DNA-Barcoding österreichischer Mollusken – Ein Projekt der Initiative „Austrian Barcode of Life“

Luise Kruckenhauser, Michael Duda, Julia Schindelar, Oliver Macek, Susanne Reier & Anita Eschner

Abstract: **DNA barcoding of Austrian molluscs – a project of the “Austrian Barcode of Life” initiative.** The “Austrian Barcode of Life” initiative (ABOL - https://www.abol.ac.at/en) is a network of institutions and experts that aims to establish DNA barcodes for the Austrian biodiversity (animals, plant and fungi). DNA barcoding is a standardized method for the determination of organisms based on specific sections of their DNA, which can differentiate species. Thus, these DNA sequences (DNA barcodes) enable to assign the DNA unambiguously to a certain species. The taxonomically classified specimens are stored in a museum collection and the DNA barcodes along with all specimen information are available in an international database. In 2014, we started the project DNA barcoding of Austrian molluscs because several factors make this venture particularly worthwhile: Molluscs are important indicator species, suitable for evaluation of habitat quality. Living in vulnerable habitats leads to a high risk of extinction for many molluscs: about 35 % of the snail and 37 % of the Austrian mussel species are endangered. In addition, the number of endemics is quite impressive (19.3 %). Approximately 30 % of the 400 native species are divided into subspecies. At the NHM Vienna we conduct several projects on snail species in Austria, hence pre-conditions (collected specimens and experiences) for successful DNA-barcoding are given. However, genetic investigations in land pulmonates showed an extreme high intraspecific diversity. Therefore, there is no standard value for genetic distances, which marks taxonomic delimitations. Due to the overlap of intra- and interspecific variation often no barcoding gap can be found, which has to be considered in data analysis.

For the ABOL project molluscs we used material collected during concerted field trips to different parts of Austria, as well as from recently performed projects (https://snails.nhm-wien.ac.at/our-projects/), both specifically preserved for DNA analyses, but also older material from the collections of the Natural History Museum Vienna, the Biologiezentrum Linz, and the Haus der Natur Salzburg. DNA from museum material is often fragmented and of low concentration, therefore it is only chosen, when no other material is available. Until now, from 230 different species (about 60% of the Austrian species) 569 DNA-barcodes with all relevant metadata were established and uploaded to the BOLD database (http://v4.boldsystems.org/).

The DNA-Barcodes will facilitate determination, which is often difficult and vague in molluscs and enhance their use in evaluations of nature conservation issues.

Key words: Natural History Museum Vienna, Gastropoda, Bivalvia, DNA barcoding, museum material, Austrian mollusc diversity.

Austrian Barcode of Life

Die „Austrian Barcode of Life“ Initiative (ABOL; https://www.abol.ac.at/) stellt ein nationales Netzwerk aus Institutionen und ExpertInnen dar, das sich zum Ziel gesetzt hat, die heimische Biodiversität (Tiere, Pflanzen und Pilze) zu erfassen und zu dokumentieren.

Die moderne Gesellschaft ist mit einer Kluft konfrontiert, die sich aus einem immer höheren Bedarf an biodiversitätsspezifischer Expertise (UVPs, Monitoringpflichten, globale Herausforderungen wie Klimawandel etc.) und einem immer größeren Mangel an taxonomischen SpezialistInnen ergibt. Eine Möglichkeit dem Verlust an Expertise entgegenzuwirken, bieten die, in den letzten Jahren auch in der Taxonomie verstärkt eingesetzten, genetischen Bestimmungsmethoden. Diese ermöglichen in vielen Organismengruppen eine gut reproduzierbare, kostengünstige und effiziente Artbestimmung, welche die klassischen anatomisch-morphologischen Determinationen ergänzt.

Besonders breite Anwendung findet hierbei das „DNA-Barcoding“ (Hebert et al. 2003): darunter versteht man die genetische Analyse (Sequenzierung) eines standardisierten Abschnittes der DNA: bei den meisten Tieren 650 bp der mitochondrialen Cytochrome c Oxidase 1 (COI). Dieser Abschnitt soll für jede Art spezifisch sein, so dass die erstellte Sequenz (der „Barcode“) als eine Art Signatur für die unter-

Denisia **42**, zugleich Kataloge des oberösterreichischen Landesmuseums Neue Serie **193** (2019): 511-515

Abb. 1: *Trochulus villosus*, lebendes Exemplar sowie Fotodokumentation für NHMW.

suchte Art fungiert. Unumgänglich ist dazu allerdings der Aufbau einer umfassenden Referenzdatenbank, die bestimmten Qualitätskriterien folgt. In dieser werden die DNA-Barcode Sequenzen, die entsprechenden Objektdaten wie z. B. Fundortangaben, Namen der Sammler, sowie Fotos der Individuen (Abb. 1) gespeichert und für verschiedene Anwendungen frei zugänglich gemacht. Die untersuchten Individuen werden als Belegexemplare in einer wissenschaftlichen Sammlung aufbewahrt; das ermöglicht eine spätere Überprüfung sowie weiterführende Untersuchungen.

Die Mollusken Österreichs

Wie schon in anderen Beiträgen dieses Bandes erwähnt, weisen die Mollusken Österreichs einige Besonderheiten auf:

- Mit ca. 400 heimischen Arten (davon rund 30 Muschelarten) aus 53 Familien ist die Vielfalt österreichischer Mollusken zwar überschaubar, im Vergleich zur Größe des Landes aber durchaus hoch. Viele Arten weisen eine hohe innerartliche Variabilität auf, etwa ein Drittel aller heimischen Arten (30 %) werden in Unterarten gegliedert (Cuttelod et al. 2011).
- Heimische Schnecken und Muscheln haben eine hohe Naturschutzrelevanz. Wichtige Indikatorarten werden zur Beurteilung von Lebensräumen herangezogen. Viele dieser Lebensräume sind bedroht, dementsprechend ist auch der Anteil geschützter Arten besonders hoch: ca. 35 % der Schneckenarten (darunter besonders viele Süßwasserarten) und ca. 37 % der Muschelarten sind gefährdet (Reischütz & Reischütz 2007).
- Ebenso ist auch der Anteil an Endemiten besonders hoch: 19,3 % aller heimischen Molluskenarten leben nur in Österreich, keine vergleichbare heimische Tiergruppe hat einen ähnlich hohen Prozentanteil (Rabitsch & Essl 2009).

DNA-Barcoding von Mollusken

Die zuvor genannten Aspekte, sowie auch die relativ schwierige morphologische Bestimmung vieler Arten, die oft nur anhand anatomischer Merkmale oder relativer Größenverhältnisse möglich ist, führen dazu, dass ein nationales DNA-Barcoding Projekt (https://www.abol.ac.at/project/mollusken/) von Schnecken und Muscheln von besonderem Interesse ist.

Es gibt aber auch spezielle Herausforderungen, die beachtet werden müssen. Vor allem bei Landschnecken ist bekannt, dass die innerartliche genetische Variabilität zum Teil extrem hoch ist. Von Thomaz et al. 1996 werden dafür verschiedene Erklärungsmodelle vorgeschlagen: besonders hohe Substitutionsrate in den Mitochondrien, frühe Isolation und daraus resultierende Divergenz von Populationen, sehr große und geographisch stark strukturierte Populationen sowie Selektion. Im Weiteren kann es sein, dass unerkannte kryptische Arten dazu führen, dass die gemessene innerartliche genetische Diversität verfälscht wird.

In vielen Fällen ist aufgrund der großen Überlappung von inner- und zwischenartlicher Variation kein Barcoding-Gap vorhanden (Davison et al. 2009). Dies ist ein Richtwert der genetischen Distanz, der zur Abgrenzung von Arten herangezogen werden kann.

Eine weitere Herausforderung ist, dass durch die hohe Divergenz der COI Sequenzen innerhalb der Mollusken, bei mehreren Taxa Mutationen dazu führen, dass spezielle Anpassungen der molekularen Methoden (Primerdesign) vorgenommen werden müssen.

Während in anderen nationalen DNA-Barcoding Projekten der Workflow für viele Organismengruppen bereits gut etabliert ist, ist die Datenlage bei den Mollusken oft noch sehr mangelhaft.

Das hier vorgestellte Projekt hat sich zur Aufgabe gemacht, von allen heimischen Schnecken- und Muschelarten von mindestens vier Individuen (möglichst über das Verbreitungsgebiet der Art verteilt) DNA-Barcodes zu erstellen. Es wird seit 2014 am Naturhistorischen Museum Wien (NHMW) durchgeführt (Eschner & Kruckenhauser 2015) und der gut etablierte Arbeitsablauf (Kruckenhauser et al. 2016) erfordert eine enge Kooperation der beiden involvierten Abteilungen: dem Forschungslabor für molekulare Systematik (Abt. Zentrale Forschungslaboratorien) und der 3. Zoologischen Abteilung. Zusätzlich ist die Unterstüt-

zung von Kooperationspartnern entscheidend, die vor allem an der Materialaufsammlung, aber auch an der Bestimmung beteiligt sind.

Untersuchungsmaterial

Als wesentliche Grundlage für das Projekt dient frisch gesammeltes Material der Molluskensammlung des NHMW (Abb. 2). Die Belegstücke stammten zu einem großen Teil aus vor kurzem abgeschlossenen oder aktuellen Projekten des NHMW (ESCHNER et al. 2015b und siehe Beitrag „Arbeitsgruppe Alpine Landschnecken" in diesem Band und Webpage: http://snails.nhm-wien.ac.at/). Sie wurden vielfach speziell für DNA-Analysen gesammelt und nach einem eigens erarbeiteten Protokoll (KRUCKENHAUSER et al. 2011) konserviert.

Die Neuaufsammlungen, die im Zuge des ABOL Projektes Mollusken und durch Unterstützung von Fachkollegen getätigt wurden, sind in eigenen projektbezogenen Inventaren eingetragen.

Im Zuge des Projektes wurden in den ersten drei Jahren mehrere Sammelreisen durchgeführt. Neben dem Aspekt der Materialbeschaffung ergaben sich dabei auch einige interessante Funde betreffend seltener bzw. schwer auffindbarer Arten sowie ein Erstnachweis für Österreich. Im Folgenden werden einige Exkursionen exemplarisch genannt. 2014 wurde in Osttirol vorwiegend nach südalpinen Faunenelementen (z. B. *Ciliella ciliata*, *Jaminia quadridens*) gesucht. Daneben wurden auch generell alpine Hochgebirgsarten (z. B. *Discus ruderatus*) sowie allgemein verbreitete Arten erfasst, um Daten zu deren geographischer Variabilität zu erhalten. Im Zuge des Treffens der Arbeitsgruppe „Alpine Landschnecken" 2014 in Johnsbach (Steiermark) wurde das Hauptaugenmerk auf weitverbreitete, in den vorhergehenden Projekten allerdings kaum erfasste Arten gelegt, wie z. B. verschiedene Nacktschnecken und kleine, bodenbewohnende Arten. Ebenso wurden 2014 auch mehrere eintägige Exkursionen durchgeführt, z. B. in den Seewinkel (Burgenland) auf der Suche nach *Helicopsis striata ssp.*, verschiedenen Wasserschnecken und *Xerolenta obvia*, deren Schalen im Seewinkel weniger flach sind als im westlichen Niederösterreich. Eine weitere Exkursion ins Burgenland führte in die Leithaauen, hierbei konnte bei Königshof ein großer Bestand der an wechselfeuchte Lebensbedingungen angepassten und ansonsten eher seltenen Arten *Aplexa hypnorum* und *Pseudotrichia rubiginosa* festgestellt werden. 2015 wurde in den Marchauen nach über 30 Jahren ein Lebendnachweis der in Österreich seltenen *Perforatella bidentata* erbracht. Daneben wurden Wasserschnecken vor allem der Gattungen *Anisus*, *Bythinia* und *Viviparus*

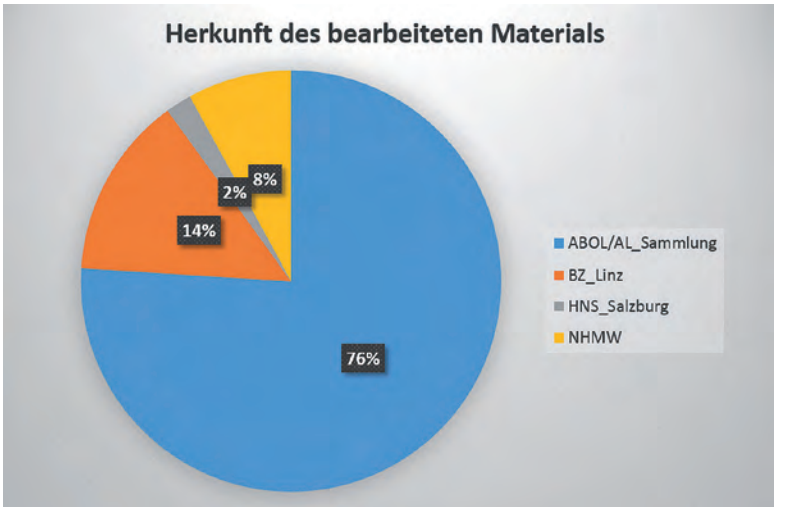

Abb. 2: Übersicht zur Materialherkunft: ABOL/AL_Sammlung (speziell für DNA-Analysen am NHMW gesammelt – ABOL und Arbeitsgruppe „Alpine Landschnecken"), BZ_Linz (Biologiezentrum Linz), HNS_Salzburg (Haus der Natur Salzburg), NHMW (Altbestände aus dem NHMW).

gesammelt. In den Flyschwienerwald fand eine Exkursion zur Erfassung der Variabilität von Quellschnecken der Gattung *Bythinella* statt. Ebenfalls 2015 wurde bei einer mehrtägigen Exkursion im südlichen Kärnten im terrestrischen Bereich nach südalpinen (z. B. *Arianta chamaeleon*) und nach Österreich einstrahlenden balkanischen (z. B. *Cochlostoma tergestinum*) Faunenelementen gesucht. Daneben wurden auch allgemein verbreitete Arten erfasst, um Daten zu deren geographischen Variabilität zu erhalten.

Im Frühjahr 2016 wurden bei einer Exkursion in den niederösterreichischen Teil der Lobau Wassermollusken gesammelt. Hierbei gelang ein Neunachweis von *Anisus vorticulus* (Anhang II der FFH-Richtlinie) für diesen Abschnitt des Nationalparks Donau-Auen. Im Zuge mehrerer Kurzexkursionen ins zentrale und westliche Niederösterreich sowie am „Tag der Artenvielfalt" im Lainzer Tiergarten wurden neben weiterverbreiteten (z. B. *Arion fasciatus*) hauptsächlich kleinere, schwer erfassbare Arten (z. B. *Truncatellina cylindrica*, *Vertigo pygmaea*, *Vallonia costata*) gesammelt. Den Höhepunkt im Jahr 2016 stellte die fünftägige Exkursion nach Vorarlberg dar. Aufsammlungen im westlichsten Bundesland Österreichs waren notwendig, da das bis dahin am NHMW vorhandene Material vorwiegend aus Aufsammlungen aus den 1970er Jahren stammte. Im Zuge dieser Exkursion konnte auch der Erstnachweis der westalpin verbreiteten Art *Trochulus clandestinus* für Österreich (DUDA et al. 2017) erbracht werden. Des Weiteren konnten auch andere westlich verbreitete Arten bzw. Unterarten (z. B. *Petasina edentula helvetica*, *Trochulus villosus*) sowie westliche Populationen von ansonsten ostalpin verbreiteten Arten (z. B. *Helicodonta obvoluta*) aufgesammelt werden (DUDA et al. 2018).

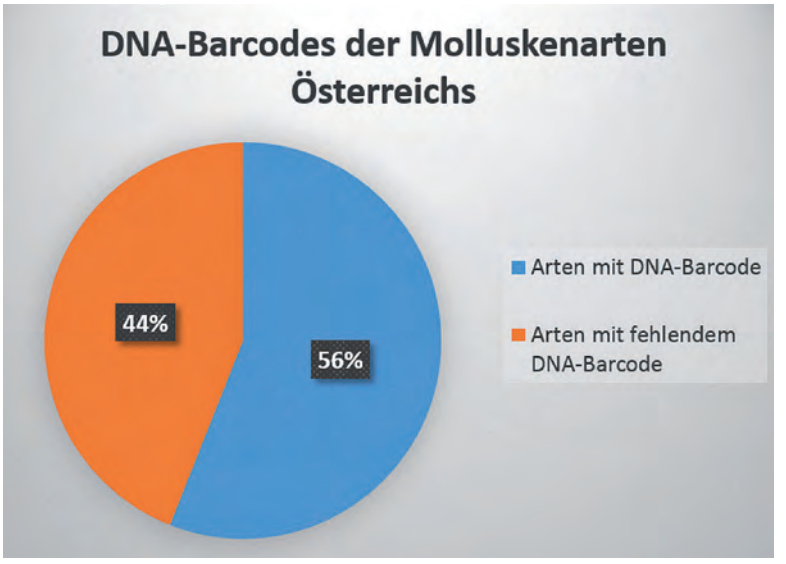

Abb. 3: Übersicht zu den vorhandenen DNA-Barcodes: Darstellung des Prozentsatzes der Arten der österreichischen Molluskenfauna von denen DNA-Barcodes erstellt wurden.

Außerdem wurden im Zuge von Bodensiebungen kleinere Arten (z. B. *Acicula lineata*, *Vertigo alpestris*) erhoben. Im September schließlich wurden an einem Niedermoor im Wienerwald Exemplare von *Vertigo angustior* erfasst.

Neben den eigens vom NHMW durchgeführten Exkursionen wurden auch die gewonnenen Kooperationspartner um Unterstützung gebeten. Hierbei wurde „ABOL-Mollusken" durch eine kleine Gruppe Malakologen bei der gezielten Suche nach seltenen oder lokal begrenzten Arten unterstützt, im Besonderen seien DI Alexander Mrkvicka und Mag. Alexander Reischütz genannt.

Neben dem frisch gesammelten, wurde auch älteres Material aus den Beständen der Molluskensammlung für die Analysen verwendet – mit etwa 8 % handelt es sich hier vor allem von Arten, die sehr selten oder sehr schwierig zu sammeln sind. Durch Untersuchungen an Weichtier-Material des NHMW (JAKSCH et al. 2016) konnte nachgewiesen werden, dass mitunter auch von sehr alten Sammlungsbelegen (bis zu 150 Jahre) erfolgreich DNA sequenziert werden kann. Neben der Sammlung des NHMW wurde auch aus den Beständen des Landesmuseums in Linz/Biologiezentrum (ca. 14 %) von Dr. Erna Aescht und Mag. Agnes Bisenberger und einige Sammlungsbelege vom Haus der Natur in Salzburg (2 %) durch Dr. Robert Patzner und seine Malakologische Arbeitsgemeinschaft, zur Verfügung gestellt. Hierbei handelte es sich ebenfalls zum großen Teil um älteres Material und auch hier war die DNA oft sehr stark fragmentiert, was die Verwendbarkeit dieser Belegstücke für genetische Untersuchungen sehr einschränkte.

Ergebnisse

Bis dato wurden 928 Individuen bearbeitet, davon wurden 569 komplette DNA-Barcoding Datensätze in die internationale „Barcode of Life Datenbank" (BOLD; http://v4.boldsystems.org/) hochgeladen. Die 569 Individuen (25 davon Muscheln) stammen von 206 Arten aus 116 Gattungen und 47 Familien. Bei 12 Familien konnten alle Arten erfolgreich nachgewiesen und beprobt werden, bei 17 Familien konnte für über 50 % der für Österreich nachgewiesenen Arten ein DNA-Barcode ermittelt werden und bei 3 Familien wurde genau die Hälfte der vorkommenden heimischen Arten erfolgreich sequenziert. Für 11 Familien konnten weniger als 50 % der DNA-Barcodes zu den Arten ermittelt werden. Von vorhergehenden Projekten, die die Phylogeographie einzelner Gattungen und Familien untersucht haben stehen DNA-Barcodes von weiteren 14 Arten zur Verfügung (*Orcula*: Harl et al. 2014 a und b; *Trochulus*: DUDA et al. 2011, KRUCKENHAUSER et al. 2014; *Pyramidula*: KIRCHNER et al. 2016; *Cylindrus*: KRUCKENHAUSER et al. 2017). Damit konnte bis jetzt für 56 % der österreichischen Molluskenarten ein DNA-Barcode erstellt werden (vgl. Abb. 3).

In den folgenden Jahren wird kontinuierlich daran gearbeitet werden, die Referenzdatenbank der österreichischen Mollusken zu vervollständigen. Viele Arten sind bereits in Arbeit, andere, vor allem sehr seltene, nur lokal vorkommende und besonders kleine Arten, müssen erst gefunden und in die Sammlung überführt werden.

Demnächst sollen die Daten veröffentlicht werden, damit sind sie allgemein zugänglich. Das ermöglicht eine breite Anwendung der DNA-Barcodes, allen voran zur sicheren Artbestimmung in dieser oft schwierig zu bestimmenden Gruppe. Damit ist die heimische Molluskenfauna für zukünftige Anwendung, besonders in naturschutzrelevanten Bereichen, leichter nutzbar.

Danksagung

An dieser Stelle wollen wir uns bei allen Personen ausdrücklich bedanken, die uns in den letzten Jahren bei den zahlreichen Exkursionen begleitet haben, im Besonderen bei Helmut Sattmann und Elisabeth Haring, die nicht nur viele dieser Exkursionen organisiert haben, sondern auch gemeinsam mit anderen die ABOL Initiative ins Leben gerufen haben. Ebenso gilt unser Dank all jenen, die sich eigenständig auf die Suche nach wichtigen Mollusken gemacht haben: Alexander Mrkvicka, Alexander und Peter L. Reischütz, Robert Patzner, Otto Moog, Christian Erhardt und Jan Steger.

Für die finanzielle Unterstützung danken wir dem Bundesministerium für Bildung, Wissenschaft und Forschung.

Literatur

Cuttelod A., Seddon M. & E. Neubert (2011): European Red List of Non-marine Molluscs. — Luxembourg: Publications Office of the European Union: 1–96.

Davison A., Blackie R.L.E. & G.P. Scothern (2009): DNA barcoding of stylommatophoran land snails: a test of existing sequences. — Molecular Ecology Resources **9**: 1092–1101.

Duda M., Sattmann H., Haring E., Bartel D., Winkler H., Harl J. & L. Kruckenhauser (2011): Genetic differentiation and shell morphology of *Trochulus oreinos* (Wagner, 1915) and *T. hispidus* (Linnaeus, 1758) (Pulmonata: Hygromiida) in the Northeastern Alps. — Journal of Molluscan Studies **77** 30–40. https://doi.org/10.1093/mollus/eyq037

Duda M., Schindelar J., Macek O., Eschner A. & L. Kruckenhauser (2017): First record of *Trochulus clandestinus* (Hartmann, 1821) in Austria (Gastropoda: Eupulmonata: Hygromiidae) — Malacologica Bohemoslovaca **16**: 37–43. ISSN 1336-6939

Duda M., Haring E., Sattmann H., Macek O., Schindelar J., Schnedl S., Eschner A., Friebe G.J. & L. Kruckenhauser (2018): Malacological excursion to Vorarlberg (Austria) in the course of the Austrian Barcode of Life Project. — Arianta **6**: 47–52.

Eschner A. & L. Kruckenhauser (2015): Austrian Barcode of Life – ABOL Pilotprojekt Mollusken – Zwischenbericht 2014/2015. — Unveröffentlichter Projektbericht im Auftrag des Bundesministeriums für Wissenschaft, Forschung und Wirtschaft: 1–9.

Eschner A., Kruckenhauser L. & M. Duda (2015): DNA-Barcoding Mollusken – Verborgene Diversität [Extended Abstract]. — Acta ZooBot Austria **152**: 165–167.

Harl J., Duda M., Kruckenhauser L., Sattmann H. & E. Haring (2014a): In search of glacial refuges of the land snail *Orcula dolium* (Pulmonata, Orculidae) – an integrative approach using dna sequence and fossil data. — PLoS ONE **9** e96012. doi:10.1371/journal.pone.0096012.

Harl J., Páll-Gergely B., Kirchner S., Sattmann H., Duda M., Kruckenhauser L. & E. Haring (2014b): Phylogeography of the land snail genus *Orcula* (Orculidae, Stylommatophora) with emphasis on the eastern alpine taxa: speciation, hybridization and morphological variation. — BMC Evolutionary Biology **14**: 223 [1-26].

Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball, S.L. & J.R. deWaard (2003): Biological identifications through DNA barcodes. — Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences **270**: 313–321. https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218

Jaksch K., Eschner A., Rintelen v.T. & E. Haring (2016): DNA analysis of molluscs from a museum wet collection: A comparison of different extraction methods. — BMC Research Notes **9**(348): 1-12. doi:10.1186/s13104-016-2147-7

Kirchner S., Harl J., Kruckenhauser L., Duda M., Sattmann H. & E. Haring (2016): Phylogeography and systematics of *Pyramidula* (Pulmonata: Pyramidulidae) in the Eastern Alps: still a taxonomic challenge. — Journal of Molluscan Studies **82**: 110–121. doi:10.1093/mollus/eyv047.

Kruckenhauser L., Harl J. & H. Sattmann (2011): Optimized drowning procedures of pulmonate landsnails allowing subsequent DNA analysis and anatomical dissections. — Ann. Naturhist. Mus. Wien, B **112**: 173–175.

Kruckenhauser L., Duda M., Bartel D., Sattmann H., Harl J., Kirchner S. & E. Haring (2014): Paraphyly and budding speciation in the hairy snail (Pulmonata, Hygromiidae). — Zoologica Scripta **43**: 273–288.

Kruckenhauser L., Eschner A. & M. Duda (2016): ABOL Mollusken – Barcoding im Schneckentempo? — Acta ZooBot Austria **153**: 169–171.

Kruckenhauser L., Haring E., Tautscher B., Cadahía L., Zopp L., Duda M., Harl J. & H. Sattmann (2017): Indication for selfing in geographically separated populations and evidence for Pleistocene survival within the Alps: the case of *Cylindrus obtusus* (Pulmonata: Helicidae). — BMC Evolutionary Biology **17**:138 [1–12].

Rabitsch W. & F. Essl (2009): Endemiten – Kostbarkeiten in Österreichs Pflanzen- und Tierwelt. Naturwissenschaftlicher Verein für Kärnten, Klagenfurt und Umweltbundesamt, Wien: 1–924.

Reischütz A. & P.L. Reischütz (2007): Rote Liste der Weichtiere (Mollusca) Österreichs. — In: Zulka P. (Hrsg.): Rote Listen gefährdeter Tiere Österreichs. Checklisten, Gefährdungsanalysen, Handlungsbedarf. Teil 2. BMLFUW, Grüne Reihe **14** (2): 363-433.

Thomaz D., Guiller A. & B. Clarke (1996): Extreme divergence of mitochondrial DNA within species of pulmonate land snails. — Proceedings Biological sciences / The Royal Society **263**: 363–368.

Anschrift der Verfasserinnen:
Luise Kruckenhauser
Michael Duda
Julia Schindelar
Oliver Macek
Susanne Reier
Anita Eschner
Naturhistorisches Museum Wien
Burgring 7
1010 Wien, Austria
luise.kruckenhauser@nhm-wien.ac.at

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Denisia

Jahr/Year: 2019

Band/Volume: 0042

Autor(en)/Author(s): Kruckenhauser Luise, Duda Michael, Schindelar Julia, Macek Oliver, Reier Susanne, Eschner Anita

Artikel/Article: DNA-Barcoding österreichischer Mollusken – Ein Projekt der Initiative „Austrian Barcode of Life“ 511-515