

Mitt. dtsh. malakozool. Ges.	106	43 – 50	Frankfurt a. M., Dezember 2021
------------------------------	-----	---------	--------------------------------

Zusammenfassungen der Tagungsbeiträge anlässlich der virtuellen 60. Frühjahrstagung der DMG vom 21. bis 22. Mai 2021

zusammengestellt von IRA RICHLING

Abgrenzung der Arten des *Albinaria cretensis* Komplexes (Clausiliidae) mithilfe genetischer Daten

SONJA BAMBERGER, JIE XU & BERNHARD HAUSDORF

Centrum für Naturkunde, Zoologisches Museum, Universität Hamburg, Martin-Luther-King-Platz 3, 20146 Hamburg,
bambergerson@gmail.com

Albinaria ist eine der artenreichsten Gattungen der Schließmundschnecken (Clausiliidae). Auf der griechischen Insel Kreta und den umliegenden Inseln hat sich eine besonders hohe Anzahl von endemischen *Albinaria*-Arten entwickelt. Derzeit werden etwa 41 Arten anhand von Gehäusemerkmalen unterschieden. Die *Albinaria*-Arten von Kreta sind so nah verwandt, dass eine Abgrenzung der Arten und eine Aufklärung von deren Verwandtschaftsbeziehungen durch eine Analyse einzelner Gene nicht möglich ist. Daher generierten wir double digest Restriction-Site Associated DNA Sequencing (ddRADseq) Daten von 140 Individuen aus 48 Populationen des *A. cretensis* Komplexes aus West-Kreta. Konkurrierende Klassifizierungen auf der Basis von Gehäusemerkmalen unterteilten diesen Komplex bisher in fünf bis neun Arten mit bis zu 18 zusätzlichen Unterarten. Verschiedene Methoden zur Artabgrenzung unter Verwendung der ddRAD-Daten schlugen eine Aufteilung unseres Datensatzes in 14 bis 45 Arten vor. Wir betrachten die vorgeschlagenen Unterteilungen als Kandidatenarten und prüfen diese Hypothesen durch eine Kombination einer modellbasierten Clustering-Methode, die möglichen Genfluss anzeigt, mit einem Test, der bewertet, ob die Differenzierung von allopatrischen Kandidatenarten größer ist als aufgrund der Abnahme der Ähnlichkeit der Populationen mit zunehmender geographischer Distanz (isolation by distance) zu erwarten ist. Basierend auf diesen Kriterien schlagen wir eine Klassifizierung des Artenkomplexes in neun Arten vor. Diese entsprechen zum Teil morphologisch abgegrenzten Arten. Einige umfassen mehrere morphologisch abgegrenzte Arten und in zwei Fällen konnten wir kryptische Arten erkennen, die bisher nicht unterschieden wurden.

BAMBERGER, S., XU, J. & HAUSDORF, B. (im Druck). Evaluating species delimitation methods in radiations: The land snail *Albinaria cretensis* complex on Crete. — Systematic Biology, doi: [10.1093/sysbio/syab050](https://doi.org/10.1093/sysbio/syab050).

Das neue System der Gastropoda: Historie, Fakten, Hypothesen und offene Fragen

GERHARD HASZPRUNAR

Dept. Biologie II und GeoBio-Center der LMU München sowie SNSB-Zoologische Staatssammlung München,
Münchhausenstr. 21, 81247 München, *haszprunar@snsb.de*

Das klassische System der Gastropoda wurde ganz wesentlich von deutschen Malakologen (JOHANNES THIELE, WILHELM WENZ und ADOLF ZILCH) von 1925-1960 erstellt und war als sogenanntes „Key-System“ zugleich ein basaler Bestimmungsschlüssel für die enorme Artenvielfalt der Gruppe. Es ist daher insbesondere in der Bestimmungsliteratur teilweise bis heute in Gebrauch. Ab den 1980er Jahren akkumulierten dann neue Befunde, einerseits neu entdeckte Gruppen aus den Tiefsee-Hydrothermalquellen (hot vents), mikroanatomische Nachuntersuchungen altbekannter Gruppen (etwa Cocculinida und Lepetelloidea) sowie Ultrastrukturdaten vor allem an Sinnesorganen und Spermien, die mit dem klassischen System nicht erklärt werden konnten. Nicht zuletzt durch konsequente Anwendung der aufgekommene kladistischen (HENNIG'schen) Methodik wurden diese Daten durch LUITFRIED VON SALVINI-PLAWEN, GERHARD HASZPRUNAR, WINSTON F. PONDER und DAVID R. LINDBERG in eine erste Neufassung des Gastropoden-Systems umgesetzt. Diese erste Revolution betraf vor allem die basalen, „prosobranchen“ Gruppen und war morphologisch geprägt. Zentrale Ergebnisse waren die Auflösung von Prosobranchia, Archaeo- und Mesogastropoda sowie die Monophylie der Heterobranchia mit den allogastropoden Gruppen an der Basis der Euthyneura. Ab etwa 2010 waren es dann vor allem molekulare Daten, welche durch MICHAEL SCHRÖDL, KATHARINA M. JÖRGER, TIMEA NEUSSER und HEIKE WÄGELE eine zweite Revolution bedingten. Diese hatte insbesondere die Auflösung der früheren euthyneuren Gruppen Opisthobran-

chia und Pulmonata zur Folge. Umgekehrt wurden monophyletische Ringipleura (Ringiculida, Pleurobranchomorpha, Nudibranchia), Tectibranchia und Pan-Pulmonata (mit Siphonariida, Sacoglossa, Pyramidellomorpha, Acochlidomorpha, Hygrophila und Eupulmonata) sehr wahrscheinlich gemacht. Während die Großsystematik der Gastropoda heute weitgehend geklärt erscheint, ist die interne Phylogenie insbesondere der artenreichen Gruppen Caenogastropoda und Stylommatophora noch immer sehr umstritten. Das basale Phänomen der Gastropoden-Torsion kann nach Korrektur der klassischen Daten dazu recht gut als larvale Anpassung erklärt werden. Demgegenüber gibt es aber eine ganze Reihe von evolutionären Ereignissen, deren schlüssige Erklärung bis dato fehlt: Der Umbau des Buccalapparates an der Basis der Heterobranchia, ein dramatischer Umbau des mitochondrialen Genoms bei basalen Heterobranchiern nach Abspaltung der Ectobranchia (Valvatoidea), Selektionsvorteile von Heterostrophie und Riesennervenzellen sowie der Grund des Verlustes des Operculums bei den pulmonaten Gruppen sind nach wie vor unverstandene Phänomene – da können auch Sie berühmt werden.

Die Clausilienfauna der Peloponnes-Halbinsel

HANS-JÜRGEN HIRSCHFELDER
Schützenstr. 2, 93309 Kelheim, hja@hirschfelder-kelheim.de

Auf vier Sammelreisen in den Jahren 2017-2019 zusammen mit dem Ehepaar THERESIA und KLAUS KITTEL wurde die Clausilienfauna der Peloponnes-Halbinsel und vorgelagerter Inseln in Süd-Griechenland untersucht. Dabei konnten fast alle der derzeit anerkannten 53 Arten und 104 Unterarten wiedergefunden werden. Die Mehrzahl der Taxa beschrieben im 19. Jahrhundert L. K. G. PFEIFFER, O. BOETTGER und C. A. WESTERLUND sowie in den letzten 50 Jahren vor allem W. FAUER, E. GITTENBERGER, E. NEUBERT, H. NORDSIECK und A. & P. REISCHÜTZ. In Deutschland kommen nur ein paar Clausilienarten mit wenigen Unterarten und meist großen Verbreitungsgebieten vor. Im Gegensatz dazu ist auf der Peloponnes-Halbinsel die Mehrzahl der Taxa sehr kleinräumig verbreitet, oft nur von einem Berg oder aus einer Schlucht bekannt. Können bei uns in optimalen Lebensräumen bis zu zehn verschiedene Clausilien gemeinsam vorkommen, sind es dort nur ein oder zwei, in sehr seltenen Fällen drei syntop lebende Arten. Auf den Exkursionen wurde Belegmaterial an 321 Fundorten (Peloponnes 286, Kythira 29, Elafonisos 6) gesammelt. Dabei stellte sich heraus, dass einige Taxa nach Entdeckung neuer Populationen doch größere Verbreitungsgebiete als bisher bekannt besiedeln. Insgesamt sieben Taxa sind neu für die Wissenschaft und werden in Kürze beschrieben.

Der Vortrag stellte mehrere typische, außergewöhnliche oder neue Taxa und ihre Lebensräume vor. Besonderes Augenmerk galt der von GITTENBERGER erst im Jahr 2000 beschriebenen Gattung *Tsoukatosia*, von der seitdem die Familie REISCHÜTZ noch sieben Arten mit drei Unterarten auf der Peloponnes-Halbinsel entdeckte. Wir konnten zusätzliche Vorkommen ermitteln, jedoch ist auch weiterhin kein einziges lebendes Tier bekannt, so dass die Gattung möglicherweise ausgestorben ist und Gehäuse nur noch subrezent gefunden werden.

Eine britische Nacktschnecke in Deutschland: Mikrosatelliten beleuchten eine erfolgreiche, aber gebremste Einwanderung

JOHN M. C. HUTCHINSON, BETTINA SCHLITT & HEIKE REISE
Senckenberg Museum für Naturkunde Görlitz, Am Museum 1, 02826 Görlitz, heike.reise@senckenberg.de

Basierend auf Genitalanatomie und mitochondrialer DNA wurde die Wegschnecke *Arion ater* (LINNAEUS 1758) durch uns in einer 2020 publizierten Studie in drei Unterarten unterteilt: *A. a. ater*, *A. a. rufus* (LINNAEUS 1758) und *A. a. ruber* (GARSALT 1764). Die DNA-Daten implizieren eine weitgehend nicht überlappende Verbreitung von *A. a. rufus* und *A. a. ruber*, wobei *A. a. rufus* auf den Britischen Inseln und in NW-Frankreich vorkommt, während sich das Verbreitungsgebiet von *A. a. ruber* von Frankreich ostwärts bis nach Polen und nördlich nun bis Skandinavien erstreckt. Einzelne Ausnahmen gehen sehr wahrscheinlich auf jüngere Einschleppungen zurück, wie auch in unserem Untersuchungsgebiet in und um Görlitz, Südost-Sachsen, wo alle drei Unterarten zusammen vorkommen. Unsere Untersuchung von Kern-DNA, basierend auf 16 Mikrosatelliten-Markern, zeigt, dass Hybriden zwischen den drei Taxa hier häufig sind, was deren Unterart-Status stützt. Viele Individuen sind aber auch nicht gemischt, da die drei Formen tendenziell verschiedene Gebiete besetzen. *Arion a. ater* kommt in Waldgebieten außerhalb der Stadt vor und taucht in der Stadt nur als genetische Einmischung in einzelnen Individuen auf. Bemerkenswert ist, dass *A. a. rufus* nur westlich der Neiße gefunden wurde, die die Stadt in eine westliche und eine östliche Hälfte teilt. Nach Kriegsende 1945 wurde dieser Fluss zur deutsch-polnischen Grenze und die Bevölkerung auf polnischer Seite damals komplett ausgetauscht. Wir vermuten, dass *A. a. rufus* sich auf beiden Seiten der Neiße ausgebreitet hätte, wäre diese Unterart schon vor 1945 eingeschleppt worden. Um 1994 war sie im deutschen Stadtteil bereits weit verbreitet und schien *A. a. ruber* zu verdrängen. Seit Ausbreitung der invasiven *Arion vulgaris* sind beide Unterarten aus Görlitz verschwunden.

Die Einbeziehung paläogeographischer Gegebenheiten in biogeographische Analysen kann die disjunkte Verbreitung von Landschnecken auf den Balearen und einigen makaronesischen Inseln erklären (Helicidae: Allognathini)

MARCO T. NEIBER¹, LUIS J. CHUECA², AMAIA CARO², DINARTE TEIXEIRA³, KEVIN A. SCHLEGEL⁴, BENJAMÍN J. GÓMEZ-MOLINER², FRANK WALTHER¹, MATTHIAS GLAUBRECHT¹ & BERNHARD HAUSDORF¹

¹ Centrum für Naturkunde (CeNak), Universität Hamburg, Martin-Luther-King-Platz 3, 20146 Hamburg;

² Departamento de Zoología y Biología Celular Animal, Facultad de Farmacia, Universidad País Vasco (UPV/EHU), Paseo de la Universidad 7, 01006 Vitoria-Gasteiz, Spanien; ³ Instituto das Florestas e Conservação da Natureza IP-RAM, 9064-512 Funchal, Portugal; ⁴ Hengstrücken 52, 37520 Osterode am Harz

Die Systematik und Biogeographie des westmediterranen und makaronesischen Tribus Allognathini (Helicidae: Helicinae) wurde auf Grundlage mitochondrieller und nukleärer DNS-Sequenzen untersucht. Die phylogenetischen Analysen zeigten, dass die Gattungssystematik des Tribus revidiert werden muss. Es konnte erstmals gezeigt werden, dass die Lokalendemiten *Lampadia* und *Idiomela* von den Madeira-Inseln zu den Allognathini gehören und zusammen die Schwestergruppe der artenreichen *Hemicycla*-Radiation der Kanarischen Inseln bilden. Daher wird vorgeschlagen Lampadiini mit Allognathini zu synonymisieren. Als Schwestergruppe der makaronesischen Gattungen konnte die balearische *Allognathus*-Radiation bestätigt werden. *Pseudotachea* bildete keine monophyletische Gruppe. Vielmehr kamen die beiden derzeit anerkannten Arten der Gattung bei den phylogenetischen Analysen an unterschiedlichen Positionen innerhalb einer Klade, die ansonsten Arten der Gattung *Iberus* enthielt, heraus. In ähnlicher Weise bildete *Adiverticula* keine monophyletische Gruppe innerhalb von *Hemicycla*. Daher wird vorgeschlagen *Pseudotachea* mit *Iberus* und *Adiverticula* mit *Hemicycla* zu synonymisieren. Die Rekonstruktion ancestraler Verbreitungsgebiete zeigte, dass sich die sechs rezenten Gattungen, die hier innerhalb der Allognathini anerkannt werden (*Cepaea*, *Iberus*, *Allognathus*, *Hemicycla*, *Idiomela* und *Lampadia*), auf Vorfahren im westlichen bzw. südwestlichen Europa zurückführen lassen, was auch mit dem Fossilbericht übereinstimmt. Die disjunkte Verbreitung der balearisch-makaronesischen Schwestergruppe und die Verbreitung der früher abzweigenden, überwiegend iberischen *Iberus*-Klade lässt sich durch Trennung der Gebirgsgruppen des heutigen Rif-Gebirges und der Betischen Kordillere von der Iberischen Halbinsel während des späten Oligozäns bzw. frühen Miozäns zusammen mit unabhängigen miozänen Ausbreitungsereignissen von der Iberischen Halbinsel aus auf die Balearen und nach Makaronesien erklären. Hierbei muss allerdings die zu *Hemicycla* (Kanarische Inseln), *Idiomela* (Madeira-Inseln), *Lampadia* (Madeira-Inseln) und *Allognathus* (Balearen) führende Entwicklungslinie auf der Iberischen Halbinsel ausgestorben sein (NEIBER & al. 2021).

NEIBER, M. T., CHUECA, L. J., CARO, A., TEIXEIRA, D., SCHLEGEL, K. A., GÓMEZ-MOLINER, B. J., WALTHER, F., GLAUBRECHT, M. & HAUSDORF, B. (2021): Incorporating palaeogeography into ancestral area estimation can explain the disjunct distribution of land snails in Macaronesia and the Balearic Islands (Helicidae: Allognathini). — *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **162**: 107196, doi: [10.1016/j.ympev.2021.107196](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2021.107196).

Gezeitenwanderungen (oder was danach aussieht) von Gastropoden auf Sandstränden

WINFRIED S. PETERS

School of Biological Sciences, Abelson Hall, Washington State University, Pullman WA, USA,
petersw@pfw.edu

In diesem Beitrag wird eine Übersicht der circatidalen Bewegungen von benthischen Gastropoden auf Sandstränden gegeben, bei denen die Tiere täglich hunderte Meter zurücklegen. Die notwendige lokomotorische Effizienz wird durch Unterwassersegeln (in der englischen Literatur meist „swash-surfing“) erreicht. Hierbei wird der Fuß ausgebreitet und von der Schale abgespreizt und maximiert so die Angriffsfläche für die Wasserströmung. Klassisches Beispiel für Unterwassersegler sind südafrikanische *Bullia*-Arten (Nassariidae), die sich hauptsächlich von an der Wasserlinie zum Liegen kommendem Aas ernähren, und daher Gezeitenwanderungen ausführen, um in der Nähe der Wasserlinie zu bleiben (MCLACHLAN & al. 1979). Aufgrund noch nicht hinreichend verstandener biomechanischer Faktoren segeln *Bullia* spp. immer schräg zur Strömung; sie kreuzen also und scheinen daher ihre Bewegungsrichtung teilweise kontrollieren zu können. Andere segelnde Gastropoden hingegen bewegen sich immer in Strömungsrichtung. Mehrere *Hastula* spp. (Terebridae) wurden beim Unterwassersegeln beobachtet, auch dort, wo es keine nennenswerten Gezeiten gibt, wie im westlichen Golf von Mexiko (KORNICKER 1961). Diese Fortbewegungsweise wird also nicht nur für circatidale Wanderungen eingesetzt, sondern gezeitenunabhängig auch dort, wo Wellenbewegungen den Grund erreichen. Besonders interessante Beispiele sind unter den Olividen der pazifischen Strände von Mexiko bis Peru zu finden. *Olivella semistriata* (GRAY 1839) und *O. columellaris* (G. B. SOWERBY 1825) sind Filtrierer, die mit Hilfe spezieller Fortsätze ihrer Propodien kurzlebige Schleimnetze aufspannen, um essbare Partikel aus dem rückströmenden Wasser zu sammeln (SEILACHER 1959). Da dieser Nahrungserwerb nur unmittelbar unter der Wasserlinie gut funktioniert, sind

auch diese Tiere zu Gezeitenwanderungen durch Unterwassersegeln gezwungen (TROOST & al. 2012). Das gleiche gilt für die räuberische *Agaronia propatula* (CONRAD 1849) (ebenfalls Olividae), deren Hauptbeute *O. semistriata* ist (CYRUS & al. 2012). Die weitverbreitete Ansicht, dass Gezeitenwanderungen bei Invertebraten generell von circatidalen inneren Uhren gesteuert werden, ist zumindest für die genannten *Olivella* spp. unzutreffend, da diese, wenn sie unter besonderen Umständen ihrem Nahrungserwerb für längere Zeit am selben Ort nachgehen können, spontan auf jegliche Wanderungen verzichten (MORSE & PETERS 2016).

- CYRUS, A. Z., RUPERT, S. D., SILVA, A. S., GRAF, M., RAPPAPORT, J. C., PALADINO, F. V. & PETERS, W. S. (2012): The behavioural and sensory ecology of *Agaronia propatula* (Caenogastropoda: Olividae), a swash-surfing predator on sandy beaches of the Panamic faunal province. — *Journal of Molluscan Studies*, **78**: 235-245, doi: [10.1093/mollus/eyz006](https://doi.org/10.1093/mollus/eyz006).
- KORNICKER, L. S. (1961): Observations on the behavior of the littoral gastropod *Terebra salleana*. — *Ecology*, **42**: 207, www.jstor.org/stable/1933296.
- MCLACHLAN, A., WOOLDRIDGE, T. & VAN DER HORST, G. (1979): Tidal movements of the macrofauna on an exposed sandy beach in South Africa. — *Journal of Zoology, London*, **187**: 433-442, doi: [10.1111/j.1469-7998.1979.tb03379.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.1979.tb03379.x).
- MORSE, A. P. & PETERS, W. S. (2016): Alimentación suspensívora oportunista del gasterópodo *Olivella columellaris* y sus implicaciones en la regulación de las migraciones mareales. — *Ciencias Marinas*, **42**: 289-294, doi: [10.7773/cm.v42i4.2640](https://doi.org/10.7773/cm.v42i4.2640).
- SEILACHER, A. (1959): Schnecken im Brandungssand. — *Natur und Volk*, **89**: 359-366.
- TROOST, A. I., RUPERT, S. D., CYRUS, A. Z., PALADINO, F. V., DATTILO, B. F. & PETERS, W. S. (2012): What can we learn from confusing *Olivella columellaris* and *O. semistriata* (Olivellidae, Gastropoda), two key species in panamic sandy beach ecosystems? — *Biota Neotropica*, **12**: 101-113, doi: [10.1590/S1676-06032012000200011](https://doi.org/10.1590/S1676-06032012000200011).

Faunenwandel der Landschnecken am Spitzberg bei Tübingen (Baden-Württemberg)

IRA RICHLING

Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart, Rosenstein 1, 70191 Stuttgart, ira.richling@smns-bw.de

Der Spitzberg westlich von Tübingen ist ein markanter Höhenzug in Ost-West-Ausrichtung mit einem recht steilen zum Neckar hin abfallenden Südhang. Kombiniert mit einem geologischen Untergrund aus mergeligen Keuperschichten mit aufliegendem Stubensandstein und lokal eingelagerten Gipsbereichen bedingt diese Topologie ein hohe Habitatvielfalt auf kleinem Raum. Besonders die warm-trockenen Offenbiotope der Südhänge bieten seltenen Arten Lebensraum. Die Molluskenfauna des Spitzbergs wurde von G. SCHMID in den Jahren 1957 bis 1961 mit insgesamt 600 quantitativ bearbeiteten terrestrischen und 35 weiteren aquatischen Probeflächen intensiv untersucht und dokumentiert. Dieser einzigartige Referenzdatensatz erlaubte eine Vergleichsuntersuchung zu Veränderungen der Malakofauna nach rund 60 Jahren.

Die aktuelle Studie konzentrierte sich mit 150 Probeflächen auf die naturschutzfachlich besonders wertgebenden Offenlandhabitats mit seinen Ausprägungen entsprechend dem Höhen- und damit einhergehend Feuchte- und Nährstoffgradienten von Steppenheide über Halbtrockenrasen zu Salbei-Glatthaferwiesen am Hangfuß. Obwohl das Artenspektrum der 1960er Jahre weitestgehend bestätigt werden konnte, ergaben sich deutliche Veränderungen in der quantitativen Zusammensetzung der Artengemeinschaft sowie in den Stetigkeiten der Arten. Nicht mehr nachgewiesen werden konnten *Chondrula tridens* (O. F. MÜLLER 1774), *Candidula unifasciata* (POIRET 1801) und eventuell *Xerolenta obvia* (MENKE 1828), während *Vertigo angustior* JEFFREYS 1830, *Oxychilus draparnaudi* (H. BECK 1837) und *Arion vulgaris* MOQUIN-TANDON 1855 erstmals gefunden wurden. Insgesamt gingen besonders die spezialisierten thermophilen Arten in ihrer Stetigkeit und auch den Siedlungsdichten zurück, wobei in letzterem Aspekt vor allem die großwüchsigen Arten betroffen sind. Ursachen werden primär im Rückgang der Vielfalt von Mikrohabitats, einer zunehmenden Verfilzung der Bodenoberfläche zusammen mit einer dichteren Vegetationsbedeckung gesehen. Zu weiteren Resultaten siehe RICHLING (2019), eine stärker differenzierte Auswertung steht noch aus.

RICHLING, I. (2019): Faunenwandel der Landschnecken am Spitzberg. — In: GOTTSCHALK, T. K. (Hrsg.): Der Spitzberg. Landschaft, Biodiversität und Naturschutz. — 352-376, Ostfildern (Thorbecke).

Stand der Arbeiten zur Aktualisierung der Roten Liste Binnenmollusken Deutschlands

IRA RICHLING¹ & CARSTEN RENKER²

¹Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart, Rosenstein 1, 70191 Stuttgart; ²Naturhistorisches Museum Mainz, Reichklarastr. 10, 55116 Mainz, ira.richling@smns-bw.de

Die Rote Liste der Binnenmollusken gehört mit zu den „ältesten“ Listen des letzten Bearbeitungszyklus und ist somit eine der ersten, die unter dem Management des Ende 2018 neu eingerichteten Rote-Liste-Zentrums (RLZ) aktualisiert werden soll. Als Nachfolger von Dr. Dr. J. H. JUNGBLUTH und Dr. D. VON KNORRE wurden C. RENKER und I. RICHLING zu neuen Koordinatoren durch die DMG ernannt. Für die Bearbeitung der neuen Roten Liste wurde ein Expertenteam auf Grundlage der bisherigen Bearbeiter und unter Aufnahme neuer Kolleginnen und Kollegen zusammengestellt. Als nächster Schritt wurde eine Liste notwendiger Vorarbeiten erstellt, für die finanzielle Unterstützung durch das RLZ beantragt wurde. Hierzu zählen die Ausrichtung von Expertentreffen, das Zusammentragen der im Rahmen der Monitoringpflichten der Wasserrahmenrichtlinie (WRRL) bundesweit erhobenen Verbreitungsdaten (einziges bundesweites Monitoring, das Mollusken in größerem Rahmen einschließt), Re-Digitalisierung der durch die Projektgruppe Molluskenkartierung[®] unter der Leitung von Dr. Dr. J. H. JUNGBLUTH akkumulierten Daten („Altdaten“) sowie gezielte Kartierungen von ausgewählten Arten mit Rote Liste Status 0 oder 1, zu denen aktuelle Erhebungen fehlen. Physische Expertentreffen mussten aufgrund der epidemiologischen Situation bisher ausfallen, es fanden jedoch drei virtuelle Veranstaltungen statt (Methodikschulung, IT-Tool-Schulung und ein Treffen zur Abstimmung der aktuellen Artenliste). Als Auftragsarbeit konnten fast 230.000 Nachweis-Datensätze des WRRL-Monitorings zusammengeführt werden. Im Rahmen einer Kooperationsvereinbarung mit dem Staatlichen Museum für Naturkunde Stuttgart wurden unter Projektleitung von I. RICHLING fast 110.000 Datensätze Altdaten für die Bundesländer Niedersachsen, Bremen, Berlin, Saarland, Rheinland-Pfalz und Bayern re-digitalisiert. Für zehn verschollene oder vom Aussterben bedrohte Arten konnten im Rahmen von Werkverträgen gezielte Nachsuchen stattfinden, in der Mehrheit mit Nachweis der Arten. Im laufenden Jahr wird sich das Autorenteam primär mit der neuen Gefährdungseinstufung der Arten befassen, um für 2022 einen Abschluss des Projektes anzustreben. Um eine langfristige Verfügbarkeit, Zusammenführung und optimale Nutzung der Verbreitungsdaten aus verschiedenen Quellen zu erreichen, läuft aktuell der Aufbau des Datenportals „Mollusken Deutschlands“ als Kooperation zwischen dem RLZ (technischer) und der DMG (fachlicher Betreiber).

Quartäre Schneckenfaunen auf Fuerteventura und was sie uns über Klimawandel verraten

CHRISTIANE RICHTER¹, CHRISTOPHER-B. ROETTIG¹, DANIEL WOLF¹, KLAUS GROH², THOMAS KOLB³
& DOMINIK FAUST¹

¹Dresden University of Technology, Helmholtzstraße 10, 01069 Dresden; ²Hinterbergstr. 15, D-67098, Bad Dürkheim; ³University Bayreuth, Universitätsstraße 30, 95440, Bayreuth, christiane_richter@tu-dresden.de

Es wurden quartäre Schneckenfaunen auf Fuerteventura untersucht, um Rückschlüsse auf die zeitliche Auflösung und Genese von Dünensequenzen im untersuchten Gebiet ziehen zu können und um Informationen über Paläoklima- und Umweltbedingungen zu erhalten. Die Ergebnisse zeigen signifikante Faunenumbrüche in den erhaltenen Schneckenassoziationen über die vergangenen 400.000 Jahre auf. Es konnten bestimmte Arten ausgemacht werden, deren Vorkommen auf Fuerteventura an spezifische Zeiträume gekoppelt war und die als (sub)fossile Leitarten im Sinne biostratigrafischer Marker genutzt werden können. Die unterschiedlichen Assoziationen zeigten zudem nur geringe Unterschiede in den ökologischen Ansprüchen der Arten und implizieren, dass die Faunenumbrüche nicht durch lokale klimatische Veränderungen verursacht worden sind. Stabile Sauerstoffisotopenanalysen von Gehäusen der Gattung *Theba* zeigen einen ersten Trend, dass die Faunenumbrüche möglicherweise an Meeresspiegelanstiege (Übergänge von Kalt- zu Warmzeiten) gekoppelt waren, welche indirekt mit markanten Umweltveränderungen (z. B. heißen Winden) in Zusammenhang standen. Stabile Kohlenstoffisotopenzusammensetzungen der Schneckengehäuse zeigen zudem, dass rötliche Staub- und vulkanische Aschelagen in den Sedimentsequenzen mit substratbedingten Anstiegen der Bodenfeuchte korrelieren und zu einem Anstieg der Biodiversität innerhalb der Schnecken führten. Die Erhaltung der jüngsten Staublage an der rezenten Oberfläche Fuerteventuras könnte dem Artensterben auf der Insel entgegenwirken.

Von DAVID GEYER bis heute: Veränderungen in der Molluskenfauna von Backnang

ANETTE ROSENBAUER

Seehofweg 62, 71522 Backnang, anette.rosenbauer@arcor.de

DAVID GEYER lebte und arbeitete von 1895 bis 1899 in Backnang (Baden-Württemberg) und veröffentlichte aus dieser Zeit eine Molluskenliste. In den vergangenen 20 Jahren wurde die Malakofauna der Backnanger Bucht untersucht und dafür die von GEYER angegebenen Fundpunkte nachgesucht sowie eine Vielzahl weiterer Biotope beprobt. Der Vergleich der damaligen und aktuellen Ergebnisse zeigt, dass die meisten der von GEYER nachgewiesenen Arten heute noch im Gebiet leben und zahlreiche Neozoen neu dazugekommen sind. Insgesamt konnten 120 Arten nachgewiesen werden. GEYER hatte 76 Arten aufgezählt, aktuell kommen 108 Molluskenarten lebend im Gebiet vor. Eine detaillierte Veröffentlichung der Ergebnisse ist in einem der nächsten Hefte der Mitteilungen der DMG geplant.

Fund des pontokaspischen Parasiten *Plagioporus cf. skrjabini* (Plathelminthes: Trematoda) im Rheinsystem: Höhere Parasitierung der mitteleuropäischen Form von *Theodoxus fluviatilis* (Gastropoda: Neritidae) im Vergleich zur eingeschleppten Donaufacture

LOUISA MARIE ROTHMEIER¹, RENÉ SAHM², BURKARD WATERMANN³, KARSTEN GRABOW¹, MEIKE KOESTER⁴, ANNA CICHY⁵ & ANDREAS MARTENS¹

¹ Institut für Biologie, Pädagogische Hochschule Karlsruhe, Bismarckstraße 10, 76133 Karlsruhe;

² Umweltbundesamt, Schichauweg 58, 12307 Berlin; ³ LimnoMar Labor für limnische und marine Forschung, Duvenwischen 4, 22359 Hamburg; ⁴ Institut für Integrierte Naturwissenschaften, Universität Koblenz-Landau, Universitätsstraße 1, 56070 Koblenz; ⁵ Department of Invertebrate Zoology and Parasitology, Nicolaus Copernicus University, Lwowska 1, 87100 Torun, Polen

Die Invasion gebietsfremder Arten im Kontext von Wirt-Parasit-Interaktionen ist bisher wenig untersucht worden. Um Zusammenhänge besser zu verstehen, wurde eine vergleichende parasitologische und histopathologische Analyse zweier phylogenetisch unterschiedlicher Formen der Süßwasserschnecke *Theodoxus fluviatilis* (LINNAEUS 1758) durchgeführt. Untersucht wurden Populationen der heimischen mitteleuropäischen Form, die aus bislang unbekanntem Gründen in Deutschland einen Rückgang verzeichnete und heute im Rhein ausgestorben ist, und der Donaufacture, die vermutlich über den Main-Donau-Kanal ins Rheinsystem eingeschleppt wurde. Beide Formen der Schnecke zeigten Parasitierung mit dem Trematoden *Plagioporus cf. skrjabini* KOWAL 1951, wobei dessen Prävalenz in der heimischen Form von *T. fluviatilis* signifikant höher war als in der Donaufacture. *Plagioporus cf. skrjabini* ist nach bisheriger Kenntnis eine neue Trematodenart im Rheinsystem, die vermutlich durch die Invasion ihrer weiteren Zwischen- und Endwirte, d. h. pontokaspischer Amphipoden und Grundeln, mit eingeschleppt wurde. Ihre Auswirkungen auf heimische Populationen von *T. fluviatilis* sollten Gegenstand zukünftiger Studien sein.

ROTHMEIER, L. M., SAHM, R., WATERMANN, B., GRABOW, K., KOESTER, M., CICHY, A. & MARTENS, A. (2021): The Ponto-Caspian parasite *Plagioporus cf. skrjabini* reaches the River Rhine system in Central Europe: higher infestation in the native than in the introduced Danubian form of the gastropod *Theodoxus fluviatilis*. — *Hydrobiologia*, **848**: 2569-2578.

Schalen von *Helix pomatia* bieten ein wichtiges Mikrohabitat für Bodenorganismen

CLAUDIA TLUSTE

BTU Cottbus-Senftenberg, Departement Ökologie, Hans-Sachs-Straße 48, 03046 Cottbus, claudia.fuessel@yahoo.de

Die Schalen von Weichtieren werden weltweit bereits als Zusatzfutter in der Landwirtschaft sowie als Füllmaterial im Bau oder als Biofilter genutzt. Inzwischen wird gezielt daran geforscht, wie Schneckengehäuse und Muschelschalen helfen können Ökosysteme zu renaturieren. Angesichts der Tatsache, dass 56 Bienenarten in Schneckengehäusen nisten, wurden zunehmend Untersuchungen durchgeführt, die das Verständnis für Schneckengehäuse im Ökosystem vertiefen sollen. In unserer Untersuchung wurden zweimal 704 Leergehäuse der Art *Helix pomatia* LINNAEUS 1758 in vier verschiedenen Vegetationsformen ausgelegt (*Urtica dioica*, *Aegopodium podagraria*, *Rubus* sp. und Laubbäume). Der erste Untersuchungszeitraum war von Februar bis November 2019 und der zweite von Februar bis Juni/Juli 2020. Anschließend wurden die Gehäuse zugeklebt, für ein paar Tage in den Tiefkühler gelegt und unter einem digitalen Mikroskop geöffnet. Die Untersuchungen

zeigten eine Besiedlungsrate von 91,4 % und 1494 Wirbellose wurden gefunden. Eine Besiedlung der Schneckengehäuse war im Sommer 1,5 mal höher als im Herbst und 1,5 mal höher im krautigen Bereich als unter Laubbäumen. Die Schalenhöhe hatte keinen Einfluss auf die Besiedlungsmenge, jedoch die Breite des Gehäuses ($P = 0,010$). Im Durchschnitt konnten 25 Individuen pro 100 Gehäusen gefunden werden, was von bisherigen Untersuchungen der höchste Wert ist. Aus den Untersuchungen geht hervor, dass Leergehäuse von *H. pomatia* von hohem Nutzen für das Leben von Bodenorganismen sind.

Extreme Abweichungen von molekulargenetischen Phylogenien und morphologischer Taxonomie innerhalb der Thiaridae

BENEDIKT WIGGERING^{1,2}, MARCO T. NEIBER¹ & MATTHIAS GLAUBRECHT¹

¹Centrum für Naturkunde (CeNak), Universität Hamburg; ²Nationalparkverwaltung Niedersächsisches Wattenmeer, benedikt.wiggering@nlpv-wattenmeer.niedersachsen.de

Das häufige Abweichen morphologisch begründeter Taxonomien von den Stammbäumen, die auf Grundlage genetischer Daten errechnet wurden, ist eine der großen Herausforderungen der modernen biologischen Systematik. Derartige Ergebnisse treten gehäuft bei solchen Taxa auf, die morphologisch hochgradig variable Arten umfassen, da hier bereits traditionelle morphologische Klassifizierungen besonders unscharf sind. Mit den lebendgebärenden Süßwasserschnecken der Thiaridae zeigen wir hier einen solchen Fall auf. Basierend auf mitochondrialen DNA-Sequenzen von 247 Individuen aus allen zwölf derzeit anerkannten Gattungen und über weite Teile ihres Verbreitungsgebietes hinweg präsentieren wir die Ergebnisse der ersten umfassenden molekulargenetischen Studie dieser Familie. Die Analysen deckten gravierende Diskrepanzen zwischen aktueller morphologisch basierter Taxonomie und molekularer Phylogenie auf. Die Untersuchung von nukleärer DNA von 68 Individuen führte zu sehr ähnlichen Ergebnissen wie die der mtDNA. Auch wenn viele der derzeit anerkannten morphologischen Gattungen innerhalb der Thiaridae nicht molekulargenetisch bestätigt werden konnten, gewähren die errechneten Kladogramme dennoch Einblicke in die Evolutionsgeschichte der Familie und ihrer Schwestergruppen. So konnte mithilfe von molekularen Datierungen eine Gondwana-Verbreitung der Thiaridae bestätigt werden. Eine Rekonstruktion ancestraler Merkmalszustände auf Grundlage der molekularen Phylogenie zeigte, dass die vorgefundenen molekularen Kladen stärker mit den unterschiedlichen Reproduktionsmodi der untersuchten Arten übereinstimmen als mit den bisher unterschiedenen Gattungszuordnungen. Die vorliegende Studie unterstreicht daher zum einen die Notwendigkeit für umfassendere genomische Studien an den Thiariden und zum anderen die generelle Wichtigkeit evolutionssystematischer Ansätze, die u. a. Molekularbiologie und Morphologie kombinieren.

Zunahme der Diversität durch Hybridisierung im *Charpentieria itala* Komplex in den Südalpen (Gastropoda: Clausiliidae)

JIE XU & BERNHARD HAUSDORF

Centrum für Naturkunde, Zoologisches Museum, Universität Hamburg, Martin-Luther-King-Platz 3, 20146 Hamburg, hausdorf@zoologie.uni-hamburg.de

Der *Charpentieria itala* Komplex ist in den Südalpen weit verbreitet und in mehrere morphologisch differenzierte Unterarten gegliedert. Einige der Unterarten ähneln der verwandten *Charpentieria stenzii* (ROSSMÄSSLER 1836). Wir generierten double digest Restriction-Site Associated DNA Sequencing (ddRADseq) Daten für 166 Exemplare aus 36 Populationen von *C. itala* (MARTENS 1824) und für acht Exemplare der anderen drei *Charpentieria*-Arten, um deren Evolutionsgeschichte und Phylogeographie zu rekonstruieren. Phylogenetische Analysen und STRUCTURE-Analysen auf Basis der ddRADseq-Daten zeigten, dass die wiederholte Trennung der Populationen in westliche und östliche Gruppen durch den Garda-Gletscher während der Eiszeiten der Prozess war, der die Populationsstruktur von *C. itala* am stärksten geprägt hat. Die Populationen, die *C. stenzii* morphologisch und ökologisch ähneln, die 'stenzioiden' Unterarten, bilden eine Klade innerhalb der westlichen Gruppe der Populationen. Eine TreeMix-Analyse ergab, dass sie durch ein Hybridisierungsereignis mit *C. stenzii* entstanden sind. Sie sind geographisch in Gebirgsregionen konzentriert, die während der Eiszeiten nicht vergletschert waren, und vikariieren mit nicht stenzioiden Populationen in niedrigeren Höhenlagen. Die stenzioiden Unterarten stellen Relikte einer frühen Besiedlungswelle dar, die die Eiszeiten in isolierten Gebirgsrefugien überlebten. Nach dem Rückzug der Gletscher besiedelten die nicht-stenzioiden Populationen die Täler von Refugien am Alpenrand. Die beiden Populationsgruppen hybridisierten in den verschiedenen Regionen in unterschiedlichem Maße. Im westlichen Bereich entstand durch Hybridisierung zwischen stenzioiden und nicht-stenzioiden Populationen eine eigene Hybrid-Unterart, *C. itala latestriata* (KÜSTER 1850), während es zwischen den östlichen stenzioiden Populationen und den angrenzenden nicht-stenzioiden Popula-

tionen kontinuierliche morphologische Übergänge gibt. Unsere Studie hat gezeigt, dass die Entstehung von neuen differenzierten Taxa durch Hybridisierung häufiger ist als bisher angenommen.

XU, J. & HAUSDORF, B. (2021): Repeated hybridization increased diversity in the door snail complex *Charpentieria itala* in the Southern Alps. — *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **155**: 106982, doi: [10.1016/j.ympev.2020.106982](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2020.106982).