

Mitt. dtsh. malakozool. Ges.	102	43 – 48	Frankfurt a. M., Februar 2020
------------------------------	-----	---------	-------------------------------

## Zusammenfassungen der Tagungsbeiträge anlässlich der 58. Frühjahrstagung der DMG vom 7. bis 10. Juni 2019 in Hoppstädten-Weiersbach

zusammengestellt von CARSTEN RENKER

### The genus *Geomitra* s. l. on the Madeiran Archipelago

KLAUS GROH<sup>1</sup>, DINARTE TEIXEIRA<sup>2</sup>, ROBERT A. D. CAMERON<sup>3</sup>, ISAMBERTO SILVA<sup>4</sup>,  
JESÚS SANTANA BENÍTEZ (†), WILLY DE MATTIA<sup>5</sup> & MARCO T. NEIBER<sup>6</sup>

<sup>1</sup> Hinterbergstr. 15, 67098 Bad Dürkheim, Germany, [klaus.groh@conchbooks.com](mailto:klaus.groh@conchbooks.com),

<sup>2</sup> Faculdade de Ciências da Vida, Universidade da Madeira, 9020-105 Funchal, Portugal,

<sup>3</sup> Department of Animal and Plant Science, University of Sheffield, Sheffield S10 4TN, Great Britain,

<sup>4</sup> Instituto das Florestas e da Conservação da Natureza, IP-RAM, 9064-512 Funchal, Portugal,

<sup>5</sup> Central Research Laboratories, of Natural History Museum Vienna, Burgring 7, 1010 Vienna, Austria,

<sup>6</sup> Centrum für Naturkunde (CeNak), Martin-Luther-King-Platz 3, 20146 Hamburg, Germany.

*Geomitra* was introduced as a genus-group taxon by SWAINSON in 1840 and became the name-giving taxon for a suprageneric group proposed by BOETTGER in 1909 that is currently accepted as the family Geomitridae. By the end of the 19<sup>th</sup> century eight species had been described (four known only from fossil shells) that were assigned to two different sections of the vast genus *Helix*, i. e. *Craspedaria* LOWE 1852 and *Coronaria* LOWE 1852. For most of the 20<sup>th</sup> century, no new data on the distribution and systematics of these endemic Madeiran land snails became available and only in the mid-1980s scientific interest in these taxa was renewed, resulting in the description of two new fossil species from Porto Santo and the definition of a new subgenus of *Geomitra*, *Serratorotula* GROH & HEMMEN 1986, for the two fossil taxa and one living species. The other species of *Geomitra* were assigned to *Geomitra* s. str. and *Geomitra* (*Craspedaria*), respectively.

We here present the results of intensive fieldwork on Madeira, Porto Santo and especially the Desertas Islands, conducted from the early 1980s until today, which will serve as a basis for the revision of this group. We also present first insights into the phylogenetic relationships of currently accepted genus-group taxa in *Geomitra* s. l. on the basis of mitochondrial and nuclear markers.

The results of these analyses suggest that *Geomitra* s. str. and *Serratorotula* should be recognized as distinct genera that belong to different lineages within Geomitrini. Furthermore, *Craspedaria* is here also considered to represent a separate genus on the basis of its distinct shell morphology, although we could not test this genetically.

The ranges of the different species assigned to *Geomitra* s. l. are (and were in the past) mostly very localized, the occupied area often not larger than a few square kilometres. The fieldwork on the Desertas Islands (GERBER, GROH & HEMMEN in 1985, CAMERON & COOK in 1997 and SILVA, TEIXEIRA & CAMERON in 2012-2017) resulted in the rediscovery of living *G. grabhami* (WOLLASTON 1878) after 130 years as well as the discovery of a new fossil species from these islands and of living *G. coronula* (LOWE 1852), a species that was described on the basis of fossils from Bugio (Desertas Islands). Fieldwork on the main island Madeira by several of the authors of this contribution and by HARALD PIEPER in 1983 resulted in additional living records of *Geomitra* s. l. species but also suggested the loss of several populations. For example, the FFH-annex-II-species *G. moniziana* (PAIVA 1867) has lost a large part of its formerly known range but several previously unknown, very localized populations that probably can be assigned to this species could be discovered in the southwest of Madeira. Moreover, a living population of an undescribed *Geomitra* species that was known since 1983 from empty shells was discovered in 2018. Populations in the north of Madeira thought to be living representatives of the fossil *G. tiarella* (WEBB & BERTHELOT 1833) turned out to be slightly to significantly different from that species and should be discriminated at least as subspecies.

All the previously known and newly discovered populations on Madeira are under significant threats that can mainly be attributed to habitat loss or alteration through urbanization, climate change and/or induced wild fires. The most recent victim of these threats is probably *C. delphinuloides* that has not been found alive since the 1860s. One of the few findings afterwards was made by SANTANA BENÍTEZ in 2008, with a fresh-looking shell discovered on south-facing, high mountains on Madeira. But since then several severe wildfires have occurred in that region of the island and many subsequent excursions ended without any result.

*Serratorotula juliformis* (LOWE 1852) is the only species which had a wider range, being historically known from different localities all over the island of Porto Santo and its larger satellite islets. Unfortunately, the area of occupancy of this species also became reduced to few, isolated localities in recent decades, suggesting an increased risk of extinction for this species.

However, the habitats in which *Geomitra* s. l. settle in are mostly very steep, nearly inaccessible rocky slopes with more or less dense vegetation, which not only limits opportunities for collecting but also gives some hope for the survival of as yet undiscovered populations. This hope is underpinned by the discovery of the second extant *Serratorotula* species that was detected by TEIXEIRA in 2016 on Ilhéu de Baixo, the westernmost satellite islet of Porto Santo.

## Die Landschnecken-Fauna Teneriffas

RALF HANNEFORTH

Samuel-Pufendorf-Weg 5, 58239 Schwerte, [ralf.hanneforth@t-online.de](mailto:ralf.hanneforth@t-online.de)

Die Erforschung der Landschnecken-Fauna Teneriffas begann im Jahre 1749 durch den Botaniker MICHEL ADANSON. Eine von ihm gefundene Landschnecke bezeichnete er 1757 mit „Le Pochet“, noch vor Einführung des taxonomischen Systems von LINNÉ. 250 Jahre später erhielt diese Art ihren vorläufig endgültigen Namen *Hemicycla pouchadan* IBÁÑEZ & ALONSO 2007. Zahlreiche Autoren mit klangvollen Namen trugen zum heutigen Kenntnisstand des Arteninventars bei. Ab den 1980er-Jahren entwickelte sich der Bearbeitungsstand rasant weiter, bedingt durch den Einsatz der lokal ansässigen Wissenschaftler MIGUEL IBÁÑEZ und MARIA ROSARIO ALONSO. Beide wirkten an der Universität von La Laguna und veröffentlichten eine Vielzahl von Publikationen, oft in Zusammenarbeit mit KLAUS GROH. Aufgrund reicher Bebilderung bietet diese überwiegend leicht zugängliche Literatur heute auch dem Neueinsteiger eine große Vereinfachung bei der Bestimmung und Lokalisierung der Arten. Dennoch fehlt bis heute eine zusammenfassende Darstellung der Landschneckenfauna, welche ein klares Bild des Arteninventars als Grundlage für weitere Forschungen geben könnte.

Durch die isolierte Lage als Insel vulkanischen Ursprunges, knapp 300 km vom afrikanischen Festland entfernt, ist die Landschneckenfauna von endemischen Arten geprägt. Teile der Insel im Südwesten entstanden vor ca. 12 Millionen Jahren. Die malakologisch bekanntesten und artenreichsten Gebiete des Teno- bzw. Anaga-Gebirges sind mit 5-6 bzw. 4-5 Millionen Jahren entsprechend jünger. In beiden Gebieten im äußersten Nordwesten bzw. Nordosten haben sich alte Lorbeerwälder („Laurisilva“) als sogenannte Tertiärrelikte erhalten. Durch einen Wolkenstau an der Nordflanke der Insel in einer Höhenstufe ab 400 bzw. 600 bis 1500 m sorgen regelmäßig auftretende Nebelschwaden dafür, dass dieser Wald stets ausreichend feucht gehalten wird. Die Beschattung und die Feuchtigkeit bilden die Grundlage für den Artenreichtum beider Gebiete.

Auf der Südseite der Insel herrscht ein semiarides Klima vor. Die Chance zum Auffinden von Leergehäusen ist stark von vorausgegangenen Regenereignissen abhängig. Aufgrund der starken Besonnung bleichen frische Gehäuse in kürzester Zeit aus. Lebende Exemplare finden sich nur während oder kurz nach Regenfällen, ansonsten nur in seltenen Ausnahmefällen, weil sich die Tiere in tiefere Bodenschichten zurückziehen. Ein Inselbesuch kann bei ungünstigen Witterungsbedingungen ohne jeden verwertbaren Schalenfund enden.

Bis heute sind insgesamt zirka 120 Arten von Teneriffa dokumentiert, inklusive neun Nacktschneckenarten. Zwei Drittel davon sind endemisch und kommen zum überwiegenden Teil nur auf Teneriffa vor. Die für die Kanaren typischen Gattungen sind mit folgenden Artenzahlen vertreten: *Napaeus* (21 Arten), *Hemicycla* (21), *Canariella* (11), *Plutonia* / *Insulvitrina* / *Guerrina* (6), *Monilearia* (3), *Leiostyla* (2), *Xerocrassa* (4), *Pomatias* (3), *Gibbulinella* (2) und *Discus* / *Atlantica* (2).

## Miozäne Landschnecken Baden-Württembergs

OLAF HÖLTKE

Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart, Rosenstein 1, 70191 Stuttgart, [ol\\_hoel@yahoo.de](mailto:ol_hoel@yahoo.de)

Die kontinentalen, miozänen Ablagerungen der Oberen Süßwassermolasse und angrenzender Gebiete enthalten eine reiche Fauna an diversen Landschnecken-Arten. Die Ablagerungen repräsentieren den Zeitraum von vor ca. 16 Millionen Jahren bis vor ca. 7 Millionen Jahren sowie die Neogenen Säuger-Zonen MN 5 bis MN 9. In diesen Zeitraum fallen auch die Meteoriten-Einschläge im Nördlinger Ries sowie im Steinheimer Becken, welche sich auch in einer Änderung der Landschnecken-Fauna bemerkbar machen. Wichtige Fundstellen in Baden-Württemberg für miozäne Landgastropoden sind u. a. das eben erwähnte Steinheimer Becken bei Heidenheim, das Randecker Maar nahe Kirchheim unter Teck sowie die Gegend rund um Zwiefalten, Landkreis Reutlingen. Mit Hilfe der fossilen Schnecken lassen sich Mikrohabitate rekonstruieren und einige der häufigen Formen lassen sich auch als Leitfossilien verwenden. Die größte Landschnecke im Miozän des Molassebeckens war

*Pseudochloritis insignis* (ZIETEN 1832). Diese erreichte eine Breite von bis zu 40 mm und besaß eine auffallende Variabilität bezüglich ihrer Gehäusemorphologie. Auch die systematische Einordnung dieser Spezies sorgte für Diskussionen. Morphometrische und statistische Untersuchungen haben gezeigt, dass es sich bei den *insignis*-Gehäusen nur um eine Spezies handelt und diese zur Gattung *Pseudochloritis* gehört, welche vermutlich bei den Ariantinae anzusiedeln ist. Die häufigsten Landschnecken-Funde sind Gehäuse der *Cepaea*-ähnlichen Gattung *Palaeotachea*. Insbesondere die zwei stratigraphisch wichtigen und sehr ähnlichen Arten *P. silvana* und *P. sylvestrina* konnten mit Hilfe morphometrischer Methoden eindeutig voneinander getrennt werden. Ebenfalls extrem häufig finden sich in den Schichten nach dem Ries-Ereignis die Gehäuse der Gattung *Granaria*, welche durch ihre ökologischen Ansprüche auch wichtige Faziesfossilien darstellen. Mehr als 90 % davon gehören zu der Spezies *Granaria schuebleri* (KLEIN 1846). Diese Form findet sich in der Literatur oft auch unter den Bezeichnungen *Abida antiqua*, *Granaria antiqua* oder *Torquilla schuebleri*, allerdings ist der gültige Name *Granaria schuebleri*. Daneben konnten noch vier weitere *Granaria*-Arten im Miozän von Baden-Württemberg nachgewiesen werden. Obwohl reichlich Sammlungsmaterial vorhanden ist, sind viele Fundstellen noch wenig bis gar nicht erforscht. Daher bleibt zu hoffen, dass durch Baumaßnahmen etc. neue Aufschlüsse entstehen, um so das Bild von der Evolution der Landschnecken weiter zu vervollständigen.

### **Rosa Prinzessinnen: eine mendelnde Farbmorphe der Nacktschnecke *Arion hortensis***

JOHN HUTCHINSON

Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz, [majmch@googlemail.com](mailto:majmch@googlemail.com), [John.Hutchinson@senckenberg.de](mailto:John.Hutchinson@senckenberg.de)

Zwei in Exeter (England) gesammelte Individuen von *Arion hortensis* A. FÉRUSAC 1819 produzierten Eigelege, aus denen jeweils zwei verschiedene Farbmorphen schlüpften: der graue Wildtyp sowie leuchtend rosa-farbene Tiere. Die Vererbung der Körperfärbung ist mendelnd, wobei rosa das rezessive Allel ist. Kreuzungen von homozygot-rezessiven Individuen aus Populationen von Exeter und Waterford (Irland) ergaben nur rosa-farbene Nachkommen; diese beiden Populationen haben also dieselbe Mutation oder solche, die dasselbe Defizit hervorrufen. Die rosa Färbung verschwindet während der Ontogenese allmählich, so dass erwachsene Tiere ein schlammfarbened Aussehen haben und damit eher wie einige *Arion distinctus* J. MABILLE 1868 aussehen als wie typische *A. hortensis*. Das rosa Pigment ist nicht alkohollöslich und seine Empfindlichkeit gegenüber NaOH deutet an, dass es sich um Pheomelanin handeln könnte. Die Mutation ist ein nützlicher genetischer Marker, zum Beispiel für Untersuchungen über Vaterschaft bei Mehrfachverpaarungen und zum Nachweis der niedrigen Selbstbefruchtungsrate bei *A. hortensis*. In mehreren Fällen schlüpften aus einem einzelnen Ei sowohl ein rosa als auch ein wildfarbened Jungtier, was indiziert, dass die „Zwillinge“ zweieiig waren.

### **Handlungs- und Monitoringsbedarf, mit Fokus auf den terrestrischen Gastropoda**

HEIKE KAPPES

Thünen-Institut für Biodiversität, Bundesallee 65, 38116 Braunschweig, [heike.kappes@thuenen.de](mailto:heike.kappes@thuenen.de)

Der deutliche Rückgang insbesondere der sommerlichen Insektenbestände ist in aller Munde. Doch was ist mit der Bodenfauna? Was wissen wir beispielsweise über die Entwicklung von Abundanzen und Artenreichtum von Mollusken? Anekdotischen Anmerkungen zufolge, beispielsweise aus dem Bereich des nördlichen Oberrheingraben, gestaltet sich dort die Suche nicht nur nach Kleinstschnecken oft sogar in scheinbar geeigneten Lebensräumen unergiebig. Weisen Schneckengemeinschaften auch andernorts auf einen Verlust von lokalem Artenreichtum hin? Lassen sich in diesen Fällen regionale und überregionale Ursachen für die Bestandsveränderungen der Schnecken herausarbeiten und Handlungsempfehlungen ableiten?

Ein hohes Forschungspotential liegt in einer Wiederholung alter Untersuchungen, die überwiegend als faunistische Arbeiten in regionalen Zeitschriften publiziert wurden. Das Vorliegen zahlreicher älterer flächenbezogen-quantitativer Aufnahmen dürfte ein Vorteil der malakologischen Feldforschung gegenüber entomologischen Untersuchungen sein, den es zu nutzen gilt. Doch auch semiquantitative Daten oder einfache Fundlisten können Informationen zum Zustand der Artengemeinschaften liefern, wenngleich mit einer geringeren Aussagekraft. Prospektive Studien, welche die konkretesten Antworten liefern können, befinden sich meines Wissens für Schnecken nicht in Planung.

Große Erwartungen werden an das nationale Trendmonitoring gestellt, das derzeit entwickelt wird, aber dieses wird aus finanziellen Gründen kein „All-Taxa-Inventory“ werden. Am Beispiel des modularen Entwurfs (DAUBER & al. 2016) wird gezeigt, wie Schnecken (dennoch) in ein Monitoring integriert werden könnten. Angesichts des Aktionismus für die Insekten stellen sich zudem Fragen: Wie sollte vorgegangen werden, damit eine wissenschaftlich fundierte Grundlage vorliegt für eine Konfliktabwägung, wenn die Lebensraumsprüche von Insekten und Bodenfauna nicht übereinstimmen? Brauchen wir möglicherweise spezielle Programme zur Re-

Diversifizierung der Bodenfauna? Letztlich möchte ich für den späteren Verlauf der Tagung eine Diskussion darüber anregen, wie (bzw. ob) sich die haupt- und ehrenamtliche Schneckenforschung künftig in der aktuellen Debatte um den Biodiversitätsverlust positionieren kann (bzw. möchte).

DAUBER, J., KLIMEK, S. & SCHMIDT, T. G. (2016): Konzept für ein Biodiversitätsmonitoring Landwirtschaft in Deutschland. — Thünen Working Paper, **58**: 31 S., Braunschweig (Johann Heinrich von Thünen-Institut).

## **Das neue Rote-Liste-Zentrum und Verfahren zum Erstellungsprozess der Roten Listen Deutschlands**

WOLFGANG KATHE

Rote-Liste Zentrum am DLR-Projektträger, [giraglia@arctictern.de](mailto:giraglia@arctictern.de)

Im Januar 2019 wurde das neue Rote-Liste-Zentrum (RLZ) Deutschlands beim DLR Projektträger in Bonn eingerichtet. Es ist im Auftrag des Bundesamtes für Naturschutz (BfN) für den gesamten Erstellungsprozess der Roten Listen Deutschlands verantwortlich, von der Vergabe und Betreuung von vorbereitenden Arbeiten über Koordinationsaufgaben bei der Erstellung der Roten Listen bis hin zur Bereitstellung von Angeboten zur Datenerhaltung. Das BfN bleibt aber Herausgeber der Roten Listen und ist federführend für die Weiterentwicklung der Rote-Liste-Methodik verantwortlich.

Das RLZ soll dazu beitragen, dass die Rolle und Einbindung der weitgehend ehrenamtlich tätigen Expert\*innen in den Erstellungsprozess Roter Listen gestärkt wird. Durch den Wechsel von Sammelbandpublikation (Rote Listen 2009 ff.) zu Einzelpublikationen fertiger Roter Listen (ab der ersten durch das RLZ betreuten Roten Liste) soll sichergestellt werden, dass in Zukunft Rote Listen nach ihrer Erstellung, Prüfung und Abnahme zeitnah veröffentlicht werden. Es ist vorgesehen, einen Aktualisierungs-Turnus von ca. 10 Jahren für alle Roten Listen beizubehalten.

Das Rote-Liste-Zentrum will die Koordinator\*innen und Bearbeiter\*innen der Roten Listen während des Erstellungsprozesses eng begleiten. Um dies zu gewährleisten, tauschen sich die Fachbetreuer\*innen des RLZ und die Koordinator\*innen der jeweiligen Artengruppe regelmäßig zum Stand der Bearbeitung, zur Manuskriptentwicklung, zur Referenz-Literatur und anderen Themen aus. Eine fachliche und methodische Unterstützung der Autor\*innenteams erfolgt daher nicht erst am Ende des Erstellungsprozesses, sondern kontinuierlich. Die Fachbetreuung nimmt im Regelfall auch an den Arbeitstreffen der jeweiligen Artengruppen-Expert\*innen teil. Darüber hinaus können durch das RLZ Schulungen der RL-Bearbeiter\*innen durchgeführt werden, z. B. zur Anwendung des Kriteriensystems bei der Einstufung der jeweiligen Taxa.

Das RLZ kann bei Bedarf auch bei der Einrichtung von Datenportalen oder Datenbanken unterstützend tätig werden; diese Portale können entweder bundesweit als zentrale Datenbanken eingerichtet werden oder als Verknüpfung für dezentrale, bereits vorhandene Datenbanken. Darüber hinaus können auf Antrag weitere, für die Erstellung der Roten Listen notwendige Vorarbeiten sowie der eigentliche Koordinationsprozess ganz oder teilweise finanziert werden. Die Rote Liste der Binnenmollusken steht in naher Zukunft zur Überarbeitung an. Das Rote-Liste-Zentrum möchte alle Expert\*innen dieser Artengruppe dazu ermuntern, sich aktiv am Erstellungsprozess der zu aktualisierenden Roten Liste der Binnenmollusken zu beteiligen.

### **Evolutionssystematik, Biogeographie und Populationsgenetik der Schwarzdeckelschnecken (Caenogastropoda: Cerithioidea: Melanopsidae)**

MARCO T. NEIBER<sup>1</sup>, SIMONE CIANFANELLI<sup>2</sup>, FABRIZIO BARTOLINI<sup>2</sup>, THOMAS VON RINTELEN<sup>3</sup>,  
MATTHIAS GLAUBRECHT<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universität Hamburg, Centrum für Naturkunde (CeNak), Hamburg, [marco-thomas.neiber@uni-hamburg.de](mailto:marco-thomas.neiber@uni-hamburg.de),

<sup>2</sup> Università degli Studi di Firenze, Museo di Storia Naturale – La Specola, Florenz,

<sup>3</sup> Museum für Naturkunde, Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung, Berlin.

Die Schwarzdeckelschnecken (Melanopsidae) kommen in subtropischen und gemäßigten Regionen der westlichen Paläarktis vor und haben in dieser Region auch einen reichen Fossilbericht. Wir haben molekulare Marker aus dem Zellkern und dem Mitochondrium einer repräsentativen Auswahl von Vertretern aus nahezu dem gesamten Areal der Familie sequenziert. Unsere phylogenetischen Analysen zeigen, dass nur *Melanopsis*, *Microcolpia* und *Esperia* unter den rezenten Gattungen zu der Familie gehören, die in einem Schwestergruppenverhältnis zu den Vertretern von Neuseeland und Neukaledonien steht. *Holandriana* gehört nicht zu den Melanopsidae, sondern in eine Verwandtschaftsgruppe, die auch die nordamerikanischen Pleuroceridae und die ostasiatisch-nordamerikanischen Semisulcospiridae umfasst. Innerhalb der Melanopsidae im engeren Sinne zweigt

*Esperiana* als erstes ab, während *Microcolpia* die Schwestergruppe von *Melanopsis* darstellt. *Melanopsis* kann in drei Hauptlinien unterteilt werden: 1) eine westmediterrane Linie, 2) eine Linie aus dem Ostmediterrän und dem Nahen und Mittleren Osten und 3) eine auf Italien beschränkte Linie. Während die italienischen Populationen in Hinblick auf das Gehäuse vergleichsweise wenig variabel sind, haben sowohl die westlichen als auch die östlichen *Melanopsis*-Linien sehr vielgestaltige Schalen. Einige geographisch abgrenzbare Gruppen können als Arten aufgefasst werden, in einer Reihe von Fällen kamen Formen mit distinkter Gehäusemorphologie jedoch nicht als monophyletische Gruppen bei den molekulargenetischen Analysen heraus. Die lokalendemische *Melanopsis etrusca* BROTH 1862 aus der Toskana war historisch von zwölf Fundorten bekannt, von denen jedoch bereits die Hälfte erloschen ist. Wir haben AFLP-Marker verwendet, um die genetische Vielfalt der verbleibenden Populationen zu untersuchen. Die Ergebnisse zeigen, dass die westlichsten Populationen in der Toskana sich deutlich von den übrigen Populationen unterscheiden. Daher sollten Schutzmaßnahmen die Strukturierung der Populationen berücksichtigen. Um einem weiteren Niedergang der Art entgegenzuwirken, wird der Erhalt der genetischen Diversität dringend benötigt.

## **Stand der Erhebung der Verbreitungsdaten der Mollusken in Baden-Württemberg**

IRA RICHLING

Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart, Rosenstein 1, 70191 Stuttgart, [ira.richling@smns-bw.de](mailto:ira.richling@smns-bw.de)

Weichtiere (Mollusken) sind eine wichtige Indikatorgruppe für den aktuellen Zustand von Lebensräumen und deren Veränderungen. Trotz dieser Bedeutung und fast 43 % Anteil von gefährdeten Arten fehlen bis heute Grundlagendaten über die Verbreitung dieser Tiergruppe in Baden-Württemberg. Der bisher einzige Versuch einer Kartierung von vor ca. 30 Jahren ist nur bis zu einem Vorläufer zu einem Verbreitungsatlas gediehen und dies stellte den aktuellsten verfügbaren Stand dar.

Im Rahmen eines Projektes in Kooperation mit der Arbeitsgemeinschaft Mollusken Baden-Württemberg (BW) und der Landesanstalt für Umwelt BW (LUBW) wurden, mit Unterstützung der Stiftung Naturschutzfonds BW gefördert, aus zweckgebundenen Erträgen der Glücksspirale die Grundlagen für die Behebung dieses Mankos gelegt. Dazu wurden die nicht mehr digital verfügbaren Daten der Projektgruppe Molluskenkartierung® (weitestgehend dargestellt im Prodrömus zu einem Verbreitungsatlas von 1982) für eine Datenbanknutzung wiedererschlossen, die Datenbestände der Museumssammlung des Staatlichen Museums für Naturkunde Stuttgart georeferenziert sowie Angaben aus der damals noch nicht ausgewerteten und neueren Literatur erfasst und in eine Datenbank überführt. Eine öffentliche Darstellung der so gewonnenen Daten erfolgt zunächst in Form von Verbreitungskarten mit Zeitschnitten, die unter [www.bw.mollusca.de](http://www.bw.mollusca.de) unter den jeweiligen Arten online präsentiert sind. Sobald die technischen Voraussetzungen geschaffen sind, werden die Daten auch über interaktive Karten bei der LUBW öffentlich zugänglich sowie via Intranet für alle Behörden des Landes detailgenau verfügbar sein.

Längerfristig soll der Datenbestand über die Erschließung und Integration weiterer Datenquellen ausgebaut werden, um so eine kritische und aktuelle Datenmenge zu haben, um sinnvolle übergreifende Auswertungen der vorhandenen Daten durchführen zu können. Bereits jetzt zeigen die Karten regionale Defizite in den Datenbeständen sowie für bestimmte Arten, auch wenn eine Plausibilisierung der Daten und Einarbeitung neuerer Erkenntnisse für die älteren Daten noch aussteht.

## **Genetische Diversität und Verbreitungsmuster der Bachmuschel (*Unio crassus*) in Südwest-Deutschland**

IRA RICHLING & CORNELIA KRAUSE

Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart, Rosenstein 1, 70191 Stuttgart, [ira.richling@smns-bw.de](mailto:ira.richling@smns-bw.de)

Die Bachmuschel *Unio crassus* PHILIPSSON 1788 gehört zu den am stärksten gefährdeten Wassermollusken Deutschlands und dies gilt uneingeschränkt auch für die südwestdeutschen Populationen. Trotz der erneuten Erfassungs- und Monitoringaktivitäten seit der Einführung der FFH-Richtlinie der EU und verschiedenen Aktivitäten zum Schutz der Art sind grundlegende Aspekte wie das Verständnis der hohen morphologischen Vielfalt und Existenz von Gewässer- bzw. Einzugsgebiet-spezifischen Formen nicht abschließend geklärt. Genetische Untersuchungen stehen trotz ihres hohen Potenzials noch am Anfang oder wurden bisher – mit Ausnahme einer ersten Mikrosatelliten-Studie mit Schwerpunkt auf den norddeutschen Vorkommen – auf Populationen außerhalb von Deutschland angewandt.

Im Rahmen eines durch die Fischereiabgabe des Landes Baden-Württemberg unterstützten Projektes in Kombination mit einer Kooperation mit dem Artenschutzprojekt *Unio crassus* des Regierungspräsidiums Karlsruhe wurden in den letzten zwei Jahren *Unio crassus*-Vorkommen aus 17 Gewässern oder Gewässersystemen aus

Südwest-Deutschland mittels mitochondrialer COI-Sequenzen und Mikrosatelliten-Analyse bezüglich ihrer genetischen Diversität und Struktur untersucht. Mit Populationen des Rheins und der Donau aus Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz und Hessen wurden die beiden großen Wassereinzugsgebiete Mitteleuropas abgedeckt und ein weiterer Datensatz schloss die letzte bekannte überlebende Population aus dem Weser-System ein. Pro Population wurden mindestens 25 Tiere mittels unschädlicher Hämolymp-Entnahme aus dem Fußgewebe beprobt. Die Analyse der COI-Daten zeigte die Existenz von mindestens 15 verschiedenen Haplotypen, die zwei Verwandtschaftslinien zuzuordnen sind. Im Einzugsgebiet des Rheins sind beide vorhanden, während die Donau- und Weserpopulationen nur jeweils einer Linie angehören. Die erste vorläufige Analyse der Mikrosatellitendaten zeigt ein sehr komplexes Bild mit einer tendenziell stärkeren genetischen Differenzierung zwischen den südlichen Populationen, während die weiter nördlichen Vorkommen vor allem des Rheingebietes durchschnittlich eine höhere Vielfalt insgesamt aufweisen.

### **Neues vom Bundesamt für Naturschutz zum Nagoya Protokoll**

JOACHIM WINK

Helmholtz Zentrum für Infektionsforschung, [joachim.wink@helmholtz-hzi.de](mailto:joachim.wink@helmholtz-hzi.de)

Am 12. Oktober 2014 ist das Nagoya Protokoll in Kraft getreten und im Juli 2016 das nationale Umsetzungsgesetz zum Nagoya Protokoll sowie die entsprechende EU-Verordnung. Seitdem herrscht eine große Verunsicherung beim Umgang mit biologischen Materialien. Was bedeutet „Nutzung“, welche Länder sind betroffen, wo und was darf ich sammeln, um nur ein paar typische Fragen aufzulisten. Inzwischen versucht das Bundesamt für Naturschutz, diese Behörde ist in Deutschland für die Einhaltung der Regelungen zum Nagoya Protokoll zuständig, etwas mehr Klarheit zu schaffen und veranstaltet entsprechende Informationsveranstaltungen. Besonders die Frage wie die Nutzung einer genetischen Ressource definiert wird ist dabei für Sammlungen besonders wichtig. Der aktuelle Stand der Regelungen, die Definitionen der einzelnen Teilbereiche, die möglichen Ansprechpartner und einige Fallbeispiele waren der Inhalt des Vortrags.