

DNA-Barcoding der Amphibien und Reptilien Deutschlands

Oliver Hawlitschek^{1,2}, Michael Franzen² & Frank Glaw²

¹Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF), Passeig Marítim de la Barceloneta 37, ES-08003 Barcelona, oliver.hawlitschek@gmx.de

²Zoologische Staatssammlung München (ZSM-SNSB), Münchhausenstr. 21, D-81247 München, michael.franzen@zsm.mwn.de, frank.glaw@zsm.mwn.de

DNA barcoding of the amphibians and reptiles of Germany

DNA barcoding is a method for species identification in all organisms using a short, standardized DNA fragment, the so-called barcode. In science, barcoding is particularly useful for identifying eggs or larvae whose identification is otherwise difficult, and for detecting cryptic species. Other applications include the rapid detection of newly introduced species of pests and parasites. However, the successful use of barcoding requires a genetic database based on reliably identified reference sequences. Hawlitschek et al. (2016) present such a database for the herpetofauna of Germany. All species except the hybridogenic green frog complex could be safely identified using barcodes. Subspecies could also be identified in fire salamanders and grass snakes. Furthermore, distinct genetic lineages without any current taxonomic status were identified in grass snakes, adders, and wall lizards. These lineages were tentatively assigned to clades with geographic references detected in previous works. Concludingly, DNA barcoding will likely extend its influence on many fields of application also in herpetology.

Key words: COI Barcoding, identification, amphibians, reptiles, Germany, Bavaria.

Zusammenfassung

DNA-Barcoding ist eine Methode zur Artbestimmung aller Organismen an Hand eines kurzen, standardisierten Fragments ihrer DNA, dem sogenannten Barcode. Barcoding ist im wissenschaftlichen Bereich besonders nützlich bei der Bestimmung schwer determinierbarer Eier- und Larvenstadien und der Entdeckung kryptischer Arten (Abb. 1, 2). Die Methode kann z. B. ohne Spezialwissen zur raschen Erfassung neu eingeschleppter Arten von Schädlingen und Parasiten genutzt werden. Zum erfolgreichen Einsatz des Barcoding ist aber eine genetische Datenbank sicher bestimmter Referenzsequenzen nötig. In der Arbeit von Hawlitschek et al. (2016) wird eine solche Datensammlung für die deutsche Herpetofauna vorgestellt. Mit Ausnahme des Hybridkomplexes der Wasserfrösche konnten alle Arten eindeutig durch Barcodes bestimmt werden. Auch die Bestimmung von Unterarten bei Feuersalamander und Ringelnatter war möglich. Über die bestehende Taxonomie hinaus konnten genetische Linien z. B. bei Ringelnatter, Kreuzotter und Mauereidechse identifiziert werden, die in Anlehnung an bereits bestehende Arbeiten versuchsweise in einen geographischen Bezug gesetzt wurden. DNA Barcoding ist eine zukunfts-trächtige Methode, die voraussichtlich weiteren Eingang in viele Anwendungsbereiche auch in der Herpetologie finden wird.

Schlüsselbegriffe: COI-Barcoding, Bestimmung, Amphibien, Reptilien, Deutschland, Bayern.