

Abstract

DNA barcoding of Austrian molluscs – to BIN or not to BIN

Luise KRUCKENHAUSER, Michael DUDA, Julia SCHINDELAR, Oliver MACEK,
Susanne REIER & Anita ESCHNER

Molluscs are the second species-rich animal group, however, up to now DNA barcoding projects, which deal with molluscs in general, and land snails in particular are scarce. Within the Austrian Barcode of Life (ABOL) initiative, we took over the ambitious task to generate DNA barcodes for all Austrian molluscs. Several factors of interest overruled possible difficulties: molluscs are important indicator species, suitable for evaluation of habitat quality. Living in vulnerable habitats leads to a high risk of extinction for many molluscs: about 35 % of the snail and 37 % of the Austrian mussel species are endangered. Also the number of endemics is quite impressive (19.3 %). Approximately 30 % of the 400 native species are divided into subspecies. At the NHM Vienna several projects on snail species in Austria are conducted, hence pre-conditions (collected specimens and experiences) for successful DNA-barcoding are given. However, genetic investigations in land pulmonates showed an extreme high intraspecific diversity. Therefore there is no standard value for genetic distances, which marks taxonomic delimitations. Due to the overlap of intra- and interspecific variation often no barcoding gap can be found, which has to be considered in data analysis.

For the ABOL Project Molluscs we used material collected during concerted field trips to different parts of Austria, and from former projects, both specifically preserved for DNA analyses, but also older material from the collections of the Natural History Museum Vienna and the Biology Centre of Linz. DNA from museum material is often fragmented and of low concentration, therefore it is only chosen, when no other material is available. Until now, we generated 569 DNA barcodes with all relevant metadata from 230 different species (about 60 % of the Austrian species) and uploaded them to the BOLD database. From our results, we find that many species are very well placed within a BIN (Barcode Index Number) or at least in one supported clade but we also see high genetic differentiation within one morphological described species, implying the existence of cryptic species. Contrary also different morphologically described species that cluster in one barcoding BIN can be found. We will give an overview of the occurrence of these different patterns within our data.

The project provides DNA barcodes for the challenging group of molluscs. Data are sampled in a relatively small geographic scale, which is essential for taxa with low dispersal capacity. The DNA barcodes will facilitate determination, which is often difficult and vague in molluscs. Therefore, the method can be useful in evaluations of nature conservation issues.

KRUCKENHAUSER L., DUDA M., SCHINDELAR J., MACEK O., REIER S. & ESCHNER A., 2018: DNA-Barcoding Österreichischer Mollusken.

Mollusken sind die zweit artenreichste Tiergruppe, dennoch sind DNA-Barcode-Projekte, die sich mit Mollusken im Allgemeinen und Landschnecken im Besonderen befassen, rar. Im Rahmen der Initiative Austrian Barcode of Life (ABOL) haben wir die Aufgabe übernommen, DNA-Barcodes für alle österreichischen Mollusken zu erstellen. Aus verschiedenen Gründen ist die Bearbeitung dieser Gruppe besonders relevant: Weichtiere sind wichtige Indikatorarten, die zur Bewertung der Habitatqualität geeignet sind. Die Gefährdung der Lebensräume führt dazu, dass viele Weichtiere bedroht sind: Etwa 35 % der Schnecken- und 37 % der österreichischen Muschelarten sind vom Aussterben bedroht. 19,3 % der heimischen Mollusken sind Endemiten und ungefähr 30 % der 400 einheimischen Arten sind in Unterarten unterteilt. Genetische Untersuchungen an Landpulmonaten haben oft eine extrem hohe intraspezifische Diversität gezeigt. Daher gibt es keinen Standardwert für die genetische Distanz, der eine

taxonomische Abgrenzungen kennzeichnet. Aufgrund der Überlappung von intra- und interspezifischen Distanzen kann häufig keine „barcoding gap“ gefunden werden. Dies muss bei der Datenanalyse berücksichtigt muss.

Für das ABOL-Projekt Mollusken wurde Material verwendet, das speziell für DNA-Analysen während gezielter Exkursionen in verschiedene Teile Österreichs gesammelt wurde, oder aus früheren Projekten stammt. Abgesehen davon wurde auch älteres Material aus den Sammlungen des Naturhistorischen Museums Wien und des Biologiezentrums Linz verwendet. Aufgrund von Fragmentierung und geringeren Konzentrationen der DNA in älterem Museumsmaterial, wurden diese nur ausgewählt, wenn kein anderes Material zur Verfügung stand. Bisher haben wir aus 230 verschiedenen Arten (ca. 60 % der österreichischen Arten) 569 DNA-Barcodes mit allen relevanten Metadaten generiert und in die BOLD-Datenbank hochgeladen. Aus unseren Ergebnissen geht hervor, dass viele Arten innerhalb eines BINs (Barcode Index Number) oder zumindest in einer unterstützten Gruppe positioniert sind. Allerdings haben wir bei manchen Arten auch eine hohe genetische Differenzierung innerhalb einer morphologisch beschriebenen Art festgestellt, was auf die Existenz kryptischer Arten schließen lässt. Im Gegensatz dazu sind auch verschiedene morphologisch beschriebene Arten zu finden, die den gleichen Barcode-BIN angehören. Wir geben einen Überblick über diese unterschiedlichen Muster in unseren Daten.

Das Projekt liefert DNA-Barcodes für die herausfordernde Gruppe der Weichtiere. Die Datenerhebung erfolgt in einem relativ kleinen geografischen Maßstab, was für Taxa mit geringer Ausbreitungskapazität von wesentlicher Bedeutung ist. Die Methode des DNA-Barcodings erleichtert die Bestimmung von Mollusken, die oft schwierig und vage ist und kann daher hilfreich bei der Bewertung von Naturschutzfragen sein.

Keywords: DNA barcoding, BIN congruency, molluscs.

Addresses:

Dr. Luise KRUCKENHAUSER, Julia SCHINDELAR, Oliver MACEK MSc, Susanne REIER MSc, Central Research Laboratories, Museum of Natural History Vienna, Burgring 7, A-1010 Wien, Austria.
E-Mail: luise.kruckenhauser@nhm-wien.ac.at, julia.schindelar@nhm-wien.ac.at, oliver.macek@nhm-wien.ac.at, susanne.reier@nhm-wien.ac.at

Dr. Michael DUDA, Mag. Anita ESCHNER, 3rd Zoological Department, Museum of Natural History Vienna, Burgring 7, A-1010 Wien, Austria.
E-Mail: michael.duda@nhm-wien.ac.at, anita.eschner@nhm-wien.ac.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: 2019

Band/Volume: [156](#)

Autor(en)/Author(s): Kruckenhauser Luise, Duda Michael, Schindelar Julia, Macek Oliver, Reier Susanne, Eschner Anita

Artikel/Article: [DNA barcoding of Austrian molluscs – to BIN or not to BIN 260-261](#)