

DNA Barcoding enthüllt neue Arten und mögliche Hybride in der Wasserwanzenwelt Deutschlands (Heteroptera: Nepomorpha et Gerromorpha)

MICHAEL J. RAUPACH

Zusammenfassung:

Innerhalb der letzten Jahre hat sich das DNA Barcoding als populäre Methode zur molekularen Identifizierung von Arten etabliert. Obwohl zwingend notwendig, sind Barcoding-Studien über die artenreichen und ökologisch diversen Heteropteren leider immer noch selten. In diesem Zusammenhang wurde für die semiaquatischen und aquatischen Wasserwanzen Deutschlands eine umfangreiche DNA Barcode-Bibliothek erstellt. Insgesamt wurden DNA Barcodes von 63 Arten und 686 Individuen generiert und analysiert. Die Ergebnisse dokumentierten identische Sequenzen für einige nah verwandte Arten, die möglicherweise immer noch hybridisieren, als auch eine überraschend hohe molekulare Variabilität innerhalb *Cymathia coleoprata* (FABRICIUS, 1777) und dem Wasserzerg *Plea minutissima* LEACH, 1817. Weiterführende morphologische und molekulare Untersuchungen finden aktuell statt.

Abstract:

During the last years DNA barcoding has become a popular method for molecular species identification. Although demanding, comprehensive barcoding studies of the species and ecological diverse Heteroptera are unfortunately still scarce. In this context a comprehensive DNA barcode library of the semi-aquatic and aquatic true bugs of Germany has been established. In total, DNA barcodes for 686 specimens of 63 species were generated and analyzed. The results document identical sequences for a number of closely related species that may still hybridize, as well as a surprisingly high molecular variability within *Cymathia coleoprata* (FABRICIUS, 1777) and pygmy backswimmer *Plea minutissima* LEACH, 1817. Additional morphological and molecular analyses are in progress.

Einleitung

Wenn wir in einem Supermarkt ein Produkt kaufen, wird dessen Identität sowie Preis mittels eines Strichcodes („Barcode“) an der Kasse erfasst. Dieses Verfahren spart uns an der Kasse mitunter viel Zeit und dem Kassierer/der Kassiererin viel Arbeit. Basierend auf diesen Eindrücken kam vor etwas mehr als 15 Jahren PAUL HEBERT aus Guelph (Kanada) auf die Idee, ein ähnliches, molekularbasiertes Verfahren zur Identifizierung von Organismen zu entwickeln (HEBERT et al. 2004). Die von ihm entwickelte Methode, das sogenannte „DNA Barcoding“, verwendet die Basenabfolge eines bestimmten, standardisierten Genabschnittes zur Art-Identifizierung. Bei den Tieren fiel die Wahl auf einen Bereich des mitochondrialen Cytochrom-*c*-Oxidase Untereinheit I-Gens mit einer Länge von rund 660 Basenpaaren. Eine Grundlage des DNA Barcodings ist die Annahme, dass die innerartliche Variation dieses Genabschnittes geringer ist als die zwischenartliche Variabilität und somit eine eindeutige Zuordnung eines Individuums ermöglicht. In den letzten Jahren hat sich das DNA Barcoding als zuverlässige, schnelle und kostengünstige Methode zur Artdetermination in der nationalen wie internationalen Forschungslandschaft fest etabliert (u.a. WÄGELE 2016, GEIGER et al. 2016). In Kombination mit modernen Hochdurchsatz-Sequenzierverfahren, die Zehntausende von Proben parallel analysieren, kann so ein effizientes Biodiversitätsmonitoring durchgeführt werden (z.B. JI et al. 2013, BUSH et al. 2019, HAUSMANN et al. 2020). Dies gilt insbesondere für die hyperdiversen Insekten, deren Bestimmung in vielen Fällen aufwendig und die notwendige Expertise häufig nicht (mehr) vorhanden ist. Innerhalb Deutschlands wurden im Rahmen des Barcoding Fauna Bavarica-Projekts (<http://barcoding-zsm.de/bfb>) sowie des nachfolgenden German Barcode of Life-Projekts (<https://www.bolgermany.de/wp/>) erste umfassende Sequenz-Bibliotheken für verschiedene Insektengruppen wie Schmetterlinge (HAUSMANN et al. 2011), Käfer (HENDRICH et al. 2014), Heuschrecken (HAWLITSCHKE et al. 2017) und Hautflügler (SCHMIDT et al. 2015) erstellt. Eine erste Studie, die rund 460 Arten und damit rund 51% der heimischen Wanzen abdeckte, demonstrierte das große Potenzial der Methodik auch für diese Insektengruppe (RAUPACH et al. 2014). Auf Grundlage dieser Arbeit erfolgte der Aufbau einer umfassenden DNA Barcode-Bibliothek der Wasserwanzen Deutschlands.

Warum gerade Wasserwanzen? Zum einen gibt es kaum ein stehendes oder fließendes Gewässer, das nicht von Wanzen in oft hohen Arten- und Individuenzahlen besiedelt wird. Hier nehmen Wasserwanzen mitunter eine zentrale ökologische Rolle ein. In Deutschland kommen 22 Arten der Unterordnung Gerromorpha und 47 Arten der Unterordnung Nepomorpha vor (STRAUSS & NIEDRINGHAUS 2014, DECKERT & WACHMANN 2020). Zum anderen wurde die Wasserwanzenfauna Deutschlands in der Vergangenheit gut erfasst, so dass eigentlich keine Überraschungen zu erwarten waren. Allerdings gelten Wasserwanzen im Allgemeinen als recht schwierig zu bestimmende Insektengruppe, was insbesondere auf die artenreiche Familie der Corixidae zutrifft. Ferner ist bei manchen Arten, zum Beispiel bei Vertretern der Gattung *Sigara* FABRICIUS, 1775, eine sichere Bestimmung nur bei Männchen möglich (JANSSON 1986).

Methoden

Informationen wie Fundort oder Sequenzchromatogramme der untersuchten Wasserwanzen sind in dem öffentlich zugängigen Datensatz DS-BAHCE „Barcoding Aquatic Heteroptera of Central Europe“ im Barcode of Life Datasystem (BOLD; <http://www.boldsystems.org>) hinterlegt (RATNASINGHAM & HERBERT 2007). Näheres zur molekularen Aufarbeitung der Tiere sowie der Datenanalyse findet sich in RAUPACH et al. (2014) und HAVEMANN et al. (2018).

Ergebnisse und Diskussion

Im Rahmen der Untersuchung wurden DNA Barcodes von 254 Individuen von 20 Arten der Gerromorpha und 445 Individuen von 43 Arten der Nepomorpha analysiert (HAVEMANN et al. 2018). Somit beinhaltet die Studie 91 % der deutschen Fauna der Gerromorpha und 92 % der in Deutschland dokumentierten Vertreter der Nepomorpha. Für 18 Arten (90 %) der analysierten Gerromorpha war eine eindeutige Zuordnung von einer „Barcode Index Number“ (BIN) pro Art möglich. Innerhalb der Nepomorpha gelang dies für 29 Arten (67 %). Abbildung 1 illustriert exemplarisch die Auftrennung der verschiedenen Vertreter der Familie der Notonectidae in einer Neighbor Joining-Topologie. Die Datenanalyse erbrachte allerdings auch einige überraschende Ergebnisse, welche in HAVEMANN et al. (2018) detailliert beschrieben und diskutiert werden. Hierunter fällt unter anderem das Auftreten von identischen Sequenzen bei den nah verwandten Arten *Sigara iactans* JANSSON, 1983 und *Sigara falleni* (FIEBER, 1848), was eine eindeutige Differenzierung beider Arten – sofern es sich um solche tatsächlich handelt – mittels DNA Barcodes verhindert. Vergleichbare geringe zwischenartliche Distanzen treten unter anderem bei *Arctocorisa carinata* (C. R. SAHLBERG, 1819) und *Arctocorisa germari* (FIEBER, 1848) sowie *Callicorixa praeusta* (FIEBER, 1848) und *Callicorixa producta* (REUTER, 1880) auf. Ob es sich bei diesen Artenpaaren um nahverwandte, aber distinkte Arten handelt oder zwischen den Arten noch Genfluss stattfindet und es zu Hybridisierungen kommt, kann aktuell nicht geklärt werden und steht im Fokus weiterer eingehender Studien. Im Gegensatz zu diesen geringen zwischenartlichen Distanzen treten bei zwei Arten ungewöhnlich hohe innerartliche Werte auf. Bei *Cymatia coleoprata* (FABRICIUS, 1777) finden sich zwei Gruppen, die sich in bis zu 9,4 % voneinander unterscheiden. Interessanterweise wird eine Gruppe durch das Fehlen von 16 (!) Aminosäuren charakterisiert. Sehr hohe molekulare Distanzen wurden ferner bei *Plea minutissima* LEACH, 1817 gefunden, welche sich ebenfalls auf zwei Gruppen verteilen. Weiterführende morphologische als auch molekulare Untersuchungen finden aktuell statt. Erste Resultate aber deuten an, dass hier in beiden Fällen bislang jeweils eine Art übersehen wurde.

Unsere aktuellen Ergebnisse unterstreichen eindrucksvoll den Nutzen vom DNA Barcoding als molekulare Methode zur Artidentifizierung als auch als taxonomisches Hilfsmittel. Es bleibt abzuwarten, ob die angestrebte Erstellung einer gesamteuropäischen DNA Barcode-Bibliothek für die Gerromorpha und Nepomorpha ähnlich überraschende Ergebnisse hervorbringen wird.

Literaturverzeichnis:

- BUSH, A., COMPSON, Z.G., MONK, W.A., PORTER, T.M., STEEVES, R., EMILSON, E., GAGNE, N., HAJIBABAEI, M., ROY, M. & BAIRD, D.J. (2019): Studying ecosystems with DNA metabarcoding: Lessons from biomonitoring of aquatic macroinvertebrates. - *Frontiers in Ecology and Evolution* **7**, 434.
- DECKERT, J. & WACHMANN, E. (2020): Die Wanzen Deutschlands. Entdecken – Beobachten – Bestimmen. - Quelle & Meyer Verlag. Wiebelsheim, 715 S.
- GEIGER, M.F., MORINIÈRE, J., HAUSMANN, A., HASZPRUNAR, G., WÄGELE, W., HEBERT, P.D.N. & RULIK, B. (2016): Testing the Global Malaise Trap Program - How well does the current barcode reference library identify flying insects in Germany? - *Biodiversity Data Journal* **4**, e10671.
- HAUSMANN, A., HASZPRUNAR, G. & HEBERT, P.D.N. (2011): DNA barcoding the geometrid fauna of Bavaria (Lepidoptera): successes, surprises, and questions. - *Public Library of Science ONE* **6**, e17134.
- HAUSMANN, A., SEGERER, A.H., GREIFENSTEIN, T., KNUBBEN, J., MORINIÈRE, J., BOZICEVIC, V., DOCZKAL, D., GÜNTER, A., ULRICH, W. & HABEL, J.C. (2020): Toward a standardized quantitative and qualitative insect monitoring scheme. - *Ecology and Evolution* **10**, 4009-4020.
- HAVEMANN, N., GOSSNER, M.M., HENDRICH, L., MORINIÈRE, J., NIEDRINGHAUS, R., SCHÄFER, P. & RAUPACH, M.J. (2018): From water striders to water bugs: the molecular diversity of aquatic Heteroptera (Gerromorpha, Nepomorpha) of Germany based on DNA barcodes. - *PeerJ* **6**, e4577.
- HAWLITSCHKE, O., MORINIÈRE, J., LEHMANN, G.U.C., LEHMANN, A.W., KROPP, M., DUNZ, A., GLAW, F., DETCHAROEN, M., SCHMIDT, S., HAUSMANN, A., SZUCSICH, N.U., CAETANO-WYLER, S.A. & HASZPRUNAR, G. (2017): DNA barcoding of crickets, katydids and grasshoppers (Orthoptera) from Central Europe with focus on Austria, Germany and Switzerland. - *Molecular Ecology Resources* **17**, 1037-1053.
- HEBERT, P.D.N., CYWINSKA, A., BALL, S.L. & DEWAARD, J.R. (2003): Biological identifications through DNA barcodes. - *Proceedings of the Royal Society of London Series B: Biological Sciences* **270**, 313-321.
- HENDRICH, L., MORINIÈRE, J., HASZPRUNAR, G., HEBERT, P.D., HAUSMANN, A., KÖHLER, F. & BALKE, M. (2015): A comprehensive DNA barcode database for Central European beetles with a focus on Germany: adding more than 3500 identified species to BOLD. - *Molecular Ecology Resources* **15**, 795-781.
- JANSSON, A. (1986): The Corixidae (Heteroptera) of Europe and some adjacent regions. - *Acta Entomologica Fennica* **47**, 1-94.
- JI, Y., ASHTON, L., PEDLEY, S.M., EDWARDS, D.P., TANG, Y., NAKAMURA, A., KITCHING, R., DOLMAN, P.M., WOODCOCK, P., EDWARDS, F.A., LARSEN, T.H., HSU, W.W., BENEDICK, S., HAMER, K.C., WILCOVE, D.S., BRUCE, C., WANG, X., LEVI, T., LOTT, M., EMERSON, B.C. & YU, D.W. (2013): Reliable, verifiable and efficient monitoring of biodiversity via metabarcoding. - *Ecology Letters* **16**, 1245-1257.
- RATNASINGHAM, S. & HEBERT, P.D.N. (2007): BOLD: The Barcode of Life Data Systems. - *Molecular Ecology Notes* **7**, 355-364.
- RAUPACH, M.J., HENDRICH, L., KÜCHLER, S.M., DEISTER, F., MORINIÈRE, J. & GOSSNER, M.M. (2014): Building-up of a DNA barcode library for true bugs (Insecta: Hemiptera: Heteroptera) of Germany reveals taxonomic uncertainties and surprises. - *Public Library of Science ONE* **9**, e106940.
- SCHMIDT, S., SCHMID-EGGER, C., MORINIÈRE, J., HASZPRUNAR, G. & HEBERT, P.D.N. (2015): DNA barcoding largely supports 250 years of classical taxonomy: identifications for Central European bees (Hymenoptera, Apoidea *partim*). - *Molecular Ecology Resources* **15**, 985-1000.
- STRAUSS, G. & NIEDRINGHAUS, R. (2014): Die Wasserwanzen Deutschlands - Bestimmungsschlüssel für alle Nepo- und Gerromorpha. - WABV. Scheeßel, 66 S.
- WEIGAND, H., BEERMANN, A.J., ČIAMPOR, F., COSTA, F.O., CSABAI, Z., DUARTE, S., GEIGER, M.F., GRABOWSKI, M., RIMET, F., RULIK, B., STRAND, M., SZUCSICH, N., WEIGAND, A.M., WILLASSEN, E., WYLER, S.A., BOUCHEZ, A., BORJA, A., ČIAMPOROVÁ-ZATOVIČOVÁ, Z., FERREIRA, S., DIJKSTRA, S.-D.B., EISENDLE, U., FREYHOF, J., GADAWSKI, P., GRAF, W., HAEGERBAEUMER, A., VAN DER HOORN, B.B., JAPOSHVILI, B., KERESZTES, L., KESKIN, E., LEESE, F., MACHER, J.N., MAMOS, T., PAZ, G., PEŠIĆ, V., PFANNKUCHEN, D.M., PFANNKUCHEN, M.A., PRICE, B.W., RINKEVICH, B., TEIXEIRA, M.A.L., VÁRBÍRÓ, G. & EKREM, T. (2019): DNA barcode reference libraries for the monitoring of aquatic biota in Europe: Gap-analysis and recommendations for future work. - *Science of the Total Environment* **678**, 499-524.
- WÄGELE, J.W. (2016): DNA-Barcoding ermöglicht den universellen und effizienten Zugang zu Artenwissen. - *Biologie in unserer Zeit* **46**, 267.

Anschrift des Autors:

PD Dr. Michael J. Raupach, Staatliche Naturwissenschaftliche Sammlungen Bayerns,
 Zoologische Staatssammlung München, Münchhausenstraße 21, D-81247 MÜNCHEN.
 e-mail: raupach@snsb.de

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Heteropteron - Mitteilungsblatt der Arbeitsgruppe Mitteleuropäischer Heteropterologen](#)

Jahr/Year: 2020

Band/Volume: [60](#)

Autor(en)/Author(s): Raupach Michael J.

Artikel/Article: [DNA Barcoding enthüllt neue Arten und mögliche Hybride in der Wasserwanzenwelt Deutschlands \(Heteroptera: Nepomorpha et Gerromorpha\) 7-9](#)