

DNA-Barcoding als ein signifikanter Beitrag zur regionalen Faunistik: weitere Neufunde von Schmetterlingen für das Burgenland und Österreich (Insecta: Lepidoptera)

Peter HUEMER*

Abstract

DNA barcoding as a significant contribution to regional faunistics: further new records of moths for Burgenland and Austria (Insecta: Lepidoptera). – In the context of the implementation of a DNA barcode library of Burgenland (Austria) with supplementary sampling of moths, 26 species are reported for the first time for the federal state, including three new records for Austria: *Bryotropha tachyptilella* (REBEL, 1916) (Gelechiidae), *Coleophora caucasica* STANTON, 1867 (Coleophoridae), and *Elachista fasciola* PARENTI, 1983 (Elachistidae). All species were identified with molecular methods (DNA barcoding).

Key words: Austria, Burgenland, Lepidoptera, mtCOI gene, new records.

Zusammenfassung

Im Rahmen der Implementierung einer DNA Barcode Bibliothek im Burgenland und damit einhergehender ergänzender Beprobungen von Schmetterlingen im Burgenland (Österreich) werden 26 Arten erstmals für das Bundesland gemeldet, darunter drei Neufunde für Österreich: *Bryotropha tachyptilella* (REBEL, 1916) (Gelechiidae), *Coleophora caucasica* STANTON, 1867 (Coleophoridae) und *Elachista fasciola* PARENTI, 1983 (Elachistidae). Die Bestimmungen aller Arten wurden durch die Anwendung molekularer Methoden (DNA-Barcoding) abgesichert.

Einleitung

Die genetische Bestimmung bzw. Überprüfung von Arten über Sequenzen des mtDNA COI-Gens (Barcodefragment 5'), das sogenannten DNA-Barcoding (HEBERT et al. 2003) hat sich inzwischen vielfach als Standard etabliert und spielt zunehmend auch im Umweltmonitoring (e-DNA, Metabarcoding) eine essentielle Rolle. Basis für künftige Arbeiten ist allerdings weiterhin der Ausbau bereits bestehender Referenzbibliotheken, wobei insbesondere der globalen Barcode-Datenbank BOLD (Barcode of Life Datasystems) eine tragende Rolle zukommt (RATNASINGHAM 2018, RATNASINGHAM & HEBERT 2007). In Österreich liegt seit geraumer Zeit ein wichtiger Schwerpunkt auf der Sequenzierung von Schmetterlingen, vor allem aus dem östlichsten Bundesgebiet waren jedoch bis vor kurzem kaum Daten verfügbar. Um diese Lücke zu schließen, wurden und werden in einem Projekt zur Erhebung der genetischen Vielfalt von Schmetterlingen in den Alpen im Allgemeinen und in Österreich im Besonderen seit 2016 auch Referenzflächen im nördlichen Burgenland beprobt (HUEMER 2019). Dieser Teil des Bundesgebietes zeichnet sich durch einen zunehmenden pannonischen Einfluss aus, mit einem kontinentalen Klima, das durch warme Sommer und kalte Winter sowie

* Mag. Dr. Peter HUEMER, Naturwissenschaftliche Sammlung, Sammlungs- und Forschungszentrum, Tiroler Landesmuseen-Betriebsgesellschaft m.b.H., Krajnc-Straße 1, 6060 Hall, Österreich (Austria). E-Mail: p.huemer@tiroler-landesmuseen.at

generelle Trockenheit gekennzeichnet ist. Die großen zentralasiatisch-europäischen Steppengebiete erreichen über die pannonische Tiefebene hier ihre westliche Verbreitungsgrenze. Dies spiegelt sich in einer vom übrigen Österreich deutlich differenzierten Flora und Fauna wider. In der Ordnung der Schmetterlinge sind beispielsweise die Vorkommen des Steppenfrostsanners (*Chondrosoma fiduciaria* ANKER, 1854) oder des Spanners *Lignyoptera fumidaria* (HÜBNER, 1825) gut dokumentiert (HUEMER et al. 2009). Trotz mehrerer früherer Untersuchungen an dieser Gruppe im nördlichen Burgenland, insbesondere durch KASY (1979), sind Lepidopteren aber immer noch unzureichend erfasst. So konnte der Autor in einer ersten Phase der geplanten Beprobungen 76 Neufunde für das Bundesland belegen (HUEMER 2019). Unter diesen Neuentdeckungen fanden sich mit *Trichophaga scandinaviella* ZAGULAJEV, 1960 und *Nemapogon hungaricus* GOZMÁNY, 1960 (Tineidae) sowie *Nothris gregersenii* KARSHOLT & ŠUMPICH, 2015 (Gelechiidae) gleich drei Arten, die alle im Gebiet ihre westliche bzw. südwestliche Arealgrenze erreichen. Seither wurden in weiteren Beprobungszyklen 26 zusätzliche Arten als Neufunde für das Burgenland entdeckt. Unter diesen Erstnachweisen finden sich wiederum drei Neufunde für Österreich, die hier gleichzeitig ihre westliche Arealgrenze erreichen.

Material und Methodik

Die Untersuchungen beschränken sich geografisch, analog zu den Erläuterungen bei HUEMER (2019), auf das nördliche Burgenland (Region Nationalpark Neusiedler See – Seewinkel). Hier fanden an unterschiedlichen, durch ihre Vegetationsausstattung jedoch für die Region repräsentativen Standorten jeweils über mehrere Tage punktuelle Beprobungen statt. Im Wesentlichen konzentrieren sich die hier dargestellten Neufunde auf Ergebnisse aus den Vegetationsperioden 2019 bis 2021, vereinzelt wurden aber auch bereits in der Erstphase des Projektes aufgesammelte Proben berücksichtigt.

Die Aufsammlungen von Neufunden umfassen ausschließlich nachtaktive Arten, die mit Leuchtpyramiden (Lichtquelle 2x20W UV-Röhren) angelockt und beprobt wurden.

Sämtliche Individuen wurden nach Abtötung mit Essigäther möglichst zeitnahe genadelt und getrocknet um eine hohe Qualität der zu untersuchenden DNA-Proben zu gewährleisten. Die genetischen Untersuchungen konzentrierten sich auf Einzel-exemplare von phänotypisch separierten Morphospezies. Objektdaten wurden mit Hilfe der Software BioOffice2 digitalisiert. Nach Vorauswahl und entsprechender Etikettierung der zu sequenzierenden Belege wurden Gewebeproben in Form eines einzelnen Beins entnommen, in mit 99%igem Ethanol versetzte Well Plates à 95 Proben überführt und an das Canadian Centre for DNA Barcoding (CCDB, University of Guelph, Ontario, Kanada) versendet. Die DNA-Isolation, PCR-Amplifikation sowie die anschließende DNA-Sequenzierung erfolgten am CCDB nach den bei DEWAARD et al. (2008) beschriebenen Standardprotokollen.

Neunundzwanzig genetische Sequenzen mit zumindest 500 und im Optimalfall 658 Basenpaaren der mitochondrialen Cytochrom C Oxidase I (COI, Barcodefragment 5') wurden für Analysen herangezogen. Diese Sequenzen wurden mit Hilfe der Datenbank BOLD (Barcode of Life Data Systems) (RATNASINGHAM & HEBERT 2007) analysiert und abgeglichen sowie unvollständige oder inkorrekte Bestimmungen ergänzt oder korrigiert. Sämtliche Sammeldaten, Bilder der sequenzierten Tiere sowie genetische Sequenzen finden sich im öffentlichen Dataset DS-NEWRECBU „New records of Lepidoptera for Burgenland (Austria)“ in BOLD. Von allen potentiellen Erstfunden wurden basierend auf dem Kimura-2-Parameter-Modell (K2P) und mit Hilfe der Analyse Tools von BOLD v. 4.0 Distanzen zu den nächsten Arten berechnet und kontrolliert. Schließlich wurden mit der Software MEGA7 Neighbour Joining Trees von österreichischen Neufunden konstruiert (KUMAR et al. 2016) und mit der ähnlichsten Art in BOLD verglichen.

Sämtliches Belegmaterial wird in den Naturwissenschaftlichen Sammlungen des Tiroler Landesmuseum Ferdinandeum unter konservatorisch perfekten Bedingungen aufbewahrt. Objektdaten finden sich in der Biodatenbank der Tiroler Landesmuseen sowie in BOLD.

Ergebnisse

Die nachfolgende Auflistung der Neufunde für das Burgenland bzw. Österreich inkludiert neben taxonomischen Angaben (HUEMER 2013, adaptiert) exakte Funddaten sowie DNA Barcode IDs (specimen ID). Es werden ausschließlich sequenzierte Exemplare behandelt.

Nepticulidae

***Stigmella viscerella* (STAINTON, 1853)**

Nachweis: Breitenbrunn, NSG Thenauriegel, 205 m, 47,941° N, 16,711° E, 8.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31734.

Erstnachweis für das Burgenland!

***Trifurcula josefklimeschi* VAN NIEUKERKEN, 1990**

Nachweis: Winden am See, Zeilerberg, 200 m, 47,971° N, 16,748° E, 2.8.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 30931.

Erstnachweis für das Burgenland!

Tineidae

***Nemapogon ruricolella* (STAINTON, 1849)**

Nachweis: Winden am See, Zeilerberg, 200 m, 47,971° N, 16,748° E, 9.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31702.

Erstnachweis für das Burgenland!



Abb. 1: *Bryotropa tachyptilella* (sequenziertes Individuum), Maßstab = 5 mm. / *Bryotropa tachyptilella* (sequenced specimen), scale bar = 3 mm. © P. Huemer.

***Monopis neglecta* ŠUMPICH & LISKA, 2011**

Nachweis: Jois, ca. 1,5 km NE, 200 m, 47,976° N, 16,803° E, 10.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31747.

Erstnachweis für das Burgenland!

Lypusidae

***Agnoea subochreella* (DOUBLEDAY, 1859)**

Nachweis: Winden am See, Zeilerberg, 200 m, 47,971° N, 16,748° E, 9.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31677.

Erstnachweis für das Burgenland!

***Agnoea latipennella* (JÄCKH, 1959)**

Nachweis: Winden am See, Zeilerberg, 200 m, 47,971° N, 16,748° E, 9.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31678.

Erstnachweis für das Burgenland!

Cosmopterigidae

***Cosmopterix orichalcea* STANTON, 1861**

Nachweis: Jois, ca. 1,5 km NE, 200 m, 47,976° N, 16,803° E, 3.8.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31765.

Erstnachweis für das Burgenland!



Abb. 3: *Coleophora caucasica* (sequenziertes Individuum), Maßstab = 5 mm. / *Coleophora caucasica* (sequenced specimen), scale bar = 5 mm. © P. Huemer.

***Ptocheuusa abnormella* (HERRICH-SCHÄFFER, 1854)**

Nachweis: St. Margarethen, Römersteinbruch, 190 m, 47,8056° N, 16,6364° E, 16.6.2017, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 26523.

Erstnachweis für das Burgenland!

***Caryocolum huebneri* (HAWORTH, 1828)**

Nachweis: Jois, ca. 1,5 km NE, 200 m, 47,976° N, 16,803° E, 3.8.2021, leg. Huemer, DNA Barcode IDs TLMF Lep 30937, 30938.

Erstnachweis für das Burgenland!

Coleophoridae

***Coleophora ochripennella* ZELLER, 1849**

Nachweis: Breitenbrunn, NSG Thenauriegel, 205 m, 47,941° N, 16,711° E, 8.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31715.

Erstnachweis für das Burgenland!

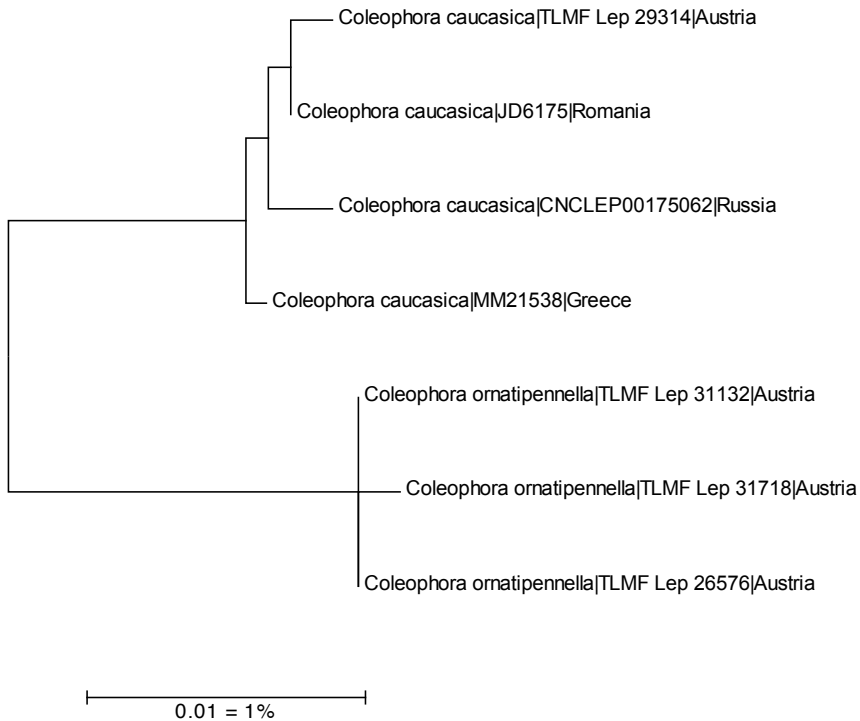


Abb. 4: Neighbour Joining tree von *Coleophora caucasica* sowie des nächsten Nachbarn, basierend auf Sequenzen des mtDNA COI-Gens (Barcodefragment 5', 658bp) (Kimura-2-Parameter, produziert mit MEGA7; cf. KUMAR et al. 2016). / *Neighbour Joining tree of Coleophora caucasica and the nearest neighbour based on sequences of the mtDNA COI gene (barcode fragment 5', 658bp) (Kimura-2-parameter distance, produced with MEGA7, see KUMAR et al. 2016).*

***Coleophora ahenella* HEINEMANN, 1877**

Nachweis: Winden am See, Zeilerberg, 200m, 47,971° N, 16,748° E, 9.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31694.

Erstnachweis für das Burgenland!

***Coleophora caespitiella* ZELLER, 1839**

Nachweis: Winden am See, Zeilerberg, 200m, 47,971° N, 16,748° E, 9.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31710.

Erstnachweis für das Burgenland!

***Coleophora caucasica* STAINTON, 1867 (Abb. 3, 4)**

Nachweis: Neusiedl am See, Zitzmannsdorfer Wiesen, 118m, 47,894° N, 16,864° E, 11.6.2020, DNA Barcode ID TLMF Lep 29314.

Erstnachweis für Österreich!



Abb. 5: *Elachista fasciola* (sequenziertes Individuum), Maßstab = 3 mm. / *Elachista fasciola* (sequenced specimen), scale bar = 3 mm. © P. Huemer.

Elachistidae

***Elachista occidentalis* FREY, 1882**

Nachweis: Winden am See, Zeilerberg, 200 m, 47,971° N, 16,748° E, 9.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31695.

Erstnachweis für das Burgenland!

***Elachista fasciola* PARENTI, 1983 (Abb. 5, 6)**

Nachweise: Neusiedl am See, Zitzmannsdorfer Wiesen, 118 m, 47,894° N, 16,864° E, 4.8.2021, DNA Barcode IDs TLMF Lep 30961, 31660.

Erstnachweis für Österreich! Bemerkung: Die ursprünglich aus Japan beschriebene Art wurde später auch aus dem östlichen Europa, unter anderem aus der Slowakei, nachgewiesen (KAILA & JUNNILAINEN 2002).

***Elachista consortella* STAINTON, 1851**

Nachweis: St. Margarethen, Römersteinbruch, 190 m, 47,8056° N, 16,6364° E, 8.9.2016, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 25837.

Erstnachweis für das Burgenland!

***Heinemannia festivella* (DENIS & SCHIFFERMÜLLER, 1775)**

Nachweise: Neusiedl am See, Süd, 118 m, 47,945° N, 16,836° E, 13.6.2020, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 29627; Winden am See, Zeilerberg, 200 m, 47,971° N, 16,748° E, 9.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31675.

Erstnachweis für das Burgenland!

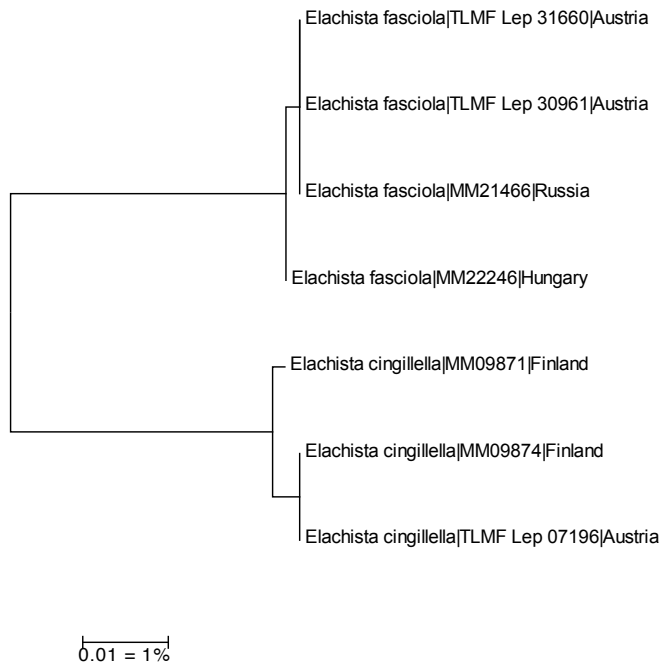


Abb. 6: Neighbour Joining tree von *Elachista fasciola* sowie des nächsten Nachbarn, basierend auf Sequenzen des mtDNA COI-Gens (Barcodefragment 5', 658bp) (Kimura-2-Parameter, produziert mit MEGA7; cf. KUMAR et al. 2016). / Neighbour Joining tree of *Elachista fasciola* and the nearest neighbour based on sequences of the mtDNA COI gene (barcode fragment 5', 658bp) (Kimura-2-parameter distance, produced with MEGA7, see KUMAR et al. 2016).

Scythrididae

Scythris clavella (ZELLER, 1855)

Nachweis: Winden am See, Zeilerberg, 200 m, 47,971° N, 16,748° E, 9.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31692.

Erstnachweis für das Burgenland!

Tortricidae

Ditula angustiorana (HAWORTH, 1811)

Nachweis: Jois, ca. 1,5 km NE, 200 m, 47,976° N, 16,803° E, 10.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31749.

Erstnachweis für das Burgenland!

Eana derivana (DE LA HARPE, 1858)

Nachweis: St. Margarethen, Römersteinbruch, 190 m, 47,8056° N, 16,6364° E, 16.6.2017, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 26515.

Erstnachweis für das Burgenland!

***Thiodia trochilana* (FRÖLICH, 1828)**

Nachweis: Jois, ca. 1,5 km NE, 200 m, 47,976° N, 16,803° E, 10.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31751.

Erstnachweis für das Burgenland!

***Cydia strobilella* (LINNAEUS, 1758)**

Nachweis: Winden am See, Zeilerberg, 200 m, 47,971° N, 16,748° E, 9.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31674.

Erstnachweis für das Burgenland!

Pyralidae

***Elegia atrifasciella* RAGONOT, 1887**

Nachweis: Jois, ca. 1,5 km NE, 200 m, 47,976° N, 16,803° E, 10.6.2021, leg. Huemer, DNA Barcode ID TLMF Lep 31750.

Erstnachweis für das Burgenland! Bemerkung: Die Art wird bereits in einer von SLAMKA (2019) publizierten Verbreitungskarte auch für das Nordburgenland dokumentiert, allerdings ohne detaillierte Angaben.

Diskussion

Spätestens seit der Veröffentlichung der Krefelder Studie zum dramatischen Rückgang der Insektenpopulationen in Deutschland ist das Insektensterben in einer breiten Öffentlichkeit angekommen. Der in dieser umfassenden Erhebung nachgewiesene Schwund von Biomasse im Ausmaß von etwa 75 % in nicht einmal drei Jahrzehnten (HALLMANN et al. 2017) spiegelt sich auch im Rückgang der Anzahl von terrestrischen Insekten in Europa von etwa 9 % pro Dekade wider (VAN KLINCK et al. 2020). Ein vielfach in Roten Listen postulierter Artenschwund kann aber für viele Gruppen nicht einmal ansatzweise nachvollzogen werden, solange die Artendiversität nicht erhoben wurde. DNA-Barcoding schafft hier auch für schwer erkennbare, kryptische Arten eine gewisse Abhilfe, umso mehr als klassische taxonomische Expertise in Europa zunehmend bedroht ist (HOCHKIRCH et al. 2022). Dass auch Schmetterlinge nicht so einfach zu bestimmen sind, wie in breiten Laien- und selbst Fachkreisen angenommen wird, zeigt alleine die große Artenzahl. So wurden in Österreich bisher gut 4100 Arten nachgewiesen und selbst im flächenmäßig kleinen Burgenland über 2400 Arten (HUEMER 2013). Tatsächlich gibt es aber trotz langer faunistischer Tradition noch erhebliche regionale Lücken in der basalen Erfassung des Artenbestandes. Die hier vorliegenden Teilergebnisse belegen diese Defizite im Nordburgenland eindrucksvoll, wurden doch einschließlich der von HUEMER (2019) publizierten Daten inzwischen 100 barcodebasierte Neufunde für das Burgenland gemacht, darunter zehn Erstmeldungen von Arten für Österreich. Nicht berücksichtigt sind hier überdies gleich mehrere aktuell noch unbestimmbare und potentiell sogar unbeschriebene Taxa. Diese präliminären Ergebnisse überraschen umso mehr, als bereits umfängliche frühere Erhebungen, z. B.

durch KASY (1979), vorliegen. Die Implementierung von DNA-Barcoding als weitere Methode zur Artbestimmung zeigt jedoch die großen Lücken früherer Erhebungen auf. So konnten durch Referenzsequenzen in BOLD u. a. höchst interessante Arten an der Westgrenze ihres derzeitigen Areals erstmals nachgewiesen werden, die mutmaßlich in früheren Beprobungen nicht erkannt wurden.

Die Erstellung einer möglichst vollständigen DNA-Barcode-Bibliothek der Schmetterlinge bleibt daher ein wichtiges Ziel, sowohl auf Länderebene als auch aus nationaler Sicht. Sie soll letztlich dazu dienen, einerseits die offensichtlich unterschätzte kryptische Diversität vollumfänglich zu erfassen und andererseits korrekte Artbestimmungen abseits taxonomischer Top-Expertise auch langfristig zu gewährleisten.

Dank

Prof. Dr. Paul Hebert und seinem Team am Canadian Centre of DNA-Barcoding (Guelph, Ontario, Kanada) sowie dem BOLD Management & Analysis System und Genome Canada (Ontario Genomic Institute) gebührt herzlichster Dank für Sequenzierungen und deren Co-Finanzierung im Rahmen des iBOL-Projektes sowie Datenbankanalysen. Sequenzanalysen wurden durch Finanzmittel von Genome Canada über das Ontario Genomics Institute als Unterstützung des International Barcode of Life-Projektes ermöglicht. Schließlich gebührt dem Ontario Ministry of Research and Innovation für die Unterstützung von BOLD herzlicher Dank.

Für die Erteilung der naturschutzfachlichen Ausnahmegenehmigung geht ein besonders herzlicher Dank an WHR^{im} Mag.^a Ljuba Szinovatz und Mag.^a(FH) Martina Jauck, ebenso an WHR Dr. Helmut Hedl für die nötigen Fahrgenehmigungen.

Literatur

- DEWAARD J.R., IVANOVA N.V., HAJIBABAEI M. & HEBERT P.D.N. 2008: Assembling DNA Barcodes: Analytical Protocols. Pp. 275–293. – In: MARTIN C.C. (ed.): *Methods in Molecular Biology: Environmental Genomics*. – Humana Press Inc., Totowa, USA, 364 pp.
- HALLMANN C.A., SORG M., JONGEJANS E., SIEPEL H., HOFLAND N., SCHWAN H., STENMANS W., MÜLLER A., SUMSER H., HÖRREN T., GOULSON D., DE KROON H. & LAMB E.G. 2017: More than 75 percent decline over 27 years in total flying insect biomass in protected areas. – *PLoS ONE* 12(10): e0185809–e0185809
- HEBERT P.D.N., CYWINSKA A., BALL S.L. & DE WAARD J. 2003: Biological identifications through DNA barcodes. – *Proceedings of the Royal Society London B* 270: 313–321.
- HOCHKIRCH A., CASINO A., PENEV L., ALLEN, D., TILLEY, L., GEORGIEV, T., GOSPODINOV, K. & BAROV, B. 2022: *European Red List of Insect Taxonomists*. – Publication Office of the European Union, Luxembourg, 31 pp.
- HUEMER P. 2013: *Die Schmetterlinge Österreichs (Lepidoptera). Systematische und faunistische Checkliste*. – Tiroler Landesmuseen Innsbruck, Studiohefte 12, 304 pp.
- HUEMER P. 2019: DNA-Barcoding als signifikanter Beitrag zur regionalen Faunistik: Erstnachweise von Schmetterlingen für das Burgenland und Österreich (Insecta: Lepidoptera). – *Beiträge zur Entomofaunistik* 20: 21–39.
- HUEMER P., AISTLEITNER U., BUCHNER P., DEUTSCH H., EMBACHER G., GROS P., HABELER H., HÖTTINGER H., MALICKY M., WIESER C. & WIMMER J. 2009: Verbreitungsatlas der Tierwelt Österreichs: Lepidoptera, Geometridae. – *Denisia* 28: 3–192.

- KAILA L. & JUNNILAINEN J. 2002: Taxonomy and identification of *Elachista cingillella* (Herrich-Schäffer, 1855) and its close relatives (Lepidoptera: Elachistidae), with descriptions of two new species. – *Entomologica Fennica* 13(3): 167–188.
- KASY F. 1979: Die Schmetterlingsfauna des Naturschutzgebietes Hackelsberg, Nordburgenland. – *Zeitschrift der Arbeitsgemeinschaft Österreichischer Entomologen* 30, Supplement: 1–44.
- KUMAR S., STECHER G. & TAMURA K. 2016: MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33: 1870–1874.
- RATNASINGHAM S. 2018: BOLD Barcode of Life Data System, version 4. <http://www.boldsystems.org>. (aufgerufen am 15.4.2023).
- RATNASINGHAM S. & HEBERT P.D.N. 2007: BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). – *Molecular Ecology Notes* 7: 355–364.
- SLAMKA F. 2019: Pyraloidea (Lepidoptera) of Europe. Volume 4. Phycitinae – Part 1. Identification – Distribution – Habitat – Biology. – František Slamka, Bratislava, 432 pp.
- VAN KLINK R., BOWLER D.E., GONGALSKY K.B., SWENGEL A.B., GENTILE A. & CHASE J.M. 2020: Meta-analysis reveals declines in terrestrial but increases in freshwater insect abundances. – *Science* 368(6489): 417–420.