

Aus dem Dunkel ins Licht: Die Entdeckung einer bislang unbekanntenen Wasserwanzenart in Deutschland

MICHAEL J. RAUPACH*, NELE CHARZINSKI, ADRIAN VILASTRIGO, WERNER BECKMANN, MARTIN M. GOSSNER, ROLF NIEDRINGHAUS, PETER SCHÄFER & LARS HENDRICH

*Korrespondierender Autor

Zusammenfassung:

In den letzten Jahren hat sich das DNA-Barcoding als gängiges Verfahren in der molekularen Artidentifikation etabliert. In diesem Zusammenhang konnten Hinweise für eine bislang übersehene Wasserwanzenart innerhalb der Zwergrückenschwimmer (Pleidae) in Deutschland gefunden werden. Bislang war nur eine Art für Deutschland und Europa bekannt. Ergänzende molekulare Daten als auch morphologische Charakteristika bestätigen die Existenz der bislang übersehenen Art. Weitere Studien werden durchgeführt, um diese Ergebnisse genauer zu analysieren und die neue Art nach modernen cybertaxonomischen Richtlinien zu beschreiben.

Abstract:

During the last years DNA barcoding has become a common procedure for species identification. As part of a comprehensive survey of the water bugs of Germany, our study gave first evidence for the presence of an overseen pygmy backswimmer species in Germany and Europe. Additional molecular data as well as detailed morphological characteristics support the existence of this new species. Further studies are performed to analyze these results more in detail and to describe the new species following modern cybertaxonomic guidelines.

Einleitung

Innerhalb der Wasserwanzen sind die Pleidae oder Zwergrückenschwimmer mit weltweit etwa 40 bekannten Spezies eine eher artenarme Familie, welche die Gattungen *Heteroplea* COOK, 2011, *Neoplea* ESAKI & CHINA, 1928, *Paraplea* ESAKI & CHINA, 1928, und *Plea* LEACH, 1818 umfasst. In Europa kommt lediglich der Wasserzwerger *Plea minutissima* LEACH, 1817 vor. Man findet die Art in stark verkrauteten, stehenden oder langsam fließenden Gewässern verschiedenster Art zwischen Wasserpflanzen umherkletternd, wenig schwimmend, und sogar unter geschlossenen Wasserlinsendecken (WEFELSCHIED 1912, WACHMANN et al. 2006). Die Migrationsfähigkeit ist reduziert, da die meisten Individuen flugunfähig sind. Zwischen Vorder- und Mittelbrust besitzen beide Geschlechter ein Zirporgan (WEFELSCHIED 1912, WACHMANN et al. 2006, DECKERT & WACHMANN 2020). Das Sekret der thorakalen Wehrdrüsen enthält Wasserstoffperoxid, welches als ein Schutzmittel für die Körperoberfläche gegen Mikrobewuchs verwendet wird (KOVAC & MASCHWITZ 1989). Zur Verteilung des Sekrets verlassen die Tiere von Zeit zu Zeit das Wasser. Wasserzwerger ernähren sich typischerweise von anderen kleinen Wasserarthropoden wie Stechmückenlarven, Muschelkrebse oder Wasserflöhe.

In den letzten Jahren hat sich das so genannte „DNA-Barcoding“ als zuverlässige, schnelle und kostengünstige molekulare Methode zur Artdetermination in der nationalen wie internationalen Forschungslandschaft fest etabliert (u.a. HEBERT et al. 2004, WÄGELE 2016). Im Zuge der Erstellung einer DNA-Barcode-Bibliothek für die Wasserwanzen und Wasserläufer Deutschlands wurden für *Plea minutissima* zwei divergente Sequenzgruppen ermittelt (vgl. HAVEMANN et al. 2018). Die Distanz zwischen beiden Clustern lag mit rund 8,2 Prozent deutlich höher als man es typischerweise für die innerartliche Variabilität einer Art erwarten kann. Handelt es sich hierbei tatsächlich um eine bislang unentdeckte Art? Um dies zu prüfen, erfolgte die Generierung weiterer Barcodes von Tieren aus ganz Europa sowie die Sequenzierung vollständiger mitochondrialer Genome und kernkodierter 18S rRNA-Gene ausgewählter Individuen. Parallel dazu wurden zahlreiche Tiere beider Geschlechter umfangreich morphologisch untersucht.

Methoden

Detaillierte Angaben zur DNA-Barcode-Probenbearbeitung finden sich in RAUPACH et al. (2014) und HAVEMANN et al. (2018). Informationen zur Sequenzierung der mitochondrialen Genome finden sich bei RAUPACH et al. (2022), während Informationen zur Sequenzierung des nuklearen 18S rRNA-Gens bei BEERMANN et al. (2018) nachgelesen werden können. Die morphologischen Arbeiten basieren auf Vorgehensweisen, wie sie für Zwergrückenschwimmer typisch sind (s. COOK et al. 2020).

Ergebnisse und Diskussion

Insgesamt wurden DNA-Barcodes von über 170 Individuen aus verschiedenen Regionen Europas, unter anderem aus der Schweiz, Österreich, England, Italien und der Ukraine, analysiert. Alle untersuchten Vertreter der Zwergrückenschwimmer verteilen sich auf zwei Cluster (A, C). Abb. 1 zeigt die Auftrennung der DNA-Barcodes sowie die geographische Verteilung der untersuchten Wasserwanzen. Auffällig ist die geographische Verteilung der Cluster: Zwergrückenschwimmer des Clusters A kommen eher in der Westhälfte Europas vor, während die Vertreter des Clusters C eine kontinentale Verbreitung aufweisen. An verschiedenen Fundorten, unter anderem in Niedersachsen und dem Saarland, treten Vertreter beider Cluster dagegen sympatrisch auf. Die Analyse der mitochondrialen Genome von Vertretern beider Cluster zeigte, dass sich die Divergenz nicht nur auf das Barcodefragment, sondern auf das gesamte Genom erstreckt. Der Vergleich der 18S rRNA-Gensequenzen untermauerte die Aufspaltung und die Existenz von zwei nah verwandten aber eindeutig distinkten Arten (nicht gezeigt).

Im Gegensatz zu der klaren molekulargenetischen Auftrennung gestaltete sich die Identifizierung beider Arten mit Hilfe morphologischer Merkmale dagegen deutlich schwieriger. Dies ist aber auch nicht überraschend, denn ansonsten wäre die bislang übersehene Art vermutlich in der Vergangenheit bereits entdeckt worden. Typische Merkmale, wie man sie zur Unterscheidung von anderen Zwergrückenschwimmern verwendet, zum Beispiel die Körperfärbung, charakteristische Borsten- oder Porenmuster sowie die Form der Subgenitalplatte (vgl. COOK et al. 2020), erlauben keine Unterscheidung. Beide Arten können nur anhand der Form der männlichen Paramere einwandfrei unterschieden werden. Unsere Ergebnisse demonstrieren, dass selbst im gut erforschten Deutschland bzw. Europa bislang übersehene, noch nicht beschriebene Arten nachgewiesen werden können. DNA Barcodes spielen in diesem Zusammenhang eine zentrale Rolle (z.B. CHIMENO et al. 2021). Die Zukunft wird zeigen, ob es auch innerhalb der Wanzen noch weitere unbekannte Arten gibt.

Literaturverzeichnis:

- BEERMANN, J., WESTBURY, M.V., HOFREITER, M., HILGERS, L., DEISTER, F., NEUMANN, H. & RAUPACH, M.J. (2018): Cryptic species in a well-known habitat: applying taxonomics to the amphipod genus *Epimeria* (Crustacea, Peracarida). – *Scientific Reports* **8**, 6893.
- CHIMENO, C., HAUSMANN, A., SCHMIDT, S., RAUPACH, M.J., DOCZKAL, D., BARANOV, V., HÜBNER, J., HÖCHERL, A., ALBRECHT, R., JASCHHOF, M., HASZPRUNAR, G. & HEBERT, P.D.N. (2022): Peering into the darkness: DNA barcoding reveals surprisingly high diversity of unknown species of Diptera (Insecta) in Germany. – *Insects* **13**, 82.
- COOK, J.L., SITES, R.W. & VITHEEPADIT, A. (2020): The Pleidae (Hemiptera, Heteroptera) of Thailand, with the description of two new species and a discussion of species from Southeast Asia. – *ZooKeys* **973**, 35-68.
- DECKERT, J. & WACHMANN, E. (2020): Die Wanzen Deutschlands. Entdecken – Beobachten – Bestimmen. – Wiebelsheim, 715 S.
- 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.
- 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.

- KOVAC, D. & MASCHWITZ, U. (1989): Secretion-grooming in the water bug *Plea minutissima*: a chemical defence against microorganisms interfering with hydrofuge properties of the respiratory region. – *Ecological Entomology* **14**, 403-411.
- 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.
- RAUPACH, M.J., DEISTER, F., VILLASTRIGO, A. & BALKE, M. (2022): The complete mitochondrial genomes of *Notiophilus quadripunctatus* DEJEAN, 1826 and *Omophron limbatum* (FABRICIUS, 1777): New insights into the mitogenome phylogeny of the Carabidae (Insecta, Coleoptera). – *Insect Systematics & Evolution* **53**, 242-263.
- WACHMAN, E., MELBER, A. & DECKERT, J. (2006): Die Tierwelt Deutschlands. Begründet 1925 von FRIEDRICH DAHL. 77. Teil. Wanzen. Band 1. – Keltern, 263 S.
- WÄGELE, J.W. (2016): DNA-Barcoding ermöglicht den universellen und effizienten Zugang zu Artenwissen. – *Biologie in unserer Zeit* **46**, 267.
- WEFELSCHIED, H. (1912): Über die Biologie und Anatomie von *Plea minutissima* LEACH. – *Zoologische Jahrbücher (Systematik)* **32**, 389-474.

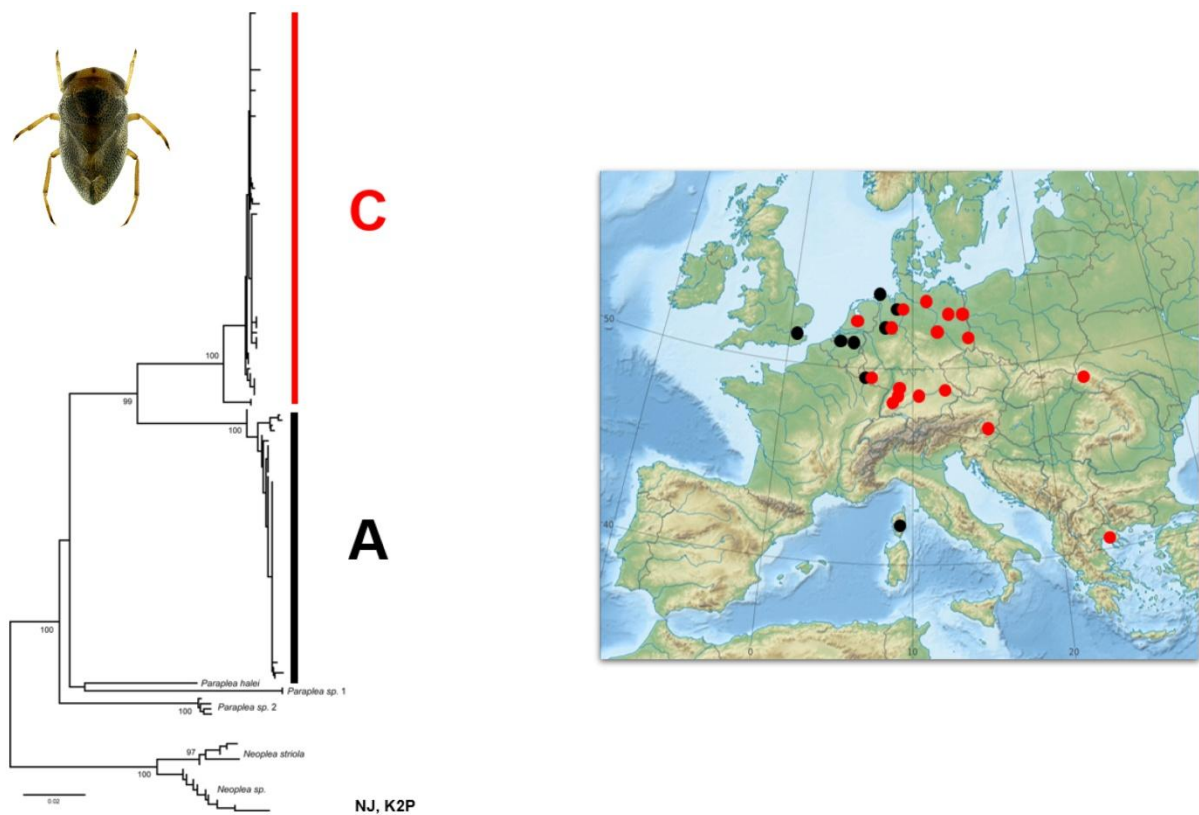


Abb.1: Neighbour-Joining-Topologie der DNA-Barcode-Sequenzdaten aller analysierten Individuen der Gattung *Plea* spp. basierend auf K2P-Distanzen sowie deren räumliche Verbreitung in Europa.

Illustration: GERHARD STRAUSS (www.corisa.de).

Anschrift des Verfassers:

PD Dr. Michael J. Raupach, Sektion Hemiptera, 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: 2023

Band/Volume: [68](#)

Autor(en)/Author(s): Raupach Michael J., Charzinski Nele, Villastrigo Adrian, Beckmann Werner, Gossner Martin M., Niedringhaus Rolf, Schäfer Peter, Hendrich Lars

Artikel/Article: [Aus dem Dunkel ins Licht: Die Entdeckung einer bislang unbekanntes Wasserwanzenart in Deutschland 6-8](#)