

## BEITRÄGE ZUM 58. ENTOMOLOGENTAG 2020

### Hybride und unbekannte Arten: Neues aus der Wasserwanzenwelt Deutschlands (Heteroptera: Gerromorpha, Nepomorpha)

Michael J. RAUPACH

#### Abstract

During the last years DNA barcoding has become a popular method for species identification. Although demanding, applications of barcoding studies to the species and ecological diverse Heteroptera are still scarce. Focusing on the aquatic Gerromorpha and Nepomorpha of Germany, we analyzed DNA barcodes for 699 specimens of 63 species. Our study revealed haplotype sharing for numerous species as well as the existence of two cryptic species. Further studies will be performed to analyze these results more in detail.

#### Einleitung

In den letzten Jahren hat sich das so genannte „DNA Barcoding“ als zuverlässige, schnelle und kostengünstige Methode zur Artdetermination in der nationalen wie internationalen Forschungslandschaft fest etabliert (u. a. HEBERT et al. 2004, WÄGELE 2016). In Kombination mit modernen Hochdurchsatz-Sequenzierverfahren, die Zehntausende von Proben parallel analysieren, kann so ein effizientes Biodiversitätsmonitoring durchgeführt werden (HAUSMANN et al. 2020). Dies gilt insbesondere für die hyperdiversen Insekten, deren Bestimmung in vielen Fällen aufwendig und die notwendige Expertise leider häufig nicht (mehr) vorhanden ist. Im Rahmen des Barcoding Fauna Bavarica-Projekts sowie des nachfolgenden German Barcode of Life-Projekts wurden erste Sequenz-Bibliotheken für verschiedene Insektengruppen wie Schmetterlinge (HAUSMANN et al. 2011), Käfer (HENDRICH et al. 2014) 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 Insekten (RAUPACH et al. 2014).

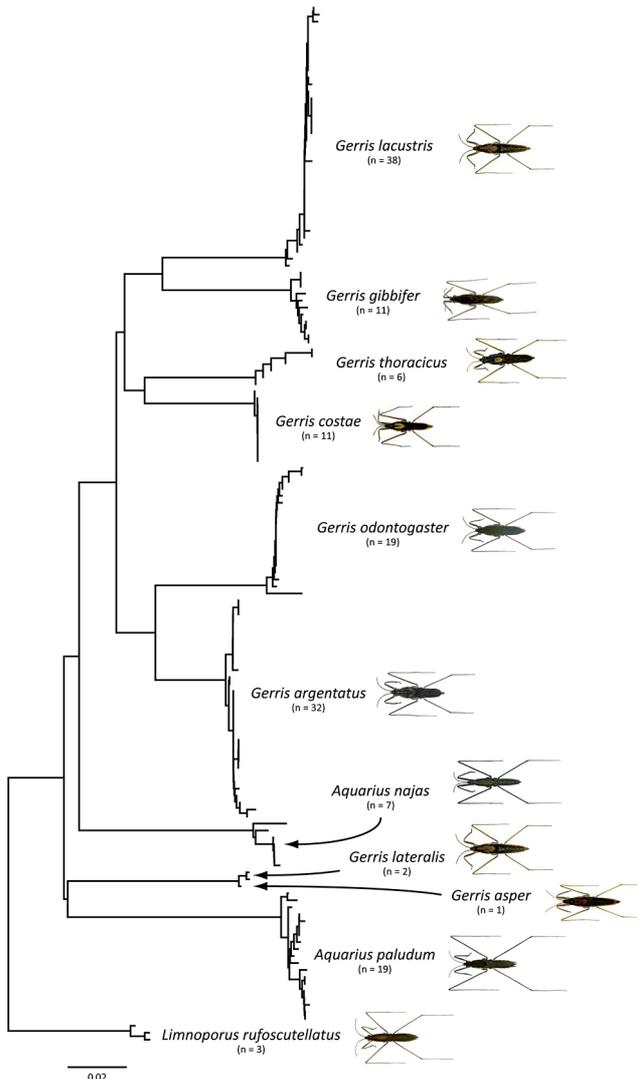
Aufbauend auf diese Arbeit wurde nachfolgend der Fokus auf die Erstellung einer umfassenden DNA Barcode-Bibliothek für die Wasserwanzen Deutschlands gelegt. Aber warum gerade Wasserwanzen? Zum einen gibt es kaum ein stehendes oder fließendes Gewässer, das nicht von Wanzen in oft hohen Arten- und Individuenzahlen besiedelt wird. Hier nehmen Wasserwanzen mitunter eine ökologisch zentrale Rolle ein. Allerdings ist die Identifizierung vieler Arten nicht leicht und in zahlreichen Fällen, zum Beispiel bei Vertretern der Gattung *Sigara* FABRICIUS, 1775, nur bei den Männchen möglich (JANSSON 1986). Zum anderen wurde die Wasserwanzenfauna Deutschlands in der Vergangenheit gut erfasst, so dass eigentlich keine Überraschungen zu erwarten waren. Ökologisch und systematisch lassen sich zwei Unterordnungen unterscheiden: I) die Wasserläufer und Verwandte (Gerromorpha) als Bewohner der Wasseroberfläche und II) die Wasserwanzen (Nepomorpha), zu denen alle im Wasser lebenden Wanzenarten zählen (STRAUSS & NIEDRINGHAUS 2014). Beide Gruppen sind übrigens stammesgeschichtlich nicht näher miteinander verwandt und haben den aquatischen Lebensraum somit unabhängig voneinander besiedelt (JOHNSON et al. 2018). Während in Deutschland 22 Arten der Gerromorpha nachgewiesen sind, beläuft sich die Artenzahl der Nepomorpha auf 47 (STRAUSS & NIEDRINGHAUS 2014).

#### Methoden

Detaillierte Angaben zur Probenbearbeitung finden sich in RAUPACH et al. (2014) und HAVEMANN et al. (2018). Alle relevanten Informationen 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).

### Ergebnisse und Diskussion

Insgesamt wurden DNA Barcodes von 254 Individuen von 20 Arten der Gerromorpha und 445 Individuen von 43 Arten der Nepomorpha analysiert. Dies entspricht 91 % der deutschen Fauna der Gerromorpha und 92 % der in Deutschland dokumentierten Vertreter der Nepomorpha. Für 18 Arten (90 %) der untersuchten Gerromorpha gelang eine eindeutige Zuordnung von einer „Barcode Index Number“ (BIN) pro Art, während es sich bei den Nepomorpha um 29 Arten (67 %) handelte. Abbildung 1 illustriert exemplarisch die Auftrennung der verschiedenen Vertreter der Familie der Gerridae in einer Neighbor Joining-Topologie. Die Datenanalyse brachte allerdings auch einige überraschende Ergebnisse zu Tage, welche in HAVEMANN et al. (2018) detailliert beschrieben und diskutiert werden. So ergab die DNA Barcode-Analyse identische Haplotypen und somit keine erfolgreiche Artauftrennung für die Wasserwanzen *Sigara iactans* JANSSON, 1983 und *Sigara falleni* (FIEBER, 1848).



**Abb.1:** Neighbour-Joining-Topologie aller analysierten Wasserläufer der Familie der Gerridae (11 Arten, 149 Individuen) basierend auf K2P-Distanzen. Illustrationen: Gerhard STRAUSS ([www.corisa.de](http://www.corisa.de))

Vergleichbare geringe Distanzen traten unter anderem bei *Arctocoris carinata* (C.R. SAHLBERG, 1819) / *Arctocoris germari* (FIEBER, 1848) sowie *Callicorixa praeusta* (FIEBER, 1848) / *Callicorixa producta* (REUTER, 1880) auf. Ob es sich bei diesen Artenpaaren um nah verwandte aber distinkte Arten handelt oder zwischen den Arten noch Hybridisierungen stattfinden, kann aktuell nicht geklärt werden und steht im Fokus weiterer eingehender Studien. Ungewöhnlich hohe molekulare Distanzen wurden dagegen für *Cymatia coleoprata* (FABRICIUS, 1777) und *Plea minutissima* LEACH, 1817 gefunden. Weiterführende morphologische als auch molekulare Daten deuten darauf hin, dass sich innerhalb beider Arten je eine weitere, bislang unbekannte Art verbirgt.

Die vorliegenden 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 ähnlich überraschende Ergebnisse hervorbringen wird.

### Zusammenfassung

In den letzten Jahren hat sich das DNA Barcoding als populäres Verfahren in der molekularen Artidentifikation etabliert. In diesem Zusammenhang wurde eine DNA Barcode-Sequenzbibliothek für die Wasserwanzen Deutschlands erstellt (Gerromorpha, Nepomorpha), welche 699 Individuen aus 63 Arten umfasste. Die Analyse der Barcodedaten wies identische Haplotypen für verschiedene Arten nach. Ferner konnten Hinweise für zwei bislang übersehene Arten festgestellt werden. Weiterführende Studien werden diese Ergebnisse im Detail analysieren.

### Literatur

- HAUSMANN, A., HASZPRUNAR, G. & P.D.N. HEBERT 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. & J.C. HABEL 2020: Toward a standardized quantitative and qualitative insect monitoring scheme. – Ecology and Evolution (online first)
- HAVEMANN, N., GOSSNER, M.M., HENDRICH, L., MORINIÈRE, J., NIEDRINGHAUS, R., SCHÄFER, P. & M.J. RAUPACH 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. & J.R. DEWAARD 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. & M. BALKE 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.
- JOHNSON, K.P., DIETRICH, C. H., FRIEDRICH, F., BEUTEL, R. G., WIPFLER, B., PETERS, R. S., ALLEN, J. M., PETERSEN, M., DONATH, A., WALDEN, K. O. K., KOZLOV, A. M., PODSIADLOWSKI, L., MAYER, C., MEUSEMANN, K., VASILIKOPOULOS, A., WATERHOUSE, R. M., CAMERON, S. L., WEIRAUCH, C., SWANSON, D. R., PERCY, D. M., HARDY, N. B., TERRY, I., LIU, S., ZHOU, X., MISOF, B., ROBERTSON, H.M. & K. YOSHIZAWA 2018: Phylogenomics and the evolution of hemipteroid insects. – Proceedings of the National Academy of the United States of America 115, 12775-12780.
- RATNASINGHAM, S. & P. D. N. HEBERT 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. & M. M. GOSSNER 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. & P. D. N. HEBERT 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. & R. NIEDRINGHAUS 2014: Die Wasserwanzen Deutschlands – Bestimmungsschlüssel für alle Nepo- und Gerromorpha. – WABV, Scheeßel.
- WÄGELE, J. W. 2016: DNA-Barcoding ermöglicht den universellen und effizienten Zugang zu Artenwissen. – Biologie in unserer Zeit 46, 267.

### Anschrift des Verfassers:

Dr. Michael J. RAUPACH,  
 Zoologische Staatssammlung München, SNSB  
 Münchhausenstraße 21, 81247 München,  
 E-Mail: raupach@snsb.de

# ZOBODAT - [www.zobodat.at](http://www.zobodat.at)

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Nachrichtenblatt der Bayerischen Entomologen](#)

Jahr/Year: 2020

Band/Volume: [069](#)

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

Artikel/Article: [BEITRÄGE ZUM 58. ENTOMOLOGENTAG 2020 Hybride und unbekannte Arten: Neues aus der Wasserwanzenwelt Deutschlands \(Heteroptera: Gerromorpha, Nepomorpha\) 100-102](#)