

Mitt. dtsh. malakozool. Ges.	88	45 – 58	Frankfurt a. M., April 2013
------------------------------	----	---------	-----------------------------

Abstracts malakozoologischer Abschlussarbeiten

zusammengestellt von IRA RICHLING

An dieser Stelle sollen in loser Folge universitäre Abschlussarbeiten mit malakozoologischen Themen einem breiteren Publikum vorgestellt oder wenigstens als Zusammenfassung überhaupt veröffentlicht werden. Ob daraus eine regelmäßige Rubrik in den DMG-Mitteilungen werden kann, hängt von der Bereitschaft der Examenskandidaten und ihrer Betreuer ab, die Zusammenfassungen der Arbeiten der Redaktion zur Verfügung zu stellen.

Impact of abiotic factors on DNA substitution rates in European spring snails (*Bythinella* spp.)

SEBASTIAN J. BERG

Justus-Liebig-Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen,

Sebastian.Berg@bio.uni-giessen.de

2012 – 36 S., Masterarbeit am Institut für Tierökologie und Spezielle Zoologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; betreut durch Prof. Dr. THOMAS WILKE.

Verfügbar vom Autor auf Anfrage.

The molecular clock approach has become a powerful tool, giving biologists the possibility to date phylogenetic events in the past without direct evidence. Therefore, the approach is based on the fixation of neutral or nearly neutral mutations in the population following POISSON distribution. The resulting substitution rate can be used like the "ticking" of a clock for the dating of past phylogenetic events.

In order to achieve accurate results, the molecular clock approach has to be calibrated as the substitution rate varies over time and space. Several different parameters are invoked impacting either the occurrence of new mutations, like species specific reaction on mutagens, or the fixation of these mutations in the population, like population-size. Previous studies focused on the parameter impacting the fixation, finding possible impacts of body size on the substitution rate in metazoa. In "invertebrates" the results could not be validated. These studies used diverse groups to estimate the impact of the investigated parameter. In this approach potential family or genus specific impacts like DNA repair abilities or habitat specific differences are unaccounted, increasing the variation in the dataset.

Based on the previous studies this thesis aimed to investigate the impact of habitat specific differences on the substitution rate. Habitat specific differences may be abiotic factors as temperature, insolation and altitude. To avoid the potential impact of species specific parameters and factors affecting the fixation of occurred mutations, a monophyletic group with specific habitat preferences was selected - the European spring snail genus *Bythinella* MOQUIN-TANDON 1856.

To investigate the impact of the abiotic factors, a phylogenetic analysis with 360 *Bythinella* COI sequences, representing 319 localities all over Europa, was performed. Based on the resulting phylogenetic tree, the phylogenetic branch lengths of selected sister groups to their shared ancestor were calculated. Potential correlations between the branch length and the abiotic factors were estimated using general linear regression. As abiotic factors water temperature, insolation and further locality information were used, estimated by using climate grids.

In this approach insolation showed a significant correlation to the branch lengths. The impact of insolation may be explained as UV and visible light radiation may lead to DNA base modifications especially in mitochondrial DNA. Furthermore, increased degree of insolation may increase mutation rates. All other parameters showed no significant correlation to the branch lengths.

These results showed that abiotic factors have also taken into account beside fixation impacting factors in the approach to calibrate substitution rates. Further studies have to be performed as improvements in the analysis may lead to more accurate results and may avoid difficulties occurred in the performed approach.

**Establishment of microsatellite analyses for *Oncomelania hupensis robertsoni*
(Gastropoda: Risssooidea) – intermediate host for the human blood fluke**

CATHARINA CLEWING

Justus-Liebig-Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen,
Catharina.Clewing@allzool.bio.uni-giessen.de

2011 – 84 S., Diplomarbeit am Institut für Tierökologie und Spezielle Zoologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; betreut durch Prof. Dr. THOMAS WILKE.

Verfügbar von der Autorin auf Anfrage.

The Asian human blood fluke *Schistosoma japonicum* is responsible for one of the most serious parasitic diseases, namely schistosomiasis (also known as bilharzia). Within the mainland of China *S. japonicum* is transmitted by two subspecies of the risssoidean snail taxon *Oncomelania hupensis*: *O. h. hupensis* GREDLER 1881 and *O. h. robertsoni* BARTSCH 1946. Previous phylogenetic studies of the western Chinese subspecies *O. h. robertsoni*, utilizing two mitochondrial genes (COI and LSU rRNA) and nuclear AFLP data, revealed an exceptionally high intraspecific genetic diversity and a lack of clear population structure. Given the necessity of understanding phylogeographic patterns in the intermediate host *O. h. robertsoni* for a better comprehension of the host/parasite coevolution, microsatellite analyses were established. Nine different microsatellite loci could be characterized for 198 specimens from ten distinct sampling sites within the Sichuan province, China. The microsatellites showed a high variability, with an allele range of 2 to 29 (average 15), an observed heterozygosity, H_o , ranging from 0.33 to 0.814 (average 0.57) and an expected heterozygosity, H_e , of 0.47 to 0.94 (average 0.70) according to the locus. The analysis of molecular variance (AMOVA) showed low differentiation of defined groups (classified according to watershed classification, N = 4 scalings). The main proportion of genetic variation (~ 85 %, $p < 0.001$) could be found within populations. The MANTEL test resulted in a highly significant ($p < 0.001$) low level of correlation ($r_M = 0.2509$) between the geographical and genetic distances of the populations. Overall, these preliminary analyses revealed a high degree of genetic variation within the populations and a lack of clear population structure.

***Trochulus oreinos* (A. J. WAGNER 1915) und *T. hispidus* (LINNAEUS 1758)
(Gastropoda: Pulmonata: Hygromiidae) in den Ostalpen und angrenzenden Gebieten:
Morphologie, Ökologie und ihr Kontext zur Phylogeographie**

[*Trochulus oreinos* (A. J. WAGNER 1915) and *T. hispidus* (LINNAEUS 1758) (Gastropoda: Pulmonata: Hygromiidae) in the eastern Alps and adjacent areas: Morphology, ecology and their context to phylogeography]

MICHAEL DUDA

Naturhistorisches Museum Wien, Burgring 7, A-1010 Wien, *michael.duda@nhm-wien.ac.at*

2012 – 110 S., Dissertation am Department für Integrative Zoologie, Universität Wien, Fakultät für Lebenswissenschaften; betreut durch Priv.-Doz. Dr. ELISABETH HARING (Naturhistorisches Museum Wien).

Verfügbar als PDF auf Anfrage beim Autor.

Artabtrennung und Taxonomie der Gattung *Trochulus* CHEMNITZ 1786 (Gastropoda: Pulmonata: Hygromiidae) waren seit jeher Gegenstand widersprüchlicher Lehrmeinungen. Dies ist vor allem dadurch bedingt, dass die Erstbeschreibungen mancher Taxa sehr dürftig und oft nur teilweise nachvollziehbar sind. Die vorliegende Dissertation beschäftigt sich mit einigen teilweise nur unzureichend beschriebenen Vertretern dieser Gattung, welche in den österreichischen Alpen und angrenzenden Gebieten vorkommen. Es sind dies: (1) Der weitverbreitete *T. hispidus* (LINNAEUS 1758), ein kontroversiell diskutiertes und problematisches Taxon innerhalb europäischer Landgastropoden. *T. hispidus* (LINNAEUS 1758) wird in der vorliegenden Arbeit – zusammen mit einer anderen, sehr strittigen Art – unter dem Namen *T. hispidus/sericeus*-Komplex zusammengefasst. (2) *Trochulus oreinos* (A. J. WAGNER 1915) mit seinen zwei Unterarten *T. o. oreinos* und *T. o. scheerpeltzi* (MIKULA 1954), ein Endemit der Österreichischen Nordostalpen. Die beiden Unterarten von *T. oreinos* wurden ursprünglich als Unterarten des höchst variablen *T. hispidus* betrachtet. In der vorliegenden Dissertation wurden alle drei Taxa in Hinblick auf Morphologie, Anatomie und Ökologie analysiert; die Ergebnisse wurden mit Daten aus molekularbiologischen Untersuchungen verknüpft.

Die Ergebnisse hinsichtlich Schalenmorphologie und innerer Anatomie zeigten eine hohe Ähnlichkeit zwischen den beiden Taxa von *T. oreinos* und ihre klare Abtrennung zu *T. hispidus*. Zwei diagnostische Merkmale beider Unterarten von *T. oreinos* – die artspezifische Haarmorphologie und ein konstantes Muster der Penialfalten – wurden das erste Mal ausführlich dokumentiert.

Das erste diagnostische Merkmal ist die Haarlänge: Die Periostrakumhaare von *T. hispidus* (Mindestlänge 0,21mm) sind signifikant länger als jene der beiden *T. oreinos* ssp. (0,03 bis 0,09 mm). Außerdem sind die Haare letzterer oft eingeringelt oder zumindest stark gebogen. Das zweite Merkmal ist im Querschnitt des Penis ersichtlich, welcher bei *T. oreinos* lediglich eine nur einmal durchbrochene intrapapilläre Höhlung aufweist, wohingegen bei Vertretern des *T. hispidus/sericeus*-Komplexes zwei getrennte, ca. gleichlange intrapapilläre Höhlungen vorhanden sind. Zusätzliche Merkmale wie Schalendimensionen und -strukturen können die beiden Arten tendenziell separieren, wobei es allerdings teilweise auch Überlappungen gibt. Zwischen den beiden *T. oreinos*-Unterarten konnte ein kleines, aber konsistentes Unterscheidungsmerkmal nachgewiesen werden: und zwar eine Ausbuchtung, optional mit einer zusätzlichen, kleineren Penialfalte. Dieses Merkmal stimmt auch mit molekularbiologischen Ergebnissen überein, da es nur bei Individuen mit *T. o. oreinos*-Genotyp vorkommt. Die flache Rinne unter dem Kiel, welche ursprünglich als Erkennungsmerkmal von *T. o. scheerpeltzi* beschrieben wurde, stellte sich nicht als konstantes Merkmal zur Unterscheidung der beiden Unterarten heraus. Die Frage, ob die beiden *T. oreinos*-Unterarten möglicherweise zwei verschiedene Arten repräsentieren – so wie es die hohen genetischen Distanzen zwischen den beiden Kladen vermuten lassen – kann zum gegenwärtigen Zeitpunkt nicht beantwortet werden.

Ein noch stärkerer Unterschied zwischen *T. oreinos* ssp. und dem *T. hispidus/sericeus*-Komplex zeigte sich in Vergleichen der ökologischen Einnischung und der Lebensraumsprüche. Die beiden Unterarten von *T. oreinos* zeigen dieselben Habitatpräferenzen, da sie auf felsige Bereiche in den Hochlagen der nordöstlichen Kalkalpen beschränkt sind. Sie bevorzugen trockenes alpines Offenland mit lockerem, grabbarem Boden und/oder Steinen und sind auf (sub)alpine Fels- und Schuttgesellschaften sowie lockeres *Caricetum firmae* beschränkt. Im Gegensatz dazu ist der *T. hispidus/sericeus*-Komplex über weitere geographische Bereiche sowie Höhenstufen verbreitet, wobei Feuchtgebiete und Hochstaudenbestände an Gewässern bevorzugt werden.

Da *T. oreinos* nur auf natürlich waldfreien Standorten vorkommt, ist er nicht durch Strukturänderungen des Lebensraumes – etwa eine durch Aufgabe der Weidewirtschaft oder Anhebung der alpinen Vegetationszonen bedingte Verbuschung oder Bewaldung – betroffen. Allerdings wird die Verbreitung von *T. oreinos* durch mikroklimatische Faktoren beschränkt, da die Art an kühlere Lebensräume adaptiert ist. Die Habitatpräferenzen von *T. oreinos* ähneln auffallend jenen des Schweizer Endemiten *T. biconicus* (EDER 1917), da beide Arten fast dieselben kühl-trockenen Habitate bewohnen, welche sich deutlich von denen anderer Arten der Gattung *Trochulus* unterscheiden, die zumeist feuchte Lebensräume bevorzugen.

Während die Ergebnisse eine klare interspezifische Abtrennung zwischen *T. oreinos* und dem *T. hispidus/sericeus*-Komplex zeigen, ist die intraspezifische Differenzierung vor allem innerhalb des *T. hispidus/sericeus*-Komplexes unklar. Molekularbiologische Untersuchungen an Vertretern des *T. hispidus/sericeus*-Komplexes, die parallel mit demselben Material durchgeführt wurden, ergaben neun unterschiedliche mitochondriale Kladen. Diese waren mit jenen von morphologisch klar definierten Arten (*T. villosulus* (ROSSMÄSSLER 1838), *T. striolatus* (C. PFEIFFER 1828), *T. villosus* (DRAPARNAUD 1805), *T. clandestinus* (W. HARTMANN 1821)) durchmischt, was den *T. hispidus/sericeus*-Komplex paraphyletisch erscheinen lässt. Im Gegensatz dazu ist *T. oreinos* monophyletisch und von allen anderen Kladen klar abgetrennt. Die Abspaltung erfolgt an der Basis des phylogenetischen Baumes, zusammen mit *T. biconicus* und *Pliciteria lubomirskii* (SLÓSARSKI 1881), einer Art der Außengruppe.

Trotz der hohen genetischen Distanzen zwischen den Kladen des *T. hispidus/sericeus*-Komplexes konnten diese in morphologischen Analysen nicht eindeutig differenziert werden. Die Schalenmorphologie zeigte auch keine klaren Unterschiede hinsichtlich Populationen oder geographischer Gruppen, unabhängig von deren genetischer Zuordnung. Auch das problematische Taxon *T. sericeus* (DRAPARNAUD 1801), welches in der Literatur zumeist aufgrund seines engen Nabels definiert wird, konnte weder in der morphologischen noch in der genetischen Analyse klar definiert werden. Außerdem gab es keine feststellbaren Unterschiede in der Genitalanatomie, welche eine der Kladen des *T. hispidus/sericeus*-Komplexes eindeutig von den anderen abgrenzen. Anhand des *T. hispidus/sericeus*-Komplexes werden problematische Aspekte des DNA-Barcodings aufgezeigt, sofern dieses ohne Hintergrundwissen betreffend phylogenetischer Verhältnisse, phylogeographischer Muster und Artenkenntnis erfolgt. Sogar für ein vergleichsweise kleines Untersuchungsgebiet wie die Ostalpen und daran angrenzende Gebiete wären einzelne oder wenige COI Sequenzen zur Definition von *T. hispidus* bzw. *T. sericeus* irreführend. Die vorliegenden Analysen zeigen die Grenzen sowohl des klassischen morphologischen Ansatzes als auch moderner phylogenetischer Methoden zur Artabgrenzung in kritischen Fällen. Um Hybridisierungsbarrieren bei kritischen Arten zu erkennen, sind genaue Kenntnisse der Reproduktionsbiologie unerlässlich. Zusätzlich sind Kreuzungsexperimente und Analysen bezüglich des Genflusses zwischen den verschiedenen Kladen notwendig. Unabhängig davon bringt die Kenntnis der geographischen Verbreitung der unterschiedlichen genetischen Linien Zusatzinformationen für den Naturschutz, da einige dieser Linien hauptsächlich in gefährdeten Lebensräumen vorkommen. [Arbeit in Englisch]

Publikationen:

- DUDA, M., KRUCKENHAUSER, L., HARING, E. & SATTMANN, H. (2010): Habitat requirements of the pulmonate land snails *Trochulus oreinos oreinos* and *Cylindrus obtusus* endemic to the Northern Calcareous Alps, Austria. — *Eco. Mont*, **2** (2): 5-12, Wien.
- DUDA, M., SATTMANN, H., HARING, E., BARTEL, D., WINKLER, H., HARL, J. & KRUCKENHAUSER, L. (2011): Genetic differentiation and shell morphology of *Trochulus oreinos* (WAGNER, 1915) and *T. hispidus* (LINNAEUS, 1758) (Pulmonata: Hygromiidae) in the Northeastern Alps. — *Journal of Molluscan Studies*, **77** (1): 30-40, London.

Molecular Morphology of Ribosomal DNA of the Bivalvia

SUSANNE FEISTEL

Institut für Ostseeforschung (EDV), Warnemünde, Seestr. 15, 18119 Rostock

susanne.feistel@io-warnemuende.de

2012 – 193 S., 1 CD (Primärsequenzen und Sekundärstrukturen), Dissertation an der Fakultät für Biologie der LMU München; betreut durch Prof. Dr. GERHARD HASZPRUNAR.

Verfügbar als PDF auf Anfrage bei der Autorin.

Mit der besseren und leichter verfügbaren Rechentechnik seit den 1970er Jahren und der Entwicklung einer schnelleren und billigeren Sequenzierungstechnik von DNA und RNA hat die Bedeutung der numerischen Sequenzanalysen gegenüber der klassischen, deskriptiven Morphologie für phylogenetische Untersuchungen stark zugenommen. Zu den jüngeren numerischen Methoden gehört die Analyse von genetischen Sekundärstrukturen, also fiktiver 2-dimensionaler Faltungen von RNA-Molekülen nach physikalisch-energetischen Kriterien. Für die numerische Durchführung dieser Faltungen existieren verschiedene physikalisch-energetische Modelle, die jeweils in diverse Algorithmen implementiert wurden, die ihrerseits jeweils eine Anzahl willkürlich wählbarer, freier Parameter aufweisen.

Die erste Teilaufgabe dieser Arbeit bestand darin, eine Auswahl vorhandener Methoden und Algorithmen der Sekundärstrukturanalyse an einem biologisch relevanten Beispiel zu testen und ihre Vor- und Nachteile gegenüber anderen Methoden der molekularen Systematik herauszuarbeiten. Als Ergebnis kann grundsätzlich festgestellt werden, dass der methodische Vorteil der Sekundärstrukturanalyse, relativ unempfindlich zu sein gegenüber chemisch irrelevanten Punktmutationen der Primärstruktur, den Nachteilen gegenübersteht, dass die neue Methode zeitaufwändig ist, sich zur automatisierten Bearbeitung wenig eignet und stark von einer größeren Zahl willkürlicher Entscheidungen des Bearbeiters abhängt, also zu einem erheblichem Maß subjektiven Kriterien unterliegt.

Als biologisches Anwendungsbeispiel wurde die Phylogenie der Bivalvia ausgewählt. Die Verwandtschaft vieler Taxa, zu ermitteln über ihre paarweise Ähnlichkeit gemessen nach bestimmten Kriterien, ist ungeachtet zahlreicher Studien noch immer unsicher. Unterschiedliche taxonometrische Untersuchungen führten bisher häufig zu unbefriedigenden, inkonsistenten Resultaten.

Die zweite Teilaufgabe dieser Arbeit war die phylogenetische Analyse der Bivalvia mit der Methode der Sekundärstrukturanalyse. Als genetisches Ausgangsmaterial wurde die 18S Fraktion der ribosomalen RNA (18S rRNA) bevorzugt, weil (1) für rRNAs mehrere Modelle bzw. Algorithmen verfügbar waren und (2) deren Mutationsraten dieser Fraktion hinreichend niedrig sind, um zumindest potenziell frühe Verzweigungen bis zum Kambrium zeitlich auflösen zu können. Die Ausführung der Analyse hat ergeben, dass die neue Methode grundsätzlich als Alternative bzw. als Ergänzung zu herkömmlichen Verfahren geeignet ist, um eine phylogenetische Evolutionsgeschichte aus den vorliegenden Primärsequenzen abzuleiten. Jedoch gestaltet sich das Ergebnis als empfindlich gegenüber relativ willkürlichen methodischen Details und entbehrt der erwünschten Stabilität und Objektivität. Aus diesem Grunde kann die neue Methode im derzeitigen Stand nur wenig dazu beitragen, die bekannten Probleme der Phylogenie der Bivalvia maßgeblich zu verringern.

Phylogeographie und Unterartklassifikation von *Clausilia dubia* DRAPARNAUD 1805 im östlichen Österreich (Gastropoda: Pulmonata: Clausiliidae)

KATHARINA JAKSCH

Naturhistorisches Museum Wien, 3. Zoologische Abteilung, Burgring 7, A-1010 Wien,
katharina.jaksch@nhm-wien.ac.at

2012 – 93 S., Diplomarbeit am Department für Integrative Zoologie, Fakultät für Lebenswissenschaften, Universität Wien; betreut durch Priv.-Doz. Dr. ELISABETH HARING (Naturhistorisches Museum Wien).

Verfügbar als PDF auf Anfrage bei der Autorin.

Die Familie der Clausiliidae (Schließmundschnecken) zählt zu den artenreichsten innerhalb der Landschnecken. In dieser Arbeit wurde die Unterartklassifikation von *Clausilia dubia* DRAPARNAUD 1805 neu untersucht. Dazu wurden morphologische Analysen verschiedener Schalenmerkmale und zum ersten Mal auch molekulare Analysen (Teilsequenz des mitochondrialen Gens COI) durchgeführt. In Österreich kommen 17 Unterarten von *C. dubia* vor, 13 davon im Untersuchungsgebiet der Nördlichen Kalkalpen des östlichen Österreichs. Einige dieser Unterarten kommen sympatrisch in dieser Region vor und in einigen Fällen traten sie gar syntop auf.

Das Ziel dieser Arbeit war es herauszufinden, ob sich diese beschriebenen Unterarten genetisch und/oder morphologisch unterscheiden. Weiter sollte geprüft werden, ob die genetischen und morphologischen Ergebnisse übereinstimmen. Die Bestimmung der Unterarten ist schwierig, jedoch gibt es kleine, in erster Linie qualitative Merkmale, die eine Unterscheidung möglich machen. Dafür wurde ein neuer Bestimmungsschlüssel erstellt. Für eine einfachere Klassifizierung wurden die Unterarten in vier Morphogruppen eingeteilt. Letztendlich konnte weder morphometrisch noch genetisch eine klar abgegrenzte Gruppe ermittelt werden, welche mit einer der beschriebenen Unterarten oder einer Morphogruppe übereinstimmt. Die Gültigkeit der beschriebenen Unterarten ist daher zweifelhaft.

Comparative 3D microanatomy and systematics of skeneimorph gastropods, with a survey on epipodial tentacles in lower gastropods

THOMAS KUNZE

School of Biological Sciences, Harborne Building, The University of Reading,
Reading RG6 6AS, United Kingdom, ThomasKunze1@gmx.de

2012 – 179 S., Dissertation an der Fakultät für Biologie der LMU München; betreut durch Prof. Dr. GERHARD HASZPRUNAR und PD Dr. MARTIN HEB.

Am LMU-Server derzeit gesperrt, da drei Arbeiten noch im Druck bzw. eingereicht sind.

The Skeneidae family (Vetigastropoda: Trochoidea) comprehends around 200 species of very small gastropods with a coiled and mostly colourless shell of a diameter smaller than 5 mm, lacking nacre, and with a rhipidoglossate radula. It has become obvious that these few characters do not prove a phylogenetic relation and this taxon has been suspected for quite some time to be a polyphyletic assemblage. Using recent methodological techniques including serial semi-thin sectioning combined with computer-aided 3D-reconstructions (Amira®) the internal anatomy can be examined, illustrated and new characters detected, which help to shed some light on the Skeneidae morphology and phylogeny.

Within this study the internal anatomy of the type species *Skenea serpuloides* (MONTAGU 1808) was described. Together with the data of closely related species like other *Skenea* and *Dillwynella* species, Skeneidae sensu stricto could be accurately defined by having a propodial penis and being true hermaphrodites. However, the Skeneidae genera *Lodderena*, *Bruceiella* and *Leucorhynchia* do not have such a penis and show a different reproduction system (Skeneidae sensu lato). Other species originally described as Skeneidae turned out not only to be excluded from this family but even belong to other vetigastropod superfamilies like Seguenzioidea or other gastropod clades like Neomphalina.

With the anatomy of the seguenzioid *Ventsia tricarinata* WARÉN & BOUCHET 1993 the first complete morphological description of a member of this superfamily is provided. With a body size between 1 mm and a maximum of up to 5 mm especially the reproductive system has constraints due to the “dwarf size” of this species.

Analysing members of several vetigastropod superfamilies it has become obvious that the recent understanding of the evolution of the tentacles within lower gastropods, including the clades Patellogastropoda, Neomphalina,

Cocculiniformia and Vetigastropoda, is incomplete. The tentacles of such gastropods were examined more closely and it turned out that a revision was urgently needed. It could be demonstrated that a particularly important systematic character, the epipodial sense organ (ESO), is not restricted to the Vetigastropoda as reported, but does occur much more frequently as thought. Therefore the evolution and distribution of the ESOs and also of the common epipodial tentacles has to be reinterpreted.

Publikationen:

- KUNZE, T., BRÜCKNER, M., BECK, F., HEB, M. & HASZPRUNAR, G. (2008): Skeneimorph gastropods in Neomphalida and Vetigastropoda - a preliminary report. — In: GEIGER, D. & RUTHENSTEINER, B. (Eds.): *Micromolluscs: Methodological Challenges – Exiting Results.* — *Zoosymposia*, **1**: 119-131, Auckland.
- KUNZE, T. (2011): *Dillwynella voightae* new species, a new skeneimorph gastropod (Turbinidae) from the western Atlantic and a new record of *Dillwynella modesta* (DALL, 1889). — *The Nautilus*, **125**: 36-40, Sanibel.

Computergestützte 3D-Rekonstruktion der „Facettenaugen“ von *Glycymeris glycymeris*, *Arca noae* und *Barbatia barbata* (Mollusca, Bivalvia)

FLORIAN KRETZLER

Rudi-Seibold-Str.1, 80689 München, flo.kr@freenet.de

2011 – 148 S., Diplomarbeit an der Fakultät für Biologie der LMU München; betreut durch PD Dr. MARTIN HEB und Prof. Dr. GERHARD HASZPRUNAR.

Verfügbar als PDF auf Anfrage bei Prof. HASZPRUNAR.

In der vorliegenden Arbeit werden die Anatomie und die Morphologie der Facettenaugen anhand von Vertretern der Arcoidea (= *Arca noae* LINNAEUS 1758) und der Limopsoidea (= *Glycymeris glycymeris* (LINNAEUS 1758)) im Detail untersucht und mit den bisher zur Verfügung stehenden Daten verglichen. Auf der Grundlage von Semidünnschnittserien und unter Verwendung computergestützter Verfahren der Bildbearbeitung und der 3D-Darstellung, werden die Augen in frei wählbarer Perspektive und Kombination ihrer Zellbestandteile darstellbar. Die so künstlich erschaffenen Abbilder der natürlichen Organe erlauben in Kombination mit den histologischen Schnittbildern und zusätzlicher transmissions-elektronenmikroskopischer Aufnahmen detaillierte morphologische und morphometrische Untersuchungen. So werden die relative Lage der Augen zu dem sie umgebenden Gewebe, der zelluläre Aufbau einzelner Fotorezeptoren sowie Längen-, Volumen- und Zahlenverhältnisse der Mitochondrien, Zellkerne, Fotomembranen und Mikrovillissäume einzelner Fotorezeptoren genau beschrieben und miteinander verglichen.

Besonders bemerkenswert sind die Ergebnisse im Facettenauge bei *Arca noae*. Deren Fotorezeptoren zeigen im direkten Vergleich miteinander nur marginale Unterschiede und sind innerhalb des Auges hochsymmetrisch angeordnet. Völlig gegensätzlich zeigen sich indessen die Vergleichswerte von *Glycymeris glycymeris*. Es finden sich große Varianzen hinsichtlich Größe und Volumen und deutliche Fotorezeptorkonzentrationen in bestimmten Regionen des Facettenauges. Im Anschluss an die Rekonstruktion und Vermessung der Muschelaugen wurden die erhaltenen Daten mit den bisher publizierten Ergebnissen verglichen und diskutiert.

Systematics and Evolution of the Acochlidia (Gastropoda: Euthyneura)

TIMEA PAMELA NEUSSER

Department Biologie II, Ludwig-Maximilian-Universität München, Großhaderner Str. 2,
82152 Planegg-Martinsried, neusser@biologie.uni-muenchen.de

2012 – 362 S., Dissertation an der Fakultät für Biologie der LMU München; betreut durch PD Dr. MICHAEL SCHRÖDL und Prof. Dr. GERHARD HASZPRUNAR.

Verfügbar als PDF auf Anfrage bei der Autorin.

Only a small fraction of the estimated species diversity on Earth already has been discovered, and expected high extinction rates force biologists to rapid surveys. Molecular barcoding techniques meet such goals, but taken alone they can hardly connect genetic discoveries with the large morphology-based body of taxonomic knowledge that accumulated during centuries. Also, the study of organismic evolution requires reliable information

on phenotypes. Morphological and biological knowledge on formally described species can be, however, very heterogeneous regarding both quality and quantity. Especially problematic are meiofaunal taxa – biodiversity generally is poorly explored, and species are small, hard to collect, externally quite uniform and difficult to distinguish by means of traditional taxonomic techniques. Old species descriptions often are fragmentary and information may or may not be reliable. Novel microanatomical imaging techniques raised the hope to combine the rapid examinations with the obligatory accuracy and desired comprehensiveness of structural information obtainable.

Among the most successful interstitial gastropod taxa are the Acochlidia, combining extremely high morphological and biological diversity with modest species diversity. The state of research at the beginning of my PhD thesis considered the Acochlidia as poorly known, enigmatic and morphologically and biologically aberrant Opisthobranchia, comprising only 27 valid species. Most of the acochlidian species are marine mesopsammic and distributed along the coasts of the world's oceans, but some species succeeded to invade freshwater systems on tropical islands. Uniquely among the otherwise hermaphroditic euthyneurans, some acochlidians have separate sexes. Previous sampling efforts were biased to European waters and a few other places that had been visited by experts. Original descriptions of the acochlidian species were often limited to the external morphology, the structure of calcareous spicules and the examination of the radula by light microscopy; furthermore, some anatomical data were traditionally obtained from gross-morphological dissection or from paraffin-based histology. Inner acochlidian classification was controversial and neither morphology based nor molecular phylogenetic studies resolved the origin of this traditional “order” among euthyneuran heterobranch gastropods.

In a case study for Mollusca, and for the first time for heterobranch gastropods, I comparatively explored the microanatomy of a representative sampling of known acochlidian taxonomic diversity applying computer-aided 3D reconstructions with Amira® based on serial semi-thin histological sections. My dissertation aimed (1) to revise the morphology and taxonomy of acochlidians, including the most dubiously and incompletely described species, (2) to generate detailed microanatomical data sets for comparative purposes, (3) to reconstruct global acochlidian phylogeny and major traits of their evolution, and (4) to explore the power and the limits of modern microanatomy against traditional taxonomy and molecular approaches, and to develop integrative approaches.

Original type material was traced in museums and institutions according to the literature and loaned for re-examination whenever possible. Most of the acochlidian species were re-collected at the type localities. Seven acochlidian species covering seven of eight families were re-examined in full detail; other species were studied to the level necessary and possible considering time constraints; additionally five species were introduced new to science. The microanatomical part of my dissertation clearly demonstrates that traditional acochlidian taxonomy did not provide sufficiently detailed and reliable anatomical information. In contrast, computer-based 3D reconstructions with the software Amira® are an efficient, powerful tool for microanatomy, providing a wealth of new data on all major organ systems of the Acochlidia. Transforming specimens into serial histological sections is “invasive”, but generates vouchers that carry testable information. Semithin-sectioning (1-2 µm) and staining as applied herein provide resolution adequate to trace relevant organs, ducts and tissues; limits of this method refer to quantitative detection of fine nerves. The process of preparing complete 3D models is time consuming, but greatly supports accurateness of finding and identifying structures and includes several steps of internal quality control. 3D models, especially when interactive, are attractive and instructive, comprise verifiable high-quality data, and revealed considerable amounts of erroneous data within original species descriptions. Former outliers – i. e. apparently aberrant and enigmatic species - fit well into the pattern of known acochlidian species after the correction of the original data. 3D modeling from serial sections as applied herein is discussed as the best currently available method for exploring complex soft part microanatomy in small invertebrate specimens.

Using the verified and supplemented morphological data, more than 100 morphological characters were defined and coded for all 27 acochlidian species considered valid at that time, and eleven euthyneuran outgroups. A cladistic analysis with PAUP recovered monophyletic Acochlidia originating from an unresolved basal opisthobranch level. The Acochlidia split into the Hedylopsacea (*Tantulum* (*Hedylopsis* (*Pseudunela* (*Strubellia* ('*Acochlidium*', '*Palliohedyle*'))))) and Microhedylacea (*Asperspina* (*Pontohedyle*, '*Parhedyle*', '*Microhedyle*', (*Ganitus*, '*Paraganitus*))). The formerly enigmatic Ganitidae, resembling sacoglossan opisthobranchs by having dagger-like rhachidian radular teeth, were recovered as highly derived microhedylids. This topology is largely well-supported, robust to modifications of outgroup taxon sampling, and in principles was supported by a recent multi-locus molecular analysis. In addition, molecular analyses revealed the formerly enigmatic, amphibious Aitengidae also clustering within hedylopsacean Acochlidia. Although my phylogenetic hypothesis is not considered definitive, the paraphyly of some of the traditionally recognized family level taxa induced a preliminary reclassification of the Acochlidia.

Rarely among invertebrates, morphology-based and molecular acochlidian topologies are compatible, and thus may closely reflect natural relationships. Major traits of the acochlidian evolutionary history were reconstructed tracing character state changes on the tree. The previous hypothesis of a general regression of morphological complexity in the Acochlidia applies only for microhedylacean species. Within Microhedylacea, we confirmed a

tendency towards successive reductions, particularly in the reproductive system. Species are aphyllous, sperm transfer occurs by spermatophores and dermal fertilisation and the secondary gonochorism evolved once in the ancestor of the Microhedylidae. In contrast, already basal hedylopsacean species show a complex excretory system adapted to a freshwater influenced environment. An evolutionary trait from a simple unarmed copulatory system towards complex hypodermal injection systems was recognised culminating in a large, trap-like spiny rapto-penis of several limnic Acochliidae.

In spite of a high level of convergence involved, precise microanatomical data sets on a vast (yet incomplete) ingroup sampling thus allowed reconstructing a novel, plausible and detailed hypothesis on acochlidian phylogeny and evolution. This approach may have considerable potential also in other groups with similarly small and rare members that are elusive to molecular studies. Limits of morphology-based phylogeny concern any subgroups with just limited information available, old and possibly rapid diversifications, such as the origin of Acochlidia among Euthyneura, and relatively recent subgroups with little phenotypical differences fixed. We show that traditional taxonomy fails to differentiate some genetically clearly distinct lineages. In *Pseudunela*, sophisticated microanatomy alone cannot reliably delimitate all of the evolutionary lineages, but may reveal diagnosable differences among pseudocryptic species once they have been delimited by molecular analyses. Integrative taxonomy combining modern microanatomical data on acochlidians with molecular analyses thus is superior to individual approaches.

With all key species revised in microanatomical and testable detail, and many additional species compared to such standard, now the Acochlidia probably range among the best described heterobranch groups. There is, however, still a critical gap of knowledge regarding biological observations and ontogenetic stages. Future work also should focus on resolving the exact origin of Acochlidia among Panpulmonata and on generating comparative anatomical data from potential sister groups. In spite of the urgency for speed facing the biodiversity crisis, my dissertation showed the essential need for revisory work on acochlidians, and this may be true also for other poorly known micromolluscs. Integrative 3D microanatomical and molecular approaches as exemplified herein are efficient, and thus suitable to explore the diversity and evolution of neglected micromolluscs within overall reasonable time scales.

Publikationen:

- BRENZINGER, B., NEUSSER, T. P., GLAUBRECHT, M., HASZPRUNAR, G. & SCHRÖDL, M. (2011): Redescription and three-dimensional reconstruction of the limnic acochlidian gastropod *Strubellia paradoxa* (STRUBELL, 1892) (Gastropoda: Euthyneura) from Ambon, Indonesia. — *Journal of Natural History*, **45** (3/4): 183-209, London.
- BRENZINGER, B., NEUSSER, T. P., JÖRGER, K. M. & SCHRÖDL, M. (2011): Integrating 3D microanatomy and molecules: natural history of the Pacific freshwater slug *Strubellia* ODHNER, 1937 (Heterobranchia: Acochlidia), with description of a new species. — *Journal of Molluscan Studies*, **77**: 351-374, London.
- JÖRGER, K. M., HEB, M., NEUSSER, T. P. & SCHRÖDL, M. (2009): Sex in the beach: spermatophores, dermal insemination and 3D sperm ultrastructure of the aphyllous mesopsammic *Pontohedyle milaschewitchii* (Acochlidia, Opisthobranchia, Gastropoda). — *Marine Biology*, **156** (6): 1159-1170.
- JÖRGER, K. M., NEUSSER, T. P., HASZPRUNAR, G. & SCHRÖDL, M. (2008): Undersized and underestimated: 3D-visualization of the Mediterranean interstitial acochlidian gastropod *Pontohedyle milaschewitchii* (KOWALEVSKY, 1901). — *Organisms Diversity & Evolution*, **8** (3): 194-214, Jena.
- JÖRGER, K. M., NEUSSER, T. P. & SCHRÖDL, M. (2007): Re-description of a female *Pontohedyle brasiliensis* (RANKIN, 1979), a junior synonym of the Mediterranean *P. milaschewitchii* (KOWALEVSKY, 1901) (Acochlidia, Gastropoda). — *Bonner Zoologische Beiträge*, **55** (3/4): 283-290, Bonn.
- KOHNERT, P., NEUSSER, T. P., JÖRGER, K. M. & SCHRÖDL, M. (2011): Time for sex change! 3D-reconstruction of the copulatory system of the 'aphyllous' *Hedylopsis ballantinei* (Gastropoda, Acochlidia). — *Thalassas*, **27** (2): 113-119, Vigo.
- NEUSSER, T. P., FUKUDA, H., JÖRGER, K. M., KANO, Y. & SCHRÖDL, M. (2011): Sacoglossa or Acochlidia? 3D reconstruction, molecular phylogeny and evolution of Aitengidae (Gastropoda, Heterobranchia). — *Journal of Molluscan Studies*, **77**: 332-350, London.
- NEUSSER, T. P., HESS, M., HASZPRUNAR, G. & SCHRÖDL, M. (2006): Computerbased 3-dimensional reconstruction of the anatomy of *Microhedyle remanei* (MARCUS, 1953), an interstitial acochlidian gastropod from Bermuda. — *Journal of Morphology*, **267** (2): 231-247.
- NEUSSER, T. P., HEB, M., HASZPRUNAR, G. & SCHRÖDL, M. (2007): Sperm ultrastructure of *Microhedyle remanei*, an interstitial acochlidian gastropod with dermal fertilization. — *Journal of the Marine Biological Association of the UK*, **87** (3): 747-754, London.
- NEUSSER, T. P., HESS, M. & SCHRÖDL, M. (2009): Tiny but complex - interactive 3D visualization of the interstitial acochlidian gastropod *Pseudunela cornuta* (CHALLIS, 1970). — *Frontiers in Zoology*, **6**: 20, London.

- NEUSSER, T. P., JÖRGER, K. M. & SCHRÖDL, M. (2007): Exploring cerebral features in Acochlidia (Gastropoda: Opisthobranchia). — *Bonner zoologische Beiträge*, **55** (3/4): 301-310, Bonn.
- NEUSSER, T. P., JÖRGER, K. M. & SCHRÖDL, M. (2011): Cryptic species in tropic sands - Interactive 3D anatomy, molecular phylogeny and evolution of meiofaunal Pseudunelidae (Gastropoda, Acochlidia). — *PLoS ONE*, **6** (8): e23313, Lawrence.
- NEUSSER, T. P., MARTYNOV, A. V. & SCHRÖDL, M. (2009): Heartless and primitive? 3D reconstruction of the polar acochlidian gastropod *Asperspina murmanica*. — *Acta Zoologica*, **90** (3): 228-245.
- NEUSSER, T. P. & SCHRÖDL, M. (2007): *Tantulum elegans* reloaded: a computer-based 3D-visualization of the anatomy of a Caribbean freshwater acochlidian gastropod. — *Invertebrate Biology*, **126** (1): 18-39, Malden.
- NEUSSER, T. P. & SCHRÖDL, M. (2009): Between Vanuatu tides: 3D anatomical reconstruction of a new brackish water acochlidian gastropod from Espiritu Santo. — *Zoosystema*, **31** (3): 453-469, Paris.
- SCHRÖDL, M. & NEUSSER, T. P. (2010): Towards a phylogeny and evolution of Acochlidia (Mollusca: Gastropoda: Opisthobranchia). — *Zoological Journal of the Linnean Society*, **158** (1): 124-154, Oxford.

Zeitliche und räumliche Ausbreitungsmuster der invasiven *Dreissena rostriformis bugensis* ANDRUSOV 1897 in Deutschland und ihr Einfluss auf assoziierte Arten

MARINA M. NOWAK

Research Group Ecology & Behavioral Biology, University of Siegen, Adolf-Reichwein-Str. 2,
D-57068 Siegen, nowak@biologie.uni-siegen.de

2012 – 43 + xx S., Masterarbeit am Institut für Tierökologie und Spezielle Zoologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; betreut durch Prof. Dr. THOMAS WILKE.

Verfügbar auf Anfrage von der Autorin.

Im Rahmen dieser Masterthesis sollte herausgefunden werden, ob sich die Quagga-Dreikantmuschel (*Dreissena rostriformis bugensis* ANDRUSOV 1897) weiter in Deutschland ausbreitet und ob die Wandermuschel (*Dreissena polymorpha* (PALLAS 1771)) weiterhin von dieser verdrängt wird. Um diese beiden Fragestellungen zu beantworten, wurden die Wasserstraßen in Deutschland untersucht, an denen das Vorkommen der Quagga-Dreikantmuschel bekannt war oder die nahe der Verbreitungsgrenze lagen. Es wurden sowohl Wander- als auch Quagga-Dreikantmuscheln gesammelt. Ein weiterer Aspekt dieser Masterthesis war die Fragestellung, welchen Einfluss die Ausbreitung invasiver Dreissenidae auf die Ausbreitung invasiver Amphipoden hat. Dazu wurden die Amphipoden, welche als Begleitfauna der Gattung *Dreissena* auftraten, mitgesammelt und anschließend im Labor bestimmt.

Die hier durchgeführte Studie zeigt, dass die Ausbreitung der Quagga-Dreikantmuschel in Deutschland stetig voranschreitet. Die aktuelle Verbreitungsgrenze liegt in Mannhausen, kurz vor der Einmündung des Mittellandkanals in die Elbe und den Elbe-Havel-Kanal. Somit ist zu erwarten, dass sich die Quagga-Dreikantmuschel weiter in Richtung Nordsee ausbreitet, begrenzt durch den Salzgehalt der Nordsee und der Flussmündungen. Auch ließ sich eine Verdrängung der Wandermuschel durch die Quagga-Dreikantmuschel nachweisen. Allerdings konnte an Lokalitäten, an denen in der Vergangenheit bereits 100 % Quagga-Dreikantmuscheln nachgewiesen wurden, eine Wiederbesiedlung durch die Wandermuschel beobachtet werden. Aus diesem Grund ist nicht mit einer vollständigen Verdrängung der Wandermuschel durch die Quagga-Dreikantmuschel zu rechnen.

Zudem konnte festgestellt werden, dass in den von *Dreissena* besiedelten Habitaten auch vermehrt Amphipoden auftraten. Die häufigsten Vertreter stellten dabei *Dikerogammarus* spp. dar, am zweithäufigsten konnten Individuen der Gattung *Corophium* spp. nachgewiesen werden. Vereinzelt waren auch Exemplare von *Echinogammarus* spp. in den Proben vorhanden. Bei den hier nachgewiesenen Amphipoden handelt es sich nicht um heimische Arten, solche konnten im ganzen Untersuchungsgebiet nicht nachgewiesen werden.

Character evolution in an ancient lake species flock: The microgastropods (Hydrobiidae) of Lake Ohrid (Balkans)

KATHARINA G. PREUßER

Justus-Liebig-Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen,
Katharina.Preusser@bio.uni-giessen.de

2011 - 85 S., Diplomarbeit am Institut für Tierökologie und Spezielle Zoologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; betreut durch Prof. Dr. THOMAS WILKE.

Verfügbar von der Autorin auf Anfrage.

The Balkan Peninsula with his ancient Lake Ohrid resembles one of the world hotspots for biodiversity and endemism. An extraordinary rate of speciation, diversity as well as endemism is represented by the microgastropod family of the Hydrobiidae. Yet it should be noted that the current classification and systematic of the Ohrid Hydrobiidae as well as the Hydrobiidae in general are still unclear and that existing classifications are purely based on morphological and anatomical characters. Until now, the genetic classification of this family is still unclear and proves to be difficult.

The problem with a character based taxonomical classification is the occurrence of convergent morphological/anatomical characters, which may lead to an artificial classification. In this case it is too easy to assume that specimens, which are similar in different characters, are related. A combination of genetic and morphological characters should be considered in order to investigate the actual polygenetic relationships. Such an approach may even help to reconstruct ancestral character states when fossil records are not available.

Within this study genetic and morphologic information of 301 specimens including 13 representative genera of Ohrid hydrobiids were combined in order to investigate phylogenetic relationships and derive conclusions about possible ancestral characters.

Selected, standardized characters for the Hydrobiidae were used within this study in order to test the validity of single character states. The results of this study showed that beside the choice of applicability personal evaluation (subjective assessment) as well as the overall condition of the investigated material plays an important role and should not be underestimated.

For a combined approach of morphological and genetic investigations 78 available sequences, based on mitochondrial COI gene fragments (638bp), were used in order to reconstruct a phylogenetic tree. However the COI gene fragment as well as the chosen outgroups proved to be not sufficient in order to resolve the phylogenetic relationships of the studied specimens. This may be caused by the low rate of mitochondrial evolution or the relative young age of the studied taxa (incomplete lineage sorting) and is illustrated within paraphyletic genera like *Polinskiola* RADOMAN 1973. The combination of both, genetic characters and morphological characters within a tree, proved to be useful in order to question the generic position of different clades within the tree. With this approach it could be shown that the nominal taxonomy, based on high morphological diversity, do not support the result of the genetics.

Further analysis concerning the evolution of single character states along the molecular phylogeny showed that some of the observed characters within the studied hydrobiids seem to appear relatively early during the evolutionary history and resemble those characters of the hypothetical ancestor of the Ohrid clade. Examples for characters of the hypothetical ancestor of the Ohrid clade are the valvatiform shell shape, the pointed median tooth cusp of the central tooth as well as two seminal receptacles. However it could be observed that some of those ancestral character states were lost during evolution only to reappear within evolution, which either may be an artifact of the phylogenetic tree or may be explained by convergent evolution due to similar environmental circumstances.

A combined approach, involving the combination of morphological and genetic data may be the only valid alternative in order to reconstruct the phylogenetic relationships, leading to the reconstruction of ancestral character states within the Hydrobiidae. However, the choice of genetic markers as well as the choice of outgroups should be considered for further studies in order to achieve the best possible results.

**Systematics and Evolution of the Helicellinae (Gastropoda: Helicoidea) from
Crete, particularly the *Xerocrassa* radiation**

JAN SAUER

Chemische Ökologie, Universität Bielefeld, Universitätsstraße 25, 33615 Bielefeld,
jan.sauer@uni-bielefeld.de

2010 – VII + 268 S., Dissertation am Zoologischen Museum der Universität Hamburg; betreut durch Prof. Dr. BERNHARD HAUSDORF.

Verfügbar unter: <http://ediss.sub.uni-hamburg.de/volltexte/2011/5359/pdf/Dissertation.pdf>.

Publikationen:

- HAUSDORF, B. & SAUER, J. (2009): Revision of the Helicellinae of Crete (Gastropoda: Hygromiidae). — *Zoological Journal of the Linnean Society London*, **157** (2): 373-419, London.
- SAUER, J. & HAUSDORF, B. (2009): Sexual selection is involved in speciation in a land snail radiation on Crete. — *Evolution*, **63** (10): 2535-2546, Hoboken, New Jersey.
- SAUER, J. & HAUSDORF, B. (2010): Palaeogeography or sexual selection: Which factors promoted Cretan land snail radiations? — In: GLAUBRECHT, M. (ed.): *Evolution in action: 437-450*, Berlin (Springer).
- SAUER, J. & HAUSDORF, B. (2010): Reconstructing the evolutionary history of the radiation of the land snail genus *Xerocrassa* on Crete based on mitochondrial sequences and AFLP markers. — *BMC Evolutionary Biology*, **10**: 299, London.
- SAUER, J. & HAUSDORF, B. (2012): A comparison of DNA based methods for delimiting species in a Cretan land snail radiation reveals shortcomings of exclusively molecular taxonomy. — *Cladistics*, **28** (3): 300-316, Oxford.
- SAUER, J., OLDELAND, J. & HAUSDORF, B. (im Druck): Continuing fragmentation of a widespread species by geographical barriers as initial step in a land snail radiation on Crete. — *PLoS one*, Lawrence, Kansas.

**Genetic differentiation of populations of the land snail *Charpentieria itala* (MARTENS 1824)
(Gastropoda: Clausiliidae) in the Southern Alps**

BETTINA SCHEEL

Zoologisches Museum der Universität Hamburg, Martin-Luther-King-Platz 3, 20146 Hamburg,
b.scheel@gmx.net

2011 – II + 33 S., Bachelor Thesis am Zoologischen Museum der Universität Hamburg; betreut durch Prof. Dr. BERNHARD HAUSDORF.

To date no definite statement could be made concerning the assignment of the so-called stenzioid forms of the genus *Charpentieria* (Gastropoda: Clausiliidae) in the Southern Alps. In this study a molecular genetic approach, mainly based on AFLP markers, is undertaken to clarify the relationships of these forms among each other and to closely related species. Additionally, an attempt is made to reconstruct the phylogeographic history of the populations from the surveyed area between Lake Como and Lake Garda.

The results show a distinct delimitation of the stenzioid subspecies from *Charpentieria stenzii* (ROSSMÄSSLER 1836) and a close relationship to subspecies of *Charpentieria itala* (G. VON MARTENS 1824). Nevertheless, they form discrete clusters within the *C. itala*-complex, and eastern and western stenzioid populations are separated into two main groups that probably survived glacial periods in massifs de refuge. A cluster formed by several populations of a non-stenzioid subspecies suggests an additional low altitude refuge.

Further, the data provide evidence for current gene flow between stenzioid and non-stenzioid populations within *C. itala*.

Publikation:

- SCHEEL, B. & HAUSDORF, B. (2012): Survival and differentiation of subspecies of the land snail *Charpentieria itala* in mountain refuges in the Southern Alps. — *Molecular Ecology*, **21** (15): 3794–3808, Oxford.

**Wachstum und Mortalität von *Dreissena polymorpha* (PALLAS 1771) und
Dreissena rostriformis bugensis ANDRUSOV 1897 bei intra- und interspezifischer Konkurrenz**

ANJA TEMMEN

Justus-Liebig-Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen, Anja.Temmen@bio.uni-giessen.de

2012 – 55 S., Masterarbeit am Institut für Tierökologie und Spezielle Zoologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; betreut durch Prof. Dr. THOMAS WILKE.

Verfügbar von der Autorin auf Anfrage.

Die Wandermuschel (*Dreissena polymorpha*) gilt als eine der wichtigsten invasiven Arten in Europa. Neben dieser Art kommt seit einigen Jahren in vielen europäischen Gewässern die ebenfalls invasive Quagga-Dreikantmuschel (*Dreissena rostriformis bugensis*) vor. Insbesondere in Nordamerika, wo beide Arten gleichermaßen nacheinander invasiv wurden, haben die Muscheln einen großen Einfluss auf die einheimische Fauna und verursachen massive ökonomische Schäden. Sowohl in nordamerikanischen als auch in europäischen Gewässern scheint die Wandermuschel im Laufe der Zeit durch die Quagga-Dreikantmuschel verdrängt zu werden, was auf eine Konkurrenz zwischen beiden Arten hindeutet.

In einem 82-tägigen Laborversuch wurde die Interaktion zwischen den beiden Muschelarten genauer untersucht. Dazu wurde das Wachstum (Schalenlänge und Gewicht) der Muscheln unter verschiedenen Konkurrenz-Bedingungen gemessen. Pro Ansatz wurde jeweils ein Versuchstier mit weiteren Muscheln („Konkurrenten“) in einem Gefäß gehalten. Die Ansätze unterschieden sich in der Art des Versuchstiers (Wandermuschel oder Quagga-Dreikantmuschel), dem Konkurrenztyp (interspezifisch = Konkurrenten der anderen Art oder intraspezifisch = Konkurrenten der gleichen Art) und der Konkurrenzstärke (Konkurrenten in geringer oder hoher Individuendichte). In einem Kontrollansatz wurden die Versuchstiere ohne Konkurrenten gehalten. Von jedem Ansatz gab es 12 Replikate. Zusätzlich zum Wachstum der Muscheln wurde die Mortalitätsrate der Versuchstiere und Konkurrenten aufgenommen.

Die Quagga-Dreikantmuscheln zeigten in allen Ansätzen (einschließlich der Kontrolle) ein schnelleres Wachstum als die Wandermuscheln. Bei beiden Arten nahm das Wachstum mit steigender Dichte von Konkurrenten ab. Die Quagga-Dreikantmuscheln wuchsen bei interspezifischer Konkurrenz stärker als bei intraspezifischer. Bei den Wandermuscheln konnte kein Unterschied zwischen den Konkurrenztypen festgestellt werden. Die Mortalitätsrate der Wandermuscheln war insgesamt höher als die der Quagga-Dreikantmuscheln. In den Ansätzen mit interspezifischer Konkurrenz war die Mortalitätsrate der Quagga-Dreikantmuschel höher als bei den Ansätzen mit intraspezifischer Konkurrenz. Bei der Wandermuschel war dies umgekehrt. Im Kontrollansatz unterschied sich die Mortalitätsrate nicht zwischen den Arten.

Die Ergebnisse weisen darauf hin, dass die Quagga-Dreikantmuschel gegenüber der Wandermuschel konkurrenzüberlegen ist. Die generell höhere Wachstumsrate der Quagga-Dreikantmuschel könnte im Freiland zu einer Konkurrenz mit der Wandermuschel um beispielsweise Platz oder Nahrung führen. Auf Dauer könnte sich die Quagga-Dreikantmuschel so gegenüber der anderen Art durchsetzen. Dies, zusammen mit der geringeren Mortalität der Quagga-Dreikantmuschel unter Konkurrenzbedingungen, könnte die im Freiland beobachtete Verdrängung der Wandermuschel erklären.

**Phylogenetic investigations into the *Pisidium* fauna
(Mollusca, Bivalvia) in East Africa**

MAREN WESTERMANN

Justus-Liebig-Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen, maren-westermann@web.de

2010 – 67 S., Masterarbeit am Institut für Tierökologie und Spezielle Zoologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; betreut durch Prof. Dr. THOMAS WILKE.

Verfügbar vom Autor auf Anfrage.

The present study provides the first analysis of African bivalves of the genus *Pisidium* PFEIFFER 1821 by molecular means. Phylogenetic, as well as phylogeographic relationships were investigated on the basis of the mitochondrial LSU rDNA (16S) sequence. A special focus was on the high mountain endemic species *Pisidium armillatum* (KUIPER 1966), *P. artifex* KUIPER 1960 and *P. montigenum* (KUIPER 1966) in the East African Great Rift Valley.

Embedded in a worldwide phylogenetic context, three distinct monophyletic lineages of African *Pisidium* species were revealed. It was discovered that Mount Kenya was colonized by *Pisidium* species in two events. The route of the first colonization is unknown. However, the second colonization event is suggested to have started from Europe. Furthermore, it was revealed that there is a distinct break in *Pisidium* species composition on Mount Kenya, according to the elevation. This break might be primarily due to ecological adaptation and not to geographical restriction. It seems that *Pisidium* species are well adapted to ecological conditions, not only in a physical way, but also according to the phenotype. For instance two lineages of *Pisidium kenianum* PRESTON 1911 were revealed, which could not be distinguished by morphological means. Therefore, this species consists probably of two distinct species or subspecies. Since *Sphaerium* SCOPOLI 1777 and *Musculium* LINK 1807 species, which were included in the analyses as well due to taxonomic ambiguities, formed a nested monophyletic clade, the formerly suggested paraphyly of *Pisidium* was confirmed in this study.

Another attempt of the present study was to develop an applicable and reproducible anatomical staining protocol, because no African *Pisidium* specimen was investigated by anatomical means and because knowledge of appropriate staining methods is restricted. Staining was done by methylene blue. The soft body of the specimens was colored well, but staining was not specific for particular structures. However, the developed staining method might find practical application in sphaeriid phylogenetic investigations in future.

Moreover, the present study contributed to fill the gaps of missing data, since data of species richness and biodiversity are lacking for many freshwater systems in Africa. This information is very important for conservation assessments and for estimations of climate change effects.

Patterns of morphological and genetic diversity of the endemic Hydrobiidae of the Ohrid basin and the biogeographical relationship of Lake Ohrid within the Balkans

CHRISTIAN WOLFF

Justus-Liebig-Universität Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen, c.wolff@gaia.de

2010 – 79 S., Diplomarbeit am Institut für Tierökologie und Spezielle Zoologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; betreut durch Prof. Dr. THOMAS WILKE.

Verfügbar vom Autor auf Anfrage.

This thesis infers if genetically separated hydrobiid species and genetically separated populations of wider distributed species in the feeder springs of the Ohrid basin exist and thus to compare the genetic diversity with the observed morphological diversity of the Hydrobiidae of the Ohrid basin. Therefore a COI gene fragment dataset of 231 hydrobiid specimens was used. On a coarser spatial scale this thesis investigated, based on a haplotype dataset, the observed horizontal zonation of species richness, i. e. a high diversity in key endemic areas. On the coarsest spatial scale this thesis tries to add one piece of a puzzle to infer the faunal relationship of the Ohrid basin within the Balkan Peninsula, especially the relationship to the Skutari basin. Therefore populations of the widespread hydrobiid genus *Radomaniola* SZAROWSKA 2006 were phylogenetically investigated.

The haplotype network analysis of Lake Ohrid basin generated three different sub-networks, but these sub-networks did not separate nominal species. Nominal species, which are morphological clearly distinct are genetically homogeneous. The COI gene fragment did not resolve the phylogenetic relationship of the Hydrobiidae. The morphological heterogeneity of Ohrid's Hydrobiidae is in contrast to a genetical homogeneity. The dataset of this thesis did not support the assumed eco-insularity of the feeder springs. A possible explanation is an evolutionary young age of the feeder spring specimens, due to temporarily inundations of the springs. Lake level fluctuations were documented by several authors. Processes like incomplete lineage sorting, hybridization or epigenetic effects could also explain the observed patterns.

A spatial analysis of the phylogenetic diversity of the haplotype dataset, calculated with Biodiverse 0.13, reflects the spatial distribution of species richness found by other authors. The highest scores of phylogenetic diversity were calculated for the southeastern shore of Lake Ohrid and the feeder springs. But in contrast to the species richness the phylogenetic diversity of the dataset is mainly due to one genus with probably one or few species (*Polinskiola* spp.).

The network analysis of *Radomaniola* populations of the Ohrid basin, the Skutari basin and the Prespa basin indicates a closer faunal relationship of the Ohrid basin to the western ecoregions (Southeastern Adriatic Drainages). Recent molecular studies, mostly based on the fish fauna of the Balkans, suggest also a closer faunal relationship of the Ohrid basin to other lakes and water bodies of the western Balkans as to the sister Lake Prespa.

Geographische Variation in der Schalenmorphologie, Anatomie und Histologie von *Cylindrus obtusus* (Gastropoda: Pulmonata: Helicidae)

LAURA ZOPP

Naturhistorisches Museum Wien, Burgring 7, A-1010 Wien, laura.zopp@nhm-wien.ac.at

2012 – 69 S., Diplomarbeit am Department für Integrative Zoologie, Universität Wien, Fakultät für Lebenswissenschaften; betreut durch Priv.-Doz. Dr. ELISABETH HARING (Naturhistorisches Museum Wien).

Verfügbar als PDF auf Anfrage bei der Autorin.

Bei der in den nordöstlichen Österreichischen Kalkalpen endemischen Landlungenschnecke *Cylindrus obtusus* (DRAPARNAUD 1805) wurden in der Vergangenheit anhand von Schalenmorphometrie und Genitalanatomie Unterschiede zwischen östlichen und westlichen Populationen festgestellt. Eine Mikrosatelliten-Analyse ergab, dass sich die Genotypen westlicher Populationen im HARDY-WEINBERG-Gleichgewicht befinden, während die östlichsten Populationen einen extrem hohen Anteil an Homozygoten besitzen. Als Erklärung für diesen Befund wurde vermehrte Selbstbefruchtung in diesen Populationen vermutet.

In der vorliegenden Arbeit wurde mittels einer morphometrischen Analyse von Schalenmerkmalen festgestellt, dass sich zwei geographische Gruppen (Ost, West) insofern voneinander unterscheiden, als östliche Populationen tendenziell kleinere Schalen ausbilden. Unter Heranziehen derselben Individuen wie in der genetischen Analyse ließ sich diese geographische Differenzierung auch in einer genitalanatomischen Untersuchung bestätigen. Damit konnte zwar kein direkter Zusammenhang zwischen Schalengröße und Genitaltrakt festgestellt werden, es zeigte sich jedoch, dass in Populationen mit erhöhtem Homozygotiegrad (Ost) der Liebespfeilsack-Komplex reduziert ist, wobei der Liebespfeilsack durchgängig kürzer und die Schleimdrüsen kürzer und asymmetrisch ausgebildet sind. Im Gegensatz dazu wurde bei den westlichen Populationen ein durchschnittlich längerer Stylophor und längere als auch tendenziell eher symmetrisch ausgebildete Schleimdrüsen gemessen. Trotz Reduktion und erhöhter Variation der Maße des Liebespfeilsack-Komplexes konnte kein Nachweis für funktionelle Veränderungen der Schleimdrüsen erbracht werden, da das allgemeine histologische Bild bei beiden Gruppen das gleiche ist. Auch scheint die Liebespfeilproduktion nicht von der Verkleinerung des Stylophors beeinträchtigt zu sein. Doch könnte das häufigere Vorhandensein eines Liebespfeils bei den östlichen Populationen daraus resultieren, dass die Pfeile nicht oder in geringerem Ausmaß benutzt wurden bzw. werden. Im Gegensatz dazu kann das häufige Fehlen eines Pfeiles in Individuen westlicher Populationen als Indiz für den Gebrauch der Pfeile gewertet werden.

Zum eigenen Recherchieren:

Arbeiten der Arbeitsgruppe Prof. Dr. JÜRGEN GEIST

Lehrstuhl für Aquatische Systembiologie, Technische Universität München, Wissenschaftszentrum
Weihenstephan, Mühlenweg 22, D-85354 Freising, www.fisch.wzw.tum.de

Auf der Homepage des Lehrstuhls für Aquatische Systembiologie der Technischen Universität München (www.fisch.wzw.tum.de) sind umfangreiche Informationen zu den Tätigkeiten der Bayerischen Koordinationsstelle für Muschelschutz (KfM) sowie zu aktuellen wissenschaftlichen Publikationen und Entwicklungen im Bereich des Muschelschutzes zugänglich. Zusätzlich besteht für Interessierte die Möglichkeit, den „Newsletter Muschelschutz“ zu abonnieren, der vierteljährlich versandt wird und in kompakter Form über Neuigkeiten und relevante Veranstaltungen informiert. Die Anmeldung ist über die Homepage möglich (Muschelkoordination -> Aktuelles). Alternativ kann zur Anmeldung auch eine E-Mail an die Koordinationsstelle versandt werden (muschel@wzw.tum.de). Eine Reihe von Informationsmaterialien stehen dem Nutzer darüber hinaus zum Download bereit: so existieren für alle einheimischen und invasiven Großmuschelarten übersichtliche Artensteckbriefe mit Informationen zur Biologie, Lebensweise, Verbreitung und Gefährdung jeder einzelnen Art.

In Zusammenarbeit mit der Akademie für Naturschutz und Landschaftsplanung veranstaltet die Koordinationsstelle für Muschelschutz jedes Jahr Anfang März eine Fachtagung zum Thema Muschelschutz auf dem Campusgelände des Wissenschaftszentrums Weihenstephan der Technischen Universität München. Dazu werden fachkundige Referenten aus dem In- und Ausland eingeladen und relevante Themen behandelt, z. B. Gewässerunterhaltung und Muschelschutz, Bisamfraß, Muschelschutz in Bayern und Europa etc.

Die Präsentationen der Vorträge aller vergangenen Tagungen sind auf den internen Seiten der KfM einsehbar und stehen zum Download bereit. Die Zugangsdaten zu den internen Seiten werden auf Anfrage zur Verfügung gestellt.