

Mitt. dtsh. malakozool. Ges.	97	45 – 54	Frankfurt a. M., Juli 2017
------------------------------	----	---------	----------------------------

Abstracts malakozoologischer Abschlussarbeiten

zusammengestellt von IRA RICHLING

An dieser Stelle werden in loser Folge universitäre Abschlussarbeiten mit malakozoologischen Themen in Form der Zusammenfassungen einem breiteren Publikum vorgestellt oder zumindest so überhaupt veröffentlicht. Dieses Mal enthält die Reihe erstmalig auch zwei schulische Projektarbeiten und außerdem einen umfangreichen Rückblick auf Abschlussarbeiten der letzten Jahre, die in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. GLAUBRECHT am Museum für Naturkunde Berlin und Centrum für Naturkunde, Universität Hamburg, angefertigt wurden.

Verbreitung der Neozoen *Deroceras invadens* und *Deroceras sturanyi* im Görlitzer Stadtgebiet

JOHANNES BALKENHOL

Bogstraße 3, 02826 Görlitz, johannes.balkenhol@online.de

2016 – 21 S. Projektarbeit in der Sekundarstufe II am JOLIOT-CURIE-Gymnasium Görlitz, betreut durch Dr. HEIKE REISE.

Belege und Projektarbeit im Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz

Eine Untersuchung der Nacktschneckenfauna von Görlitzer Gärten im Frühjahr 2014 (LUDWIG & al. 2015) hatte eine disjunkte Verbreitung sowie einen gegenseitigen Ausschluss der beiden Neozoen *Deroceras invadens* und *Deroceras sturanyi* angedeutet. In der vorliegenden Facharbeit sollte dies überprüft werden. Dafür wurden von Mai bis Juni 2015 an 39 weiteren Lokalitäten in Görlitz Handaufsammlungen durchgeführt. Diese umfassten neben Haus- und Kleingärten auch Gärtnereien, Parks, Friedhöfe und andere Grünflächen. Alle gesammelten Tiere wurden präpariert und anhand ihrer Genitalanatomie bestimmt. Die Aufsammlungen ergaben vier *Deroceras*-Arten: *D. invadens*, *D. sturanyi*, *D. reticulatum* und *D. laeve*. Von der Art *D. invadens* wurden an 27 Lokalitäten insgesamt 132 Individuen gesammelt. Die Fundstellen liegen über das gesamte Stadtgebiet verteilt, womit die Hypothese einer disjunkten Verbreitung in Görlitz widerlegt wird. Die Frage, ob sich beide Arten gegenseitig ausschließen, konnte aber nicht beantwortet werden, da nur ein einziges Tier von *D. sturanyi* gefunden wurde. Damit unterscheiden sich die Ergebnisse stark von denen im Vorjahr. Ob dieser Unterschied methodisch bedingt ist oder eine tatsächliche Veränderung widerspiegelt, muss durch weitere Untersuchungen geprüft werden. Denkbar sind Jahresschwankungen oder eine Verdrängung von *D. sturanyi* durch *D. invadens*.

LUDWIG, A., REISE, H., & HUTCHINSON, J. M. C. (2015): Die Nacktschneckenfauna in Gärten der Stadt Görlitz (Sachsen, Deutschland). — Berichte der Naturforschenden Gesellschaft der Oberlausitz, **23**: 43-57.

Das Schicksal der Naturaliensammlung von JOHAN CESAR GODEFFROY. Ansätze zu einer Rekonstruktion

MARIE-CHRISTINE DONATH

2011 – 114 S., Masterarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Humboldt-Universität zu Berlin; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT, Prof. HANNELORE HOCH & Prof. Dr. MICHAEL OHL.

„Lückenlose Systematik war das erklärte Ziel des Hauses“ – MARTIN HINRICH LICHTENSTEIN. Dieser ambitionierte Ausspruch stammt von dem Gründer und späteren Direktor des Berliner Museums für Naturkunde. Das Ziel der Anlage und Erweiterung einer naturwissenschaftlichen Sammlung war es, die „vollkommene Ähnlichkeit mit einer Bibliothek“ zu erreichen, so dass sie den Zweck als Bildungs-Organ für die Bevölkerung erfüllen sollte (ZISCHLER & KRATKY 2010). Über ein Jahrhundert ist seit der Amtszeit LICHTENSTEINS vergangen, doch

auch heute ist noch das Verlangen der Wissenschaftler an Museen spürbar, dieses von ihm formulierte Ziel zu erreichen.

Während meiner Arbeit in den Sammlungen des Berliner Naturkundemuseums habe ich sowohl aktuell gesammeltes als auch historisches Forschungsmaterial in den Händen gehalten. Oft habe ich mir vorgestellt, wie beschwerlich, aber auch abenteuerlich die damaligen Sammelreisen gewesen sein müssen und welche Strapazen die Forscher auf sich nahmen, um die Raritäten und Kuriositäten der Tierwelt fremder Länder in heimischen Breiten präsentieren zu können. Auch heute dienen historische Sammlungsstücke als Basis naturwissenschaftlicher Forschung und werden in aktuellen Projekten genutzt und ausgewertet. Neben der interessanten Geschichte vieler Materialien ist ihr aktueller Nutzen ein Grund, der die Aufarbeitung historischer Sammlungen zu einem wichtigen Bestandteil der zeitgenössischen Wissenschaft macht.

In der vorliegenden Arbeit wurde dies anhand einer bedeutenden Privatsammlung des 19. Jahrhunderts dargestellt. Es handelt sich hierbei um das ehemalige Museum GODEFFROY in Hamburg, welches nicht nur wegen seiner umfangreichen Sammlungen eine ungewöhnliche Geschichte geschrieben hat.

Um das Material dieses „verkauften Museums“ erschließen zu können, war die Recherche in Archiven und in zoologischen Sammlungen notwendig, um möglichst viele Informationen mit den Objekten zu assoziieren und ihnen so einen neuen Wert innerhalb der Sammlung und Forschung zu verleihen.

ZISCHLER, H. & KRATKY, A. (2010): Vorstoß ins Innere – Streifzüge durch die Sammlungen des Berliner Naturkundemuseums. — 290 S., Berlin (Alpheus).

Testing the potential of aDNA techniques for museum collections: case studies from the Malacological Collection Berlin

JANA EBERSBACH

2013 – 49 S., Masterarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Universität Potsdam; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT.

Many aspects of biodiversity are still unknown today and remain so-called “Darwinian Mysteries”. In light of the currently ongoing biodiversity crisis, however, the study of biodiversity and its underlying evolutionary forces are becoming increasingly urgent. Natural history museums and collections are dedicated to the documentation of current and past biodiversity and play therefore a central role for research in this field. The Berlin Malacological Collection is one of the largest of its kind comprising both dry and wet material. Using mollusks as model organisms many aspects of biodiversity can be studied employing morphological and molecular genetic tools. The recently developed aDNA techniques allow historical samples to be analyzed genetically and have been successfully used for prehistoric materials and also for museum samples.

In the present study, an aDNA extraction protocol for historical mollusk specimens was to be tested and two sequence enrichment techniques were to be explored for use in the malacological collection. It was found that the tested protocol was suitable for non-destructive DNA extraction for a total of 52 historic samples of different families (in particular the Thiaridae including also Paludominae as well as the Planorbidae) and that different types of material (dried tissue, shells and fragments, operculum) could be used. Most importantly, we were able to extract DNA from entire dry shells that were as old as nearly 150 years.

Sequence enrichment through polymerase chain reaction amplification of short fragments of the 16S rDNA gene proved to work well for various thiarid taxa collected throughout the 20th century. It was possible to recover informative sequences and perform phylogenetic reconstruction as illustrated by four thiarid case studies. Most notably, it was found that historic specimens of *Ripalania queenslandica*-like individuals collected in Papua New Guinea did in fact cluster with other *R. queenslandica* sequences from Australia indicating that this species is actually not endemic to Australia as was assumed previously.

Sequence enrichment through hybridization capture required building of Illumina library and this process revealed the nature of historic DNA extracted from dry shells. Low initial DNA concentrations as well as high degrees of fragmentation with average fragment sizes less than 50 bp associated with decreased amplification success for a 124 bp fragment were found. Selection through hybridization and corresponding reference-mapping efficiencies were unusually low indicating methodical problems in the enrichment procedure.

In conclusion, it was shown that different aDNA techniques can be successfully applied for historic specimens in malacological collections, particularly the tested extraction protocol. The two tested enrichment protocols are also both applicable to historic snail samples but need to be developed further before large-scale use.

**Diversity, disparity, and biogeography of the
African freshwater snail *Cleopatra* (Cerithioidea, Paludomidae).**

JULIA EICHFELD

2011 – 65 S., Bachelorarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Humboldt-Universität zu Berlin; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT.

Biodiversity research and the scientific question of evolutionary relationships between different species rely heavily on a solid taxonomic base of knowledge. Unfortunately, hitherto the majority of non-marine molluscs is only studied insufficiently. The African freshwater snail *Cleopatra* is one of those groups, struggling with the problem of unknown validity of the various species names. Therefore, the aim of this study was a taxonomic revision of the genus *Cleopatra*, based on a comprehensive literature research and own studies on the collections in the Museum für Naturkunde, Berlin. The main part of the thesis deals with the systematics in order to compile all existing species names and check them for taxonomic redundancy. For this purpose the respective type material was studied directly or indirectly with the help of historical figures whenever it was possible.

93 *Cleopatra* species names were found in the literature of which 22 were regarded as valid. Intra-specific diversities and disparities between the different species are shown and emphasized in figures and in the text. The illustration of five radulae of different taxa, morphometrical analyses on 141 shells of six species including the associated synonyms and a biogeographical analysis of the locations from the material studied and literature records provide further evidence for a reasonable classification of the different taxa. Additionally, all species which were mistakenly described as *Cleopatra* in some literature references but in reality belong to other genera are listed.

Finally, the need for further research is discussed so that the study provides a helpful base of knowledge for targeted phylogenetic and systematical studies in the future.

**Systematik, Biogeographie und Reproduktionsstrategien von Planaxidae
– Fallstudien einer Gruppe mariner viviparer Gastropoden**

SVENJA EISENBARTH

2012 – 91 S., Diplomarbeit an der Universität Trier und dem Museum für Naturkunde Berlin; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT & Prof. Dr. MICHAEL VEITH.

Mechanismen der Artbildung sind Werkzeuge der Evolution. Prozesse wie Reproduktion wirken dabei auf diese Werkzeuge ein. Unter dem Aspekt der Poezilogonie stellt sich die Frage nach einer Art mit unterschiedlichen Reproduktionsstrategien. Unterschieden werden zwei Hauptkategorien von larvaler Entwicklung: der planktotrophe Entwicklungsmodus und die nicht-planktotrophe Entwicklungsstrategie, wobei letztere sich weiterhin in lecithotroph und direkt klassifiziert.

Die marinen Planaxidae sind eine weit verbreitete Gastropodenfamilie und Teil der als Superfamilie bezeichneten Cerithioidea. Die monophyletische Familie siedelt an steinigen Küsten der mittleren Gezeitenzone innerhalb der Subtropen und Tropen. Um sie in ihrer evolutionsbiologischen Systematik zu verstehen, wurden verschiedene Untersuchungen an Schalen, Weichkörper, DNA und Verbreitung durchgeführt, statistisch miteinander verglichen und in grafische Form gebracht. Der Fokus in Bezug auf die Reproduktionsstrategie wurde auf *Planaxis sulcatus* gelegt. Gestützt auf die Annahme, dass es sich bei diesem Vertreter der marinen Gastropodenfamilie um eine Art mit unterschiedlichen Reproduktionsmodifikationen je nach geographischer Verbreitung der Population handelt, konnte dies zwischen Populationen des Oman und des Indo-Pazifik anhand Auszählungen des Brutbeutels und Vermessungen der darin vorgefundenen Nachkommen nachgewiesen werden. Der Brutbeutel der Tiere geht auf einen ektodermalen Ursprung zurück und befindet sich im Kopffuß. Gefüllt mit Embryos/Jungtieren schwillt er an. Je nach Spezies liegen verschiedene Brutbeuteltypen vor.

Bei diversen Planaxiden kommt es zu sympatrischen Verbreitungsgebieten, dabei tritt das Konkurrenzausschlussprinzip in Kraft. Arten mit überlappenden Verbreitungsgebieten zeigen demnach Unterschiede in der Schalenmorphologie auf, welches den Bezug der Korrelation von Fraßverhalten mit der Größe der aufgenommenen Nahrung darstellt. Aus morphometrischen Vergleichen der Oman-Population mit den restlichen Verbreitungsgebieten von *Planaxis sulcatus* wird jedoch nicht erkenntlich, dass es sich bei der Spezies um zwei verschiedene Arten handelt.

Der molekulare Stammbaum lässt Aussagen über den Verwandtschaftsgrad der verschiedenen Populationen zu. Je nach Herangehensweise lassen sich verschiedene Schlussfolgerungen ziehen, *Planaxis sulcatus* jedoch nicht klar als poezilogen definieren oder in zwei kryptische Arten einteilen. Die Art lässt sich allerdings in verschie-

dene Fortpflanzungsstrategien eingruppiert, wobei die Oman-Vertreter der K-Strategie folgen und sich die Populationen des restlichen Verbreitungsgebietes als R-Strategen identifizieren lassen. Vertreter des Oman-Vorkommens entwickeln sich im Vergleich mit wenigen Jungtieren im Brutbeutel ovovivipar und die Populationen des Indo-Pazifiks besitzen viele Nachkommen, die den Brutapparat in frühen Entwicklungsstadien verlassen, um sich anschließend planktotroph bzw. lecithotroph mit kurzer planktonischer Phase fortzubilden. Als Gründe für die verschiedenen Reproduktionsstrategien können Ökologie, Hydrologie, Salinität und auch der Wandel der Evolution bedingt durch geomorphologische Prozesse aufgeführt werden, wobei eine Kombination dieser Faktoren angenommen wird.

Molecular approaches to the assessment of biodiversity in limnic gastropods (Cerithioidea, Thiaridae) with perspectives on a Gondwanian origin

FRANCE GIMNICH
france.gimnich@mfn-berlin.de

2015 – 116 S., Doktorarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Humboldt-Universität zu Berlin; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT.

Due to their limited potential of dispersal in combination with their habitat fidelity, limnic gastropods tend to preserve distribution patterns over long periods of time. Thus they are suitable organisms in biogeographical research and the study of the relations between colonization events and speciation. In this thesis intensive investigations into the phylogeography and phylogeny of Australian freshwater snails are provided, presenting the first molecular study of the Thiaridae (Caenogastropoda: Cerithioidea) based on four DNA sequence markers (COI, 16S, H3, 28S) and amplified fragment length polymorphisms (AFLPs). The aim of this study was to determine the historical events that may have influenced the phylogeography of these taxa and their presence on the Australian continent. In general, the origin of Australian freshwater faunal elements and the directionality and timing of colonizations are still controversial. Conventionally, many biotic elements found in Australia today are considered to be recent invaders from the Indo-Malay archipelago but more and more cases have become known that deviate from this standard scenario.

In order to test whether the thiarids represent recent invaders from the north or if they originated on the Australian continent, the evolutionary relationships within the family as well as its phylogenetic position in the superfamily Cerithioidea are analyzed. A molecular clock approach is applied subsequently to date the origins of the Thiaridae and their sister families so that the dispersal events can be related to historical tectonic changes. A prerequisite for the reconstruction of past distribution patterns is the delimitation of the Australian species and the analyses of their current distributions. For this purpose, preceding investigations to characterize individual taxa by morphology are complemented with molecular analyses and additional sampling with the objective to obtain confirmation of the differentiated species and the detailed analysis of their present distribution patterns. By comparison of the molecular phylogenies, as well as the distributional data, the fossil record and divergence date estimates in conjunction with the excellent record of Earth history the long-held view that the thiarid fauna is an appendage to the Southeast Asian biota can be rejected. Instead, an Australian continental, i. e. East-Gondwanian origin is found to be the most parsimonious explanation of the present distribution. The age of the thiarids dates back to about 50 Ma and coincides with (although not necessarily causally linked to) the separation of Australia from Antarctica. With an ancestral thiarid lineage that originated in Australia, Asia seems to have been colonized a number of times within the period of the collision of the Australian plate with Southeast Asia during the past 20-30 Ma. With their now assumed long history on the continent, Australian thiarids represent an important and realistic model system in speciation research which provides details of the dynamics of the underlying mechanisms of speciation under the influence of climate change.

Although there are still ambiguities to be resolved which concern the relationships among the thiarid taxa, the comparison of the extensive molecular datasets and their resultant phylogenies offer considerable insight into this enigmatic group. It is demonstrated that extreme caution must be used when inferring phylogeny from mtDNA loci in the absence of corresponding multi-locus nuclear data. Nevertheless, the mtDNA data corroborates almost all morphologically described species. In regard to the delimitation of the Australian species, a total of eleven distinct clades confirmed by morphology and molecular data are identified. Furthermore with the compilation of recent distribution maps on drainage based scales, extensive data on extant species is now available which gives new insights into the current dispersion and the degree of endemism. Even a new species, that is *Thiara rudis*, is for the first time recorded and verified as taxon with occurrences in Australia. Moreover, the AFLP analysis reveals a recent diversification between the two endemic species "*Thiara*" *australis* and *Plotiopsis balonnensis* with possible hybridization in the newly detected zone of overlap.

Within the scope of this thesis a procedure was developed that makes it possible to contextualize old museum material from malacological collections within biosystematics research in a reliable way. It is based on ancient DNA techniques and comprises the amplification of short DNA fragments which are analyzed in phylogenetic analyses. In this context the procedure's application to historic specimens collected over a century ago in Papua New Guinea is relevant. The historical mini-barcodes cluster with *Ripalania queenslandica* sequences from Australia indicating that this thiarid is actually not endemic to the continent. In the face of the increasing biodiversity crisis, the study of the biological diversity on all levels is becoming even more urgent. The possibility of obtaining sequence data from untapped genetic data within archived museum specimens opens up vast new reservoirs of information for future research.

Diversity in Western Africa: A systematic approach to the freshwater snail *Pseudocleopatra* (Caenogastropoda, Cerithioidea, Paludomidae) using morphology and biogeography

SANDRA KAHL

2011 – 43 S., Bachelorarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Humboldt-Universität zu Berlin; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT.

Compared to the percentage of the earth's surface that is covered by freshwaters, they provide a high biodiversity. Especially molluscs as second largest animal phylum next to the arthropods show a great diversity in freshwaters. The high diversity within freshwater molluscs is one reason why these animals provide ideal models for evolutionary systematic questions. In this manner the West African freshwater snail *Pseudocleopatra* will serve as a model case. As the genus has always been neglected in systematic approaches a revision was indeed needed. Therefore the four *Pseudocleopatra* species were analyzed in terms of taxonomy, morphology and biogeography and compared to the East African genus *Cleopatra*. To identify differences in shell shape the geometric morphometric landmark analysis was employed. Due to morphology and radula characteristics the four species can clearly be differentiated from one another. Furthermore, the geometric morphometric analysis revealed a wrong determined specimen that belonged to *Pseudocleopatra voltana* instead of *P. togoensis*. It was found that *Pseudocleopatra* possesses an operculum with a larger paucispiral nucleus, whereas East African *Cleopatra* species feature an operculum that is completely concentric or has only a very small paucispiral nucleus. Species of *Cleopatra* occurring in Central Africa possess a larger paucispiral nucleus as well. Thus it is assumed that *Pseudocleopatra* eventually includes *Cleopatra* species that occur in the Congo drainage basin. Taking everything into account this approach provides a well researched basic framework of *Pseudocleopatra* that might be helpful when considering further evolutionary systematic questions.

Evolutionssystematik von *Paludomus*

NINA KAISER

2014 – 33 S., Masterarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Humboldt-Universität zu Berlin; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT.

The factors and processes that drive evolution are hidden in the history of a species. Reconstructing the history of several species of the genus *Paludomus* SWAINSON 1840 – a freshwater snail that inhabits rivers and streams in mountain ranges in the tropical and subtropical regions of the earth, is the aim of this study. For that matter, I used comparative morphological and anatomical studies, molecular analysis of recent and historic DNA and biogeographical approaches. To face the taxonomic redundancy that derives mostly from typological species concepts and incorrect locality assignments, I estimated the validity of the herein discussed species. 13 populations from the Seychelles, Sri Lanka, Borneo, the Philippines, Lombok and the Thai-Malay-Peninsula were discussed in detail. Eight of them are regarded as valid species, three as synonyms and two are not assignable and should be named.

**Evolutionary systematics of the two species in the freshwater gastropod *Sermyla*
(Cerithioidea, Thiaridae)**

NORA MAAß (jetzt: LENDTKE-MAAß)

Universität Hamburg, Centrum für Naturkunde und Museum für Naturkunde Berlin,
Invalidenstraße 43, 10115 Berlin, nora.maass@mfn-berlin.de

2012 – 60 S., Masterarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Universität Potsdam; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT & Prof. Dr. VALERIO KETMAIER.

Molluscs, with an estimated number of species ranging from 130.000 to 200.000 being the second largest animal phylum after the arthropods, are exceptionally suited to study some of the so-called “big questions in evolutionary biology, termed Darwinian mysteries” by GLAUBRECHT (2009). One group with high shell variability, thus being one of the main challenges in malacology for evolutionary systematists, is the Cerithioidea FÉRUSAC 1819. This basal superfamily within the Caenogastropoda comprises 17 families, most of them marine but also with some lineages that inhabit brackish or freshwater habitats. The Thiaridae are one of five freshwater lineages within the Cerithioidea. They form a monophyletic group and are characterized, among other traits, by their subhaemocoelic brood pouch utilized for one of four different viviparous brooding strategies within the superfamily. The genus *Sermyla*, with the two species *riqueti* and *venustula*, was used in the present study as model system among thiarids in Australia, as this group is relatively easy accessible and abundant in most habitats in the monsoonal north of the continent, with both species differing in their geographic distribution and reproductive modes. It was the aim to investigate the inter- and intraspecific differences regarding biometry and geometric morphometrics of the shell, their reproductive biology as well as molecular traits in these two species. In addition, *S. venustula* was studied in a drainage based approach as the occurrences in different river systems in the northern provinces of Australia reveal a high phenotypic plasticity. The intraspecific analyses of the species showed significant differences in shell size and shape as well as for the reproductive biology in individuals of *S. venustula* in the various drainage systems, ranging from the Timor Sea drainage to the Gulf of Carpentaria rivers. It is concluded that the localities at Roper River and Howard Springs seem to provide better environmental conditions, judging from the fact that the shells there were found to be higher and the brood pouch filled with more and bigger juveniles. *Sermyla riqueti* has a much lower degree of intraspecific variation regarding shell size and shape. However, the individuals from Sulawesi have significantly bigger shells and have a completely different reproductive strategy compared to all other *S. riqueti* individuals from other locations in Indonesia, as they are ovo-viviparous, with veliger larvae instead of shelled juveniles in the brood pouch, as it was consistently found in all *S. venustula* endemic to Australia. The molecular analysis using mtDNA markers (COI and 16S) showed that individuals of *S. riqueti* with an eu-viviparous reproductive strategy (i. e. giving birth to shelled, crawling juveniles) are the sister taxon to *S. venustula*. However, those individuals from Sulawesi identified as *riqueti* based on their shells are not found to be closely related with the remaining *riqueti* from Indonesia. The drainage based AFLP analysis of *S. venustula* revealed high population differences between individuals occurring in either Howard Springs, Roper River or Gulf of Carpentaria, as well as in comparison with the type species *S. riqueti*. These results were confirmed using principle component analyses, assignment tests and AMOVAs.

The study showed, that the species *Sermyla venustula*, which is endemic in Australia, has a uniform reproductive strategy. Apparently only drainage based intraspecific differences could be detected, which are most probably attributed to ecological and habitat specific differences. In contrast, differences in molecular results and reproductive modes (ovo-viviparity vs. eu-viviparity) were found in the type species *Sermyla riqueti*, which indicates the existence of distinct lineages or clusters. Further studies have to resolve the taxonomic status within this genus, because it is not yet clear if the population of Sulawesi has to be treated as a different taxonomic entity.

GLAUBRECHT, M. (2009): On “Darwinian Mysteries” or Molluscs as Models in Evolutionary Biology: From Local Speciation to Global Radiation. — *American Malacological Bulletin*, **27**: 3–23, Towson.

Beiträge zur Systematik und Taxonomie paläarktischer Schlammschnecken (Gastropoda, Basommatophora, Lymnaeidae) anhand molekulargenetischer und morphologischer Merkmale

KATRIN SCHNIEBS

Senckenberg Naturhistorische Sammlungen Dresden, Königsbrücker Landstraße 159, 01109 Dresden,
katrin.schniebs@senckenberg.de

2016 – 37 S., Dissertation zur Erlangung des akademischen Grades Doctor rerum naturalium an der Fakultät Umweltwissenschaften der Technischen Universität Dresden; betreut durch Prof. Dr. MECHTHILD ROTH.

Online verfügbar unter <http://nbn-resolving.de/urn:nbn:de:bsz:14-qucosa-210787>

Die vorliegende Arbeit wurde als kumulative Dissertation auf der Grundlage von in international anerkannten Zeitschriften mit Fachgutachtersystem (Peer-review-Verfahren) veröffentlichten Publikationen verfasst. Mit Hilfe eines neuen integrativen Ansatzes aus Morphologie und Molekulargenetik wurden Studien zur intraspezifischen Variabilität einzelner Vertreter der Familie Lymnaeidae (Schlammschnecken) durchgeführt, die Schlussfolgerungen darüber zulassen, welche Wertigkeit den in dieser Gruppe bisher für Taxonomie und Systematik verwendeten morphologischen und anatomischen Merkmalen überhaupt zugemessen werden sollte. Ein weiteres Ziel der Analysen war herauszufinden, inwiefern eigene Rekonstruktionen phylogenetischer Bäume, basierend auf Kern- und Mitochondrienmarkern, bisher bestehende Hypothesen zur Taxonomie und Systematik der Lymnaeidae bestätigen oder widerlegen.

Erste eigene molekulargenetisch überprüfte morphologische Analysen bei paläarktischen Vertretern der Gattung *Radix* zeigen, dass die zur Artdifferenzierung etablierten Merkmale Gehäuseform, Mantelpigmentierung, Längenverhältnis der beiden Abschnitte des männlichen Kopulationsapparates (Praeputium und Phallotheca), Länge des Bursaductes und Form der Bursa copulatrix eine höhere innerartliche Variabilität aufweisen als eigentlich für die einzelnen Arten angenommen wurde. Sie sind, entgegen bisheriger Annahmen, zu einem großen Teil nicht artspezifisch. Molekulargenetisch deutlich unterscheidbare Arten können die gleiche Gehäuseform und Mantelpigmentierung aufweisen und sind oft auch mittels anatomischer Merkmale nicht eindeutig unterscheidbar. Es kann, auch anhand erster eigener Studien an anderen Vertretern der Familie Lymnaeidae, geschlossen werden, dass bisher von den meisten Malakologen in diese Merkmale eine Bedeutung für Taxonomie und Systematik innerhalb der Schlammschnecken hineininterpretiert wurde, die sie offensichtlich auf Grund ihrer hohen Plastizität nicht besitzen. Die molekulargenetischen Methoden eröffnen hier neue Perspektiven für ihre Beurteilung sowie für die objektivere Abgrenzung von Arten und Gattungen.

Auf der Basis der neuen Erkenntnisse über die Variabilität morphologischer Merkmale wurde für die mitteleuropäischen Vertreter der Gattung *Radix* ein neuer Bestimmungsschlüssel erarbeitet, der mehr *Radix*-Formen als bisher berücksichtigt.

Bei molekulargenetischen Untersuchungen an Vertretern der Gattung *Stagnicola* konnte ein relativ hoher Prozentsatz an Hybridisierung festgestellt werden, was in der Praxis Konsequenzen für die Anwendung des Barcoding mit mitochondrialen Markern (COI und Cytochrom b) hat.

Publikationen:

- SCHNIEBS, K., GLÖER, P., GEORGIEV, D. & HUNDSDOERFER, A. K. (2012): First record of *Stagnicola montenegrinus* GLÖER & PEŠIĆ, 2009 (Mollusca: Gastropoda: Lymnaeidae) in Bulgaria and its taxonomic relationship to other European lymnaeids based on molecular analysis. — North-Western Journal of Zoology, **8** (1): 164-171.
- SCHNIEBS, K., GLÖER, P., GEORGIEV, D. & HUNDSDOERFER, A. K. (2015): A molecular genetic evidence of the occurrence of the freshwater snail *Radix lagotis* (SCHRANK, 1803) (Gastropoda: Lymnaeidae) in Bulgaria. — Ecologica Montenegrina, **3**: 29-39.
- SCHNIEBS, K., GLÖER, P., VINARSKI, M. V. & HUNDSDOERFER, A. K. (2013): Intraspecific morphological and genetic variability in the European freshwater snail *Radix labiata* (ROSSMAESSLER, 1835) (Gastropoda: Basommatophora: Lymnaeidae). — Contributions to Zoology, **82** (1): 55-68.
- SCHNIEBS, K., GLÖER, P., VINARSKI, M. V., & HUNDSDOERFER, A. K. (2015): A barcode pitfall in Palaearctic *Stagnicola* specimens (Mollusca: Lymnaeidae): Incongruence of mitochondrial genes, a nuclear marker and morphology. — North-Western Journal of Zoology, **12** (2): 239-254.

Artenerfassung der Wassermollusken im Teichgebiet Hammerstadt (Sachsen, Kreis Görlitz)

ELISABETH STRIESE

Feldhäuserweg 127, 02956 Rietschen, elisabeth.striese@gmx.de

2016 – 48 S. Projektarbeit in der Sekundarstufe II am Landau-Gymnasium Weißwasser, betreut durch Dr. HEIKE REISE.

Belege und Projektarbeit im Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz

Das Teichgebiet Hammerstadt bei Rietschen (15 km SO von Weißwasser, Ostsachsen) liegt am SO-Rand des Lausitzer Braunkohle-Reviers. Für die Erweiterung des Tagebaues Reichwalde wurden einige am W-Rand der Teichgruppe gelegene Teiche abgebaggert und zum Ausgleich am O-Rand durch drei neue Fischteiche ersetzt. Diese wurden 2013 teilweise und ab 2014 dann voll bewässert. Von August 2015 bis November 2015 wurde eine Arterfassung der Süßwassermollusken an Probestellen von insgesamt drei neuen und vier alten Teichen und Fließen durchgeführt, die als Grundlage für ein Langzeitmonitoring der Entwicklung der neuen Teiche dienen soll. Dabei wurden mit einem Kescher und durch Handaufsammlung an sechs Tagen insgesamt 32 Proben entnommen. Die gesammelten Schnecken und Muscheln wurden anhand der Schalen, der DNA oder genitalanatomisch bestimmt (*Radix*: SCHNIEBS, *Gyraulus*: GLÖER). In die Auswertung wurden auch Ergebnisse früherer Untersuchungen in den 1990er Jahren mit einbezogen. Bei dieser Erfassung konnten 15 Schneckenarten und eine Muschelart sicher nachgewiesen werden. Drei der Arten stehen auf der Roten Liste Sachsens: *Viviparus contectus*, *Stagnicola corvus* und *Stagnicola palustris*. Für letztere war dies gleichzeitig der erste sichere Nachweis für Ostsachsen. Die Untersuchungen ergaben Unterschiede in den Artenzusammensetzungen der alten und neuen Teiche. Während *Anisus vortex*, *Gyraulus albus*, *Planorbarius corneus*, *Stagnicola corvus*, *Viviparus contectus* und *Pisidium subtruncatum* nur in den alten Teichen und den Fließgewässern nachgewiesen wurden, traten *Radix auricularia* und *Stagnicola palustris* nur in den neu angelegten Teichen auf. In diesen neuen Teichen waren Massenvorkommen der Arten *Gyraulus parvus* und *Stagnicola palustris* zu beobachten. In den alten Teichen hingegen waren keine Massenvorkommen einzelner Arten zu verzeichnen. Als am artenreichsten erwies sich der Raklitzteich, einer der alten Teiche (zehn Arten). Aber auch in einem der neuen Teiche, dem Mittelteich, konnten acht Arten nachgewiesen werden, obwohl dieser erst seit zwei Jahren bespannt war. Die Ergebnisse der Erfassung weisen auch auf Veränderungen in der Artzusammensetzung zweier alter Teiche im Vergleich zu früheren Untersuchungen hin, wobei aber die Artenzahl ähnlich groß blieb.

Anwendung molekulargenetischer Techniken in Museumssammlungen: Primer-Entwicklung am Beispiel von Thiariden

ANNABELL SZYMANSKY

Freie Universität Berlin, Fachbereich Biologie, Chemie und Pharmazie, Institut für Biologie,
Schwendenerstraße 1, 14195 Berlin, annabell.szymansky@fu-berlin.de

2011 – 45 S., Bachelorarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Humboldt-Universität zu Berlin; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT.

Museum collections are archives of natural history objects that can be used in multifold ways. This historical material, however, is only in limited ways also available for molecular genetic studies, mostly due to destructive influences, such as, for example, degeneration of the DNA. The aim of the present work is to apply recent advances in molecular techniques in order to make historical specimens from museum collections also applicable to phylogenetic analyses. In order to gain DNA and gene sequences from extracts of historical material, primer pairs were designed which made it possible to amplify about 100 base pairs (bp) of a fragment from the 16S mtDNA of limnic gastropods from the Cerithoidea and Thiaridae, respectively. Gradient polymerase chain reaction was used in order to check the designed primers and their optimal conditions. Suitable primer pairs were then tested on DNA extracts from older museum material. One primer pair was finally successfully verified and was used to amplify a fragment with the length of 100 bp of the 16S mtDNA gene from a historical museum specimen that was collected and stored about a century ago. This result was verified by an agarose gel application of the PCR products, a contamination test and sequencing. It is anticipated that it should be possible to amplify overlapping fragments with the help of diverse primer pairs. In theory, this would eventually make it possible to piece together the entire mtDNA gene fragments under study also from historical specimens, thus allowing the use and integration of museum material for reconstructing phylogenetic relationships in the respective taxa.

Towards a systematic revision of *Bridouxia*

ALEXANDRA WEIß

2016 – 44 S., Masterarbeit am Centrum für Naturkunde – Universität Hamburg; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT.

Lake Tanganyika is an ancient lake which harbours several groups of endemic species. It can be seen as evolutionary laboratory due to the known adaptive radiations, like in cichlid fishes, and is therefore interesting for evolutionary biology. Radiations have also been described for the gastropod fauna of Lake Tanganyika. The focus here is on *Bridouxia*, a group of endemic paludomids, a member of the “thalassoid” gastropods of Lake Tanganyika within those are still many taxonomical uncertainties. The type species is *B. giraudi*, first described by BOURGUIGNAT in 1885. He and other malacologist described many more species within *Bridouxia* and also in *Baizea*, *Coulboisia*, *Giraudia* and *Lechaptoisia*, today regarded as belonging to *Bridouxia*. In this study, the systematic relations within *Bridouxia* were clarified examining material of the Zoologisches Museum Hamburg, Museum für Naturkunde Berlin, the Danisch Bilharziasis Laboratory and the British Museum of Natural History using geometric morphometrics, analysis of radulae and few molecular data. The results of this study indicate that *B. giraudi*, *B. ponsonbyi*, *B. praeclara*, *B. rotundata* and *B. tanganyicensis* can be identified as valid species and two species preliminary have to be considered as incertae sedis. Some results indicate that there are two entities presently united within *B. tanganyicensis*. This assumption has to be tested in further studies. In this study the ratio between species considered valid to all named species is found as to be 1 : 2.6 or 1 : 2.3, calculated with five or six valid species (that is with *B. tanganyicensis* treated as one or two entities). Thus with 39 % or 43 % valid species, the taxonomy redundancy in this taxon (61 % and 57 %, respectively) is again relatively high, compared to that found in other limnic gastropods. Nevertheless, with five valid species, *Bridouxia* is one of the species-rich genera of the Paludomidae.

Systematics, reproductive biology and biogeography of an unusual marine invertebrate family (Mollusca, Gastropoda, Planaxidae)

BENEDIKT WIGGERING

Centrum für Naturkunde – Universität Hamburg, Martin-Luther-King-Platz 3, 20146 Hamburg,
Benedikt.Wiggering@uni-hamburg.de

2015 – 116 S., Masterarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Humboldt-Universität zu Berlin; betreut durch Prof. Dr. JOHANNES MÜLLER & Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT.

Several cases of poecilogony have been proposed for shell bearing gastropods, falsified in most cases. Poecilogony (described as the presence of two distinct reproductive modes in one species) is a phenomenon mainly found in “Opisthobranchs” (Gastropoda) and polychaets. In this study such a proposed case of poecilogony in *Planaxis sulcatus* (BORN 1780) (Mollusca, Gastropoda, Planaxidae) is evaluated anew. Previous studies mainly highlighted two reproductive modes for this species – a direct ovoviviparous development and a veliger release strategy. Beyond this, in the study at hand breeding modes throughout the entire distribution range of the species were examined, concluding, that rather than two distinct breeding strategies, a transition from one mode to another can be found. Thus, no case of poecilogony is present. Several factors contributing to the development of this phenomenon are discussed, such as sea surface salinity appearing as a potential main factor.

Setting the stage for this conclusion on the reproductive biology of *P. sulcatus*, a study on the evolutionary systematics of the Planaxidae GRAY 1850 has been conducted. A revision shows the family to comprise seven genera with at least eleven species present. This result stems on the evaluation of geometric morphometrics of shells and radula characters. Furthermore, based on the extensive data provided by the systematic revision, a study on the biogeography and biodiversity patterns of this mainly tropical, intertidal gastropod family was enabled. In its conclusion planaxids generally support current views on the distribution and diversity patterns of marine shore dwelling ectothermic organism groups.

Abschlussarbeiten ohne Abstracts

- EBERSBACH, M. (2014): Das Potential eines limnischen Kolonisten: Phylogeographie und Reproduktionsbiologie von *Tarebia granifera*. — 84 S., Masterarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Humboldt-Universität zu Berlin; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT.
- KRAUSE, M. (2013): Zur Biosystematik australischer Süßwassergastropoden: Reproduktionsbiologie und Hybridisierung von *Thiara australis* und *Plotiopsis balonnensis* (Cerithioidea, Thiaridae). — 49 S., Bachelorarbeit am Museum für Naturkunde Berlin & Humboldt-Universität zu Berlin; betreut durch Prof. Dr. MATTHIAS GLAUBRECHT & Prof. Dr. GERHARD SCHOLZ.