

**Poster Abstract****DNA barcoding of harvestmen (Arachnida, Opiliones)**

Miriam SCHAIDER, Sylvia SCHÄFFER, Tone NOVAK,  
Michaela BODNER & Günther RASPOTNIG

Many harvestmen species are small, not easily collectable and can only be determined by specialists. Moreover, a particular issue refers to cryptic speciation as well as unresolved species-complexes that, specifically in soil-dwelling taxa, make taxonomical work difficult. These issues affect genetic databases: published barcodes on harvestmen have remained fragmentary, currently covering conspicuous and frequently occurring taxa only. We here exemplify these problems on the soil-dwelling harvestmen genus *Nemastoma*. 1) Poor database: In GenBank/BOLD, 25 and 37 records, respectively, on species of *Nemastoma* are compiled for sequences of subunit 1 of CO1, 10 (20, resp.) of which refer to *N. lugubre*, 6(7) to *N. triste*, 6(6) to *N. dentigerum*, 1(2) to *N. bimaculatum*, and 1(1) to *N. bidentatum*. In addition, *N. hankiewiczii*, actually a synonym for *Centetostoma hankiewiczii*, is mentioned. There is no data on the remaining species, *N. schueleri*, *N. transylvanicum* nor on sub-species of *N. bidentatum*: *N. b. bidentatum*, *N. b. pluridentatum*, *N. b. relictum*, *N. b. sparsum*. 2) Misidentification, undescribed species: A serious problem in barcoding of *Nemastoma* refers to the difficult determination of species/subspecies and to an unknown number of undescribed species/subspecies. For instance, one record refers to *N. bidentatum* from Croatia, but it is impossible to assign this data to a particular subspecies. Similar to the situation in Slovenia, a large number of currently undescribed subspecies in the *N. bidentatum*-complex is expected for Austria too. 3) Neither common barcoding primer in Opiliones (LCO1490/HCOoutout) nor designed primer work for particular taxa in *Nemastoma*. Alternative marker on subunit 2 though work, but not a single sequence for subunit 2 is currently available in genetic databases. Conclusion: Barcoding, only in combination with a thorough revision of particular harvestmen-groups, will lead to first general insights into true opilionid diversity.

**SCHAIDER M., SCHÄFFER S., NOVAK T., BODNER M. & RASPOTNIG G., 2018: DNA-Barcoding von Webspinnen (Arachnida, Opiliones).**

Viele Webspinnen-Arten sind klein, schwer zu sammeln und nur vom Spezialisten bestimmbar. Zusätzlich erschweren kryptische Arten/ nicht aufgelöste Artenkomplexe die taxonomische Arbeit. Diese Probleme spiegeln sich in genetischen Datenbanken wider: es sind bislang nur wenige Barcodes verfügbar, die hauptsächlich auffällige und häufige Arten abdecken. Am Beispiel der Gattung *Nemastoma* weisen wir auf Probleme beim Barcoding hin. 1) Unvollständige Datenlage: Für *Nemastoma* gibt es in Genbank/BOLD 25 bzw. 37 Einträge für die Region 1 von CO1, 10(20) beziehen sich auf *N. lugubre*, 6(7) auf *N. triste*, 6(6) auf *N. dentigerum*, 1(2) auf *N. bimaculatum*, und 1(1) auf *N. bidentatum*. Außerdem gibt es einen Eintrag für „*N. hankiewiczii*“, eigentlich ein Synonym für *Centetostoma hankiewiczii*. Für *N. schueleri*, *N. transylvanicum* bzw. die Unterarten von *N. bidentatum* (*N. b. bidentatum*, *N. b. pluridentatum*, *N. b. relictum*, *N. b. sparsum*) fehlen Daten. 2) Fehlbestimmungen/unbeschriebene Arten: Ein großes Problem beim Barcoding von *Nemastoma* ist einerseits die Bestimmung bekannter Arten/Unterarten, andererseits noch unbeschriebene Arten/Unterarten. Beispielsweise kann ein Eintrag von *N. bidentatum* aus Kroatien unmöglich einer der Unterarten zugeordnet werden. Da neue Unterarten für Slowenien beschrieben werden, sind auch für Österreich weitere Unterarten des *N. bidentatum*-Komplexes zu erwarten. 3) Primer: Die üblichen Primer für die Barcoding-Region (LCO1490/HCOoutout) funktionieren bei einigen *Nemastoma*-Arten nicht, dasselbe gilt für zurzeit neu entwickelte Primer. Die Region 2 von CO1 konnte bei den problematischen Taxa zwar amplifiziert werden, aber in den Datenbanken sind dazu keine entsprechenden Sequenzen enthalten. Conclusio: Nur in Kombination mit einer ausführlichen Revision problematischer Weber-

knecht-Taxa kann das Barcoding erste Einblicke in die tatsächliche Diversität der heimischen Weberknechte liefern.

**Addresses:**

Dr. Miriam SCHAIDER, Dr. Sylvia SCHÄFFER, Michaela BODNER MSc, Dr. Günther RASPOTNIG, Universität Graz, Institut für Biologie, Universitätsplatz 2, A-8010 Graz, Austria. E-Mail: miriam.schaider@uni-graz.at, sylvia.schaeffer@uni-graz.at, michaela.bodner@uni-graz.at, guenther.raspotnig@uni-graz.at

Dr. Tone NOVAK, University of Maribor, Department of Biology, Koroška 160, 2000 Maribor, Slovenia. E-Mail: tone.novak@guest.um.si

# ZOBODAT - [www.zobodat.at](http://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): Schaider Miriam, Schäffer Sylvia, Novak Tone, Bodner Michaela, Raspotnig Günther

Artikel/Article: [DNA barcoding of harvestmen \(Arachnida, Opiliones\) 285-286](#)