© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.biologiezentrum.at

Acta ZooBot Austria **152**, 2015, 179–181

Extended Abstract

DNA-Barcoding Mollusken – Verborgene Diversität

Anita Eschner, Luise Kruckenhauser & Michael Duda

Durch ABOL, die österreichische DNA-Barcoding-Initiative mit dem primären Ziel der Erstellung einer Referenzdatenbank für alle heimischen Organismengruppen, ist zweifelsfrei auch eine Wiederbelebung integrativer Biodiversitätsstudien zu erwarten.

Mollusken weisen einige Charakteristika auf, an denen sich die Vielfältigkeit der Zugänge zur Biodiversität ideal aufzeigen lassen. (i) Heimischen Schnecken und Muscheln haben hohe Naturschutzrelevanz: Wichtige **Indikatorarten** werden zur Beurteilung von Lebensräumen herangezogen. Auch der Anteil an **Endemiten** ist beeindruckend: 19,3 % aller heimischen Molluskenarten leben nur in Österreich, keine vergleichbare heimische Tiergruppe hat einen ähnlich hohen Prozentanteil (Rabitsch & Essl 2009). Dementsprechend hoch ist auch der Anteil **geschützter Arten**: ca. 35 % der Schneckenarten (darunter besonders viele Süßwasserarten) und ca. 37 % der Muschelarten sind gefährdet (Reischütz & Reischütz 2007). (ii) Mit ca. 400 heimischen Arten ist die Artenvielfalt österreichischer Mollusken überschaubar. Allerdings kontrastiert diese gemäßigte Artenvielfalt, mit einer großen innerartlichen Variabilität - etwa ein Drittel aller heimischen Arten (30 %) gliedert sich in Unterarten - (Cuttelod, Seddon & Neubert 2011). Diese Faktoren, gemeinsam mit den zahlreichen **Erfahrungen aus Projekten** wie „Alpine Landschnecken" „*Helicopsis striata* und ssp." (http://snails.nhm-wien.ac.at/) oder „Biodiversitätsmonitoring im Biosphärenpark Wienerwald" (Eschner et al. 2014a und b) bieten ideale Voraussetzungen für ein Pilotprojekt „Mollusken" im Rahmen von ABOL.

Die genetischen Ergebnisse bisheriger Untersuchungen geben bereits interessante Einblicke und weisen auf spannende Herausforderungen hin: Mit einer extrem hohen innerartlichen Diversität (bis zu 30 % p-Distanz im COI-Gen) bei vielen Arten, wird die, aufgrund der großen Zahl an Unterarten erwartete, hohe innerartliche Diversität noch weit übertroffen. Von Thomaz et al. (1996) werden verschiedene Erklärungsmodelle vorgeschlagen: besonders hohe Substitutionsrate im mitochondrialen Genom, frühe Isolation und daraus resultierende langanhaltende Divergenz von Populationen, sehr große und geographisch stark strukturierte Populationen sowie Selektion, die die Variation beeinflusst und erhält. Weiters kann die gemessene innerartliche genetische Diversität durch unerkannte kryptische Arten verfälscht sein. Schon jetzt ist festzuhalten, dass es bei Mollusken keinen generellen Richtwert für die genetische Distanz gibt, die eine Artabgrenzung zweier Gruppen erlaubt. Zwei Beispiele aus den Forschungsprojekten der Arbeitsgruppe „Alpine Landschnecken" verdeutlichen diese Unterschiede: Bei der Gemeinen Haarschnecke (Trochulus hispidus) wurden in der auf dem COI-Gen beruhenden DNA-Barcodingsequenz neun mitochondriale Clades (klar abgegrenzte genetische Gruppen) mit genetische Distanzen von bis zu 19 % gefunden (Kruckenhauser et al. 2014). Eingehende morphologische Untersuchungen (Schalenmerkmale, Morphologie, Anatomie) derselben Individuen zeigten keine Unterschiede zwischen den Clades (Duda et al. 2014). Im Gegensatz dazu weist die in Österreich endemische **Zylinderfelsenschnecke** (*Cylindrus obtusus*) eine maximale innerartliche Distanz von nur 1,7 % auf (Kruckenhauser et al. in prep.). Von der nächst verwandten Art *Arianta arbustorum* ist sie durch eine genetische Distanz von 24 % klar abgegrenzt (Cadahía et al. 2014). In vielen anderen Arten ist jedoch aufgrund einer großen Überlappung von inner- und zwischenartlicher Variation kein Barcoding-Gap vorhanden (Davison et al. 2009).

Von rund 200 der für Österreich beschriebenen Molluskenarten ist bereits Material vorhanden, zu einem guten Teil aus Aufsammlungen im Rahmen von Projekten. Aber auch eine große Zahl an Belegexemplaren aus der Molluskensammlung des Naturhistorischen Museums Wien (NHMW) und von anderen Kooperationspartnern (u.a. Landesmuseen) werden genutzt. Untersuchungen am NHMW in Kooperation mit anderen europäischen Museen (SYNTHESYS 2, JRA 5) haben gezeigt, dass auch Material mit einem Konser-

© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.biologiezentrum.at

vierungsalter von bis zu ca. 100 Jahren für genetische Untersuchungen genutzt werden kann (Jaksch et al. 2014). Nach Sichtung der Proben und Feststellung ihrer Nutzbarkeit (mögliche Probleme mit juvenilen Tieren, ev. schlechter Erhaltungszustand der DNA etc.), wird das Untersuchungsmaterial durch gezielte Aufsammlungen der noch fehlenden Arten im Freiland möglichst vervollständigt werden.

Eschner A., Kruckenhauser L., Duda M., 2015: DNA-Barcoding of molluscs – hidden diversity.

With the main aim to construct a reference data base of DNA barcodes from all organisms recorded in Austria, ABOL will stimulate integrative biodiversity research in general. Many characteristics make mollusc a perfect group to highlight the multiplicity of approaches to biodiversity. (i) Snails and mussels are of high relevance in conservation biology: Many **indicator species** are used to evaluate habitat quality. Also the number of **endemics** is quite impressive: 19.3 % of all native molluscs taxa live only in Austria, no other native group of organisms has a comparable percentage of endemics (Rabitsch & Essl 2009). Similarly high is the proportion of **protected species**: about 35 % of the snails (especially freshwater species) and 37 % of the mussel species are endangered (Reischütz & Reischütz 2007). (ii) With about 400 species recorded in Austria, diversity seems moderate at first glance. However, this comparatively low number of species contrasts with a high intraspecific variability – approximately one-third (30 %) of all native species is subdivided into subspecies – (Cuttelod, Seddon & Neubert 2011). These factors, along with a lot of experience and knowledge gathered in our **research projects** like "Alpine land snails" (http://snails.nhm-wien.ac.at/), "Biodiversity monitoring in the Biosphere Reserve Wienerwald" (Eschner et al. 2014); "*Helicopsis striata* and ssp. in Burgenland and Lower Austria" (Eschner et al. 2014) provide ideal pre-conditions for a successful pilot study in the course of ABOL.

Molecular genetic results collected so far already provide interesting insights and give rise to future challenges: The extremely high intraspecific distances detected in many mollusc species (up to 30 % p-distance in the COI gene) exceed all expectations concerning genetic diversity as based on the high number of subspecies. Thomaz et al. (1996) suggested several possible explanations for this phenomenon: especially high substitution rates of mitochondrial DNA, early isolation and subsequent high divergence of populations, exceptionally large and geographically highly structured populations, and natural selection acting to generate and maintain variability. In addition, the observed genetic diversity could be partly due to cryptic species overlooked so far. Already now it is evident that no standard value serving as a distance threshold for species delimitation can be quoted for molluscs. Two examples from the project "Alpine land snails", illustrate the uniqueness of every case: The common hairy snail (Trochulus hispidus) is subdivided into nine mitochondrial clades (i.e., genetic lineages as determined by the COI gene) with genetic distances up to 19 % (Kruckenhauser et al. 2014). Extensive research on shell traits, morphology and anatomy of the same individuals did not reveal any morphological differences between these clades (Duda et al. 2014). In contrast the intraspecific distances of the Austrian endemic rock-dwelling snail *Cylindrus obtusus* do not exceed 1.7 % (Kruckenhauser et al. in prep). Distances to its sister species *Arianta arbustorum*, reach up to 24 % (Cadahía et al. 2014). Generally, in many mollusc species there is no DNA barcoding gap due to the overlap of intra- and interspecific variation (Davison et al. 2009).

Up to now there is material available from approximately 200 Austrian mollusc species, to a great extent collected in various research projects. ABOL will also use voucher specimens from the mollusc collection of the Natural History Museum Vienna (NHMW) and material provided by other cooperation partners (e.g. regional museums). Investigations on material from the mollusc collection performed at the NHMW in cooperation with other European Museums (SYNTHESYS 2, JRA 5) demonstrated that even 100 years old material can be successfully included in molecular genetic studies (Jaksch et al. 2014). After inspecting collections for samples and examination of their usability (possible problems with juvenile specimens, unfavourable conservation status of the DNA, etc.) the taxon sampling will be completed in the course of excursions.

Keywords: DNA barcoding, Austrian molluscs, intraspecific variability.

© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.biologiezentrum.at

Literatur

Cadahía L., Harl J., Duda M. Sattmann H., Kruckenhauser L., Fehér Z., Zopp L. & Haring E., 2014: New data on the phylogeny of Ariantinae (Pulmonata, Helicidae) and the systematic position of *Cylindrus obtusus* based on nuclear and mitochondrial DNA marker sequences. J. Zool. Sys. Evol. Res., 52, 163–169.

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

Davison A., Blackie R.L.E. & Scothern G.P., 2009: DNA barcoding of stylommatophoran land snails: a test of existing sequences. Mol. Ecol. Res. 9, 1092–1101.

Duda M., Kruckenhauser L., Sattmann H., Harl J., Jaksch K. & Haring E., 2014: Differentiation in the *Trochulus hispidus* complex and related taxa (Pulmonata: Hygromiidae): morphology, ecology and their relation to phylogeography. J. Mollus. Stud. 80 (4), 371–387.

Eschner A., Jaksch K. & Duda M., 2014: Biodiversitätsmonitoring und Vergleich der Gastropodengemeinschaften auf ausgewählten Flächen des Biosphärenparks Wienerwald. Wiss. Mitt. . Niederösterr. Landesmuseum 25, 433–452.

Eschner A., Bieringer G., Duda M., Gobets G., Jaksch K. & Mrkvicka A., 2014: Small steppe land species - big questions: First attempts to clarify the situation of *Helicopsis striata* and ssp. in Eastern Austria. ARIANTA 4, 6–7 (abstract).

Jaksch K., Eschner A., & Haring E., 2014: Genes in museum collections. ARIANTA 4, 8–9 (abstract).

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

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

Reischütz A. & Reischütz P.L., 2007: Rote Liste der Weichtiere (Mollusca) Österreichs. In: Zulka K.P. (Ed.): Rote Listen gefährdeter Tiere Österreichs, Teil 2: Kriechtiere, Lurche, Fische, Nachtfalter, Weichtiere. Grüne Reihe 14(2) 363–433, Böhlau Verlag, Wien.

Thomaz D., Guiller A. & Clarke B., 1996: Extreme divergence of mitochondrial DNA within species of pulmonate land snails. Proc. Roy. Soc. B 263, 363–368.

Anschriften:

Mag. Anita Eschner, 3. Zoologische Abteilung, Naturhistorisches Museum Wien, Burgring 7, A-1010 Wien. E-Mail: anita.eschner@nhm-wien.ac.at

Dr. Luise Kruckenhauser, 3. Zoologische Abteilung & Zentrale Forschungslaboratorien, Naturhistorisches Museum Wien, Burgring 7, A-1010 Wien. E-Mail: luise.kruckenhauser@nhm-wien.ac.at

Dr. Michael Duda, Zentrale Forschungslaboratorien, Naturhistorisches Museum Wien, Burgring 7, A-1010 Wien. E-Mail: michael.duda@nhm-wien.ac.at

© Zool.-Bot. Ges. Österreich, Austria; download unter www.biologiezentrum.at

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Verhandlungen der Zoologisch-Botanischen Gesellschaft in Wien. Frueher: Verh.des Zoologisch-Botanischen Vereins in Wien. seit 2014 "Acta ZooBot Austria"

Jahr/Year: 2015

Band/Volume: 152

Autor(en)/Author(s): Eschner Anita, Kruckenhauser Luise, Duda Michael

Artikel/Article: DNA-Barcoding Mollusken - Verborgene Diversität 179-181