Der genetische Merkmalsvergleich zwischen zwei Taxa ergibt als Ergebnis eine genetische Buchstabenabfolge, die präzise ist und als solche nicht in Frage gestellt werden kann.

Man kann sich in der Diskussion nun auf die Bedeutung der genetischen Unterschiede konzentrieren und diskutieren, welche Relevanz sie für die Abgrenzung der Arten besitzen. In der Genetik haben wir also objektiv feststellbare Merkmale (genetischer Code) sowie Unterschiede zwischen Individuen, die in Prozentzahlen ausdrückbar sind. Das ging mit morphologischen Merkmalen bisher nicht, bzw. diese sind – wissenschaftlich ausgedrückt – anfällig für Messfehler und subjektive Einschätzungen der einzelnen Bearbeiter. Allerdings wird es taxonomische Interpretationen von Barcode-Daten nie ohne morphologische Merkmale geben, denn auch die genetische Methode ist fehleranfällig. Die Stärke neuer Methoden besteht in der Kombination voneinander unabhängiger Merkmale, wie es zum Beispiel morphologische und genetische Merkmale darstellen.

Natürlich muss der genetische Abstand zwischen zwei Individuen oder Populationen auch in Zukunft interpretiert werden. Das erfordert auch weiterhin die Fachkenntnis von Taxonomen. Die Bewertung des Artstatus genetisch divergierender Populationen ist genauso eine wissenschaftliche Hypothese wie die Bewertung von Arten nach morphologischen Merkmalen. Idealerweise werden daher verschiedene Merkmalskomplexe wie genetische und morphologische Merkmale, unter Umständen auch akustische, chemische, und ökologische Merkmale kombiniert, um Interpretationen von Arten abzusichern.

Häufig basieren morphologische Artkonzepte auf Aussagen wie: „ich glaube, dass sich Art A von Art B durch einen stärker gewölbten Hinterkopf unterscheidet“. In einem solchen Fall wäre ein Unterschied zwischen Art A und Art B durch fünf 5 Prozent Differenz im COI-Gen durchaus ein verlässlicheres Merkmal.

Wir müssen natürlich einschränken, dass – wie oben angemerkt – das im Barcoding verwendete COI-Gen einige Besonderheiten aufweist und nicht alle oben genannten Aussagen dafür zutreffen. Diese beziehen sich vor allem auf Gene aus dem Zellkern, die sexuell ausgetauscht werden. Da männliche Stechimmen haploid sind (also nur einen Satz Chromosomen enthalten), kommen weitere Besonderheiten dazu.

Die Vorstellung, dass sich Arten zwar genetisch, aber nicht morphologisch trennen lassen, mag den einen oder anderen konventionell arbeitenden Taxonomen irritieren. Doch sie gehört zur biologischen Realität des Lebens und wird künftig in modernen taxonomischen Konzepten ihren Platz finden

## 6.5 Phylogenetische Aussagen mit Barcoding

Zu diesem Thema möchten wir vor allem ein aktuelles Projekt von Williams et. al. (2012) zitieren. Die Autoren „barcodeten“ zahlreiche Exemplare der *Bombus-subterraneus*-Gruppe aus der gesamten Paläarktis und verglichen diese genetischen Ergebnisse mit einem Verwandtschaftsbaum, den sie auf konventionelle Weise über das Bewerten morphologischer Merkmale gewonnen hatten. Sie kamen zum Ergebnis, dass beide Methoden dieselbe Aussagequalität besitzen. Das Barcoding bewerteten sie als einfacher und kostengünstiger im Vergleich zur traditionellen morphologischen Methode. In diese Thematik möchten wir an dieser Stelle nicht weiter einsteigen, sondern auf die zahlreiche Literatur zu diesem Thema verweisen. Es ist jedoch festzustellen, dass das COI-Gen inzwischen zum Standard in vielen genetischen Grundlagenuntersuchungen geworden ist.

## 7. Kritik am Barcoding

Das Barcoding hat in den letzten Jahren verschiedentlich auch Kritik hervorgerufen. Wir möchten auf einige kritische Meinungen kurz eingehen und dazu Stellung beziehen. Die genannten Gründe beziehen sich in gleicher Weise natürlich auch auf die Analyse anderer Gene als das COI-Gen.

### 7.1 *Wolbachia*-Infektionen verhindern erfolgreiches Barcoding

*Wolbachia* ist ein parasitischer Einzeller, der zahlreiche Insektenarten befällt und intrazellulär lebt. Wolbachien sind dafür bekannt, dass sie einen Selektionsdruck auf das COI-Gen ausüben und damit seine Entwicklung beeinflussen können. Sie vermehren sich normalerweise nur innerhalb einer Wirtsart und manipulieren seine Fortpflanzungsbiologie, doch in seltenen Fällen können sie auch zwischen Arten übertragen werden. In diesem Fall besteht die Möglichkeit, dass sie das COI-



Abb. 6: Neben der Trugameise *Myrmica atra*, hier ein Weibchen, konnten wir im Rahmen des Barcoding eine zweite, bisher unbeschriebene Art der Gattung *Myrmica* in Deutschland entdecken (Foto: Wolfgang Rutkies).

Gen des neuen Wirts genauso verändern wie das des alten Wirts so dass beide Wirtsarten über das COI-Gen nicht unterschieden werden können (Sann et al. 2011). Das *Wolbachia*-Problem im Barcoding ist seit längerem bekannt. Allerdings deuten die aktuellen Ergebnisse nicht darauf hin, dass Wolbachien bei den Stechimmen ein größeres Problem darstellen (Smith et al. 2012). Sie könnten höchstens für die hohe Ähnlichkeit weniger Zwillingartenkomplexe verantwortlich sein. Sann et al. (2011) vermuten das für die *Nomada-alboguttata*-Gruppe, doch der Beweis steht dafür noch aus.

## 7.2 Barcoding stellt kein Konzept einer Art dar

In der Kritik des Barcoding wird verschiedentlich behauptet, dass die Ergebnisse des Barcoding kein Artkonzept ergäben (Kunz 2009). Hier liegt ein grundlegendes Missverständnis über die Möglichkeiten molekulargenetischer Methoden zu Grunde. Artabgrenzungen werden immer von Forschern als Ergebnisse der Untersuchung verschiedener Merkmalskomplexe (genetische Unterschiede, morphologische Unterschiede etc.) festgelegt. Sie sind damit bestenfalls eine Interpretation genetischer Daten. Genetische Daten selbst können kein Konzept einer Art ergeben, sie zeigen lediglich Unterschiede zwischen Arten an.

## 7.3 Barcoding kann nicht funktionieren, weil Experten fehlen

Dieses Argument wird verschiedentlich von Barcoding-Skeptikern geäußert, doch es ist kein echtes Argument gegen das Barcoding. Natürlich ist eine Barcoding-Datenbank immer nur so gut wie der Artenbestand, der ihr zu Grunde liegt. Wenn es keine Bearbeiter von Tiergruppen gibt oder diese kein genetisches Material zur Verfügung stellen können, ist die Gruppe in der BOLD-Datenbank nicht verfügbar. Doch es zeichnet sich jetzt schon ab, dass zum Beispiel wirtschaftlich wichtige Gruppen (z.B. Pflanzenschädlinge) mit Hochdruck bearbeitet werden und die oben genannten Nutzenanwendungen des Barcoding teilweise schon jetzt umfassend möglich sind. Wenn ein Forscher taxonomisch schwierige Insektengruppen in einer bisher unbearbeiteten Region neu bearbeiten will, kann sich das Barcoding für ihn zudem als sehr nützlich erweisen. Der Bearbeiter kann die Tiere, die er zum Beispiel aus Fallen erhält, vorab barcoden und erst dann morphologisch bearbeiten. Somit kann er bereits vorab abschätzen, welche Individuen zusammengehören oder auch welche Geschlechter zu einer Art gehören.

## 7.4 Barcoding macht klassische Taxonomen überflüssig

Dies ist ein weit verbreitetes Vorurteil, welches sehr leicht entkräftet werden kann. Das Barcoding wird vielleicht irgendwann das Determinieren erleichtern. Doch es wird, wie bereits weiter oben erwähnt, niemals Taxonomen überflüssig machen, weil es keine Aussagen über den Status von Arten liefert. Diese Aussagen können erst Forscher treffen, wenn sie die Gesamtheit der Fakten über eine Art bewerten. Taxonomen legen fest, welche genetischen Entitäten eine Art darstellen und welche nicht. Ein Prozentwert wird niemals dem Taxonomen seine Entscheidung abnehmen. Ganz im Gegenteil wird das Barcoding die Arbeit von Taxonomen deutlich erleichtern. Das zeigt auch die Praxis, weil ernstzunehmende und moderne taxonomische Arbeiten, insbesondere bei taxonomisch schwierigen Organismen, kaum noch ohne genetische Merkmale auskommen.

## 8. Das Bild des Taxonomen wandelt sich

Die Kritik des Barcoding ist auch vor einem anderen Hintergrund zu sehen. Die klassische Insektentaxonomie wurde vor allem in Mitteleuropa in der Vergangenheit überwiegend von Amateuren betrieben, die ohne aufwändige Laboreinrichtungen oder die Unterstützung großer Arbeitsgruppen einen Großteil der heute bekannten Fauna in Mitteleuropa beschrieben. Der „entomologische Amateur“ ist jedoch zunehmend selbst eine aussterbende Spezies, weil es kaum Nachwuchs gibt und viele der geschätzten Kollegen auf das Rentenalter zusteuern.

Gleichzeitig hat sich, ausgehend von den USA, in den letzten Jahrzehnten ein neuer Arbeitsstil in der systematischen Entomologie etabliert. Entomologen sind vielfach an Universitäten oder anderen wissenschaftlichen Einrichtungen beschäftigt, verfügen über ein naturwissenschaftliches Studium, modernes Wissen über Genetik und Evolution und bearbeiten taxonomische Fragen im Rahmen ihrer Diplom- oder Doktorarbeiten. Zudem haben sich die Methoden verändert: Raster-Elektronenmikroskop, aufwändige Computerprogramme zur Erstellung phylogenetischer Analysen sowie seit gut einem Jahrzehnt auch molekulargenetische Analysen gehören zum modernen Handwerkszeug eines taxonomisch arbeitenden Entomologen genauso wie das Einhalten wissenschaftlicher Standards beim Abfassen von Publikationen. Diese Veränderungen haben natürlich auch den einen oder anderen konventio-

nell arbeitenden Amateur-Entomologen verunsichert. Nicht nur in der Entomologie verursachen Veränderungen jedoch häufig Gegenwehr. Manche Kritik am Barcoding entspringt daher in Wirklichkeit dieser Angst vor Veränderungen, wie sich aus verschiedenen Publikationen und auch Gesprächen mit Kollegen unschwer herauslesen und -hören lässt. Zudem ist das Barcoding natürlich nur ein kleiner Teilbereich dessen, was an neuen Methoden in der Entomologie angewandt wird. Doch zum ersten Mal betrifft mit dem Barcoding eine molekulargenetische Methode die breite Masse der Arten in Mitteleuropa und kann nicht mehr ignoriert werden. Das ist das grundlegend Neue am Barcoding. Wir selbst sehen im Barcoding eine große Chance auch und gerade für die Amateurentomologie. Denn diese genoss in den letzten Jahrzehnten unter Wissenschaftskollegen ein eher geringes Ansehen. Das ist unseres Erachtens ein Hauptgrund dafür gewesen, dass immer mehr Lehrstühle in der biologischen Systematik in den letzten Jahren an den Unis verloren gingen. Doch über den breiten Einsatz molekulargenetischer Methoden (von denen das Barcoding nur eine ist) sowie anderer moderner Methoden ändert sich dieses Bild derzeit. Es ist zu hoffen, dass dieser Trend in der Zukunft anhält und die entomologische Taxonomie ihr altes Ansehen wieder zurückerhält und auch durch Drittmittel weiter gefördert wird. Für die Amateurentomologie liegt hier eine grosse Chance. Denn die (immer noch) wenigen professionellen Entomologen an wissenschaftlichen Einrichtungen sind dringend auf Amateure angewiesen, was Artenkenntnis, Material und praktische Unterstützung betrifft. Das zeigt sich im aktuellen Barcodingprojekt jetzt schon sehr deutlich, nutzen wir doch die Ressourcen zahlreicher „Amateure“ zur Materialbeschaffung, aber auch zur Determination kritischer Taxa.

Und Amateure ihrerseits können von diesem neuen Trend profitieren, indem sie mit Museen und anderen wissenschaftlichen Einrichtungen kooperieren und dort zum Beispiel genetische Analysen ihrer Spezialgruppen durchführen lassen oder hochwertige optische Ausrüstungen nutzen, um Fotos zu erstellen. Sie erhalten damit die Möglichkeit, auch als Privatperson hochwertige wissenschaftliche Arbeiten zu publizieren, vielleicht verstärkt durch einen Coautor der betreffenden Einrichtung.

## 9. Unsere abschließende Bewertung und Ausblick

Als Fazit einer inzwischen dreijährigen Erfahrung mit dem „Barcoding Fauna Bavarica“ Projekt können wir feststellen, dass die bisherigen Ergebnisse unsere Erwartungen in großem Maße übertroffen haben. Auch wir waren anfangs skeptisch und sind inzwischen nur noch begeistert von den Möglichkeiten, die aktuelle Taxonomie abzubilden und zu erweitern. Natürlich lassen sich nicht alle Probleme damit lösen. Doch das wussten wir bereits vor dem Projekt, und wir hatten ganz im Gegenteil nicht erwartet, dass der Anteil ungelöster Arten bei den als gut bearbeitet geltenden Gruppen nur so gering ist, wie es sich bisher abzeichnet.

Als Ausblick zeigen wir kurz auf, wo die Reise für das Projekt „Barcoding Fauna Bavarica“ und angeschlossener Projekte hingehen wird.

- In den nächsten drei Jahren werden wir verstärkt daran arbeiten, vor allem im Ergänzungsprojekt „German Barcode of Life“ die deutsche Fauna so weit als möglich zu erfassen und auch Material aus den großen Regionen in Deutschland Norden, Süden, Osten und Westen berücksichtigen. Damit hoffen wir, weitere Zwillingsarten zu entdecken, die über die drei klassischen Einwanderungspforten Südwesten (von Südfrankreich), Südosten (über die Donau) und Osten (über Polen) zu uns kommen. Gleichzeitig werden wir in diesem Rahmen auch Arten der Nachbargebiete berücksichtigen, um der aktuellen Faunenveränderung (Einwanderung mediterraner Arten) Rechnung zu tragen. Durch die breitere geographische Abdeckung werden wir genetische Variabilität innerhalb einer Art besser verstehen können.
- Parallel arbeiten wir daran, Stechimmenarten aus der westlichen und mittleren Paläarktis zu barcoden. Hierfür kooperieren wir mit weiteren Stechimmenforschern (bzw. suchen solche). Ziel ist es, die BOLD-Datenbank möglichst umfangreich zu gestalten. Ein aktuelles Projekt ist zum Beispiel das Barcoding der Stechimmenfauna der Vereinigten Arabischen Emirate.
- Aus den bisherigen Ergebnissen zeichnen sich bereits mehrere Artengruppen ab, die eine tiefer gehende Revision erforderlich machen. Soweit als möglich, werden wir von diesen Artengruppen größere Stückzahlen barcoden. Wir sehen es als unsere Aufgabe an, die Daten und Möglichkeiten für Kollegen zur Verfügung zu stellen, die sich in Zukunft mit diesen Themen beschäftigen wollen.

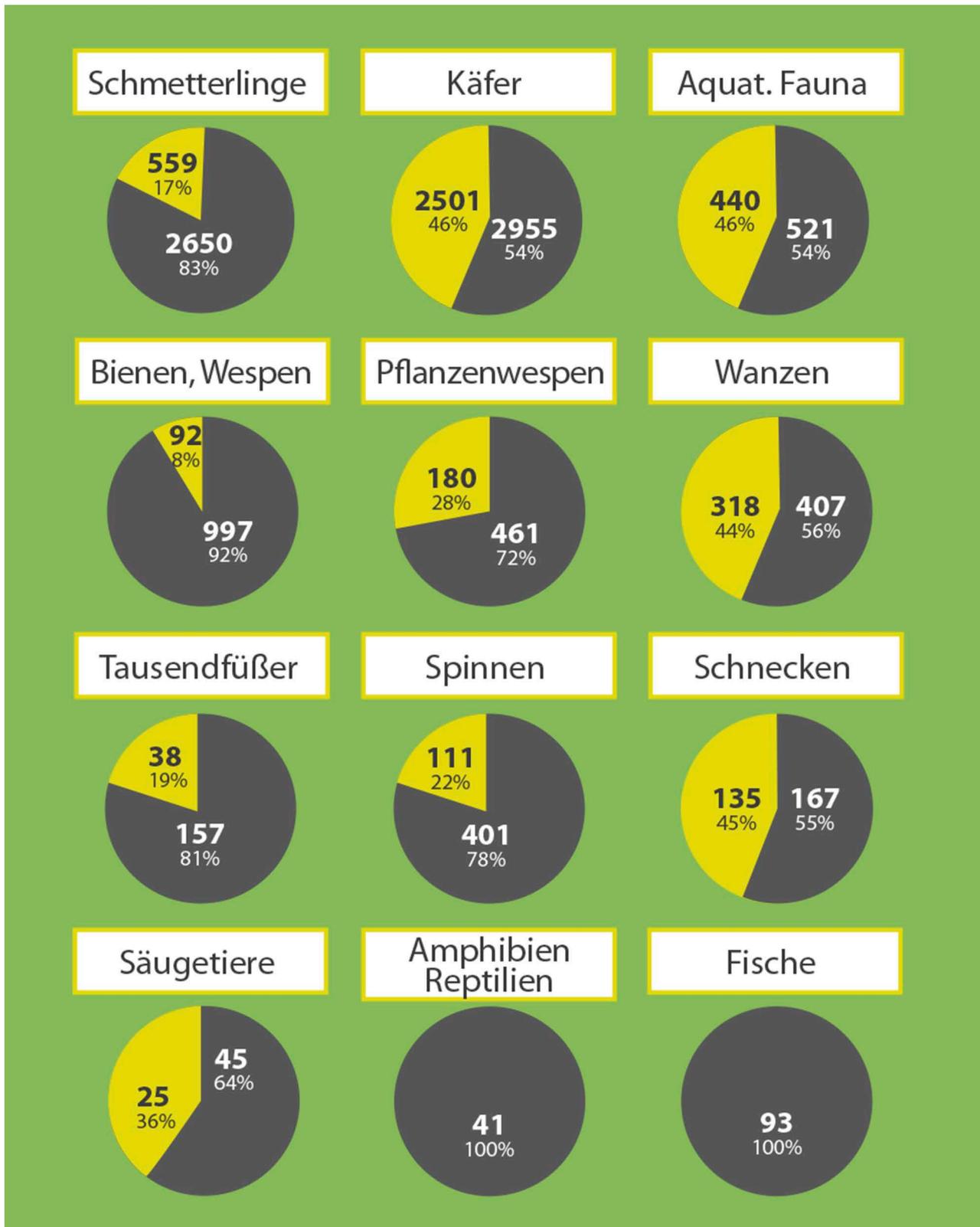


Abb. 7: Anteil der bayerischen Tierarten, für die bereits ein DNA-Barcode vorliegt (ausgewählte Tiergruppen).  
 Grau = Anteil bereits sequenzierter Arten, Gelb = Anteil noch fehlender Arten (Grafik: Jasminka Krobot).

- Zusätzlich besteht unsere Vision darin, künftige Taxonomen darin zu unterstützen, bei Revisionen und Neubeschreibungen Barcoding als Standardmethode zu verwenden und DNA Barcodes in die Beschreibung von Arten zu integrieren. Dabei sollen und können sie natürlich auf die bestehenden BOLD-Daten und unsere Voucherexemplare zurückgreifen.

Natürlich ist das Barcoding – die Analyse des COI-Gens – nur ein erster Schritt. In Zukunft ist zu erwarten, dass weitere Gene in solche Analysen mit einbezogen werden, vor allem um kritische Artengruppen zu klären oder verwandtschaftliche Beziehungen zwischen den Arten zu klären.

## 10. Danksagung

Wir danken Axel Hausmann für die konstruktive Durchsicht des Manuskripts.

## 11. Literatur

- Bergsten, J., Bilton, D. T., Fujisawa, T., Elliott, M., Monaghan, M. T., Balke, M., Hendrich, L., et al. (2012): The Effect of Geographical Scale of Sampling on DNA Barcoding. *Systematic Biology* 61(5): 851–869. [▶ http://sysbio.oxfordjournals.org/content/61/5/851.full.pdf+html](http://sysbio.oxfordjournals.org/content/61/5/851.full.pdf+html).
- Buck, M., T.P. Cobb, J.K. Stahlhut & R.H. Hanner (2012): Unravelling cryptic species diversity in eastern Nearctic paper wasps, *Polistes (Fuscopolistes)*, using male genitalia, morphometrics and DNA barcoding, with descriptions of two new species (Hymenoptera: Vespidae). *Zootaxa* 3502: 1 – 48.
- Hausmann, A. (2011): An integrative taxonomic approach to resolving some difficult questions in the Larentiinae of the Mediterranean region (Lepidoptera, Geometridae). – *Mitteilungen der Münchner Entomologischen Gesellschaft* 101: 73 – 97.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003): Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings Biological sciences / The Royal Society*, 270(1512): 313 – 321.
- Kunz, W. (2009): Ist die Technik des DNA-Barcodings wirklich die Zukunft der Taxonomie? *Acta Biologica Benrodis* 15 (2008/2009): 101 – 139.
- May, R.M. (1992): How many species inhabit the earth? *Scientific American* 10: 18–24.
- Mora, C., Tittensor, D.P., Adl, S., Simpson, A.G.B., Worm, B. (2011): How Many Species Are There on Earth and in the Ocean? *PLoS Biology* 9(8). [▶ http://www.plosbiology.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pbio.1001127](http://www.plosbiology.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pbio.1001127).
- Sann, M, M. Gerth, C. Venne, R. Tiedemann & C. Bleidorn (2011): Molekulare und morphologische Untersu-

chungen zum Status des *Nomada alboguttata* (Apiformes) Artkomplexes. *Ampulex* 2: 65 – 72.

- Smith, M. A., Bertrand, C., Crosby, K., Eveleigh, E. S., Fernandez-Triana, J., Fisher, B. L., Gibbs, J., et al. (2012): *Wolbachia* and DNA Barcoding Insects: Patterns, Potential, and Problems. (J. H. Badger, Ed.) *PLoS ONE*, 7(5). [▶ http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0036514](http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0036514).

Mehr Informationen zum Barcoding auf [▶ http://www.faanabavarica.de](http://www.faanabavarica.de)



# The oriental mud-dauber wasp *Chalybion bengalense* (Dahlbom) introduced in Italy (Hymenoptera, Sphecidae)

Maurizio Mei<sup>1</sup>, Giorgio Pezzi<sup>2</sup>, Remo De Togni<sup>3</sup>, Umberto Devincenzo<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Università di Roma "Sapienza", Dipartimento Biologia e Biotecnologie "Charles Darwin", Entomologia | Piazzale Valerio Massimo 6 | 00162 Roma | Italy | maurizio.mei@uniroma1.it

<sup>2</sup> Società Di Storia naturale della Romagna | Cesena | Italy | pzzgrg@libero.it

<sup>3</sup> c/o Museo Civico di Storia Naturale | Via Lungadige Porta Vittoria 9 | 37129 Verona | Italy

<sup>4</sup> Via Bassa Campagnano 170/17 | 45020, Giacciano con Baruchella | Rovigo | Italy

## Zusammenfassung

Maurizio Mei, Giorgio Pezzi, Remo De Togni, Umberto Devincenzo: **Die orientalische Mörtelwespe *Chalybion bengalense* (Dahlbom) eingeführt in Italien (Hymenoptera, Sphecidae).** Der erste Nachweis der orientalischen Mörtelwespe *Chalybion bengalense* (Dahlbom, 1845) in Italien und Europa wird vorgestellt und diskutiert. Die Art ist inzwischen in der Region Veneto im Nordosten Italiens etabliert.

## Summary

The first evidence of the introduction of the oriental mud-dauber wasp *Chalybion bengalense* (Dahlbom, 1845) in Italy and Europe is presented and discussed. The species is by now established in Verona and Rovigo provinces (Veneto region, Northeastern Italy).

## Introduction

The mud dauber wasp *Chalybion bengalense* (Dahlbom, 1845) is perhaps the most widespread species of the genus. It has been recorded from the Eastern coasts of Africa, the Sinai Peninsula, Oman and Iraq, eastward through India, China, Japan, Indonesia and the Philippines, to New Guinea and Australia (Hensen 1988; Pulawski 2012). Throughout this range, the species is also known from most islands and archipels in the Indian and the Pacific oceans. Very recently, moreover, *C. bengalense* has been found also in Florida, U.S.A. (Halbert 2009). Like the other species of the genus whose habits are known (see Bohart & Menke 1976, for a review), this wasp nests in preexistent cavities, very often vacated nests of other mud-dauber wasps and bees, and hunts spiders to provision the cells (Dutt 1912; Friederichs 1918; Bohart & Menke 1976; Sundhendrakumar & Narendran 1989).

In the present note we discuss the first record of *C. bengalense* from Europe, providing evidence of the introduction and the establishment of this sphecid in Italy.

## Examined material

1 ♀, Verona, Legnago, Porto nord, left bank of the river Adige, (45°12'09.76"N 11°18'02.40"E), 08.07.2008, R. De Togni leg.; 2 ♂♂, Verona, Legnago, Vigo, (45°10'18.25"N 11°20'02.37"E), 16.07.2008, R. De Togni leg.; 1 ♂ 1 ♀, Verona, Legnago nord, (45°12'03.44"N 11°17'40.83"E), 17.06.2009, R. De Togni leg.; 1 ♂ 1 ♀, Verona, Legnago, Vigo, right bank of the river Adige, (45°10'18.25"N 11°20'02.37"E), 19.06.2009, R. De Togni leg.; 4 ♂♂ 3 ♀♀, Verona, Legnago, S. Pietro, Peschiere, (45°11'49.11"N 11°15' 46.29"E), 10-15.07.2011, reared from nest, R. De Togni leg.; 1 ♀, Verona, Cerea (45°11'37.52"N 11°12'30.75"E), 11.07.2011, R. De Togni leg.; 1 ♂, Verona,

Oppeano, Ca' degli Oppi, (45°17'41.78"N 11°08'03.53"E), 30.VII.2011, A. Sette leg.; 1 ♂, Rovigo, Giacciano con Baruchella, (45°3'52.40"N 11°27'17.02"E), VI.2011, on flowers of *Ziziphus ziziphus* Miller, U. Devincenzo leg. Some of these specimens are in the collections of M. Mei, G. Pezzi and G. Pagliano (Turin), the others, together with the mud nest, will be deposited in the Museo Civico di Storia Naturale of Verona.

**Notes.** Most of the specimens were collected while feeding on flowers of Jujube (*Ziziphus ziziphus*), in full sun and in the hottest hours of the day, but always in close proximity of buildings. The species has never been observed in open countryside. In the site of Giacciano con Baruchella, several *C. bengalense* were observed feeding on the same Jujube tree and, in several occasions, individuals were seen entering buildings in the town. Furthermore, several specimens were observed flying around potted shrubs of boxwood (*Buxus sempervirens* Linné) in the cemetery of Sanguinetto (45°11'20.35"N 11°08'52.21"E), near the town of Cerea, about 12 km west of Legnago. It is most likely that a specimen published by Sanna (2010), found in the town of Bovolone (Verona) (45°15'31.04"N 11°07'11.38"E), 16 km NW of Legnago, belongs to this species as well. A pair from Legnago and some morphological details are figured (figs. 1-2).

The studied nest was made in a old, vacated mud-nest of a species of *Sceliphron* Klug, 1801, very likely of *Sceliphron caementarium* (Drury, 1773), another invasive sphecid that is by now the most common mud-dauber species at low altitude in the Adige and Po plains and in most of Northern Italy (pers. obs.). The nest was found inside a room once used as a stable, attached behind a cupboard. From the same nest emerged also 6 ♂♂ and 2 ♀♀ of the ichneumonid *Acroricnus seductor* (Scopoli, 1786) (see below).



Fig. 1: *Chalybion bengalense* (Dahlbom), ♂ and ♀ from Legnago (Verona, Italy).

## Discussion

*C. bengalense* is the fourth exotic mud-dauber wasp to become established in Europe over the last few decades (Bitsch 2010; Pulawski 2012), the three other belonging to the related genus *Sceliphron*: *S. caementarium*, *S. curvatum* (Smith, 1870) and *S. deforme* (Smith, 1856). These wasps show a considerable dispersal potential and a tendency to invasiveness. They live often in association with human settlements, and their nests, often constructed on human artifacts, are very easily transported also over considerable distances (see, for example: Harris 1992; Cetkovic et al. 2011; Schmid-Egger, 2005). *C. bengalense* in particular, is known to use almost every suitable natural or artificial cavities for its nests that consist often in only a few cells (Dutt 1912; Sundhendrakumar & Narendran 1989), and this certainly increases the chances of accidental introduction through human activities.

All the above mentioned records are from localities scattered over a distance of about 40 km in the plain of the Adige river, between the cities of Verona and Rovi-

go (Veneto region, Northeastern Italy). In this area the species has been collected and observed more or less regularly at least through the last four years, and can be considered by now well established. It will be interesting to observe the dynamics of this population and see if and when the species will expand in the future in other areas.

The ichneumonid parasitoid *Acroricnus seductor* reared from the nest collected from Legnago, is a common West Palaearctic species and a well known parasite of *Sceliphron spirifex* (Linné, 1758) and *S. destillatorium* (Illiger, 1807) (Frilli 1966; Yu et al. 2005). It has been also recorded from nests of *Sceliphron caementarium* in Italy and possibly France (Campadelli et al. 1999; Carrière 2003). Up to now, the only known parasitoids of *Chalybion* spp. are species in the families Leucospididae and Eulophidae (Hymenoptera, Chalcidoidea) and only the eulophid *Melittobia assemi* Dahms, 1984 as been recorded as parasite of *C. bengalense* (Noyes, 2011). In the observed nest, 8 out of 16 cells were occupied by *Acroricnus*, whose adults emerged in the same period

as the *Chalybion* adults. We think there is the possibility that *Chalybion* was the actual host of the ichneumonid, but as by the present evidence we cannot rule out with certainty a parasitism on *Sceliphron*, we defer to future research the study of this problem.

Six species of *Chalybion* s. str., including *C. bengalense*, are known so far to occur in Europe (Bitsch 2010; Pulawski 2012); we do not take into account here an odd record of *C. zimmermanni* Dahlbom, 1843, an american species collected once in Belgium (Bitsch et al. 1997). Two of these species, *C. flebile* (Lepeletier, 1845) and *C. omissum* (Kohl, 1889), were already recorded also from Italy, where they have a rather marginal distribution. *C. flebile* is known from the islands of Sardinia and Sicily while *C. omissum* is present only in the Friuli region (Negrisolò & Pagliano, 2005), at the very north east of the country, not far from the area where *C. bengalense* have been discovered.

### Key to the species of *Chalybion* (Dahlbom) s. str. occurring in Europe

See also Hensen, 1988. The male of *C. klapperichi* is still unknown.

- 1. Females (12 antennal segments) . . . . . **2**
  - Males (13 antennal segments) . . . . . **7**
- 2. Fourth metasomal sternite with a large patch of micro-pubesence covering at least its posterior half . . . . . **3**
  - Fourth metasomal sternite without micro-pubesence or with only a small patch on anterior half . . . . . **6**
- 3. Propodeal dorsum longitudinally striate on posterior half. Afghanistan, Greece . . . . . **klapperichi** (Balthasar)
  - Propodeal dorsum transversely striate on all its length . . . . . **4**
- 4. Clypeus with three broad apical lobes of nearly equal width (further lateral lobes absent); anterior part of the metapleuron weakly punctured, shiny, contrasting with the coarsely sculptured mesopleuron, posterior part striate. Rhodes, Turkey to Kazakhstan . . . . . **walteri** (Khol)
  - Outer lobes of clypeus present, though sometimes small; median lobe often narrower than submedian ones; sculpture of the anterior part of metapleuron nearly as strong as that of mesopleuron . . . . . **5**

- 5. Petiolus nearly as long as hind basitarsus; lateral lobes of clypeus as strong as the submedian; claws of hind legs without inner subbasal tooth. Greece, Turkey . . . . . **minos** (De Beaumont)
  - Petiolus much shorter than hind basitarsus; median lobe of clypeus much narrower than submedian ones; claws of the hind legs with inner subbasal tooth. Italy and Balcans to Israel . . . . . **omissum** (Kohl)
- 6. Metapleuron transversely striate; clypeus longer than shortest interocular distance across clypeus, the median lobe as wide as submedian; fourth sternite without patch of micro-pubesence. Mediterranean region to Arabia and Pakistan . . . . . **fleBILE** (Lepeletier)
  - Metapleuron not striate; clypeus shorter than shortest interocular distance across clypeus, the median lobe usually distinctly narrower than submedian (Fig. 2a); fourth sternite with a small patch of micro-pubesence on its anterior half. East Africa, Oriental Region to New Guinea, Australia, Italy . . . . . **bengalense** (Dahlbom)
- 7. Eighth metasomal sternite with narrow apical process; flagellum without placoids on fourth and fifth segment . . . . . **8**
  - Eighth metasomal sternite more or less triangular; placoids also on fourth and fifth segment. . . . . **10**
- 8. Petiolus much shorter than hind basitarsus; flagellum with placoids on eighth and ninth segment only. Italy and Balcans to Israel . . . . . **omissum** (Kohl)
  - Petiolus nearly as long as hind basitarsus; flagellum with placoids also on sixth and seventh segment . . . . . **9**
- 9. Metapleuron strongly transversely striate; mesopleuron very densely punctate; placoids on sixth to ninth segment. Greece, Turkey . . . . . **minos** (De Beaumont)
  - Metapleuron not striate; mesopleuron less densely punctate, with well defined smooth interspaces; placoids on fifth (or sixth) to ninth segment . (Fig. 2b, c, d) East Africa, Oriental Region to New Guinea, Australia, Italy . . . . . **bengalense** (Dahlbom)
- 10. Clypeus with three small pointed teeth, as long as shortest interocular width across clypeus. Mediterranean region to Arabia and Pakistan . . . . . **fleBILE** (Lepeletier)
  - Clypeus with three broad and rounded teeth, shorter than interocular width across clypeus. Rhodes, Turkey to Kazakhstan . . . . . **walteri** (Khol)

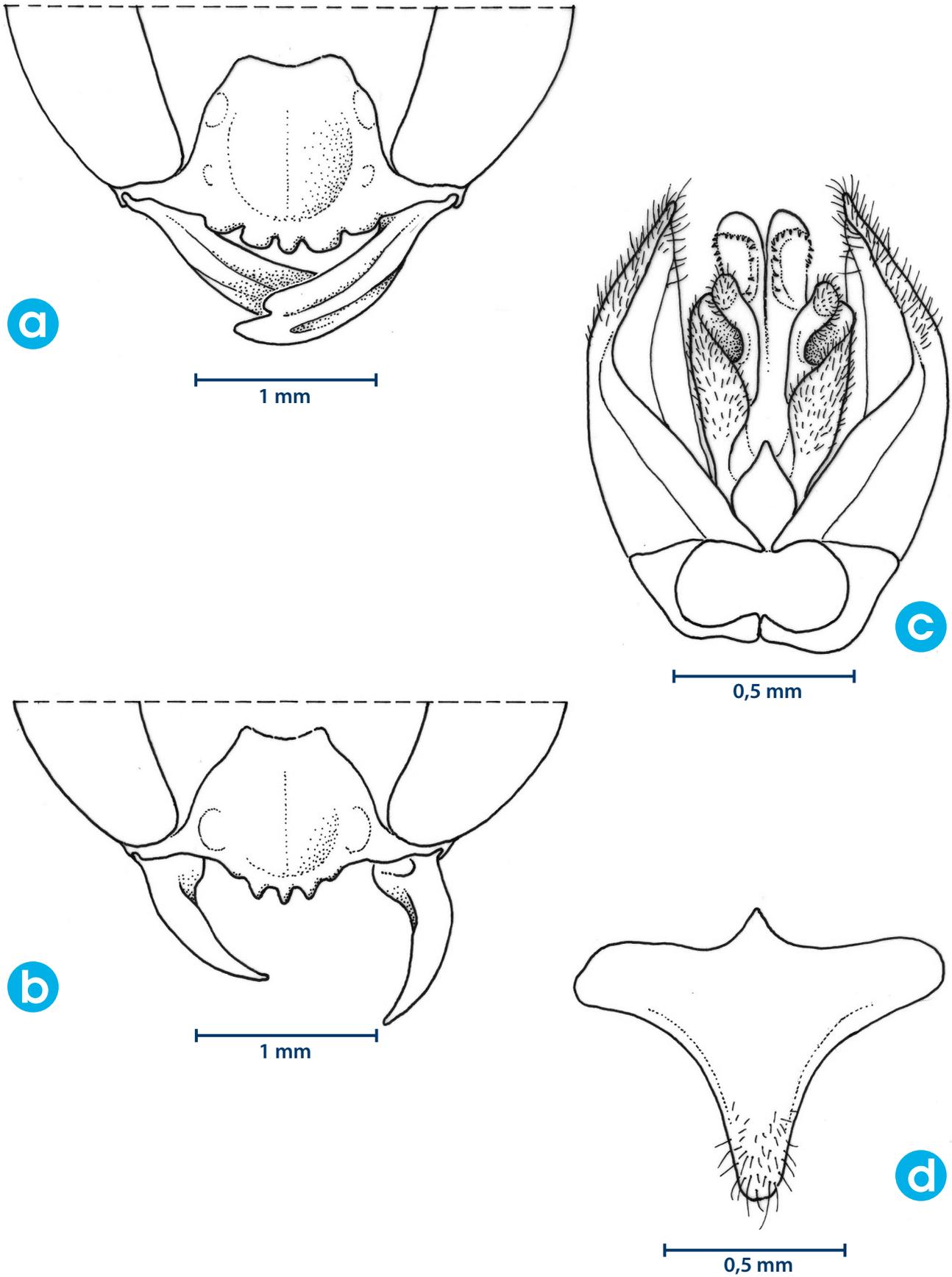


Fig. 2: *Chalybion bengalense* (Dahlbom). ♀ from Legnago (Verona, Italy) a: clypeus. ♂ from Oppeano (Verona, Italy) b: clypeus; c: genitalia, ventral view; d: eighth sternite.

## References

- Bitsch, J. (2010). Compléments au volume 2 des Hyménoptères Sphecidae d'Europe occidentale (Faune de France 82). *Bulletin de la Société entomologique de France*, 115 (1): 99 – 136.
- Bitsch, J., Barbier, Y., Gayubo, S. F., Schmidt, K., Ohl, M. (1997). Hyménoptères Sphecidae d'Europe occidentale. Volume 2. *Faune de France* 82: I-V 1 – 429.
- Campadelli, G., Pagliano, G., Scaramozzino, P.L., Strumia, F. (1999). Parassitoidi e inquilini di *Sceliphron caementarium* (Drury, 1773)(Hymenoptera: Sphecidae) in Romagna. *Bollettino del Museo regionale di Scienze naturali*, Torino, 16: 225 – 240.
- Carrière, J. (2003) Les Pèlopees de Saint-Michel du Bagas: Notes diverses de terrain (Hymenoptera, Sphecidae). *Lambillionea*, 103: 419 – 426.
- Četković, A., Mokrousov, M. V., Plečas, M., Bogush, P., Antić, D., Dorović-Jovanović, L., Krpo-Četković, Karaman, M.(2011). Status of the potentially invasive asian species *Sceliphron deforme* in Europe, and an update on the distribution of *S. curvatum* (Hymenoptera: Sphecidae). *Acta entomologica serbica*, 16 (1/2): 91 – 114.
- Dutt, G.R. (1912). Life histories of Indian insects (Hymenoptera). Memoirs of the Department of Agriculture in India. *Entomological Series* 4:183 – 267.
- Friederichs, K. (1918). Beobachtungen über einige solitäre Wespen in Madagascar. *Mitteilungen aus dem Zoologischen Museum in Berlin* 9 (1): 27 – 50, pls. 1 – 3.
- Frilli, F. (1966). Studi sugli imenotteri Ichneumonidi. II. Revisione delle specie europee e mediterranee del genere *Acroricnus* Ratzenburg (Cryptinae). *Entomologica*, 2: 1 – 20
- Halbert, S. E. (2009). *Chalybion bengalense* (Dahlbom) (a mud-dauber wasp), a Western Hemisphere record. *Tri-ology*, Entomology section, 48 (4): 11. ► [http://www.freshfromflorida.com/pi/enpp/triology/4804/triology\\_4804.pdf](http://www.freshfromflorida.com/pi/enpp/triology/4804/triology_4804.pdf).
- Hensen, R. V. (1988). Revision of the nominate subgenus *Chalybion* Dahlbom (Hymenoptera, Sphecidae), *Tijdschrift voor Entomologie*, 131: 13 – 64.
- Noyes, J.S. (2011). Universal Chalcidoidea Database. World Wide Web electronic publication. ► <http://www.nhm.ac.uk/chalcidoids> (database last updated June 2012)(accessed october 2012)
- Pagliano, G., E. Negrisolò (2005). Hymenoptera, Sphecidae. *Fauna d'Italia*, vol XL, I-XI + 559 pp.
- Pulawski, W. J. (2012). Catalog of Sphecidae s. l. (= Apoidea excluding Apidae), Genus *Chalybion* Dahlbom. Last updated 18 october 2012 [http://research.calacademy.org/sites/research.calacademy.org/files/Departments/ent/sphecidae/Genera\\_and\\_species\\_pdf/Chalybion.pdf](http://research.calacademy.org/sites/research.calacademy.org/files/Departments/ent/sphecidae/Genera_and_species_pdf/Chalybion.pdf) (accessed october 2012)
- Sanna, F. (2010) *Chalybion* cf. *omissum* (Sphecidae). [posted by: "Kiko"] Available from: ► [http://www.naturamediterraneo.com/forum/topic.asp?TOPIC\\_ID=103366](http://www.naturamediterraneo.com/forum/topic.asp?TOPIC_ID=103366) (accessed october 2012)
- Schmid-Egger, C. (2004). *Sceliphron curvatum* (F. Smith 1870) in Europa mit einem Bestimmungsschlüssel für die europäischen und mediterranen *Sceliphron*-Arten (Hymenoptera, Sphecidae). *BembiX* 19: 7 – 28.
- Sundhendrakumar, V.V., T.C. Narendran (1989). Biology and behaviour of *Chalybion bengalense* (Dahlbom) (Hymenoptera: Sphecidae). *Entomon* 14:147 – 152.
- Yu, D.S., K. van Achtemberg, K. Horstmann (2005). World Ichneumonoidea 2004. Taxonomy, biology, morphology and distribution. Taxapad CD. Vancouver, Canada

# First records of *Pison carinatum* R. Turner, 1917 from Italy and Greece (Hymenoptera, Crabronidae)

Filippo Di Giovanni, Maurizio Mei

Università di Roma "Sapienza", Dipartimento Biologia e Biotecnologie "Charles Darwin", Entomologia | Piazzale Valerio Massimo 6 | 00162 Roma | Italy | maurizio.mei@uniroma1.it

## Zusammenfassung

Filippo Di Giovanni, Maurizio Mei: **Erstnachweise der Grabwespe *Pison carinatum* R. Turner, 1917 aus Italien und Griechenland (Hymenoptera, Crabronidae).** Die Grabwespe *Pison carinatum* R. Turner wird zum ersten Mal aus Griechenland und Italien gemeldet.

## Summary

The crabronid wasp *Pison carinatum* R. Turner is recorded for the first time from Greece and Italy.

*Pison carinatum* R. Turner is one of the four species of the genus *Pison* Jurine present in the Mediterranean basin (de Beaumont 1961). It is easily distinguishable from the others by the relatively small size; the finely punctate and almost matt integument; the presence of lateral carinae on propodeum; the propodeal dorsum finely and obliquely ridged; the female clypeus with truncated apical margin and a short median keel; the elongated and pointed male VIII abdominal sternite (de Beaumont 1961; Bitsch et al. 2007). Both sexes are black, with short silver pubescence, especially developed on propodeum and apical part of the abdominal tergites, and the ♂ shows a characteristic orange-red coloration of last abdominal segments (fig. 1). *Pison carinatum* it's a widespread species, known from most part of Sub-Saharan Africa, the Arabic Peninsula, and from the eastern Mediterranean Basin, Egypt, Israel and Cyprus. (Pulawski 2012; Schmid-Egger 2011). These are the first records from Greece and Italy, and they are likely evidence of a recent extension into the west Mediterranean Region of the range of this species.

**Examined material. Greece:** Calcidica, Vasilika, 2♀♀, 7.VIII.2007, L. Fancello leg. **Italy:** Lazio, Roma, S. Paolo Fuori le Mura (41°51'24.80"N - 12°28'44.00"E), 1♂, 3.VII.2010, F. Di Giovanni leg.; same data: 1♂, 5.VII.2010; 2♂♂ 1♀, 29.VII.2010; 2♂♂, 3.VIII.2010; 1♂, 15.VIII.2010; 6♂♂ 1♀, 18.VII.2011.

The specimens from Rome were collected during summer time in urban environment, on the leaves of a potted lemon tree on a large terrace. The wasps were probably attracted by mealybugs sugary secretion on the tree leaves, together with other crabronid wasps such as *Crosocerus elongatulus* (Vander Linden), *Psenulus pallipes* (Panzer), *Diodontus minutus* (Fabricius) and *Spilomena mocsaryi* Kohl. Specimens from Greece were collected with yellow pans, but no further information on the collecting circumstances and on the site is available to us.

## References

- Bitsch, J., Dollfuss, H., Bouček, Z., Schmidt, K., Schmid-Egger, C., Gayubo, S. F., Antropov, A.V., Barbier, Y. (2007): Hyménoptères Sphecidae d'Europe Occidentale. Vol. 3. Faune de France, 86, 479 pp.
- De Beaumont, J. (1961): Les espèces méditerranéennes du genre *Pison* Jur. (Hym. Sphecid.). *Mitteilungen der Schweizerischen Entomologischen Gesellschaft*, 34 (1): 53-56.
- Pulawski, W. J. (2012): Catalog of Sphecidae s. l. (= Apoidea excluding Apidae), Genus *Pison* Jurine. ► [http://research.calacademy.org/sites/research.calacademy.org/files/Departments/ent/sphecidae/Genera\\_and\\_species\\_pdf/Pison.pdf](http://research.calacademy.org/sites/research.calacademy.org/files/Departments/ent/sphecidae/Genera_and_species_pdf/Pison.pdf). Last updated 22 January 2012.
- Schmid-Egger, C. (2011): Order Hymenoptera, families Crabronidae and Sphecidae. In: *Arthropod fauna of the UAE*, 4: 488-608.



Abb. 1: *Pison carinatum* R. Turner, lateral view of a male from Rome (Italy) (Photo: Maurizio Mei).

## Hymenoptera: Formicidae – Vespidae (Steklar: Myror – getingar)

**P. Douwes, J. Abenius, B. Cederberg und U. Wahlstedt. Nationalnyckeln Till Sveriges Flora och Fauna, Uppsala, 2012, 382 Seiten. 350 SK (schwedische Kronen), ca. 41 Euro zzgl. Porto**

Zum Blättern im Web unter ► [http://www.nationalnyckeln.se/sv/bokverket/publicerade\\_volym/Myror-och-getingar/Smakprov-ur-Nationalnyckeln-Steklar-Myrorgetingar/](http://www.nationalnyckeln.se/sv/bokverket/publicerade_volym/Myror-och-getingar/Smakprov-ur-Nationalnyckeln-Steklar-Myrorgetingar/)



Für Freunde der schwedischen Sprache möchte ich auf ein wirklich hervorragendes Werk aufmerksam machen, welches die Faltenwespen- und Ameisenfauna Skandinaviens behandelt. Das Buch wirkt bereits auf den ersten Blick großartig: Im Format etwas größer als DIN A4, fast 400 Seiten stark, und auf jeder Seite hochwertige Abbildungen und Fotos. Das Werk beginnt mit einer ausführlichen Einleitung und Beschreibung der Lebensweise etc. der beiden behandelnden Gruppen. Dann folgt ein Bestimmungsschlüssel jeweils für die Ameisen und die Faltenwespen, bei dem nahezu jedes Merkmal mit hochwertigen Fotos dargestellt ist. Anschließend folgen Artensteckbriefe, die neben einem halb- bis ganzseitigen Text eine schraffierte Verbreitungskarte in Skandinavien sowie Total- und Detailaufnahmen umfassen. Bei den sozialen Faltenwespen

finden sich zudem zahlreiche Fotos von Nestern. Am Ende des Buches finden sich zusätzlich Punkteverbreitungskarten sowie weitere Übersichtsfotos von Faltenwespenköpfen und anderen wichtigen Merkmalen. Das Werk überzeugt auf den ersten Blick alleine durch seine Aufmachung. Sein einziges Manko ist die Sprache, weil es mit Ausnahme der Bestimmungsschlüssel komplett auf Schwedisch abgefasst ist. Doch auch wenn ich den Inhalt wegen fehlender Sprachkenntnisse nicht beurteilen kann, wirkt der Text durchweg fundiert, ausführlich und solide. Neben dem Vorwort prangt zudem ein ganzseitiges Foto von Kronprinzessin Viktoria, wohl Schirmherrin des Projektes. Ich kann das Buch daher jedem empfehlen, der sich für Stechimmen interessiert und gut aufgemachte Bücher liebt. Vielleicht können sich die Autoren ja auch noch zu einer englischsprachigen Ausgabe entschließen. Auf der oben genannten Website gibt es die Möglichkeit, schon mal im Buch zu blättern oder es zu bestellen. Alternativ kann man auch den schwedischen Titel bei Google eingeben.

Christian Schmid-Egger

## Wildbienenenschutz – von der Wissenschaft zur Praxis

**Antonia Zurbuchen, Andreas Müller (2012). 162 Seiten. Bristol-Schriftenreihe 33. 34,90 Euro (A: 35,90 Euro, CH: 36 CHF). ISBN 978-3-258-07722-2**

Eine Pflichtlektüre für alle, die sich mit Wildbienen und deren Schutz beschäftigen, ist diese wichtige Neuerscheinung. Fundiert und kompakt werden die relevanten Fragestellungen zum Thema Wildbienenenschutz herausgearbeitet und analysiert. In Zeiten, in denen die Bestäubungskrise in weiten Kreisen der Gesellschaft vor allem mit einem Fokus auf die Honigbiene diskutiert wird, ist eine Betrachtung der immensen Bedeutung und damit auch der Schutzwürdigkeit von Wildbienen sehr wichtig. Die beiden schweizer Autoren aus der Arbeitsgruppe Angewandte Entomologie der ETH Zürich geben eine hervorragende Synopsis über den aktuellen Stand der internationalen Wildbienen-Forschung zu diesem Themenkomplex. Gerade in den letzten Jahren sind hier viele neue Erkenntnisse gewonnen worden.

Besonders gelungen ist die Zusammenführung vieler, meist quantitativer Ergebnisse aus der umfangreichen Primärliteratur in Infografiken oder übersichtliche Tabellen.

Jedes Hauptkapitel ist in die vier Unterkapitel *Hintergrund*, *Wissenschaftliche Erkenntnis*, *Schutzmaßnahmen* und *Forschungsbedarf* gegliedert. Biologische Grundlagen werden praxisnah in Hinblick auf den Wildbienenenschutz analysiert, mit Beispielen bereichert und offene Fragestellungen genannt.



Für Planungsbüros, Naturschutzbehörden, Naturschutzorganisationen, gutachterlich tätige Apidologen und alle Personen, denen die Förderung einer artenreichen Wildbienenfauna wichtig ist, liegt nun ein den „Westrich“ ergänzendes Grundlagenwerk mit wichtigen Anregungen für ihre Arbeit vor. Abgerundet wird das Buch durch einige hervorragende Fotos von Albert Krebs und einer ausführlichen Literaturliste, die zum weiteren Studium anregt.

Rolf Witt

## Grabwespen

**Manfred Blösch, Westarp Wissenschaftsverlag 2012, 219 Seiten. 19,95 Euro.**



Manfred Blösch ist dem Leser bekannt durch sein Grabwespenbuch, welches 2000 in der Reihe „Die Tierwelt Deutschland“ erschienen ist. Jetzt hat der Autor nachgelegt mit einem kleinen Fotonachschlagewerk, welches ebenfalls einen schnellen und guten Überblick über die deutsche Grabwespenfauna bietet. Auf 219 Seiten listet der Autor alle 246 Grabwespenarten auf und stellt 137 Arten in ausführlichen und bebilderten Artenportraits da. Viele Arten werden dabei in beiden Geschlechtern abgebildet, fast alle Arten in Lebendfotos. Das Portrait umfasst die Rubriken Kennzeichen, Größe, Flugzeit, Verbreitung, Lebensraum und Lebensweise. Diese Informationen erlauben eine schnelle Orientierung über die Arten, wobei eine Bestimmung anhand der Fotos und Beschreibungen in vielen Fällen kaum oder nicht möglich ist. Der Text ist durchweg aktuell und gut. Das Buch ist jeden Stechimmenfreund sehr zu empfehlen und eignet sich gut zur Mitnahme ins Gelände, weil es bereits im handlichen Taschenformat gedruckt wurde.

Christian Schmid-Egger

## Hinweise für Autoren

### Manuskriptformate

Die Manuskripte sind vorzugsweise als „rich text format“ (.rtf) oder alternativ als Word-Dokument (.doc) einzureichen. Tabellen können als Word-Tabelle im Fliesstext oder als separate Tabelle in einem Textformat eingereicht werden. Grafiken und Fotos sind hoch aufgelöst (300 dpi) im „gif“ oder „jpg“-Format zu erstellen. Graphiken können nicht als „pdf“ akzeptiert werden..

### Titel, Abstract etc.

Wir akzeptieren Artikel in deutscher und englischer Sprache. Deutschsprachige Artikel: Der Haupttitel ist deutsch, und wird zusätzlich in Englisch aufgeführt. Englischsprachige Titel: Der Haupttitel ist englisch und wird zusätzlich in Deutsch aufgeführt. Zu jedem Fachartikel gibt es eine deutsche und eine englische Zusammenfassung. Bei Kurzmitteilungen gibt es nur eine Zusammenfassung in der jeweils anderen Sprache. Buchbesprechungen werden nur in einer Sprache verfasst.

### Formatierungen im Text

Gattungs- und Artnamen sind kursiv zu formatieren. Autoren werden in normaler Schrift geschrieben. Überschriften sollten erkennbar sein, ggf. sind sie mit **fett** zu formatieren. Weitere Formatierungen sollten nicht vorgenommen werden.

### Zitate und Literaturverzeichnis

Für Zitate im Text gelten die üblichen Regeln „(Maier 1995), (Maier et al 2005)“, oder „Maier (2005) sagt...“. Im Literaturverzeichnis wird der Name, der erste Buchstabe des Vornamens sowie die Jahreszahl in Klammern aufgeführt. Der Zeitschriftentitel wird vollständig ausgeschrieben und *kursiv* gesetzt.

Beispiel:

Sakagami S.F., Maier S.W. (1976): Specific differences in the bionomic characters of bumblebees: a comparative review. *Journal of the Faculty of Science, Hokkaido University Series VI, Zoology* 20: 390–447.

### Supplementary Online Material (SOM)

Wenn große Datenmengen, Tabellen, Auflistungen etc. anfallen, die nicht gedruckt, bzw. als pdf dargestellt werden, aber für die Aussage des Artikels relevant sind, können diese nach Absprache nur online auf der Website ► [www.ampulex.de](http://www.ampulex.de) in Form einer Zusatzdatei dargestellt werden.

## Author guidelines

### Manuscript formats

Manuscripts should be submitted preferably in Rich-Text-Format (.rtf), alternatively as Word-documents (.doc) or a compatible format. Tables can be embedded or as separate excel-table (.xls, .xlsx) (or compatible). Images should be submitted with a resolution of 300 dpi or higher and as jpg-file or tif-file.

### Title, abstract etc.

We accept articles in English or German. English articles will additionally include the title in German as well as a German abstract. German articles additionally include the title in English as well as an English abstract. For identification keys we recommend an additional English version if the original is in German..

Short messages should only include a very short summary in the respectively other language. Book reviews are in one language only. If needed the editorial board can give some assistance.

### Formatting of the text

Genus and species names should be *italic*, Author names without a special format. Headers should be easy to recognize, by a line-break, paragraph or **bold**.

### Citations and reference list

For citations the usual format is used: „(Maier 1995), (Maier et al. 2005)“, or „Maier (2005) states...“ In the reference list the authors last name with the first name abbreviated and the year of publication in brackets: “Blüthgen, P. (1936)”. The journal’s name should be *italic* and not abbreviated.

example:

Sakagami S.F., Maier S.W. (1976): Specific differences in the bionomic characters of bumblebees: a comparative review. *Journal of the Faculty of Science, Hokkaido University Series VI, Zoology* 20: 390–447.

### Supplementary Online Material (SOM)

Large data, tables, lists, additional images etc. can be put into the supplementary online material and won’t be printed. They can be accessed via ► [www.ampulex.de](http://www.ampulex.de).