



**Abstracts of the 7th Annual Congress
of the GfBS
(Society for Biological Systematics)**

Günter Bechly (ed.)

ABSTRACTS
of lectures and posters

**7. JAHRESTAGUNG DER GESELLSCHAFT
FÜR BIOLOGISCHE SYSTEMATIK**

**Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart
14. - 17. September 2004**

Themen:
Eichung molekularer Uhren
**Änderungen der Biodiversität
in der Zeit**
**Evolution von Artenvielfalt
in Insel- und Refugialhabitaten**

Foto: P. Enz, BGLUZ (M)
Grafik: J. Grizka, SMNS



STAATLICHES
MUSEUM FÜR
NATURKUNDE
STUTTGART
Forschungsmuseum
Am Löwentor und
Schloss Rosenstein

Mit freundlicher Unterstützung von:
Gesellschaft zur Förderung des Naturkundemuseums in Stuttgart e.V.



CONTENTS

Contents: 2-7

Preface: 8

Abstracts of lectures and oral presentations: 9-63

ACKERMANN, M. & WEIGEND, M.: Functional flower morphology and nectar production in *Caioophora* (Loasaceae) and sister groups. **10**

G. ALEJANDRO, S. RAZAFIMANDIMBISON & S. LIEDE-SCHUMANN: Phylogeny of *Mussaendeae* (Rubiaceae) with emphasis on the genus *Mussaenda* sensu stricto, inferred from ITS and TRNT-F-sequences. **11**

ASPÖCK, U. & ASPÖCK, H.: Chaos der Formen oder alte Muster? Zur Homologie der Genitalsklerite der Neuropterida (Insecta, Endopterygota). **12**

BALKE, M., MONAGHAN, M.T., PONS, J. & VOGLER, A.P.: ‚Rapid Biodiversity Assessment‘ von Schwimmkäfern des Fiji Archipels basierend auf DNA Sequenzdaten und Morphologie (Coleoptera: Dytiscidae). **13**

BÖGGEMANN, M.: *Glyceriformia* Fauchald, 1977 (Annelida: Polychaeta) Rezenten von einer bisher wenig beachteten Gruppe „lebender Fossilien“. **14**

BRANDT, A., BRÖKELAND, W., BRIX, S. & MALYUTINA, M.: Isopoda from the southern ocean deep sea. First results from the andeep expeditions. **15**

SASKIA BRIX: Desmosomatidae – kleine Monster der Tiefsee. Aspekte zu Diversität und Evolution. **16**

BURCKHARDT, D.: *Ehrendorferiana*, eine neue Gattung von Coniferen-bewohnenden Blattflöhen (Insecta, Hemiptera, Psylloidea) aus Chile. **17**

CUSIMANO, N., SELVI, F., MENGONI, A., GONNELLI, C., GALARDI, F. & HILGER, H.H.: Serpentine and limestone ecotypes of *Onosma echioides* (L.) L. (Boraginaceae) lack of genetic differentiation as revealed by AFLP markers. **18**

DIETZEN, C. & WINK, M.: Molekulargenetische Differenzierung von Sing-vögeln auf den Kanarischen Inseln. **19**

DREYER, H., KNAPP, M., SATTLER, M. & STEINER, G.: Fünf neue mitochondriale Genome von Mollusken und ihre Bedeutung für die Phylogenie der Mollusca. **20**

ESFELD, K. & THIV, M.: Studying adaptive radiation at the molecular level: a case study in the Macaronesian Crassulaceae-Sempervivoideae. **21**

FRICKE, R.: Fish diversity and zoogeography of New Caledonia, Southwest Pacific. **22**

- FRITZ, U., GUICKING, D., LENK, P., JOGER, U. & WINK, M.: When turtle distribution tells European history: Distribution of *Emys orbicularis* mtDNA haplotypes in Germany reflects former division by the Iron Curtain. **23**
- GEMEINHOLZER, B. & WINK, M.: Combining phylogenetic and phylogeographic data within the Solanaceae: a molecular clock approach to interpret patterns of biodiversity. **24**
- GLAUBRECHT, M.: A new look at old lineages: riverine ancestry and the origin of adaptive radiation in limnic gastropods. **25**
- GRUND, M.: Chironomidae in Dominikanischem Bernstein. Eine fossile tropische Fauna. **26**
- HAGEN, K.B.v. & WAHRMUND, U.: A comparison of methods that evaluate the temporal course of radiations in plants. **27**
- HARZSCH, S.: "Neurophylogenie" Struktur des Gehirns und die Stammesgeschichte der Arthropoda. **28**
- HASZPRUNAR, G. & WANNINGER, A.: Are Kamptozoa (Entoprocta) the sistergroup of Mollusca? **29**
- HÄUSER, C.L. & HAAS, F.: CBD and the GTI Process. **30**
- HERRMANN, M., MAYER, W.E. & SOMMER, R.J.: Diplogastrid nematodes on beetles: diversity in a limited habitat. **31**
- HOHMANN, S., KADEREIT, J.W. & KADEREIT, G.: Phylogeny of Betoideae (Chenopodiaceae) and its implications for the Madrean-Tethyan hypothesis. **32**
- HUNSDOERFER, A., KITCHING, I.J. & WINK, M.: Biogeography and phylogeny of the genus *Hyles* (Lepidoptera: Sphingidae) based on mt-DNA sequences. **33**
- JAHN, R., KUSBER, W.-H. & GLÜCK, K.: AlgaTerra Progress Report: Potentials of a Virtual Collection for Micro Algal Research. **34**
- KELLERMANN, J., UDOVICIC, F. & LADIGES, P.Y.: Stellate-haired Rhamnaceae: a molecular phylogeny of the tribe Pomaderreae. **35**
- KERP, H.: Der Rhynie-Chert, das älteste, nahezu vollständig erhaltene terrestrische Ökosystem. **36**
- KWET, A., SOLÉ, M., MIRANDA, T. & DI-BERNARDO, M.: Endemismus und Artendiversität der Froschlurche im subtropischen Nordosten von Rio Grande do Sul, Brasilien. **37**
- HASSAN, N.S., THIEDE, J. & LIEDE-SCHUMANN, S.: Phylogenetic analysis of Sesuvioideae (Aizoaceae) inferred from nrDNA internal transcribed spacer (ITS) sequences and morphological data. **38**
- FÜRST VON LIEVEN, A.: Form follows function: Konvergente Entstehung ähnlicher Konstruktionen und Mechanismen bei Ernährungsorganen von Nematoden. **39**

- KRENN, H.W., MAUSS, V. & PLANT, J.: Die Mundwerkzeuge der Pollenwespen (Hymenoptera, Vespidae, Masarinae): Evolution eines Saugrüssels zur Nektaraufnahme bei Faltenwespen. **40**
- MAYER, G.: Is there a "Mixocoel" in the Onychophora? **41**
- MEYER, A.: "Patterns and processes in the evolution of the East African adaptive radiations of cichlid fishes". **42**
- PODSIADLOWSKI, L.: Die mitochondriellen Genome von *Pseudosquilla ciliata* (Crustacea: Stomatopoda) und *Petrobius brevistylis* (Hexapoda: Archaeognatha) – auf der Suche nach der Schwestergruppe der Insekten. **43**
- PREISFELD, G.: Euglenida – Die Phagocytose und ihre Folgen. **44**
- RENNER, S.: Die Probleme und Möglichkeiten simultaner multipler Eichungen von molekularen Uhren. **45**
- RINTELEN, T.v. & GLAUBRECHT, M.: What about riverine radiation? Diversification patterns of lacustrine versus riverine gastropods in the ancient Malili lake system on Sulawesi, Indonesia. **46**
- SCHAWALLER, W.: Schwarzkäfer (Coleoptera: Tenebrionidae) von Madeira und Sokotra: Ein Vergleich von Inselfaunen. **47**
- SCHLEE, M., SAUER, W. & HEMLEBEN, V.: Population dynamics and phylogenetic reconstructions of European relict species (*Lathyrus pannonicus* and *Oxytropis pilosa*, Fabaceae). **48**
- SCHLÜTER, A., PEREZ, J. & ICOCHEA, J.: Species diversity and biogeographical notes on a peruvian herpetofauna. **49**
- SCHMALFUSS, H. & RAUS, T.: Insuläre Biodiversität in der Ägäis. **50**
- SCHNEIDER, H.: Exploring radiations of ferns – from the deep past to the recent. **51**
- SCHULTZ, O., WÄGELE, W. & HEMP, C.: Galápagos in Afrika: Molekulare Phylogenie und Radiation endemischer Orthopteren in den Eastern Arc Mountains (Tansania). **52**
- SCHUNKE, A.C., HUTTERER, R. & SCHMIDT, H.A.: Mit Kanonen auf Dornschwanzhörnchen schießen: Die Anwendung von SuperTree-Methoden für Ancient-DNA-Probleme. **53**
- SOLÓRZANO KRAEMER, M.M.: Arthropoden in Mexikanischen Bernstein. **54**
- SONNENBERG, R. & MISOF, B.Y.: Phylogeographie der *Aphyosemion calliurum*-Gruppe (Cyprinodontiformes, Aplocheiloidei) in West- und Zentralafrika. **55**
- SPELDA, J.: Geographische Beziehungen der Myriapodenfaunen der Mittelmeerinseln Korsika und Zypern. **56**
- THIV, M.: Island colonization of the Socotra Archipelago as inferred from molecular phylogenies of selected plant taxa. **57**

- UHL, D. & LAUSBERG, S.: Quantitative analysis of Late Palaeozoic taphofloras from Central Europe. **58**
- WEIGEND, M.: Tilt-revolver flowers and floral scale morphology in Loasoideae. **59**
- WESENER, T.: Biodiversität, Einnischung und Taxonomie madagassischer Riesenkugler (Diplopoda: Sphaerotheriida: Sphaerotheriidae). **60**
- WESSEL, A., ERBE, P. & HOCH, H.: Muster und Prozess: Vergleichende Analyse von Radiationen australischer und hawai'ischer Höhlen-Zikaden (Hemiptera: Fulgoromorpha: Cixiidae). **61**
- WILLEN, E. & OSSIETZKY, C.v.: Ein Vergleich der Tiefsee-Pseudotachidiidae Lang, 1936 (Copepoda, Harpacticoida) aus dem Angola Becken und der Weddell-See (DIVA I und ANDEEP). **62**
- WÖRZ, A.: Biosystematische Revision der Gattung *Eryngium* L. (Apiaceae-Saniculoideae): Erste Ergebnisse. **63**

Abstracts of posters: 64-109

- ACHATZ, M.: A morphological and anatomical comparison of two halophytic *Heliotropim* species, (*Heliotropium patagonicum* and *H. curassavicum* (Heliotropiaceae, Boraginales). **65**
- BÄCKER, H.: An old Idea Reconsidered - The "Subcoxaltheorie". **66**
- BÄNFER, G.: Introgression or ancient lineage sorting of chloroplast haplotypes? Divergent phylogenies obtained by AFLP analysis and cpDNA sequencing of myrmecophytic *Macaranga* species. **67**
- BRINKMANN, N.: "Impoverished and less perfected"? - A molecular phylogeny and zoological geography of Australian freshwater Thiaridae. **68**
- BRUNE, T.: Schachtelhalm-Kreuzungen der Untergattung *Hippochaete* - Eine Revision von Belegen aus Karlsruhe (KR) und Stuttgart (STU). **69**
- EHEBERG, D.: The body-wall musculature of *Meioherpia atlantica* (Solenogastres: Dondersiidae) and *Helminthope psammobionta* (Opisthobranchia: Rhodopemorpha). **70**
- GUGEL, J.: Biodiversity of marine sponges (Porifera) near Rovinj (Northern Croatia Adriatic Sea). **71**
- HAAS, F.: The Earwig (Dermaptera: Insecta) Fauna of Kenya. **72**
- HASZPRUNAR, G.: What is Skeneidae? Soft Part Morphology of Three Potative Representatives (Gastropoda: Vetigastropoda). **73**
- HASZPRUNAR, G.: Development of the Genital System of *Williamia radiata* (Gastropoda, Pulmonata, Siphonariidae). **74**

- HÄUSER, C.: Butterfly Taxonomy on the Internet - the GART / GloBIS Database Projects. **75**
- HEIM, I.: Molecular taxonomy of the Mediterranean species of the genus *Aplysina* (Porifera: Demospongiae). **76**
- HEIM, I.: Phylogenetic position and putative biogeography of three *Tethya* species from aquarium type habitats. **77**
- HENNING, T.: Floral longevity, self pollination and stamen movement in Loasaceae subfam. Loasiodeae. **78**
- HENTRICH, H.: Variability in flower morphology and scent composition in a population of the *Gongora quinquenervis* RUIZ & PAVON-complex (Orchidaceae) in Costa Rica. **79**
- Houben, C.: Survival of foraminifera in the gut of holothuroids from Elba Island (Mediterranean Sea). **80**
- JAHN, R.: Biodiversity in past, present and future - joint access to botanical data with GBIF. **81**
- KAISER, S.: A new species of Nannoniscidae (Isopoda)? - *Pseudomesus* sp. nov. from the Angola Basin. **82**
- KOCH, A.: Morphologische Untersuchungen zur Systematik der Bindenwarane (Reptilia: Varanidae: *Varanus salvaor* ssp.-Komplex). **83**
- KWET, A.: Ein Elektronischer Katalog von Primärtypen der Wirbeltiere in deutschen Forschungssammlungen. **84**
- MAAS, A.: *Oelandocaris oelandica*, the possible earliest stem-lineage crustacean. **85**
- MARQUART, K.: Vorkommen und Ökologie endemischer Nagetiere (Muridae: Nesomyinae) im "Drachenbaum-Regenwald" von Ost Madagaskar. **86**
- MAYER, W.: Molecular phylogenetic relationships and ecology of *Pristionchus* species. **87**
- MELZER, R.: GBIF-Germany, Evertibrata II: A database on Chelicerata, Myriapoda and Mollusca types housed in German natural history museums. **88**
- MEVE, U.: Relationships within tuberous Periplocoideae (Apocynaceae from Africa and Madagascar. **89**
- MOREIRA-MUNOZ, A.: Verbreitungsmuster ausgewählter Gattungen der Flora Chiles: Refugialhabitate in einem florenhistorischen Übergangsgebiet. **90**
- NITTINGER, F.: Molecular Systematics and population genetics of the Saker Falcon (*Falco cherrug*). **91**
- NÜRK, N.: *Lithospermum* (Boraginaceae) in South America. **92**
- OELSCHLÄGER, S.: Building the Global Biodiversity Facility (GBIF) - 3 years down the road. **93**
- OELSCHLÄGER, S.: The German GBIF node for Mycology. **94**
- PROCHEL, J.: Skeletal development in *Talpa europaea*, the common European mole. **95**

- REX, M.: Phylogeny of Bolivian *Fosterella* species revealed by non-coding chloroplast DNA sequences and AFLPs. **96**
- RICHLING, I.: Convergences in shell morphology and radula structure within the Helicinidae (Mollusca:Gastropoda: Neritopsina). **97**
- RÜCKERT, I.-M.: Microanatomy and ultrastructure of the cephalic tentacles of the Hygrophila (Pulmonata: Basommatophora). **98**
- SAMARA, R.: Phylogenetic studies on *Trichogramma aurosum* Sugonjaev & Sorokina (Hymenoptera: Trichogrammatidae). **99**
- SANETRA, M.: *Tetramorium tsushimae*, a new invasive ant in North America. **100**
- SCHILL, R.: Molecular barcoding with restriction enzymes for species identification in tardigrades. **101**
- SCHMELZLE, T.: Labyrinth evolution and phylogeny in Diprotontia (Mammalia: Marsupialia). **102**
- SCHMID, S.: Autopodial diversity in hystricognath rodents. **103**
- SCHMIDT-LEBUHN, A.: Revision of the Genus *Minthostachys* Grisebach (Lamiaceae). **104**
- SCHULZ-MIRBACH, T.: Untersuchungen an Otolithen (Lapilli) rezenter Karpfenfische und das Ende von "genus *Cyprinidarum* sp.". **105**
- SINGH, R.: Molecular phylogeny of *Cotesia* spp. (Hymenoptera: Braconidae) inferred from 16S and COI genes. **106**
- WALOSZEK, D.: New fossil arthropods and the evolution of the cephalic feeding system of arthropods and crustaceans. **107**
- WINKLER, J.: Evolution of autopodials in pleurodire turtles: developmental, phylogenetic and morphometric aspects. **108**
- ZITZLER, K.: How colourful live can be! The investigation of a lacustrine species radiation of atyid shrimps in Sulawesi, Indonesia. **109**

Addresses: 110-116

Impressum: 117

Preface

In the following, the short communications of 54 oral presentations and 45 posters from the 7th annual congress of the GfBS (see <http://www.gfbs-home.de/>), held in Stuttgart, 14-17th September 2004 are summarised. This congress with 137 participants was organised by the Natural History Museum (Staatliches Museum für Naturkunde) Stuttgart, and opened by Ministerialdirigent Hans Georg Koch (Baden-Württemberg Ministry for Science and Arts), Prof. Dr. Wolfgang Wägele (President of the GfBS), and Dr. habil. Johanna Eder (Director of SMNS and 1st Vice-President of the GfBS).

The main topics of the congress were (i) the calibration of molecular clocks (invited lecture by Prof. Dr. Susanne Renner “Die Probleme und Möglichkeiten simultaner, multipler Eichungen von molekularen Uhren”), (ii) changes of biodiversity in time (invited lecture by Prof. Hans Kerp “Der Rhynie Chert, eines der ältesten und meist vollständig erhaltenen Ökosysteme”), (iii) the evolution of diversity of species in island- and refugial habitats (invited lecture by Dr. Helmut Schmalfuß & Dr. Thomas Raus “Insuläre Biodiversität in der Ägäis”).

In addition, many oral and poster presentations on different topics of biosystematics were given, covering taxonomic aspects of bioinformatics (GBIF), biogeography, palaeontology, morphology, biodiversity research and biodiversity collections, as well as the following major organismic groups: Fungi, horsetails, ferns, various angiosperms, “protozoans”, as well as the metazoan groups Porifera, Nematoda, Mollusca, Annelida, Arthropoda, and Vertebrata.

Special meetings of museum curators and of the group of young systematists were held during the congress. A workshop was held on software for phylogenetic tree reconstructions (Dr. Heiko Schmidt, NIC, FZ Jülich) and the construction of SuperTrees from heterogeneous data sets (Dr. Olaf Bininda-Emonds, TU Munich). Guided tours in the Natural History Museum Stuttgart (Museum am Löwentor and Schloss Rosenstein) and the Stuttgart Zoo and Botanical Garden Wilhelma were offered to the participants of the congress.

Prof. Friedrich Ehrendorfer (University Vienna) was appointed honorary member of the society and held the public lecture “Hybridisierung erhöht die Artenvielfalt in der Evolution”. The Bernhard Rensch Prize of the society was awarded for the first time, and a prize for the best poster presentation was awarded as well.

The organisers of the congress wish to thank the staff of the Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart and all other persons involved for their help during the congress.

Günter Bechly (SMNS)
editor of the abstracts

Abstracts of lectures and oral presentations

Functional flower morphology and nectar production in *Caiophora* (Loasaceae) and sister groups

Markus Ackermann & Maximilian Weigend

Phylogeny, alpha-taxonomy, flower morphology, pollinator observations, and nectar (field work and greenhouse) composition were investigated for *Caiophora* and its immediate sister groups in “Loasa”. The flowers of some, putatively primitive, species of *Caiophora* have spreading, white or pale yellow petals and 2—3-coloured nectar scales, which largely enclose the free staminodes in the staminodial complexes. The flowers are pendulous and have distinct “footholds” for visiting bees, i.e., various elaborations on the scale back which allow the bees to firmly hold on to the inverted flowers. Flower visitors, most commonly Colletid bees, trigger stamen movement when they remove nectar from the nectar scales. The flowers show distinct resource partitioning in time, i.e., the visitors are repeatedly rewarded with pollen every 20—30 min. This floral morphology and function is termed “tilt-revolver flower” and is essentially identical to that found in neighbouring groups of “Loasa” and *Scyphanthus*.

However, the vast majority of species in *Caiophora* has a very different flower morphology with more or less campanulate, red or orange corollas, and inconspicuous floral scales, which are also much smaller than the strongly enlarged free staminodes, which in turn curve to the centre of the flower like the spokes of a wheel. The stamen movement is not triggered by a manipulation of the floral scale and the anthers mature irregularly and reach the center of the flower in a short period of time. This floral morphology is found only in *Caiophora* and is called “spoke revolver flower”. It seems that this morphology, together with an increase in nectar production and a reduction of nectar concentration is an adaptation to pollination by hummingbirds. Field data indicate that the pollinator shift may have taken the route via larger bees of the genera *Bombus*, *Centris* and *Xylocopa*. This adaptation towards humming bird pollination was probably the key invention to the conquest of the high Andes, where all the more derived taxa of *Caiophora* (ca. 80 % of the species total) are currently found.

Phylogeny of Mussaendeae (Rubiaceae) with emphasis on the genus *Mussaenda* sensu stricto, inferred from ITS and TRNT-F-sequences

G. Alejandro, S. Razafimandimbison and S. Liede-Schumann

Parsimony analyses of the tribe Mussaendeae sensu Bremer and Thulin (1998) using the internal transcribed spacer (ITS) regions of nuclear rDNA and trnT-F regions of chloroplast DNA were performed to test the monophyly of Mussaendeae and *Mussaenda* Burm. ex L. sensu stricto (s.str.) as currently circumscribed, assess the phylogenetic relationships within Mussaendeae, and evaluate the patterns of morphological evolution for vegetative and reproductive characters within Mussaendeae. Our results showed that Mussaendeae sensu Bremer and Thulin is monophyletic. *Mussaenda* s.str. is not monophyletic as the Asian genus *Aphaenandra* Miq. is nested within the Asian *Mussaenda* clade and the Malagasy *Mussaenda* is more closely related to *Landiopsis* Capuron ex J. Bosser and *Schizomussaenda* Li than to Asian and African *Mussaenda*. All investigated Asian and African *Mussaenda* form a strongly monophyletic group; the Asian *Mussaenda* clade is nested within the African *Mussaenda* species which suggests an African origin of the genus. The separation of segregate genera — *Schizomussaenda* Li and *Pseudomussaenda* Wernham from *Mussaenda* s.str. is well supported. Consequently, *Aphaenandra* should be merged with *Mussaenda*, the Malagasy *Mussaenda* needs a new genus circumscription, and *Mussaenda* s.str. should be restricted to the Asian and African members of the genus.

**Chaos der Formen oder alte Muster?
Zur Homologie der Genitalsklerite der Neuropterida (Insecta, Endopterygota)**

Ulrike Aspöck & Horst Aspöck

Versuche, die Genitalsklerite (GS) der Neuropterida (= Raphidioptera und Megaloptera + Neuroptera) zu interpretieren, waren stets durch die konträren Standpunkte „alte Derivate“ versus „evolutive Neuheiten“ polarisiert. Der vorliegende Ansatz einer Homologisierung über ein Gonokoxiten-Konzept könnte auch im jüngsten Hypothesen-Konflikt molekularbiologischer und holomorphologischer kladistischer Analysen (Haring & Aspöck 2004) von Bedeutung sein. Übereinstimmungen der GS bei Machilidae und Raphidiidae (Matsuda 1957) ermöglichen eine Interpretation des urtümlichen, mit Gonokoxiten, Gonapophysen und Gonostyli ausgestatteten 9. Segments männlicher Raphidiidae. Davon abgeleitete Hypothesen zur Homologisierung der männlichen GS der Neuropterida (Aspöck 2002), sie betreffen die Abdominalsegmente 9 bis 11, werden nunmehr durch eine entsprechende Analyse der weiblichen GS ergänzt. Davon sind nicht nur – wie üblicherweise angenommen – das 8. und 9., sondern ganz wesentlich auch das 7. Segment betroffen. Phylogenetisches Potential und/oder Konflikte ergeben sich unter anderem 1) aus unabhängigen oder synapomorphen Obliterationen oder Modifikationen von Skleriten, 2) aus parallelen Apomorphien bei abgeleiteten Vertretern tatsächlich und/oder möglicherweise verwandter Taxa im Männchen (z.B. fadenförmig verlängertes und modifiziertes Penisfilum bei Coniopterygidae, Berothidae, Rhachiberothidae und Mantispidae), 3) aus dem Wiedererscheinen serial homologer Strukturen (weibliche Gonokoxiten und Gonapophysen als digitiforme Processus und flache Platten im 8. Segment mancher Myrmeleontidae, als stumpfe Processus und flache zirkuläre Platten im 7.(!) Segment mancher Berothidae, 8. Gonokoxiten als Pseudosternite bei manchen Nemopteridae, jedoch digitiforme Processus des 9. Tergits als Pseudogonokoxiten bei Rhachiberothidae).

‚Rapid Biodiversity Assessment‘ von Schwimmkäfern des Fiji Archipels basierend auf DNA Sequenzdaten und Morphologie (Coleoptera: Dytiscidae)

Balke, M., Monaghan, M.T., Pons, J. & Vogler, A.P.

Im Winter 2003 wurden Schwimmkäfer auf fünf Inseln des Fiji Archipels gesammelt. Diese Arbeiten wurden in Zusammenarbeit mit der Wildlife Conservation Society, South Pacific Program (WCS) durchgeführt.

Hier wurde auf Copelatus fokussiert, da Arten dieser Gattung in Fiji weit über alle Höhenzonen verbreitet sind; es offenbar zahlreiche Arten in Fiji gibt; und weil für diese Gruppe umfangreiche Vergleichsdaten für die Weltfauna vorliegen.

Copelatus wurden an 25 von 36 Lokalitäten gefunden. Von jedem Fundort wurden mehrere Exemplare unterschiedlicher Phänotypen ausgewählt. Insgesamt wurden 119 Exemplare sequenziert (CytB, CO1, 16S (mtDNA) und Histon3 (nDNA)). Die Käfer wurden trocken präpariert und nach Phänotypen (oder ‚Morphospezies‘) sortiert.

Die Parsimonieanalyse zeigte, dass die Arten Fijis eine monophyletische Radiation australischen Ursprungs darstellen. Die Haplotypenvielfalt reichte von 82 (CytB), 79 (CO1), bis 8 (H3). Die mittlere CO1 Divergenz innerhalb aller Exemplare von Fiji betrug lediglich 4%. Durch den ML ratio Test wurde eine molekulare Uhr für die Innengruppe ‚knapp‘ zurückgewiesen. Eine vorsichtige Altersabschätzung basierend auf NPRS, publizierten Standardraten für Insekten mtDNA und organismenspezifischer Kalibrierung basierend auf Proben von jungen vulkanischen Inseln weist darauf hin, dass die Arten Fijis nicht Älter als 7-8 Millionen Jahre sind. Dies ist in Übereinstimmung mit traditionellen geologischen Rekonstruktionen.

Auf den Genbaum wurden die Phänotypen projiziert. Es zeigte sich umfangreiche Inkongruenz zwischen diesen und genetischen Clustern. Werden die morphologischen Gruppen im klassischen Sinne als ‚Arten‘ vermutet, zeigt die Analyse Fälle von para- oder polyphyletischen Arten auf dem DNA Sequenzbaum.

Faktoren, welche die beobachtete Inkongruenz erklären können, umfassen Introgression und anzestralen Polymorphismus bei dem mtDNA dominierten Baum. In zwei Fällen, in denen Histon3 informative Merkmale aufweist, werden ‚polyphyletische‘ Arten basierend nur auf Morphologie und H3 als monophyletisch gruppiert – ein Hinweis auf die große Bedeutung kernkodierter Information im Rahmen solcher Studien.

Der morphologisch-molekularbiologische Ansatz lieferte zügig eine Vielzahl von Informationen, die für Naturschutzplaner informativ sind: Die Copelatus Fauna von Fiji beruht auf einer einmaligen Besiedlung des Archipels (‚Einziartigkeit‘), es gibt sowohl Insel- als auch Berglandendemiten. Es liegt eine immense Haplotypendiversität vor (‚genetische Vielfalt‘). Die Empfehlung: Schutz möglichst vieler aquatischer Lebensräume, in der horizontalen wie auch der vertikalen Ausdehnung des Archipels.

**Glyceriformia Fauchald, 1977 (Annelida: Polychaeta)
Rezentes von einer bisher wenig beachteten Gruppe „lebender Fossilien“**

Markus Böggemann

Unter der Bezeichnung *Glyceriformia* Fauchald, 1977 werden aufgrund ihrer sehr großen morphologischen Ähnlichkeit die *Glyceridae* Grube, 1850 und die *Goniadidae* Kinberg, 1865 zusammengefasst. Es handelt sich hierbei um marin weit verbreitete Organismen des Endopsammal, deren Kieferelemente schon aus dem Trias in fast unveränderter Form überliefert sind. Die rezenten Tiere besitzen jeweils einen langgestreckten, vorne und hinten zugespitzten und mit zahlreichen Segmenten und Parapodien versehenen Körper. Der Blutfarbstoff (Hämoglobin), das offene Blutgefäßsystem und die meist transparente Epidermis führen dazu, dass die lebenden Tiere mehr oder weniger intensiv rot gefärbt sind. Das augenfälligste Merkmal ist jedoch der ausstülpbare Proboscis, der mit zahlreichen Papillen besetzt ist und an dem terminal ausgeprägte Kiefer inserieren.

Langjährige Untersuchungen konnten zeigen, dass die leicht zu verwechselnden Vertreter der Glyceriden und Goniadiden eindeutige Unterschiede aufweisen. Die gefundenen Autapomorphien insbesondere in der Form der Kieferelemente, der proboscidialen Papillen, der Parapodien und der Cilienverteilung am Prostomium verdeutlichen ein Schwestergruppenverhältnis der beiden monophyletischen Taxa. Innerhalb der Glyceriden lassen sich dabei die drei Gattungen *Glycera* Savigny, 1818; *Glycerella* Arwidsson, 1899 und *Hemipodia* Kinberg, 1865 mit insgesamt 42 validen Arten unterscheiden. Wohingegen sich die Goniadiden aus 61 verschiedenen Arten zusammensetzen, die sich auf die folgenden acht Gattungen verteilen: *Bathyglycinde* Fauchald, 1972; *Glycinde* F. Müller, 1858; *Goniada* Audouin & Milne Edwards, 1833; *Goniadella* Hartman, 1950; *Goniadides* Hartmann-Schröder, 1960; *Goniadopsis* Fauvel, 1928; *Ophioglycera* Verrill, 1885; *Progoniada* Hartman, 1965.

**Isopoda from the southern ocean deep sea.
First results from the ANDEEP expeditions.**

Angelika Brandt, Wiebke Brökeland, Saskia Brix, Marina Malyutina

Samples were taken during the expeditions ANDEEP I & II (ANT XIX3/4) (ANtarctic benthic DEEP-sea biodiversity, colonisation history and recent community patterns) with RV Polarstern for the analysis of the Southern Ocean deep-sea isopod biodiversity. In total 5525 specimens of Isopoda were sampled and 317 species were discriminated. Isopoda were the most abundant peracarid taxon with 38 % of all Peracarida. 98 % of the Isopoda belong to the suborder Asellota. Species richness was highest in the northwestern Weddell Sea, Diversity and Evenness were relatively high at all stations. The Munnopsididae were the most dominant isopod family with 61 % of the specimens, 118 species divided among 28 genera, the Haploniscidae comprised 15 % of all isopods with 36 species from 5 genera, followed by the Ischnomesidae with 7 % and 30 species from 5 genera. The families Desmosomatidae, Macrostylidae and Nannoniscidae comprised 10 % of the isopod specimens. The Desmosomatidae were the second most diverse family with 48 species from 12 genera. Species of the suborder Valvifera or the family Serolidae, were much rarer in the Southern Ocean deep-sea than on the shelf. 141 of isopod species (46% of the total number) were rare, occurring only at one of the 21 epibenthic sledge stations. The Southern Ocean deep-sea differs in faunal composition from the shelf.

Desmosomatidae – kleine Monster der Tiefsee. Aspekte zu Diversität und Evolution.

Saskia Brix

Die Familie Desmosomatidae stellt eine der artenreichsten und regelmäßig zu findenden Tiefseefamilien dar. Bisher wurden weltweit 115 Arten in 18 Gattungen beschrieben. Auf der Expedition DIVA-1 wurden 23 neue Desmosomatidenarten (10 Gattungen) gesammelt, während der Expeditionen ANDEEP I&II in die Tiefsee des Südpolarmeeres wurden sogar 48 Arten aus 12 Gattungen nachgewiesen, die vermutlich weitestgehend neu für die Wissenschaft sind. Aus dem umfangreichen Material vom australischen Kontinentalabhang kommen über 20 neue Arten (davon 6 Neubeschreibungen) dazu; aus der neuseeländischen Tiefsee weitere 9 Arten (davon 2 Neubeschreibungen).

Von dem vorliegenden Material sollen diejenigen Arten beschrieben werden, welche stammesgeschichtlich wertvolle Merkmale aufweisen. In jedem Fall erweitert die Bearbeitung des oben genannten Materials den Kenntnisstand über die außerordentlich diversen und in der Tiefsee häufigen Desmosomatiden. Es wird sich zeigen, ob die neuen Erkenntnisse über die Desmosomatidae eine komplette Revision der Familie erfordern, da die Zuordnung der einzelnen Arten in die Gattungen nicht immer eindeutig ist.

In diesem Vortrag sollen neue Aspekte und Veränderungen innerhalb der Systematik der Desmosomatidae, sowie erste Karten zur weltweiten Verbreitung der Familie und Hypothesen über Verwandtschaftsbeziehungen dargestellt werden.

***Ehrendorferiana*, eine neue Gattung von Coniferen-bewohnenden Blattflöhen
(Insecta, Hemiptera, Psylloidea) aus Chile**

Daniel Burckhardt

Blattflöhe bilden mit etwa 3000 beschriebenen Arten eine kleine Gruppe von Pflanzenläusen, die sehr wirtsspezifisch sind. Sie sind hauptsächlich an Dicotyledonen gebunden und ernähren sich von deren Phloemsaft. Monocotyledonen als Wirtspflanzen sind nur bei wenigen Arten bekannt. Coniferen dienen den Adulten vieler holarktischer Blattfloh-Arten als Überwinterungspflanzen, die Blattflöhe können sich aber nicht auf ihnen entwickeln. Die wenigen Angaben in der Literatur von Coniferen als Blattfloh-Wirtspflanzen sind nicht genügend belegt und somit zweifelhaft.

Der Fund von zwei bisher unbeschriebenen Arten in Chile, wovon sich eine auf *Austrocedrus chilensis* und die andere auf *Fitzroya cupressoides* (beide Cupressaceae) entwickelt, war deshalb überraschend. Die beiden Arten gehören einer neuen Gattung, *Ehrendorferiana*, der Unterfamilie Aphalaroidinae an, die zu einer monophyletischen Gruppe von Unterfamilien gehört, die hauptsächlich mit Fabaceae assoziiert sind. Die phylogenetischen und biogeographischen Verhältnisse von *Ehrendorferiana* und die Wirtspflanzenbeziehungen innerhalb der Aphalaroidinae werden kurz vorgestellt und diskutiert.

**Serpentine and limestone ecotypes of *Onosma echioides* (L.) L.
(Boraginaceae) lack of genetic differentiation as revealed by AFLP markers**

N. Cusimano, F. Selvi, A. Mengoni, C. Gonnelli, F. Galardi, H.H. Hilger

Onosma echioides is largely restricted to calcareous soils, but is restricted to serpentine outcrops only in Tuscany (Italy). Serpentine (ultramafic) soils are characterised by nutrient deficiency and high levels of Mg, Ni, Cr and Co. They thus represent difficult soil conditions exerting a severe selection pressure on the vegetation. Serpentine populations of *O. echioides* are characterised by a morphological specializations that led past authors to segregate them to segregate them into distinct taxa, but recently the serpentine ecotypes have all been referred back to *O. echioides*. This study investigates the correlation between phenotypic and genotypic differentiation to explore alternative taxonomic solutions. Eight populations from Tuscany belonging to the two edaphic ecotypes were analysed using amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers, and the concentrations of Ca, Mg, Ni, Cr and Co in roots and leaves of the plants were analysed. Analysis of molecular variance (Amova) of the AFLP markers gave no statistical grouping of populations according with the soil type, but instead according with their geographical distance, which is supported by the correlation of the genetic distance with the geographical one (Mantel statistics). Furthermore only 6 haplotypes (of 353) belong significantly to the serpentine populations. The genetic differentiation is not influenced by soil type, but follows an isolation-by-distance model and is not correlated with the differences found in morphology and element composition.

Molekulargenetische Differenzierung von Singvögeln auf den Kanarischen Inseln

Christian Dietzen, Michael Wink, Universität Heidelberg

Die Kanarischen Inseln, Spanien, bieten aufgrund ihres ozeanischen Ursprungs und ihrer vulkanischen Geschichte ein interessantes Feld zur Untersuchung evolutionsbiologischer und phylogeographischer Fragestellungen. Auf der Grundlage von DNA-Sequenzen des mitochondrialen Cytochrom b – Gens untersuchen wir den Grad der Differenzierung der einzelnen Inselpopulationen zueinander und im Vergleich zum europäischen und afrikanischen Festland. Damit wollen wir die Kolonisierungswege und –zeiten, den Ursprung der Inselpopulationen und die verschiedenen Besiedlungsstrategien analysieren. Die Ergebnisse der genetischen Daten werden mit den Analysen morphometrischer Messungen an lebenden Vögeln verglichen. Hier präsentieren wir die ersten Ergebnisse von einigen weit verbreiteten Vogelarten, wie z. B. Rotkehlchen (*Erithacus rubecula*), Goldhähnchen (*Regulus* spp.) und Samtkopfgrasmücke (*Sylvia melanocephala*).

Fünf neue mitochondriale Genome von Mollusken und ihre Bedeutung für die Phylogenie der Mollusca

Hermann Dreyer, Martina Knapp, Miriam Sattler & Gerhard Steiner

Die mitochondriale Genanordnung ist ein vielversprechender Marker für die Rekonstruktion der Phylogenie der Metazoa. Während die Genanordnung innerhalb der Arthropoden und Vertebraten sehr konserviert ist, erscheint sie innerhalb der 15 bekannten Mollusken mt-Genome extrem variabel. Lediglich bei Katharina (Polyplacophora) und Loligo (Cephalopoda) können größere Übereinstimmungen zu anderen Invertebraten gefunden werden. Die anderen bekannten Mollusken mt-Genome hingegen zeigen sehr wenige Übereinstimmungen mit Katharina. Die Variabilität der Genanordnung lässt bislang wenig Aussagen zur Phylogenie der Mollusca anhand dieses Merkmales zu. Daher haben wir die nahezu kompletten mt-Genome von vier Bivalven (zwei Pteriomorpha und zwei Heterodonta) und eines Scaphopoden (Gadilida) sequenziert. Anders als bei den meisten Muscheln zeigt die Genanordnung der beiden Pteriomorpha (*Lima inflata* und *Limaria hians*) große Übereinstimmungen zu Katharina. Die Scaphopoda weisen fast keine Ähnlichkeit mit dem basalen Muster von Katharina auf, wobei die beiden Gadilida, *Cadulus jeffreysi* und *Siphonodentalium lobatum* einander sehr ähnlich sind, sich aber grundlegend von *Graptacme eboea* (Dentaliida) unterscheiden. Die nahezu identische Genanordnung des Vetigastropoden *Haliotis* und Katharina belegt ebenso, dass die erhöhten Raten der mt-Gen-Rearrangements mehrfach unabhängig innerhalb der Großgruppen auftreten. Das mitochondriale Genom von *Loripes lacteus* (Bivalvia, Heterodonta) besitzt im Gegensatz zu fast allen anderen bekannten mt-Genomen der Bivalvia ein Atpase 8 Gen. Die gemeinsame phylogenetische Analyse aller protein-codierender Gene auf Aminosäurenebene mit Parsimonie und Bayesian Inference unterstützt die Monophylie der Bivalvia.

Gefördert vom Fonds zur Förderung der wissenschaftlichen Forschung in Österreich (FWF), Projekt P16954-B12.

**Studying adaptive radiation at the molecular level:
a case study in the Macaronesian Crassulaceae-Sempervivoideae**

Korinna Esfeld, Mike Thiv

Many studies have attempted to identify genes involved in lineage diversification. We aim at testing the impact of regulatory versus structural genes in the process of speciation in the Macaronesian Sempervivoideae. This plant group is a classic example of an island radiation as inferred from its diverse morphology and ecology. Substitution patterns of genes affecting the phenotype, e.g., regulatory genes (Apetala1, Apetala3) and structural genes (Chalcone synthase, PEP carboxylase, and -Tonoplast intrinsic protein), will be analysed. Increased mutation rates of regulatory and/or structural genes are expected, when comparing the adaptively radiated island clade to its non-radiated mainland sistergroup. This would indicate positive selection acting upon these genes. Analysing the selected genes that are potentially involved in either the evolution of floral morphological or physiological key characters enables us to distinguish between different forces driving speciation. The comparison of evolutionary rates between these genes presumably affecting reproductive isolation and physiological adaptation will yield an indirect measurement of the degree to which these forces are linked to species diversification in Macaronesian Sempervivoideae.

Fish diversity and zoogeography of New Caledonia, Southwest Pacific

Ronald Fricke

In the course of a check-list and distributional analysis of the fish fauna of New Caledonia, a French Overseas Territory in the Southwest Pacific, species numbers, dominant families, and endemism are reviewed. More than 3000 species of fishes are known from the area. In the ocean, Gobiidae and Labridae are the most speciose families. The freshwater fish fauna is poor, mainly consisting of marine immigrants.

The territory of New Caledonia comprises four isolated submarine ridge systems, including the Chesterfield Islands on the Lord Howe Rise, the Grande Terre Group, the Loyalty Islands including Walpole, and Matthew and Hunter Islands on a ridge connecting Vanuatu and Fiji. In addition, there is a large field of isolated sea mounts south of the Grande Terre Group. The Grande Terre Group separated from northeastern Australia approximately 65 Ma before present, and the ridge systems evolved in the following 10 Ma. Due to relatively stable climatic conditions during the past 65 Ma (except during Pleistocene glacial periods), and isolation by deep sea trenches, there is a high degree of endemism on each of the ridges. Grande Terre, a large island with nutrient-rich rivers and a barrier reef, harbours species otherwise restricted to continental shelf areas. The Loyalty Islands, rised former atolls without freshwater streams, have a partially different fish fauna consisting of species of nutrient-poor oceanic waters.

A vicariance analysis of selected fish groups results in generalised dispersal tracks. New Caledonia was mainly colonised from eastern Australia, and on a second track from Papua New Guinea via the Solomon Islands and Vanuatu; there are additional tracks leading towards central Pacific island groups. The occurrence of primitive gobioid members as endemics in New Caledonian freshwater habitats, together with an extraordinarily high gobiid fish diversity, indicates that New Caledonia may be close to the origin and dispersal centre of the family Gobiidae.

**When turtle distribution tells European history:
Distribution of *Emys orbicularis* mtDNA haplotypes in Germany
reflects former division by the Iron Curtain**

Uwe Fritz, Daniela Guicking, Peter Lenk, Ulrich Joger & Michael Wink

The mitochondrial DNA haplotypes of 75 wild caught *Emys orbicularis* from Germany have been determined. Eleven different haplotypes belonging to six clades were identified. Only specimens bearing a haplotype endemic to eastern Germany and neighbouring western Poland are considered to be native. They are restricted today to the federal states of Mecklenburg-Western Pomerania and Brandenburg. A single turtle of a recently exterminated Saxon population bears this haplotype, too. The majority of German specimens exhibit other haplotypes from different parts of the species' range. The distribution of haplotypes reflects the previous division of Germany by the Iron Curtain. In former East Germany, haplotypes from East Block countries accessible to GDR citizens predominate; whereas in former West Germany a greater variety of haplotypes was found. This mirrors the greater extent of the West German pet trade and, surely, also the destinations of countless East and West German tourists in Southeast Europe and the Mediterranean. Some turtles in East and West Germany bear a haplotype naturally occurring in former parts of Germany now belonging to Poland and Russia. They could either represent introductions from these areas, adjacent eastern countries prior to World War II, or recently smuggled specimens from Poland or the former USSR.

**Combining phylogenetic and phylogeographic data within the Solanaceae:
a molecular clock approach to interpret patterns of biodiversity**

B. Gemeinholzer, M. Wink

The Solanaceae comprise about 96 genera and almost 3000 species which are widespread and of cosmopolitan distribution. The main centre of taxonomic diversity and endemism is South America where the origin of the family is assumed. Four genera of the Solanaceae are world-wide distributed, 16 genera are confined to the old world and 7 genera only occur in Australia and New Caledonia. We analysed the chloroplast marker *rbcL* and *matK* for more than 170 species belonging to 57 genera. Considering phylogenetic relationships and taking an evolutionary context into account at least 26 long distance dispersal events are needed to explain the geographic diversity of the present taxa. According to molecular clock reconstructions three colonization events can be dated back to the Oligocene, 19 to the Miocene and four happened in the Pliocene and Pleistocene. A minimum of five different colonization events are needed to explain the present species diversity of the Solanaceae in Australia, six events to reconstruct the presence in the Old World, two for Africa and the Canary Islands and one for Madagascar, Hawaii, the Caribbean and New Zealand respectively. Different molecular clock approaches are applied to reconstruct time frames for these colonization events.

**A new look at old lineages:
riverine ancestry and the origin of adaptive radiation in limnic gastropods**

Glaubrecht, Matthias

Speciation and the origin of radiations in ancient lakes have featured prominently in evolutionary biology, viewing these “evolutionary theatres” as hotspots of diversification. The presumptive endemic evolution of so-called “thiarid” species flocks among gastropods in the East African Lake Tanganyika and in central lakes on Sulawesi, Indonesia, provide instructive model cases for rapid radiations. In contrast, riverine radiations are both rarely known and less well studied.

Earlier attempts to evaluate factors responsible in these radiations suffered from lacking insight into the morphology of the constituent taxa as well as into the systematics and phylogeny of these limnic Cerithioidean gastropods in general. In Lake Tanganyika, for example, the origin of its thalassoid (i.e. marine-like) gastropod radiation long remained enigmatic. It will be shown here, based on morphological and molecular phylogenetic evidence both from the lake radiation and a study of some riverine taxa, that (i) Lake Tanganyika provides an evolutionary reservoir of old (riverine) lineages, and that (ii) the uterine brooder *Potadomoides* represents the adelphotaxon to *Lavigeria* only, but not the entire thalassoid species flock.

Evolutionary and taxonomic implications are discussed, and are compared with riverine radiations among pachychilids in Australasia. In particular an exceptional assemblage of morphologically distinct viviparous species is reported, found in *Brotia* endemic to the Kaek River, Thailand, with syntopic occurrence of up to three species separated by habitat preferences and trophic specializations. Based on a molecular phylogeography the origin from a Mekong River ancestor is hypothesised, and evolutionary aspects are discussed in light of riverine “radiations” and lacustrine species flocks found also in the closely related *Tylomelania* endemic to Sulawesi.

Chironomidae in Dominikanischem Bernstein. Eine fossile tropische Fauna.

Martin Grund

Dominikanischer Bernstein (DB) stammt von der Karibikinsel Hispaniola und ist vor 15-20 Millionen Jahren entstanden (Iturralde-Vinent & MacPhee 1996, Iturralde-Vinent 2001). Seine Einschlüsse (Inklusen) von fossilen Chironomiden sind geeignet, den damaligen Lebensraum zu rekonstruieren (Schlee & Glöckner 1978, Wichard & Weitschat 1996). Die Chironomiden des DB waren bisher völlig unbearbeitet. In aktuellen Untersuchungen konnten die rezenten Gattungen *Ablabesmyia*, *Tanypus*, *Polypedilum*, *Dicrotendipes* und *Stenochironomus* nachgewiesen werden. Die Fossilien sind von den heutigen Vertretern dieser Gattungen kaum oder gar nicht zu unterscheiden.

Die Zusammensetzung von Chironomidenfaunen ist abhängig vom Lebensraum, wie z. B. Littoral und Profundal von Seen oder Rhithron und Potamon von Fließgewässern (z.B. Armitage et al. 1995), sowie von der biogeographischen Region (Ashe et al. 1987). Die Verteilung der Chironominae, Othoclaadiinae und Tanypodinae im DB zeigt ein für die Tropen charakteristisches Muster. Die Untersuchung der fossilen Chironomidenfauna des DB bietet eine Möglichkeit, die Rekonstruktion der damaligen Lebewelt von Hispaniola zu verbessern, und um Angaben über Ihre Gewässer und das Relief zu der Insel zu erweitern.

A comparison of methods that evaluate the temporal course of radiations in plants

K. Bernhard von Hagen & Ute Wahrmund

An important question in evolutionary research is how and why rates of diversification vary over time, among lineages, and between geographical regions. Several methods with different theoretical background have been published in the literature which aim to describe such differences qualitatively or which provide statistical significance from phylogenies of extant taxa. However, these methods have rarely been applied to real organisms and especially so to plants and it is not yet clear which of these methods give consistent and useful results. Therefore, we have collected ten molecular data sets from the botanical literature and have applied five different methods analysing diversification rates on these examples. Our comparison of methods reveals that two of these methods (both focus on rate changes over time across all lineages) give reasonable and rather descriptive results. However, the three methods which focus on rate changes on specific phylogenetic branches (e. g., due to a key innovation) or between lineages seem less recommendable. First, they sometimes gave contradictory results, second, they obviously suffered from nested clades with deviating diversification rates, and third, they did not reliably recognise even rather obvious rate changes, e. g., very fast diversification after long distance dispersal to new habitats.

"Neurophylogenie"
Struktur des Gehirns und die Stammesgeschichte der Arthropoda.

Steffen Harzsch

In der neuen Debatte um die Verwandtschaftsbeziehungen der Euarthropoda spielt der Merkmalsraum „Zentralnervensystem“ eine zunehmend wichtige Rolle. Dieser Beitrag gibt einen aktuellen Überblick zu den verschiedenen Merkmalen des Gehirns, die im Zentrum der Diskussion stehen. Im Protocerebrum sind dies die optischen Neuropile und Chiasmata sowie der Zentralkomplex. Im Deutocerebrum bieten das olfaktorische System und bestimmte axonale Trakte, die Deuto- und Protocerebrum verbinden, eine Fülle von Diskussionspunkten. Im Beitrag wird versucht, die Grundmuster der verschiedenen Taxa innerhalb der Euarthropoda zu rekonstruieren. Diese werden auf zwei konkurrierende Hypothesen zur Phylogenie der Arthropoda projiziert, die traditionelle „Tracheata“ Hypothese und die alternative „Tetraconata“ Hypothese. Übereinstimmungen und Konflikte der Gehirndaten mit diesen Hypothesen werden diskutiert.

Are Kamptozoa (Entoprocta) the sistergroup of Mollusca ?

Haszprunar, Gerhard and Wanninger, Andreas

Whereas molecules and morphology have established the systematic position of the Mollusca among the Lophotrochozoa, the question of the direct sistergroup of Mollusca is still unresolved. To establish the morphologically based hypothesis of a sister-group relationship to the Kamptozoa, we have investigated (late) creeping larvae of the kamptozoan *Loxosomella murmanica* (Nilus, 1909) by means of ultrastructure (SEM and TEM), fluorescence-coupled phalloidin (muscle-labelling) and immunocytochemical methods for neural characters combined with confocal laser scanning microscopy (CLSM).

Unique characteristics of the kamptozoan larva include the paired ciliated pits in front of the apical organ, the so-called "frontal organ", which lacks eye spots in *L. murmanica*, and epidermal, myoepithelial cells with obliquely striated muscle fibres. The larva of *L. murmanica* is not able to feed, since the gut does not show a lumen throughout its length. Electron microscopy and anti-serotonin immunoreactivity identified a pair of ventrally situated nerve cords and a prototroch ring, which is connected with the cerebral commissure via another pair of serotonergic nerves. At present direct homologies with the molluscan tetra-neural nervous system could not be unequivocally established.

The larva of *Loxosomella* shows a creeping sole with several characters shared by primitive molluscs, particularly Solenogastres, the latter are considered to represent the earliest offshoot of Mollusca: (1) The anterior end is equipped with compound cilia (cirri); (2) large, subepithelial mucous glands, which extend into the head region, open nearby; (3) The dorsoventral muscle fibres are smooth and their inner parts intercross immediately above the foot sole - a character so far unique in molluscs; (4) The anal opening opens dorsally of the creeping sole. All these data strongly suggest direct homology between the larval entoproct and the original molluscan creeping sole. Entoprocta and (aculiferan) Mollusca further share a chitinous cuticle (contrary to collagenous cuticles in Sipuncula, Myzostomida, and Annelida) and (except Stylomatophora and Cephalopoda) a sinusial circulatory system.

According to the given data, we confirm the proposed direct sistergroup relationship of Mollusca and Kamptozoa and await further supporting evidence from molecular studies. Acceptance of this hypothesis has also implications for the early phylogeny of Mollusca itself, since it provides direct outgroup comparison and establishes the basal position of the Solenogastres.

CBD and the GTI Process

CL Häuser & F Haas

In 1992, the 'Convention on Biological Diversity' CBD (dt: Übereinkommen über die Biologische Vielfalt) or better known as the 'Rio Convention' was passed. For the first time, the signing parties acknowledged the importance of biodiversity and committed themselves to its protection and sustainable use. Germany ratified this document in 1993. The objectives of this convention are "the conservation of biological diversity, the sustainable use of its components and the fair and equitable sharing of benefits arising out of the utilization of genetic resources, ..." (CBD Handbook).

In order to be able to implement the Convention's objectives one must know the species that ought to be protected and made available for sustainable use and so the GTI, the Global Taxonomy Initiative was founded in 2002. The major objectives of the GTI are expansion of taxonomic knowledge and capacity building in taxonomy, as far as taxonomy is related to the objectives of the CDB. The parties (dt. Vertragsstaaten) agreed to establish a 'National Focal Point' in their own country, which is supposed to assess the national taxonomic capacities. This national 'Taxonomic Needs Assessment' (dt. 'Taxonomische Bedarfsanalyse') includes the setting for priorities for further funding. Thus the GTI has the potential to be a lobby for support and funding of biosystematic research and taxonomy, but it depends on the general objectives of the CBD.

In August 2002, the GTI National Focal Point in Germany has been established at the Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart (SMNS), Germany (www.gti-kontaktstelle.de). This was prompted by the decision of the 'COP6' to adopt a GTI programme of work. 'COP6' is the 6th Conference of Parties of the UN-CBD, held at The Hague, Netherlands, in April 2002.

It is before this background that we want to address the members of the Society for Biological Systematics and other institutions to discuss the Taxonomic Needs Assessment, the national strategy within the GTI and an efficient implementation of the GTI. We also want to report on the latest developments and possible chances for funding of taxonomic & developmental projects.

Diplogastrid nematodes on beetles: diversity in a limited habitat

Matthias Herrmann, Werner E. Mayer and Ralf J. Sommer

In modern developmental biology a number of animals are used as model organisms. Among these are the fish *Danio rerio* (Actinopterygii: Cyprinidae), the fruitfly *Drosophila melanogaster* (Diptera: Drosophilidae) and the nematodes *Caenorhabditis elegans* (Nematoda: Rhabditidae) and *Pristionchus pacificus* (Nematoda: Diplogastridae). Although these animals have been kept in the laboratories for years and examined in detail very little is known about their biology and ecology in the field.

Pristionchus species so far were only found in randomly taken soil samples and occasionally on beetles. We intend to expand the knowledge about the model organism *Pristionchus pacificus* and the whole genus *Pristionchus* and learn more about their distribution and biology. Using recent indications of an association between nematodes and certain beetles we screened several beetle species for nematodes. Adults and larvae of the beetles were collected, dissected, and placed on agar plates with *Escherichia coli* as food source. After two to three days the first worms appeared. The nematodes were determined morphologically and by using molecular methods (sequencing part of the small subunit of the ribosomal RNA).

In some beetle populations up to 90% of the collected individuals were infested with Diplogastrid nematodes. Others seemed to be nematode free. On certain beetles up to three different nematode species belonging to two genera (*Diplogasteroides* und *Pristionchus*) could be detected. The nematodes appeared in a distinct succession.

In the survey we could detect four genera of diplogastrid nematodes on Scarab beetles and their larvae living in soil or rotten wood. Within the genus *Pristionchus* we isolated three out of six laboratory species while another new *Pristionchus* species was detected on the stag beetle *Lucanus cervus*.

Phylogeny of Betoideae (Chenopodiaceae) and its implications for the Madrean-Tethyan hypothesis

Sandra Hohmann, Joachim W. Kadereit and Gudrun Kadereit

Betoideae as described and classified by Ulbrich (1934) are a small subfamily of Chenopodiaceae comprising c. 18 spp. in five genera which share a unique fruit type. Recent molecular studies (Kadereit et al. 2003 and Müller & Borsch, in press) on the Amaranthaceae-Chenopodiaceae alliance could neither resolve the exact position of Betoideae within the alliance nor clarify their internal relationships. The considerable genetic and morphological distinctness of the five betean genera together with their disjunct distribution in western N America (Aphanisma), N Africa (Oreobliton), Transcaucasia (Hablitzia), the Himalaya (Acroglochis), and the Mediterranean region (Beta) led to the hypothesis that the extant betean species might represent Tertiary relicts. They might have been part of the sclerophyllous vegetation that was widely distributed in N America and Europe during the middle Tertiary. Here we present a multiple (five) marker and multiple (three) calibration approach that aims at testing this hypothesis and resolving the phylogenetic relationships within Betoideae. Betoideae are monophyletic after the exclusion of Acroglochis (2 spp.) and diversified 40-45 Mya ago. Roughly at that time three major lineages, 1.

Beta p.p., 2. Hablitzia, and 3. Aphanisma/Oreobliton/Beta sect. Patellifolia originated. The position of Beta sect. Patellifolia indicates that Beta in its traditional circumscription including the three species of Patellifolia is clearly diphyletic. The possible "Madrean-Tethyan disjunction" of the Aphanisma/Oreobliton clade dates back to the early Miocene.

Biogeography and phylogeny of the genus *Hyles* (Lepidoptera: Sphingidae) based on mt-DNA sequences

Anna Hundsdoerfer, Ian J. Kitching and Michael Wink

DNA sequences comprising about 2,300 bp derived from the mitochondrial genes COX I, COX II and tRNA-leucine were used to elucidate the phylogeny of the genus *Hyles* (Sphingidae: Macroglossinae, Choerocampina). The results corroborate the monophyly of *Hyles* but conflict with previous internal classifications of the genus based on morphology. *Hyles* seems to have evolved in the Neotropics during the Oligocene/Eocene epochs and the molecular data confirm the hypothesis that it is a very young genus that radiated on a global scale rather quickly. Its sister group appears to be one of the genera *Deilephila*, *Theretra* or *Xylophanes*. The Nearctic may have been colonised rapidly by *Hyles* once the land bridge formed during the Pliocene, since within this same Epoch, the invasion of the Palaearctic appears to have proceeded from the East, via the Bering route. We propose that the radiation of the *Hyles*-*euphorbiae*-complex s. str. (HEC) occurred as recently as the Pliocene/ Pleistocene boundary and that its roots can still be reconstructed in Asia. HEC population ranges appear to have tracked climate oscillations during the Pleistocene Ice Ages, resulting in hybridization around the Mediterranean Sea as they repeatedly intermingled. Comparison of the phylogeny with food plant affiliations leads us to hypothesise that *Euphorbia* monophagy evolved at least two times independently within *Hyles*.

AlgaTerra Progress Report: Potentials of a Virtual Collection for Micro Algal Research

Regine Jahn, Wolf-Henning Kusber & Karl Glück

AlgaTerra, a joint project funded by the BMBF, is building up an information system for limnic and aero-terrestrial algae, which will be made available on the Internet in September 2004 (www.algaterra.org). This primary data is being compiled, evaluated and worked out by five research groups (Jahn et al. 2003, ODE 3, Electronic Suppl. 2: 9).

Within the AlgaTerra project the BGBM is responsible for the development and implementation of the database and the web interface (for documentation see: www.bgbm.org/biodivinf/docs/bgbm-model and Berendsohn, W.G. (ed.), *Schriftenreihe Vegetationskunde* 39); and the taxonomic and nomenclatural evaluation including data of type specimens.

The only stable relation in taxonomy is the link of a scientific name to its type specimen. A virtual collection of pictures and data of type specimens on the Internet makes type information accessible for research.

In contrast to this unequivocal linkage, environmental, habitat, cellular, molecular, and experimental data on algae are tied to a "taxonomic concept" which means the scientific name plus the reference of its use. If and only if this taxonomic concept is documented (e.g. LM-, SEM-, TEM-photograph) it is possible to compare the taxonomic concept with the morphology of a nomenclatural type. Hence, the illustrated types serve as calibration tool for related taxonomic concepts. This calibration is done in the AlgaTerra database by linking taxonomic concepts and providing the corresponding images.

Generic names are typified by a species name. A great handicap for scientific communication in micro algal research is that the "type species" is often not typified by a specimen. Hence the species and therefore also the genus is regarded as that which is currently understood by this name. But for a sustainable intercalibration of algal names and algal concepts, the knowledge, designation and proliferation of the visualised type specimen is essential.

The main aim of the AlgaTerra project is "linking the past to the future", that is clarifying the usage of a name, sophisticating its morphological features as a traditional tool for the identification of algae, and adding factual data such as habitat information and molecular features (including phylogenetic information) thus making historical knowledge fit for the Internet age and future research.

**Stellate-haired Rhamnaceae:
a molecular phylogeny of the tribe Pomaderreae.**

Jürgen Kellermann, Frank Udovicic & Pauline Y. Ladiges

Pomaderreae, the second largest tribe of Rhamnaceae (c. 190 species), is endemic to Australia and New Zealand. It currently consists of seven genera: *Blackallia* (1 sp.), *Cryptandra* (30-35 spp.), *Pomaderris* (c. 75 spp.), *Siegfriedia* (1 sp.), *Spyridium* (c. 35 spp.), *Stenanthemum* (25-35 spp.) and *Trymalium* (c. 15 spp.). The presence of stellate hairs on stems, leaves and/or flowers distinguishes them from all other Rhamnaceae species. The tribe is distributed mainly throughout the temperate to semi-arid, southern regions of Australia. Some species occur in the arid centre and the tropical North of the continent. We analysed ITS and trnL-F DNA sequence data from 75 representative species using parsimony.

The monophyly of Pomaderreae is supported with very strong bootstrap and jackknife support. Although the backbone of the strict consensus tree lacks support, nearly all genera of the tribe are strongly supported. *Trymalium* is polyphyletic, with one clade containing species from Western Australia and South Australia; the Victorian species are in *Spyridium*. The only *Trymalium* species from Queensland, is part of a clade containing four previously unrelated species. This clade is sister to the rest of the tribe and should be assigned generic status. In addition to the Victorian species of *Trymalium*, *Spyridium* contains three *Cryptandra* species from New South Wales. *Blackallia* and two atypical *Stenanthemum* species group in a clade that is sister to the remaining species of *Stenanthemum*; further study will be needed to determine whether they should be dealt with as one genus or three monotypic genera. *Pomaderris* and the monotypic genus *Siegfriedia* are sister taxa, a relationship that is also supported by fruit characters. A species from the Northern Territory, for which the genus *Tephrastrum* has been proposed, is nested deep in *Cryptandra* and should be placed in the latter. Splitting *Cryptandra* into segregate genera is not recommended.

This study provides the first detailed phylogeny of Pomaderreae. The results will be used to produce a revised classification of the Australian Rhamnaceae for the forthcoming Flora of Australia treatment of the family.

Der Rhynie-Chert das älteste, nahezu vollständig erhaltene terrestrische Ökosystem

Hans Kerp

In Rhynie, Schottland, wurden im Unterdevon vor etwa 400 Mio. Jahren von einem System heißer, vulkanischer Quellen bis zu 200 m mächtige Kieselablagerungen gebildet. Durch die z.T. sehr kurzfristigen vulkanischen Ereignisse wurden Vegetation und Fauna im Umfeld des Quellensystems in vielen Fällen in Lebensstellung bzw. am Lebensort verkieselt und überliefert. Die überlieferten Ökotope reichen von aquatisch bis rein terrestrisch.

Die Erhaltung der pflanzlichen und tierischen Fossilien ist hervorragend – bei den Pflanzen können alle Gewebe und Zellen und auch plasmatische Zellinhalte bei den Tieren sogar Weichteile erhalten sein.

Die Makroflora umfasst bisher 7 Taxa einfach organisierter frühester Landpflanzen. Von 4 Taxa sind neben den Sporophyten auch die Gametophyten einschließlich der Antheridien und Archegonien bekannt. Die Mikroflora ist außerordentlich reichhaltig. Es scheinen mehrere hundert Taxa aufzutreten, wobei die Pilze deutlich dominieren. Ihre Diversität reicht von mycellosen, aquatischen Chytridiomyceten bis hin zu terrestrischen Ascomyceten. Neben den Pilzen beinhalten die Mikroflora auch Bakterien, Cyanobakterien, Flechten sowie Taxa aus der enigmatischen Gruppe der Nematophyten.

Die Fauna wird von Arthropoden dominiert – es wurden zahlreiche Taxa von Spinnenartigen, Krebsen und Hundertfüßlern beschrieben. Daneben treten jedoch auch Nematoden und Polychäten auf. Auch Koprolithen sind im Rhynie Chert sehr häufig. Bisher konnten bereits mehrere Dutzend unterschiedlicher Typen von Koprolithen mit größtenteils noch bestimmbareren Inhalten aufgefunden werden. Einige der Koprolithen lassen sich bereits bekannten tierischen Produzenten zuordnen.

In den letzten Jahren konnten im Rhynie Chert zunehmend Interaktionen zwischen Mikro- und Makroflora sowie zwischen Flora und Fauna bekannt gemacht werden. Die Interaktionen reichen von Saprophytismus, Saprophagie, Phytophagie und Carnivorie über Parasitismus bis hin zu Mutualismen. Dabei konnten auch eine ganze Reihe von Wirtsreaktionen festgestellt werden. Der Rhynie Chert bietet somit auch die Möglichkeit, das Beziehungsnetz in einem der ältesten terrestrischen Ökosysteme sichtbar zu machen.

Endemismus und Artendiversität der Froschlurche im subtropischen Nordosten von Rio Grande do Sul, Brasilien

Axel Kwet, Mirco Solé, Tatiana Miranda, Marcos Di-Bernardo

Der Nordosten des südlichsten Bundesstaats Brasiliens, Rio Grande do Sul, besitzt eine für subtropische Regionen außergewöhnlich hohe Artenvielfalt der Froschlurche (Amphibia: Anura). Auf einer Fläche von etwa 300 Quadratkilometern wurden bis heute 76 Arten (aus 24 Gattungen) nachgewiesen, von denen etwa ein Viertel endemisch sind. Im Rahmen der seit 1995 laufenden Feldstudien wurden unter anderem mehrere wissenschaftlich neue sowie für Rio Grande do Sul bislang unbekannte Spezies entdeckt. Mindestens zehn Anurenarten gelten als unbeschrieben oder besitzen einen ungeklärten taxonomischen Status. Die größte Diversität erreichen die Laubfrösche (Hylidae) mit 34 Arten in sechs Gattungen (*Aplastodiscus*, *Hyla*, *Phrynohyas*, *Phyllomedusa*, *Scinax*, *Sphaenorhynchus*) und die Pfeiffrösche (Leptodactylidae) mit 27 Arten in zwölf Gattungen (*Adenomera*, *Cycloramphus*, *Eleutherodactylus*, *Hylodes*, *Leptodactylus*, *Limnomedusa*, *Odontophrynus*, *Physalaemus*, *Pleurodema*, *Proceratophrys*, *Pseudopaludicola*, *Thoropa*). Daneben sind 12 Arten von Kröten (Bufonidae; Gattungen *Bufo*, *Dendrophryniscus*, *Melanophryniscus*), zwei Engmaulfrösche (Microhylidae; Gattung *Elachistocleis*) und ein eingeführter echter Frosch (Ranidae; Gattung *Rana*) nachgewiesen. Ursache dieser hohen Artendiversität im nordöstlichen Rio Grande do Sul sind neben den für Anuren günstigen Klimabedingungen (hohe und ausgeglichene Jahresniederschläge, geringe Frostneigung) vor allem die Vielfalt unterschiedlicher Großlebensräume auf engem Raum. Während das vulkanische Hochplateau von Araukarienwäldern und offenem Grasland (Campos) geprägt ist, dominieren in den steilen Berghängen die südlichen Ausläufer des Atlantischen Küstenregenwaldes (Mata Atlântica). Am Fuß des Plateaus finden sich wechselgrüne, subtropische Wälder sowie Pampas-artige Grassavannen und eine Caatinga-ähnliche Strandvegetation. Diese unterschiedlichen Großlebensräume halten zahlreiche gut strukturierte und für Amphibien nutzbare Habitate bereit. Viele im Tiefland weit verbreitete Anuren werden auf dem Hochland durch morphologisch sehr ähnliche und dort endemische Schwesterarten ersetzt.

Phylogenetic analysis of Sesuvioideae (Aizoaceae) inferred from nrDNA internal transcribed spacer (ITS) sequences and morphological data

N. S. Hassan, J. Thiede and S. Liede-Schumann

The phylogeny of the four genera of Aizoaceae subfamily Sesuvioideae (*Sesuvium*, *Cypselea*, *Trianthema* and *Zaleya*) is elucidated employing internal transcribed spacer (ITS) sequences and 23 morphological characters. Phylogenetic analysis based on ITS sequences and a combined molecular-morphological analysis provide largely congruent results. The monophyly of Sesuvioideae and its close relationship to Tetragonioideae, Aizooideae and Mesembryanthemoideae is confirmed. *Zaleya* is placed within *Trianthema* and *Cypselea* within *Sesuvium* by ITS analysis, but in the combined analysis, *Zaleya* forms an unresolved polytomy with the two *Trianthema* clades and *Cypselea* forms an unresolved polytomy with the two *Sesuvium* clades. *Sesuvium sesuvioides* and *S. hydaspicum*, previously treated as synonyms, are closely related, but molecular data do not support conspecificity. The close relationship of four *Trianthema* species (*T. patellitecta*, *T. rhynchocalyptra*, *T. megasperma*, and *T. pilosa*) from Australia based on molecular data is supported morphologically by the exclusive possession of a well-developed indumentum. In the *Trianthema triquetra* complex, *T. triquetra* from Australia is not monophyletic with *T. triquetra* from Africa. The type specimen from southern India corresponds to one of the two Australian forms. *T. parvifolia* is clearly distinct from *T. triquetra*, African or Australian.

**Form follows function:
Konvergente Entstehung ähnlicher Konstruktionen und Mechanismen
bei Ernährungsorganen von Nematoden**

Alexander Fürst von Lieven

Trotz ihres oberflächlich einheitlichen Körperbaus weisen Nematoden eine im Moment noch nicht abschätzbare, immense taxonomische Diversität auf, die eine ebenso große Vielfalt an verschiedenen Lebensweisen ausdrückt. Diese Vielfalt an Lebensweisen spiegelt sich auch in mannigfaltigen Abwandlungen von Mundhöhle und Pharynx wieder. Die noch andauernde phylogenetische Analyse der Nematoden bringt nur teilweise Ordnung in die morphologische Diversität der Ernährungsorgane - etliche a priori homologisierbare Merkmale, z.B. der Mundhöhle, sind in ihrer Verteilung nicht kongruent mit der Mehrzahl anderer Merkmale, so dass sie sich a posteriori als Konvergenzen herausstellen. Eine Erklärung für die vielfach konvergent entstandenen Abwandlungen von Mundhöhle und Pharynx kann nur von einem Verständnis der Funktion dieser Strukturen ausgehen. Durch Beobachtung der Fressmechanismen bei einzelnen Nematodenarten lassen sich verschiedene Ernährungstypen formulieren, die generalisierende Aussagen in Bezug auf das Funktionieren von Strukturen ermöglichen. Z.B. gibt es schluckende, filtrierende, filtrierend-kauende, schneidend-saugende und stechend-saugende Nematoden. Diese in verschiedenen Taxa immer wieder auftretenden Typen lassen jedoch keine Aussage in Hinsicht auf die Nahrungsquelle zu: z.B. können stechend-saugende Nematoden sowohl Pilzhyphen als auch Pflanzenzellen oder kleine Metazoen aussaugen. Beispielhaft werden besonders verblüffende Konvergenzen vorgestellt, z.B. die Mundhöhlen von Chromadoriden und Diplogastriden, die sich in vielen Einzelstrukturen wie dem in Einzelrippen aufgelösten Lippenstützring und einem durch Pharynxmuskeln beweglichen dorsalen Zahn gleichen, wobei die Funktionen der Strukturen durch Lebendbeobachtungen bekannt sind. Vielfach konvergente Entstehung einer Struktur zeigt, dass diese Struktur nicht zufällig so aussieht wie sie aussieht, sondern dass sie, als Anpassung an eine bestimmte Funktion so aussehen muss: Form follows function. Dieses Prinzip wird besonders deutlich, wenn Konvergenzen keine Homoiologien sind, also nicht aus homologen Strukturen entstehen, wie z.B. die stechend-saugenden "Mundwerkzeuge", die bei Dorylaimiden aus einem Zahn, bei Tylenchiden aus der Mundhöhle und bei bestimmten Diplogastriden nur aus dem pharyngealen Teil der Mundhöhle gebildet werden.

Die Mundwerkzeuge der Pollenwespen (Hymenoptera, Vespidae, Masarinae): Evolution eines Saugrüssels zur Nektaraufnahme bei Faltenwespen

Harald W. Krenn, Volker Mauss, John Plant

Pollenwespen (Masarinae) leben ähnlich wie solitäre Bienen. Die Weibchen legen Brutzellen für ihre Nachkommen an, die sie mit Pollen und Nektar als Larvennahrung verproviantieren. Ihre Mundwerkzeuge setzen sie sowohl beim Blütenbesuch als auch beim Nestbau ein. Die Mandibeln werden vor allem zum Graben der Nester und beim Pollensammeln benutzt. Die Maxillen helfen Pollen aufzunehmen. Das Labium hingegen wird vor allem für die Flüssigkeitsaufnahme aus Blüten und vom feuchten Boden benutzt.

Während die Mandibeln und Maxillen bei allen untersuchten Masarinae weitgehend gleich gebaut sind, weisen die Glossae und die basalen Teile des Labiums große Unterschiede in Länge, Proportionen und Ausprägungen verschiedener Merkmale auf. Dies steht in Zusammenhang mit der Ausbildung eines verlängerten Saugrüssels bei den Masarina, einem Teiltaxon der Masarini. Dieser Saugrüssel der Masarina ist im Vergleich zu den Rüsseln anderer Hymenoptera einfach gebaut, denn er besteht nur aus der stark verlängerten Glossa. Seine Strukturen und der Funktionsmechanismus sind allerdings außerordentlich kompliziert und weisen eine Reihe von Merkmalen auf, die im phylogenetischen Zusammenhang interpretiert, die Evolution dieses Saugorgans rekonstruierbar machen (Krenn et al. 2002). Einen zumindest kurzen Nahrungskanal gibt es an der Glossaspitze bei den Masarina und bei ihrer Schwestergruppe, den Paragiina, während er bei ursprünglicheren Taxa fehlt. Nur bei den Masarina bildet die Glossa einen langen Saugrüssel mit (1) einer spezialisierten Spitzenregion, (2) einem luftdicht geschlossenen Nahrungsrohr, das aus überlappenden Kutikulalamellen der anterioren Seite der Glossa gebildet wird, (3) einem zweiteiligen basalen Glossagelenk, das eine 180°-Abwinkelung gegenüber dem Prämentum erlaubt, (4) einer Rüsselruhestellung, bei der die Glossa teleskopartig zusammengeschoben wird und schlingenförmig im Labium zurückgezogen liegt und bei extrem langrüsseligen Arten (z.B. *Celonites pelistomi*) posterior aus dem Kopf hinausragt und (5) einem neuartigen Mechanismus für die Rüsselbewegung.

Is there a “Mixocoel” in the Onychophora?

Georg Mayer

The fusion between the embryonic coelomic cavities and the primary body cavity is thought to be a common feature in the development of arthropods. However, such a fusion has never been described in the original papers on the development of the Onychophora, the supposed sister group of the Euarthropoda. In order to clarify this issue, the fate of the embryonic coelomic cavities has been studied in an onychophoran – *Epiperipatus biolleyi* (BOUVIER, 1902) – a representative of the neotropical Peripatidae. The ultrastructural study of mesoderm differentiation in this species provided evidence that embryonic coelomic cavities fuse with spaces of the primary body cavity. During embryogenesis, the somatic and splanchnic portions of mesoderm separate and the former coelomic linings are transformed into mesenchyme. The resulting body cavity, therefore, represents a mixture of primary and secondary (coelomic) body cavities, i.e. a “mixocoel”. The presence of “mixocoel” in *E. biolleyi* represents a plesiomorphy, since it also occurs during the development in representatives of the Euarthropoda. The results of the present work accordingly support the view that the “mixocoel” was already present in the common stem species of the Onychophora and Euarthropoda.

"Patterns and processes in the evolution of the East African adaptive radiations of cichlid fishes"

Axel Meyer

The species flocks of cichlid fishes in the largest East African Lakes, Victoria, Malawi and Tanganyika, are well-known examples of adaptive radiations and explosive speciation. These species assemblages are the most species-rich and the most diverse, morphologically, ecologically and behaviourally among vertebrates. Phenotypic and genotypic data sets are expected to provide concordant phylogenetic information about these species assemblages, since both share identical evolutionary histories. Molecular data however have some advantages for phylogeny reconstruction over morphological data, such as the ability to discover parallel evolution and analogy which tends to be more difficult and potentially misleading in morphological data sets.

Our understanding of the phylogenetic relationships among East African cichlid fish species flocks has increased dramatically during the last 10 years since the invention and application of the polymerase chain reaction which hugely facilitated the collection of molecular data for molecular phylogenetic, phylogeographic and population genetic research on cichlids. Phylogenetic analyses of recent molecular data in the context of the geological history of the East African lakes helped to elucidate some aspects of the evolutionary history and the evolutionary processes that might have lead to the origin of these extraordinary fish faunas. Here, I will attempt to review and summarise some of these advances and insights that were made both in terms of phylogenetic patterns as well as evolutionary processes in the last decade through the use of molecular data. I will also highlight the unexpected findings that sometimes resulted, point out which avenues of research are still unexplored and suggest where future work might yield further interesting insights in the origins of the adaptive radiation of the East African cichlid species flocks.

Die mitochondrialen Genome von *Pseudosquilla ciliata* (Crustacea: Stomatopoda) und *Petrobius brevistylis* (Hexapoda: Archaeognatha) – auf der Suche nach der Schwestergruppe der Insekten.

Lars Podsiadlowski

Mitochondrielle Genome bieten relativ große und komplex differenzierte Datensätze für phylogenetische Analysen. Die Genreihenfolge auf dem Genom, tRNA-Strukturen und natürlich die (Nukleotid- / Aminosäure-) Sequenzinformationen können dabei als unabhängige Merkmalskomplexe ausgewertet werden. In den letzten Jahren wurde eine große Zahl mitochondrialer Genome, überwiegend von Wirbeltieren sequenziert und für detaillierte phylogenetische Analysen verwendet. Für die Arthropoden besteht in dieser Hinsicht insbesondere bei den Crustacea und Chelicerata noch Nachholbedarf.

Bisherige Publikationen mit mitochondrialen Datensätzen von Arthropoden ergaben übereinstimmend eine enge Verwandtschaftsbeziehung zwischen Hexapoda und Crustacea unter Ausschluss der Myriapoda (Pancrustacea-Hypothese (u.a. Ref. 1-4)). Widersprüchlich sind dagegen die Ergebnisse in Bezug auf die Stellung der Hexapoda innerhalb der Pancrustacea; so werden sie z.B. als Schwestergruppe der Crustacea, Schwestergruppe oder Teilgruppe der Malacostraca (3), oder als Polyphylum mit Collembolen und ectognathen Insekten als separaten Teilgruppen der Pancrustacea diskutiert (4). Dabei gingen jedoch in die bisherigen Analysen aus dem Taxon Malacostraca nur Sequenzen von Arten der Decapoda ein.

Zwei neue komplette mitochondrielle Genome von Arthropoden werden hier vorgestellt, jeweils das erste mitochondrielle Genom eines Stomatopoden (*Pseudosquilla ciliata*), sowie eines Archaeognathen (*Petrobius brevistylis*). Beide Genome zeigen in der Genreihenfolge keine Unterschiede zum Grundmuster der Pancrustacea. Bei der phylogenetischen Analyse der Sequenzdaten wird die basale Stellung der Stomatopoden innerhalb der Malacostraca bestätigt. Die Hypothese, dass die Hexapoda eine stark abgeleitete Teilgruppe der Eumalacostraca sind kann nicht erhärtet werden.

Euglenida – Die Phagocytose und ihre Folgen

Gela Preisfeld

Die Diversifikation einzelliger Eukaryoten ist ein lang zurückliegender Prozess, deren Evolution auch mit modernen molekularen Methoden nur schwer zu rekonstruieren ist. Dennoch lassen sich die verschiedenen Entwicklungslinien oftmals durch klare morphologische und molekulare Synapomorphien belegen. Eine wichtige Rolle in der Evolution der Linien spielen verschiedene Endocytobiose-Ereignisse, die zum einen zu den Mitochondrien, zum anderen zu den Plastiden geführt haben. Im Zuge der primären Endocytobiose mit Cyanobakterien-ähnlichen Zellen sind die primären Plastiden der Grünalgen, Rotalgen und Glaucophyta entstanden. Durch sekundäre Endocytobiosen, also solchen mit bereits plastidentragenden Eukaryoten, sind verschiedene Entwicklungslinien entstanden, zu denen auch die Euglenida gehören.

Die Euglenida, die zusammen mit den Kinetoplastida und den Diplonemida das Supertaxon Euglenozoa bilden, sind eine morphologisch sehr heterogene Gruppe von Flagellaten, die unterschiedlichste Lebensräume besiedeln. Eine Eigentümlichkeit der Euglenida ist das Vorhandensein von sowohl pflanzlichen als auch tierischen Merkmalen: Phagotrophe und osmotrophe Euglenida sind farblose heterotrophe Flagellaten, während phototrophe Euglenida im Besitz von Plastiden sind und ihren Energiebedarf durch die Photosynthese decken. Durch Analyse molekularer Daten konnte gezeigt werden, dass die phagotrophen Arten die Basis des eugleniden Baumes bilden. Phototrophe Arten entwickelten sich - entsprechend der Hypothese einer sekundären Endocytobiose - aus solchen phagotrophen Vorfahren, die eine Grünalge aufgenommen haben. Euglenida ohne Plastiden und Ingestionsapparat werden als osmotroph bezeichnet, diese Gruppe ist polyphyletisch: Einige Arten haben ihre Chloroplasten sekundär wieder verloren und werden daher als sekundär osmotrophe Arten zusammengefasst, die an verschiedenen Orten innerhalb der Phototrophen abzweigen. Im Gegensatz dazu entwickelten sich die monophyletischen primär osmotrophen Arten - unabhängig von der phototrophen Linie - durch eine Reduktion des Ingestionsapparates.

Analysen euglenider SSU rDNA Sequenzen zeigen eine ungewöhnliche genetische Diversität, einen Längenpolymorphismus und stark variierende Sequenzcharakteristika. Nach der Entdeckung des ersten Gruppe I Introns in einem Vertreter der Euglenozoa wird eine Hypothese zum horizontalen Introntransfer vorgestellt und diskutiert werden.

Die Probleme und Möglichkeiten simultaner multipler Eichungen von molekularen Uhren

Susanne Renner

Aus beobachteten und unbeobachteten (modellierten) Mutationen in einem Sequenz- oder Protein-Datensatz kann durch Kalibration die absolute Zeit, über die sich selbige Mutation angehäuft haben, abgeschätzt werden. Beim Kalibrieren ist man meist auf Fossilien angewiesen. Drei Probleme des Kalibrierens mit Fossilien - sowie Lösungsvorschläge - sollen dargestellt werden. Erstens die Ungenauigkeit der Datierung der Fossilien selber; dies Problem wird durch die Verwendung von Zeitbereichen statt exakten Zeitpunkten verringert, trägt aber zu großen Standardabweichungen bei. Zweitens die Ungenauigkeit in der Platzierung der Fossilien; dies kann nur durch weitere Fossilien und/oder nicht-fossile Kalibrationen angegangen werden. Drittens die problematische Balance zwischen dem idealen Taxon-sampling in Punkto 'möglichst viele Fossilien' und demjenigen in Punkto 'möglichst wenig Ratenheterogenität im Datensatz'. Letzteres kann durch Methoden, die keine strikte Uhr annehmen, möglicherweise verringert werden.

**What about riverine radiation?
Diversification patterns of lacustrine versus riverine
gastropods in the ancient Malili lake system on Sulawesi, Indonesia**

Thomas von Rintelen und Matthias Glaubrecht

Intralacustrine radiations of freshwater gastropods in ancient lakes are frequently employed as model systems for the study of speciation and adaptation. The species flock of *Tylomelania* (Cerithioidea, Pachychilidae) in the ancient lakes on Sulawesi represents a classical example. Their 'distinctiveness' and speciosity sets the lacustrine taxa apart from fluviatile species. In the Malili lake system, the 16 described lacustrine species were originally contrasted with just two widespread riverine species, whose role in studies on ancient lake flocks was long restricted to testing monophyly of the lacustrine radiation.

Our intensive sampling of riverine habitats has now revealed a different pattern, with at least nine species found in the Malili lake area. With one exception, all of these taxa were undescribed, and most are local endemics. A mtDNA based molecular phylogeny indicates a complicated pattern of lacustrine colonization, with populations of a riverine species found at terminal positions in a lacustrine clade. In addition, two riverine taxa turned out to be polyphyletic in the gene tree. We interpret these findings as indicative of introgression among fluviatile species, and between fluviatile and lacustrine taxa.

The number of species suggests the existence of a riverine radiation in the Malili lake area. However, besides the fact that this "radiation" is not monophyletic, a striking difference to the truly adaptive radiation in the lakes is the lack of sympatry among fluviatile taxa. We suggest that as causation of the allopatric pattern not only spatial factors should be considered, but that – at least additionally - the lack of trophic differentiation reflected in the largely identical radula morphology of riverine *Tylomelania* might have prevented species coexistence in secondary contact. In contrast, the amazing radula disparity encountered among lacustrine species is regarded as indicative of the key role that trophic specialization has apparently played in their adaptive radiation.

Schwarzkäfer (Coleoptera: Tenebrionidae) von Madeira und Sokotra: Ein Vergleich von Inselfaunen

Wolfgang Schawaller

Schwarzkäfer sind eine gut geeignete Tiergruppe zur Untersuchung zoogeografischer Beziehungen, da sie hinreichend artenreich sind, eine hohe ökologische Plastizität aufweisen und oft durch Flügellosigkeit nur begrenzte Möglichkeiten der Ausbreitung besitzen, also heute noch an den Orten ihrer Entstehung leben. Die Fauna des Madeira-Archipels setzt sich aus 29 (+ 9 synanthropen), die Fauna des Sokotra-Archipels aus 35 (+ 4 synanthropen) Tenebrioniden-Arten zusammen. Die Zusammensetzung der Arten und Gattungen sowie die Zahl der endemischen Arten und Gattungen beider Archipelen werden verglichen. Keine einzige Art (abgesehen von den synanthropen Arten mit kosmopolitischer Verbreitung) kommt auf beiden Archipelen vor. Auf Madeira gehört der größte Teil der Arten (etwa 70 %) zur Tenebrioniden-Unterfamilie Tenebrioninae, auf Sokotra (etwa 55 %) zur Unterfamilie Pimeliinae. Die Quote Artenzahl / Gattungszahl ist auf beiden Archipelen ähnlich. Jedes Archipel beherbergt eine artenreiche Gattung: die nicht endemische Gattung *Nesotes* (Unterfamilie Tenebrioninae) auf Madeira und die endemische Gattung *Eusyntelia* (Unterfamilie Pimeliinae) auf Sokotra. Die Zahl der endemischen Gattungen ist auf dem Sokotra-Archipel doppelt so hoch (Madeira 3 Gattungen, Sokotra 6 Gattungen). Das unterschiedliche Alter und die unterschiedliche geologische Entstehung des Madeira- und des Sokotra-Archipels implizieren Fragen über die Art und Weise der Besiedlung durch Tenebrioniden. Es wird angesprochen, ob die Faunenunterschiede allein auf historischen Ereignissen beruhen, also z.B. auf eine alte Existenz der Taxa seit der Entstehung der Inseln, auf eine alte Einwanderung von Arten bzw. Stammarten, auf junge Einwanderungen, oder ob diese Faunenunterschiede durch gegenwärtige ökologische Faktoren begründet sind.

Population dynamics and phylogenetic reconstructions of European relict species (*Lathyrus pannonicus* and *Oxytropis pilosa*, Fabaceae)

Matthias Schlee, Wilhelm Sauer, Vera Hemleben

Eurasian relict and rare *Lathyrus pannonicus* (sect. *Lathyrostylis*), belonging to a genus with an enormous ecological and morphological variability, are investigated with both phytosociological and molecular methods (detailed analysis via cloning and sequencing of ITS1, 5.8S rDNA, ITS2 and 5' ETS, i.e. internal and external transcribed spacers of the rDNA). This extensive analysis has been carried out to demonstrate the process of introgression and to evaluate the intra- and interspecific variability among the investigated regions of a tandemly arranged multigene family. An initial shift from xerothermic to wet conditions in the Pannonian area is reflected by interpopulation relationships: detailed genetic patterns can be identified in direct linkage to the ecological radiation. Furthermore, the results allow to reconstruct the migration pathways of this species by using and interpreting the differing population-characteristic molecular patterns in a geographic framework. For *Oxytropis pilosa*, which has a similar chorological extension in comparison to the dry ecotypes of *L. pannonicus*, no ecological shift can be observed. This concurs with the results of a detailed population-scale analysis based on numerous clones per sampled individual, which shows that *Oxytropis* species preserved a less differentiated ITS region. Nevertheless, two distinct genetic types are found within populations of *O. pilosa*: an Eastern "ancestral" and a Western "derived" type, partly represented as a co-occurring intraindividual variability in certain areas. This is possibly due to the glacial and postglacial history of this species within the Alps. Furthermore, relict populations in the marginal areas of the species' range (assumed Nunatak-like situations in Southern Sweden and Italian Abruzzo) do exhibit additional, further differentiated genetic patterns. Our results demonstrate the need of detailed molecular analyses involving cloning for means of reconstructing minute eco-driven differentiation history. Such a reconstruction helps to understand survival needs of relict species to facilitate conservation strategies.

Species diversity and biogeographical notes on a peruvian herpetofauna

Andreas Schlüter, José Perez & Javier Icochea

Peru is one of the most species-rich countries on earth. Referring to its amphibian and reptile fauna, it belongs to the five or six most diverse countries worldwide (hotspots). One hundred and fifty four species of amphibians and reptiles are presently known from the Biological Field Station Panguana. The herpetofauna includes 1 caecilian, 73 anurans, 2 crocodiles, 6 turtles, 1 amphisbaenian, 26 lizards, and 45 snakes. Ten basic distribution patterns can be distinguished. Data of investigated material, along with others available from literature, were analysed in order to understand distribution patterns. Our results indicate that 57 % of the amphibian and 63 % of the reptile species are widely distributed, 31 % of amphibians and 16 % of reptiles are distributed in western Amazonia, and 12 % of the amphibians and 17 % of reptiles are restricted to different areas of smaller distribution. The composition of the herpetofauna of the lower Lullapichis drainage reflects its intermediate geographic position within the upper Amazon basin. Due to the lack of herpetological fossils it is not yet possible to reconstruct the evolutionary history of the Amazonian herpetofauna, but recent data on mammal fossils and on sediments may add interesting information. Data on habitat preferences and remarks on anthropogene influences are given.

Insuläre Biodiversität in der Ägäis

H. Schmalfluss und Th. Raus

MacArthur und Wilson haben 1967 eine grundlegende Equilibriums-Theorie über Inselfaunen und -flore aufgestellt. Seitdem wird dieses komplexe Thema kontrovers diskutiert und bewertet. Zum einen gibt es viele Möglichkeiten, den Begriff Insel zu definieren und auf standörtlich isolierte Habitate zu übertragen, zum anderen können je nach untersuchter Organismen-Gruppe divergierende Ergebnisse erzielt werden. Die ägäischen Inseln bieten eine hervorragende Möglichkeit, Gesetzmäßigkeiten insulärer Biodiversität zu untersuchen. Jedoch liegen die dazu notwendigen (quasi-)kompletten Floreninventare bislang jedoch nur für Höhere Pflanzen und nur von wenigen Inseln, ein vollständiges Fauneninventar von keiner einzigen Insel vor. Zoologische Vergleiche müssen sich daher auf bestimmte, besser bekannte Indikator-Gruppen beschränken. Die Autoren haben sich mit besonderer Intensität der organismischen Inventarisierung der beiden gleich großen Inseln Santorin (vor 3600 Jahren durch Vulkanausbruch zerstört) und Kasos (keine vulkanische Vergangenheit) gewidmet. Ein bemerkenswertes Ergebnis ist, dass beide Inseln in den für einen Vergleich geeigneten Organismengruppen ungefähr dieselben Artenzahlen aufweisen; Santorin zeigt also keine durch die vulkanische Vergangenheit begründbare quantitative Verarmung von Fauna und Flora. Von einigen Tiergruppen liegen genügend Daten von allen zentralägäischen Inseln vor, um "species/area"-Beziehungen und andere Aspekte und Fragen insulärer Biozöosen zu untersuchen. Vergleichbare Erhebungen in festländischen Untersuchungsgebieten fehlen bisher, so dass noch nicht gesagt werden kann, ob und in welchem Maße in der Ägäis die Insularität zur Reduktion der Artenvielfalt geführt hat. Die derzeitigen Gefäßpflanzen-Befunde erlauben indes eine pflanzengeografische Gliederung der Ägäis, deren qualitativ (Arealpektren, Endemismus) und quantitativ (Artenzahlen) unterschiedlich ausgestatteten Teilräume vornehmlich pleistozän begründet sind. Die Gesamtheit der ägäischen Inseln stellt den Rest eines tektonisch zerbrochenen Festlandes mit komplizierter Klima- und Isolationsgeschichte dar. Nur in der Caldera des Santorin-Archipels gibt es in historischer Zeit aufgetauchte, meerbürtige (thalassogene) Inseln und damit die exklusive Möglichkeit, bei bekannter und datierbarer Oberflächengeschichte die Dynamik von Einwanderungs-, Etablierungs- und Aussterbeprozessen (species turnover) zu dokumentieren.

Exploring radiations of ferns – from the deep past to the recent

Harald Schneider

Leptosporangiate ferns have a fossil record dating back to the Early Carboniferous but many lineages of this group of vascular plants diversified much later. Molecular evidence and the fossil record are integrated to estimate divergence times of diversification events in the history of these ferns with the objective to describe the patterns and to identify the underlying processes generating the diversity of ferns. Evidence is found for diversification events in the Paleozoic until Quaternary. The deep splits in the phylogeny of the leptosporangiate ferns correspond to diversification events in the Carboniferous, Permian or Triassic. One lineage, the polypod ferns contributing to about 80% of the extant fern diversity diversified in the Cretaceous. It is hypothesised that the radiation of these ferns is correlated with the rise of the angiosperms in the same time period. At least two other lineages, the heterosporous ferns and the Gleicheniaceae, may have been evolved in this time. Evidence for more recent radiations are found in various groups of polypod ferns such as aspleniods and polygrammoids. This presentation will discuss approaches applied to infer these radiations by illustrating their results using “old” and “recent” radiations as examples.

**Galápagos in Afrika:
Molekulare Phylogenie und Radiation endemischer Orthopteren in den
Eastern Arc Mountains (Tansania)**

Oliver Schultz, Wolfgang Wägele; Claudia Hemp

In Afrika existieren einige der weltweit größten hotspots für Biodiversität. Eines dieser Gebiete sind die als Eastern Arcs bezeichneten Gebirgszüge in Tansania. Aufgrund einer deutlichen Akkumulation endemischer Floren- und Faunenelemente, sowie dem Inselcharakter isolierter Bergwälder dieser Region wird sie auch als das Galápagos of Africa bezeichnet.

Die Heuschreckengattung *Parepistaurus* Karsch, 1896 ist eines der endemischen Taxa dieser Region. Tiere dieser Gattung sind flugunfähig und rezent nur in isolierten, humiden Waldhabitaten anzutreffen. Das limitierte geographische Vorkommen und die Anwesenheit nah verwandter Arten auf benachbarten montanen Waldinseln sind vermutlich das Ergebnis von episodischer Migration und geographischer Isolation, welche Speziation und die Evolution von Endemiten zur Folge hatten.

Eine auf morphologischen Analysen basierende Ausbreitungshypothese nimmt eine lineare Besiedlung der Eastern Arcs von der Küste aus an. Periodische, durch Klimaänderung entstehende Waldbrücken zwischen den Gebirgszügen dienten als Ausbreitungskorridore (stepping stone like settlement). Dieser Annahme folgend müssten die phylogenetisch ältesten Taxa in den küstennahen Gebieten der Eastern Arcs zu finden sein, während abgeleitete Formen auf den küstenferneren, nordwestlichen Gebirgszügen lokalisiert wären. Zur Überprüfung dieser Hypothese wurden mit Hilfe mitochondrialer 16S rDNA Sequenzen phylogenetische Analysen unter verschiedenen Annahmen der Sequenzevolution durchgeführt.

Erste Ergebnisse zeigen eine frühe nordwärts gerichtete Ausbreitung der Gattung *Parepistaurus* entlang der tansanischen Küste bis nach Kenia. Diese Küstenarten sind jedoch näher mit Arten aus den nordwestlichen Teilen der Eastern Arcs verwandt, während abgeleitete Taxa in Gebirgsregionen detektiert werden, welche nicht weit von der Küste entfernt liegen. Dieses Verbreitungsmuster widerspricht einer linearen Ausbreitung in den Eastern Arcs. Die genetischen Daten unterstützen eher eine Besiedlung dieser Gebirgskette in mehreren Wellen, vermutlich ausgelöst durch Veränderungen des Klimas und damit einhergehend der Waldbedeckung. Als potentieller Ausbreitungskorridor könnten dabei ebenfalls Galeriewälder gedient haben, wie sie rezent das Pangani River System zeigt.

Mit Kanonen auf Dornschwanzhörnchen schießen: Die Anwendung von SuperTree-Methoden für Ancient-DNA-Probleme

Anja C. Schunke, Rainer Hutterer, & Heiko A. Schmidt

Dornschwanzhörnchen (Anomaluridae; Rodentia) sind eine Nagetiergruppe der afrikanischen Regen-, Berg- und Galeriewälder. Derzeit werden sieben Arten anerkannt, die mit einer Ausnahme Gleitflieger sind. Ihr Verbreitungsgebiet reicht von Senegal bis Sambia und Tansania. Die phylogenetischen Beziehungen innerhalb dieser Gruppe sind vor allem deshalb interessant, da die Tiere als Gleitflieger auf das Vorkommen älterer und dicht stehender Bäume angewiesen sind. Dadurch sind ihre Verwandtschaftsverhältnisse eng an die historische Regenwaldgenese gekoppelt. Für molekularbiologische Untersuchungen ist man vorwiegend auf älteres Sammlungsmaterial angewiesen, da die Gruppe nicht in Zoos gehalten wird und ein direktes Besammeln aus logistischen Gründen praktisch unmöglich ist. Die Gewebeproben stammen daher größtenteils aus bis zu 100 Jahren alten Bälgen mit teilweise stark degradierter DNA. Es wurden Teile von Cytochrom b sequenziert, wobei die Erhebung von vollständigen Sequenzen aus o.g. Gründen nicht möglich war. Der dabei erhaltene Datensatz besteht vor allem aus drei Fragmenten, die selten aus allen Individuen gewonnen werden konnten.

Der fragmentarische Aufbau des sich ergebenden Datensatzes, gekoppelt mit dem relativ engen Verwandtschaftsgrad, macht eine Analyse des Gesamtalignments unmöglich. Daher wurde der Datensatz in Fragmente geteilt. Anschließend kamen zur kombinierten Analyse SuperTree- sowie datennähere Methoden zum Einsatz. Diskrepanzen zwischen den Ergebnissen der unterschiedlichen Segmente sowie der verschiedenen Methoden und deren Anwendbarkeit werden kritisch diskutiert.

Arthropoden in Mexikanischen Bernstein

Mónica Morayma Solórzano Kraemer

Mexikanischer Bernstein und seine Fossileinschlüsse wurden besonders in den sechziger Jahren mehr oder weniger intensiv systematisch ausgewertet. Danach richtete sich das Forschungsinteresse aber wieder vor allem auf den Baltischen und Dominikanischen Bernstein. Deshalb ist über den Mexikanischen Bernstein heute deutlich weniger bekannt, als über diese beiden anderen großen Bernstein-Vorkommen, obwohl der Mexikanische Bernstein eine artenreiche Fauna enthält.

Im Rahmen des Vortrages wird eine Analyse der Inklusenvielfalt des mexikanischen Bernsteins vorgestellt, die Untersuchungen des Klimas und der Vegetation während der Bildung des Vorkommens sowie einen Vergleich mit der Fauna des Dominikanischen Bernsteins einschließt.

Während des Paleozäns lag das Bildungsgebiet des Mexikanischen Bernsteins, die Proto-Antillen, nahe des mittelamerikanischen bzw. mexikanischen Festlandes. Deshalb sind Ähnlichkeiten der Faunen von Mexikanischem und Dominikanischem Bernstein zu erwarten. Nach plattentektonischen Hypothesen begannen die Proto-Antillen im mittleren Eozän nach Osten in das Karibische Meer zu wandern. Wenn diese Annahme richtig ist, dann wurden die Faunen beider Bernstein-Vorkommen vor ca. 40 bis 50 Millionen Jahren getrennt.

Wie hoch ist der Grad der Verwandtschaft zwischen den Arten aus dem Mexikanischen Bernstein und den heutigen Arten aus der Dominikanischen Republik und dem Dominikanischen Bernstein? Wie stabil ist das Ökosystem seit der Bildung der Bernsteine geblieben und was wurde aus der Fauna des Mexikanischen Bernsteins? Dies sind Fragen, denen in bisherigen Untersuchungen nur unzureichend nachgegangen wurde.

Es gibt Beispiele, wie die Insekten-Gattungen *Polyderis* (Erwin, 1971), *Procolobostema* (Amorim, 1998), *Trigona* und *Proplebeia* (Grimaldi, 2000), *Cephalotes* (Andrade und Urbani 1999), *Aphaenogaster* (Andrade 1995) und die Ursprungspflanze des fossilen Harzes, *Hymenaea*, die zusammen mit neuen Ergebnissen Hinweise auf enge Gemeinsamkeiten zwischen Dominikanischem und Mexikanischem Bernstein liefern.

**Phylogeographie der *Aphyosemion calliurum*-Gruppe
(Cyprinodontiformes, Aplocheiloidei) in West- und Zentralafrika**

Rainer Sonnenberg and Bernhard Y. Misof

Die Verbreitung der *Aphyosemion calliurum*-Gruppe reicht von der Küstenebene Benins bis in das nördliche Angola (Huber, 2000). Alle Arten leben in kleinen Gewässern bewaldeter Gebiete, deswegen sollte die aktuelle Verbreitung der Arten die historischen Änderungen der Regenwaldausdehnungen widerspiegeln. Die Arten werden vor allem durch das Färbungsmuster der Männchen diagnostiziert, aber bis heute existiert kein Konsensus über die Artzusammensetzung dieser Gruppe. In den 60er bis 80er Jahren studierte Scheel (1990) die Karyotypen von mehreren Populationen verschiedener Arten und fand, dass die Chromosomenzahl von $n=9$ bis 20 reicht. Zusätzlich durchgeführte Kreuzungen bestätigten, dass es reproduktive Isolation durch reduzierte Fruchtbarkeit bis hin zu Sterilität zwischen verschiedenen Populationen gibt (Scheel, 1974). Da phylogenetisch informative morphologische Merkmale bis jetzt nicht bekannt sind, existiert noch keine Hypothese über die Verwandtschaftsverhältnisse dieser Artgruppe.

Wir haben mitochondrielle DNA von Individuen von ca. 70 Fundorten von Nigeria bis Congo Brazzaville sequenziert, die alle bis auf eine Art umfassen. Die Daten dienen als Basis für phylogenetische und phylogeographische Analysen.

Geographische Beziehungen der Myriapodenfaunen der Mittelmeerinseln Korsika und Zypern

Jörg Spelda

Anhand von Verwandtschaftsbeziehungen wird die Herkunft der Myriapodenfaunen der Inseln Korsika und Zypern nachgezeichnet und mit Befunden aus anderen Tier- und Pflanzengruppen verglichen.

Die Myriapodenfauna von Korsika weist enge Beziehungen zum Apennin und zu Ligurien auf. Überraschend gering ist trotz der großen räumlichen Nähe die Übereinstimmung mit Sardinien. Gerade bei der hochendemischen Diplopodenordnung Chordeumatida ist dies auffällig. Hier weist Korsika einige sehr alte Formen auf, deren nächste Verwandte in den Pyrenäen leben (*Camptogona*) oder zu denen heute anderenorts keine näheren Verwandten mehr existieren (*Cyrnosoma*). Bei der ebenfalls stark zu Endemismen neigenden Ordnung Callipodida weist Sardinien stark abgeleitete Formen auf, die zwar mit jenen Korsikas und Italiens eng verwandt sind, jedoch auf eine lange Isolation schließen lassen. Zudem fehlen auf Korsika einige Formen, die Sardinien mit Südfrankreich oder Süditalien gemeinsam hat. Als Hauptursache müssen die unterschiedlichen geologischen Verhältnisse angesehen werden: Auf Korsika findet sich, im Gegensatz zu Sardinien, kaum Kalkgestein und damit auch keine umfangreichen Höhlensysteme. Dies ist umso bedeutsamer, als viele der endemischen sardischen Diplopoden gerade in Höhlen gefunden wurden.

Zypern besitzt zwar einige endemische Arten, die aufgrund ihrer Differenzierung auf eine lange Isolation schließen lassen, insgesamt ist die Insel für ihre Größe jedoch überraschend artenarm. Die Ursachen sind vermutlich ebenfalls geologisch zu begründen: wenig Kalkgestein im Zentralgebirge, dafür viele Schwermetallvorkommen. Ein Großteil der heute vertretenen Arten findet sowohl in Zypern, als auch in der Levante (Israel), so auch eine jüngst beschriebene *Megaphyllum*-Art (Golovatch et al., in press). Auch die nächsten Verwandten der endemischen zyprischen Arten leben in der Levante (Libanon, Türkei: Prov. Hatay) nicht aber im geographisch näher liegenden Cilicien. Dieser Befund muss jedoch als provisorisch angesehen werden, weil aus dem nördlichen Teil Zyperns, dem kalkreichen Pentadactylos-Gebirge keine Untersuchungen vorliegen.

Island colonization of the Socotra Archipelago as inferred from molecular phylogenies of selected plant taxa

Mike Thiv

This study aims at the analysis of biogeographic patterns among the flora of Socotra. The archipelago is located in the Indian Ocean, 200 km E of the Horn of Africa and consists of an arid main island and five smaller islets. Geological data indicate a connection of Socotra to the Gondwanan mainland until the late Cretaceous. Socotra harbours some 850 species of vascular plants, of which 30% are endemic. Hitherto, Socotran taxa were purported to have biogeographic relationships to Africa, Arabia, Asia and/or the Canary Islands. I here reconstruct the origin of the Socotran flora and the biogeographic history of the Arabian-Socotran-East African region using molecular phylogenies (ITS, matK, atpB-rbcL spacer, 5S NTS) for 7 genera with taxa endemic to Socotra. These are *Aerva* (Amaranthaceae), *Boswellia* (Burseraceae), *Campylanthus* (Plantaginaceae), *Echidnopsis* (Apocynaceae), *Kleinia* (Asteraceae), *Seddera* (Convolvulaceae) and *Thamnosma* (Rutaceae).

Aerva is of palaeotropical distribution. Its two Socotran endemics form a monophylum and are closely related to a Southern Arabian species, and a widespread palaeotropical species. *Thamnosma* is distributed in Mexico, S USA, S Arabia, S and E Africa. The African-Arabian taxa form a monophyletic lineage. Within this clade, the Socotran endemic is sister group to an East African-Arabian clade. Preliminary results also indicate similar biogeographic patterns for *Campylanthus* and *Kleinia*. The phylogeny of *Echidnopsis* favours independent colonization events to Socotra from Africa and Arabia, respectively. More data are needed for *Boswellia* and *Seddera*. Cladistic biogeographic methods (Component Analysis, Brooks Parsimony) will be used to create area cladograms for the Arabian-Socotran-East African region.

Due to complex distribution patterns, the origin of the studied Socotran endemics is sometimes difficult to infer. However, close relationships to the Somalo-Ethiopian and South Arabian floristic provinces are obvious, and direct connections to the Canary Islands or Asia can be ruled out.

Quantitative analysis of Late Palaeozoic taphofloras from Central Europe

Dieter Uhl & Sunia Lausberg

The Late Palaeozoic is climatically characterised by a transition from global icehouse conditions to global greenhouse conditions and can therefore be regarded as an excellent analogue for Late Cenozoic climate changes. To investigate the influence of such a climatic change on the diversity of terrestrial plants, we quantitatively analyse several taphofloras from the Rotliegend (Late Carboniferous – Early Permian) of the Saar-Nahe Basin (SW-Germany) and from the Zechstein (Late Permian) of NW-Hesse (Germany) and E-Thuringia (Germany).

For this purpose we basically follow an isotaphonomic approach, using taphofloras from comparable depositional setting (large lakes from the Rotliegend, in comparison with marginal marine deposits from the Zechstein). Additionally we investigate two parautochthonously deposited taphofloras (preserved in tuffs/tuffites) from the Rotliegend as taphonomic "outliers".

Our quantitative data (e.g. rarefaction analysis, diversity-indices) suggest a significant decrease of diversity from the Rotliegend to the Zechstein. Within the Rotliegend (Lower Rotliegend → Upper Rotliegend) of the Saar-Nahe Basin no significant differences could be observed between the different taphofloras, regardless of the taphonomic setting.

However, the observed lower diversity of the Zechstein taphofloras does not necessarily mean a reduced palaeobiodiversity, as suggested by previous authors based on qualitative or semi-quantitative data. Most of the taphofloras investigated here come from allochthonous deposits and the diversity of such deposits is largely influenced by taphonomic biases. Therefore we propose the use of the term "taphodiversity" to be preferred to the term "palaeobiodiversity" for the investigation of all non-autochthonous palaeofloras (and also faunas).

Tilt-revolver flowers and floral scale morphology in Loasoideae

Maximilian Weigend

Loasaceae subfam. Loasoideae (ca. 215 species) has complex staminodial groups in antesealous position, which are typically present in the form of an outer scale and enclosed inner, free staminodes. The current phylogenetic data indicate that the presence of antesealous floral scales in Loasoideae is the plesiomorphic condition in this group and has only been secondarily lost in one monophyletic group of 5 taxa. Here the functional morphology of floral scales in “Higher Loaseae” (“Loasa”, *Scyphanthus*, *Caiophora*, *Nasa*, *Aosa*) will be briefly discussed, with special emphasis on the triggered, thigmonastic stamen movement. The usually pendulous flowers of this group of taxa have brightly coloured floral scales contrasting with the petals and these floral scales have various contraptions to permit the bees to firmly hold on to the inverted flowers. The nectar is hidden in the floral scales, and the bees have to tilt the floral scales to extract the nectar. This movement of the floral scale triggers a thigmonastic movement of 1—5 mature anthers from a position hidden in the petals to an erect position in the centre of the flower, where they are accessible to the visiting bees. Bees coordinate their visits with the stamens movement.

This tilt revolver mechanism has now been documented for about 20 species in all genera of “Higher Loaseae” (“Loasa”, *Scyphanthus*, *Caiophora*, *Nasa*, *Aosa*). The floral scales thus both hide the nectar and trigger stamen movement, and guarantee a foothold for the visitor, thus playing a crucial role in the functional floral morphology. However, they also play an important part in floral display, pollinator positioning, stamen positioning. The most common visitors of these tilt revolver flowers are colletid bees, as can be seen from data on 127 flower visitors in over 60 species of Loasoideae.

Biodiversität, Einnischung und Taxonomie madagassischer Riesenkugler [Diplopoda: Sphaerotheriida: Sphaerotheriidae]

Thomas Wesener, Bochum

Madagaskar beherbergt eine einmalige Flora und Fauna und ist aufgrund der großen Artenvielfalt und des hohen Anteils an Endemiten (>90% der Pflanzen) einer der 10 weltweit größten 'hotspots' der Biodiversität. Die lange (>90 Mio. Jahre) Isolation von anderen Kontinentalmassen begünstigte die hohe Exklusivität der madagassischen Lebensformen. Die Entstehung einer hohen Anzahl von Arten wurde durch die ausgeprägte geomorphologische Struktur der Insel verbunden mit starken Niederschlagsschwankungen begünstigt. Dies führt zu einem einmaligen Auftreten zahlreicher unterschiedlicher Ökosysteme und Mikrohabitate.

Auch die Tausendfüßlerfauna der Insel ist einmalig. Die taxonomische Bearbeitung der Sphaerotheriida, und der Diplopoda allgemein, leidet unter einem Mangel an taxonomischen Merkmalen. Rasterelektronenmikroskopische Untersuchungen u.a. der Mundwerkzeuge lieferten bislang unbekannte, in taxonomisch relevante Strukturen.

Die Riesenkugler der Ordnung Sphaerotheriida, welche sehr ursprünglich gebaute Diplopoden sind, weisen eine typische Gondwanalandverbreitung (rezent nicht in Südamerika) auf. Die Schwestergruppe der madagassischen Arten ist vermutlich in Indien zu finden. Auf Madagaskar sind sie mit einer großen Anzahl von Arten (35) des nahezu endemischen (eine Art auf Mauritius) Tribus Zoosphaeriini vertreten. Madagassische Riesenkugler unterscheiden sich von Sphaerotheriida anderer Gebiete durch morphologische Besonderheiten, wie in beiden Geschlechtern auftretende Stridulationsorgane. Weiterhin zeigen madagassische Arten eine hohe Varianz der Körperlänge, einige Arten (5) sind mit bis zu 100 mm Körperlänge und 50 mm Breite deutlich größer als Sphaerotheriida anderer Gebiete, wenn nicht sogar die massigsten Diplopoden der Erde. Durchgeführte Untersuchungen in Waldfragmenten des südlichen Küstenregenwaldes auf Madagaskar, eines der am stärksten bedrohten Ökosysteme der Welt, zeigen, dass ein Großteil der Arten zu Mikroendemismus neigt und bereits in 20 km Entfernung andere Arten auftreten. Erste Feldbeobachtungen von madagassischen Riesenkuglern zeigen eine zu vermutende Einnischung einiger sympatrisch vorkommender Arten der Gattungen *Zoosphaerium* und *Sphaeromimus* durch arboreale Lebensweise. Die Riesenkugler waren in den Untersuchungsgebieten sehr zahlreich und spielen eine unverzichtbare Rolle bei der Streuzersetzung.

Muster und Prozess: Vergleichende Analyse von Radiationen australischer und hawai'ischer Höhlen-Zikaden (Hemiptera: Fulgoromorpha: Cixiidae)

Andreas Wessel, Petra Erbe, Hannelore Hoch

Aus tropischen und subtropischen Höhlen sind weltweit zahlreiche Fälle paralleler Evolution cavernikoler Kleinzikaden bekannt. Diese unabhängigen Evolutionslinien und Radiationen liefern natürliche Modellsysteme, an denen Konzepte von genetischer Veränderung in der Population und Speziationsdynamik überprüft werden können.

Die untersuchten Artenkomplexe aus australischen und hawai'ischen Höhlen weisen unterschiedliche Grade von Troglomorphien auf. Die Solonaima- und Undarana-Arten haben in Queensland (Australia) alte Karsthöhlen genauso wie junge Lavahöhlen besiedelt. Die höhlenlebenden Oliarus-Arten von Hawai'i repräsentieren wenigstens sieben unabhängige Höhlen-Kolonisationen auf drei Inseln verschiedenen Alters, einschließlich des Oliarus polyphemus-Komplexes von verschiedenen, teilweise noch aktiven Vulkanen Hawai'i Islands. Die Unterschiedlichkeit externer Faktoren (z.B. Verfügbarkeit von Nahrungsressourcen, Möglichkeiten der Migration, makro- und mikroklimatische Veränderungen, Predatoren) und interner Faktoren (z.B. genetische Variabilität, Populationsstruktur und -dichte) erlauben diese durch vergleichende Analyse in Konzepte evolutionären Wandels einzubeziehen. Auf dieser Grundlage untersuchen wir verbale Modelle von Höhlenadaptation (Relikt-Hypothese sensu Barr, Adaptive-shift Hypothese sensu Howarth) und analysieren den Einfluss von sexueller Selektion und Gründer-Effekten sensu Mayr und Carson.

Ein Vergleich der Tiefsee-Pseudotachidiidae Lang, 1936 (Copepoda, Harpacticoida) aus dem Angola Becken und der Weddell-See (DIVA I und ANDEEP)

Elke Willen, Carl v. Ossietzky

Bei der DIVA-I Tiefsee-Expedition mit RV "Meteor" im Sommer 2000 konnten im Angola Becken über einen Transekt über 300 sm aus durchschnittlich 5400 m Tiefe nach einer ersten Auswertung mindestens 133 Spezies der Copepoda Harpacticoida erfasst werden. Die DIVA-I Expedition hatte u.a. das Ziel, eventuelle latitudinale Diversitätsgradienten zu untersuchen. Zusammen mit den Projekten DIVA II, ANDEEP I-III ist DIVA-I ein Teil des globalen Tiefsee-Biodiversitätsprogramms CeDAMAr. Die Diversität der Copepoda Harpacticoida aus einem Tiefsee-Areal wurde bisher noch nie auf Artebene ermittelt und konnte bisher auch noch nie statistisch ausgewertet werden. In einer Gemeinschaftsarbeit von MitarbeiterInnen des DZMB in Wilhelmshaven und der AG Zoosystematik und Morphologie (Universtät Oldenburg) konnten bereits erste Ergebnisse zur Alpha-Diversität der Harpacticoida aus dem Angola-Becken erarbeitet werden. Im folgenden sollen die Ergebnisse einer Teilgruppe der Harpacticoida vorgestellt werden und ein Vergleich mit einer Tiefsee-Station der ANDEEP II-Expedition aus der Weddell-See („Weddell Sea abyssal plain“) mit ähnlicher Sediment-Struktur, Tiefe und Beprobung (mit dem Multicorer) angestellt werden. Damit „verlängert“ sich der zu untersuchende „latitudinale Transekt“ der DIVA-Expedition bis in die Weddell-See.

Innerhalb der Harpacticoida stellten sich die Pseudotachidiidae Lang, 1936 zusammen mit den Argastidae Por, 1986, Ameiridae Monard, 1927, und Ectinosomatidae Sars, 1903 als "richest taxa" heraus, was ihre Arten- und Individuenzahl angeht. Die Pseudotachidiidae sind ein sehr umfangreiches und erfolgreiches Subtaxon der Harpacticoida, was die Anzahl der beschriebenen Arten und die weltweite Verbreitung angeht. Bei den Paranannopinae Por, 1986 sind bisher weltweit ca. 50 Arten beschrieben worden und alleine in den DIVA-Proben konnten bereits mindestens 50 weitere unbekannte Arten entdeckt werden, die sich in vielen Fällen nicht in die bisherige Systematik einordnen lassen.

Es wird eine Artenliste beider Standorte sowie einige neu beschriebene Taxa vorgestellt. Paranannopus spec., Bathpsammis spec. und Paradanielssenia spec. lassen sich in schon bekannte Artengruppen einordnen (wobei letzteres Taxon bisher noch nicht aus der Tiefsee bekannt war) während eine weitere unbekannte Spezies mit (vermutlich) chemorezeptorischen Strukturen an den Mundwerkzeugen ein neues supraspezifisches Taxon darstellt.

Biosystematische Revision der Gattung *Eryngium* L. (Apiaceae-Saniculoideae): Erste Ergebnisse

Arno Wörz

Die ca. 250 Arten umfassende Gattung *Eryngium* L. wird in diesem Projekt erstmals seit über 90 Jahren als Ganzes revidiert. Neben den klassischen morphologischen Merkmalen werden die Chromosomenzahlen und (im Rahmen einer Kooperation mit J. Kadereit, Mainz) molekulare Ergebnisse einbezogen. Besonderer Wert wird auf die Standortsansprüche der Arten gelegt, die bei umfangreichen Freilandarbeiten untersucht werden. Etwa $\frac{3}{4}$ der altweltlichen Arten sind bereits bearbeitet; diese eurasiatisch-nordafrikanischen Arten sollen im ersten Teil einer Monographie der Gattung publiziert werden.

In Zuge der Arbeiten wurde auch eine neue Gliederung in Untergattungen und Sektionen vorgenommen: die ausschließlich altweltliche Untergattung *Eryngium* lässt sich deutlich von den vier weiteren, überwiegend neuweltlichen Untergattungen *Foetida*, *Fruticosa*, *Monocotyloidea* und *Semiaquatica* abgrenzen. Diese Gliederung beruht überwiegend auf morphologischen Merkmalen, insbesondere auf der Form der Grundblätter. Molekulare Ergebnisse stützen sie teilweise, lassen aber auch interessante Rückschlüsse auf die Evolution der Gattung innerhalb der Saniculoideae zu. Sie legen u. a. eine Aufteilung der Gattung *Eryngium* nahe. Diese scheint paraphyletisch zu sein, wobei wahrscheinlich die vier überwiegend neuweltlichen Untergattungen näher mit *Sanicula* als mit der altweltlichen Untergattung *Eryngium* verwandt sind. Dies kann an Hand der morphologischen Merkmale von *Eryngium* und *Sanicula* durchaus nachvollzogen werden. Untersuchungen zu den Standortansprüchen der einzelnen Arten zeigen, dass die Untergattung *Eryngium* überwiegend an trockenen Standorten vorkommt und innerhalb ihrer Sektionen eine recht hohe Variabilität in der Standortwahl besteht. So sind z. B. Chasmophyten über mehrere Sektionen verteilt, ohne dass eine Häufung erkennbar wäre. Die überwiegend (aber nicht ausschließlich) neuweltliche Untergattung *Semiaquatica* besiedelt feuchtere Standorte, häufig in austrocknenden Gewässern (vernal pools). Bei ihnen ist dagegen eine größere Einheitlichkeit bei der Standortwahl zu beobachten. Sie kommen mit zahlreichen Arten in Nordamerika und mit nur 5 im Mittelmeergebiet vor, wobei sowohl die Chromosomenzahlen, als auch die molekularen Ergebnisse eine Ausbreitung und Radiation vom Mittelmeergebiet aus vermuten lässt.

Abstracts of posters

A morphological and anatomical comparison of two halophytic *Heliotropium* species, *Heliotropium patagonicum* and *H. curassavicum* (Heliotropiaceae, Boraginales)

Maximilian Weigend, Michaela Achatz und Hartmut H. Hilger

Both the sub-cosmopolitan *Heliotropium curassavicum* and the rare Patagonian endemic *H. patagonicum* are herbaceous, glaucous, strongly succulent and halophilous taxa and thus very aberrant for the genus *Heliotropium*. Nevertheless, according to the latest classification these two taxa are placed into two different sections, with *H. curassavicum* in monotypic *Heliotropium* sect. *Platygyne* Benth. and *H. patagonicum* in *H.* sect. *Coeloma* (DC.) I.M.Johnst. Recent molecular results indicate that this placement may be incorrect and are actually sister taxa. Inconsistencies between the molecular and morphological evaluation are probably due to the fact, that very little and poorly preserved material had been available for the morphological study of *H. patagonicum*. We therefore collected this species in Argentina and compared its morphology and anatomy to three currently recognised subspecies of *H. curassavicum*. The aim was to re-investigate the morphology of the two taxa to clarify their relationship and to investigate their specialised morphology in more detail. Leaf, stem and floral anatomy and morphology were studied and the results clearly indicate that a) the two taxa share many probably derived characters and can be considered as closely allied as already indicated by the molecular results, b) they both show various adaptations to their physiologically dry habitats such as massive taproots, unifacial, amphistomatous leaves, relatively thick cuticles and succulent stems, c) that the subspecies of *H. curassavicum* as currently recognised are barely distinguishable, but that species delimitation between *H. patagonicum* and *H. curassavicum* is underscored by anatomical data.

An Old Idea Reconsidered – The “Subcoxaltheorie”

Bäcker, Holger & Fanenbruck, Martin

Recent studies mainly in the field of molecular biology almost unanimously reject the Tracheata as a monophyletic taxon (e.g. Shultz & Regier 2000, Kusche et al. 2001). Instead insects and crustaceans (or at least the Malacostraca) are said to be sistergroups and therefore being closer related with each other than insects and myriapods are. Nevertheless just a few authors (e.g. Dohle 1997) critically discuss the morphological evidence in favour of the traditional tracheata concept.

However, a conspicuous similarity shared by insects and at least chilopods was noticed already by former authors (e.g. Snodgrass 1927) but seemingly this character has completely vanished from the recent debate: Namely the pleural equipment of the trunk segments with a characteristic set of sclerites which seem to indicate the existence of a former limb article proximal to what is called the coxa. We show REM-data that corroborate this so-called “Subcoxaltheorie” and argue that with respect to the crustacean limb segmentation, it might be the coxa which is integrated immovably into the trunk pleurae. Therefore the most proximal limb article in insects and myriapods which is called “coxa” in fact is the basipodite. This is also indicated by the styli at the most proximal limb article in archaeognathan insects which were supposed to be rudimentary exopodites.

If this interpretation is right, the pleural anatomy and especially the integration of a former coxa into the trunk pleurae now forming a set of immovable sclerites, might be a profound synapomorphy of insects and myriapods and therefore would be an additional argument *pro* Tracheata.

**"Introgression or ancient lineage sorting of chloroplast haplotypes?
Divergent phylogenies obtained by AFLP analysis and cpDNA sequencing
of myrmecophytic *Macaranga* species and their allies.**

Gudrun Bänfer, Brigitte Fiala, Kurt Weising

Twenty-eight of the about 300 species of *Macaranga* Thou. (Euphorbiaceae) are obligate ant plants, also called myrmecophytes. To understand the evolutionary background of this system it is necessary to study the phylogenetic origin of both partners, ants and plants. We initiated different types of molecular studies to investigate the phylogeny of the myrmecophytic *Macaranga* species and their allies. Our previous ITS analyses (Blattner et al., Mol. Phylogenet. Evol. 19: 331-344) had demonstrated a close relationship of core myrmecophytes within sect. *Pachystemon*, suggesting a recent radiation. Here we present the results of (1) an AFLP analysis (2) comparative DNA sequencing of several chloroplast non coding regions, including the *atpB-rbcL* spacer region. More than 100 *Macaranga* specimens were studied, comprising 37 species from sections *Pachystemon*, *Pruinosae* and *Winklerianae*, the only sections known to contain myrmecophytes. Both data sets support the monophyly of sect. *Pruinosae* and sect. *Pachystemon*, whereas the phylogeny of sect. *Winklerianae* remains ambiguous. The AFLP trees also suggest a subdivision of sect. *Pachystemon* into four well-supported groups, which we refer to as *bancana*-, *kingii*-, *hypoleuca*- and *puncticulata* group, respectively. Only the *kingii*- and *hypoleuca*- group are also obvious from the chloroplast data. Members of the *bancana*- and *puncticulata*-group form an unresolved polytomy in the chloroplast trees, where the arrangement of species follows a geographic rather than taxonomic pattern. Such a pattern can either be explained by ancient lineage sorting, or by introgression."

“Impoverished and less perfected”?
A molecular phylogeny and zoological geography
of Australian freshwater Thiaridae

Brinkmann, Nora, von Rintelen, Thomas & Glaubrecht, Matthias

Ever since Darwin the strange character of the Australian flora and fauna when compared to the rest of the world has been noted, albeit long and often erroneously conceived of as either “impoverished” or “less-perfected”. Although historically “new” land, Australia is in fact one of the world’s most ancient landmasses. We test whether the continent support a unique and diverse freshwater malacofauna focussing on so-called “thiarid” gastropods compared with taxa from adjacent regions, particular Indonesia and Fiji, and based on morphological and molecular evidence. We present biogeographic and systematic data and suggest to differentiate among Australian freshwater Cerithioidea (i) the Pachychilidae, with *Pseudopotamis* endemic to two Torres Straits Islands (as adelphotaxon to *Tylomelania* endemic to Sulawesi and thus creating a zoogeographical enigma), and (ii) the Thiaridae sensu stricto.

The latter are characterised by several unique morphological features (e.g. shell, operculum, radula, mantle, reproductive anatomy). In addition, a molecular phylogeny based on partial 16S rDNA sequence data suggest a new systematization of these viviparous gastropods. Currently used taxonomy implies that not only species but genera (*Ripalania* and *Sermylasma*, both Iredale, 1943) exclusively occur in Australia. So far our molecular phylogeny suggest that only two lineages are in fact endemic to this continent, viz. *Plotiopsis* (with “*Thiara*” *balonnensis* as type species) and a yet unresolved (and unnamed) *Melanoides/Stenomelania* complex, but not the above mentioned two taxa. Instead, all other Australian thiarids cluster with or within non-Australian taxa and are hypothesised to have colonised rivers here via veligers as dispersal stages.

Schachtelhalm-Kreuzungen der Untergattung *Hippochaete* Eine Revision von Belegen aus Karlsruhe (KR) und Stuttgart (STU)

Thomas Brune

Zwischen den Vertretern von *Equisetum* subgenus *Hippochaete* – *Equisetum hyemale* L., *Equisetum ramosissimum* Desf. und *Equisetum variegatum* Schleich. ex Web. & Mohr – ergeben sich 3 Kreuzungsmöglichkeiten: *Equisetum x moorei* Newm., *Equisetum x trachyodon* (A.Braun) W.D.J. Koch und *Equisetum x meridionale* (Milde) Chiov. Von allen dreien sind natürliche Vorkommen in Mitteleuropa bekannt. Rund ein Drittel der ca. 750 *Equisetum* subgenus *Hippochaete*-Belege stellten sich in der Revision als Kreuzungen heraus. Der Großteil entfällt auf *E. x moorei* (115 Belege) und *E. x trachyodon* (93 Belege). Immerhin 36 Belege konnten jedoch *E. x meridionale* (= *E. ramosissimum* x *variegatum*) zugeordnet werden, einer bisher als verhältnismäßig selten angesehenen Hybride. Anhand des vorliegenden Materials wurde eine Reihe der bei DOSTÁL (1984) genannten Vorkommen in Norditalien und der Schweiz nachvollzogen und darüberhinaus zwei Angaben für Österreich und Frankreich vorgelegt. Erstmals wird das Vorkommen von *E. x meridionale* auch in Baden-Württemberg nachgewiesen. Die Verbreitungsangaben der beiden anderen mitteleuropäischen *Hippochaete*-Hybriden in diesem Gebiet wurden ergänzt und jeweils neue Verbreitungskarten erstellt (Brune 2004).

The body-wall musculature of *Meioherpia atlantica* (Solenogastres: Dondersiidae) and *Helminthope psammobionta* (Opisthobranchia: Rhodopemorpha) primary and secondary molluscan worms

Dirk Eheberg & Gerhard Haszprunar

Outgroup comparison and recent phylogenetic analyses suggest that molluscs were originally small and vermiform animals, and that the Solenogastres are the first molluscan offshoot. In order to compare the original vermiform body with a secondary vermiform body, we compared the body musculature of a solenogastre species, *Meioherpia atlantica* (Salwini-Plawen, Rieger & Sterrer, 1985) and *Helminthope psammobionta* (Salwini-Plawen, 1991), which is an highly adapted, interstitial opisthobranch gastropod. SEM, TEM and immunostaining techniques combined with confocal laser scanning microscopy provided the following results: Both species occur in similar clean sands and locomote slowly by using solely their epidermal ciliation, but *Helminthope psammobionta* can move and retract its body to a much higher extend. The body-wall musculature of both species contains outer ring and inner longitudinal muscle fibres, the latter are (less in *Meioherpia*, very significant in *Helminthope*) strengthened along the ventral side of the body. In general all body muscles are of the smooth type, and in both species there is no trace of an epithelial organization of the body wall musculature. However, whereas intercrossing diagonal (better helicoid) muscle fibres are present in *Meioherpia atlantica*, these are entirely lacking in *Helminthope psammobionta*. Since other worm taxa like turbellarian flatworms, nemertines or interstitial polychaetes also show diagonal muscle fibres, these are considered as a plesiomorphic character of the primary vermiform body of Solenogastres, while the gastropods secondarily lack this character.

It is noteworthy, that the solenogastre shows smooth buccal muscles, whereas all higher Mollusca have buccal muscles of the cross-striated type usually combined with a myoglobin-system of cell-respiration.

Biodiversity of marine sponges (Porifera) near Rovinj (Northern Croatia, Adriatic Sea)

Jochen Gugel, Wolfgang Zucht, Marzia Sidri, Franz Brümmer

The sponge fauna of the Adriatic Sea has been well studied since almost 145 years and is therefore well known. Especially the region around Rovinj was repeatedly investigated since the beginning of the 20th century. During this time 143 sponge-species could be found. Our group could recently add eight new species for the region round Rovinj to a total of 151 species. Due to the fact, that many sponges produce interesting and potential useful chemicals, a new interest in the taxonomy and the diversity of the sponge fauna arose. We used mainly SCUBA-techniques to collect the sponges and documented them through underwater-photographs.

Special emphasis is laid upon the Limski-channel north of Rovinj. This fjord-like bay shows a remarkable biodiversity concerning sponges: 51 species are known from here, among them 35 new records from our group. Most of the sponges were visually determined during diving, in some instances traditional methods for determination were used (morphology of the skeleton and the spicules). In some cases chemical or molecular features had to be taken in account. The difficulty to identify sponge-species correctly is mainly due to the great plasticity and morphological variations of many species. For this reason great accuracy was used in the taxonomical character analysis.

The Earwig (Dermaptera: Insecta) Fauna of Kenya

Haas F*, Holstein J*, Zahm A*, Häuser CL* & Kinuthia W*

A recent travel to Kenya was taken as occasion to examine the Kenyan Dermaptera fauna. This seemed worthwhile because no local earwig fauna of Kenya is available only shorter publication from the 1950ies (Kevan 1952, 1954), data for Kenya's neighbour, Tanzania (Haas & Klass 2003) are available, and an extensive database on earwig distribution exists (see www.earwigs-online.de). According to the National Museum of Kenya Collection and literature, 44 species in 23 genera from 10 families are recorded in Kenya, with 5 endemic and 6 cosmopolitan species. We found another 2 species not previously recorded: *Diplatys ugandanus* Hincks, 1955 and *Haplodiplatys kivuensis* (Hincks, 1951) from Kakamega Forest Reserve. In comparison, Tanzania has a more diverse earwig fauna: 102 species from 34 genera were recorded, with 31 species endemic to Tanzania. 24 of them only occur in the Eastern Arc, marking a centre of earwig diversity. In order to better understand Kenya's earwig fauna, the species numbers for the neighbour states was compiled: Ethiopia has 27 species, Somalia 4, Uganda 55, Rwanda 21, Democratic Republic of the Congo 122. Naturally, different sampling frequencies could account for different species numbers. However, we believe that the relief of Kenya, with large areas above 1500 to 2000 m with moderate to cold nightly temperatures and large, dry areas in the north (cf. Somalia, Ethiopia) are unfavourable conditions for Dermaptera. Hence, smaller countries with humid-hot tropical forests hold a astonishing large no. of Dermaptera-species (cf. Uganda, Rwanda). In conclusion, Kenya has a great diversity of Dermaptera higher taxa but, in comparison to neighbouring countries, few species.

**What is Skeneidae?
Soft Part Morphology of Three Putative Representatives
(Gastropoda: Vetigastropoda)**

Brückner, Martin; Ruthensteiner, Bernhard & Haszprunar, Gerhard*

The current systematics of the vetigastropod family Skeneidae is mainly based on shells and radula characters. However, most authors consider the taxon as polyphyletic and prefer to speak about "skeneimorph Vetigastropoda". In order to provide a better data basis and in particular to define Skeneidae also anatomically, we studied the morphology and anatomy of *Skenea serpuloides* (MONTAGU, 1808), the type species of Skeneidae. In addition, the skeneimorph species *Dilkoleps cutleriana* (CLARK, 1849) and *Cyclostremiscus ornatus*, OLSSON & MCGINTY, 1958 were also investigated. Graphic reconstruction of anatomical features is based on serial semithin sections. Typical vetigastropod features of all species studied are the epipodial sensory organs, a ctenidium with skeletal rods and bursicles, a hypathroid nervous system, a rhipidoglossate radula, two intestinal loops and the penetration of the heart by the rectum, two kidneys with different histology, and eggs with a yolk-rich vitelline coat. "Skeneimorph" characters include a single (left), monopectinate ctenidium, a monotocardian heart at the right side, two kidneys with a right urinogenital opening, and a hermaphroditic genital system with internal fertilization. The anatomy of *Skenea serpuloides* is very similar to that of *Dikoleps cutleriana*, accordingly the taxon Skeneidae can now be anatomically diagnosed in particular by a propodial penis and by the fact that the gametes are produced in separated testis and ovary, whereas a single gonoduct enters the right kidney. In contrast, *Cyclostremiscus ornatus* has separated epipodial sensory tentacles, no penis, and a true hermaphrodite gland.

According to these data only *S. serpuloides* and *D. cutleriana* should be included into the Skeneidae *sensu stricto*, whereas the systematic position of *C. ornatus* within the Vetigastropoda remains unclear.

**Development of the Genital System of *Williamia radiata*
(Gastropoda, Pulmonata, Siphonariidae)**

Schopf, Sabine; Haszprunar, Gerhard & Ruthensteiner, Bernhard

In order to widen the data basis to reconstruct the phylogeny of primitive pulmonate gastropods, the adult anatomy and development of the genital system of the siphonariid limpet *Williamia radiata* (Pease, 1861) was investigated by means of 3D computer reconstruction and visualisation of serial paraffin and resin light microscopical sections. As typical for siphonariids, the adult genital system consists of a single duct, the spermooviduct leading from the nidamental glandular system to the anteriorly located genital atrium with opening. The epiphallic complex with copulatory organ and epiphallic gland as well as the bursa copulatrix also open into the common genital atrium. The genital system develops from three separate anlagen. The posterior anlage appears first at a body length of 0.7 mm and gives rise to the ovotestis and posterior part of the hermaphrodite duct. The anterior part of the hermaphrodite duct, the nidamental glandular complex, the spermatheca with fertilisation pouch, the posterior part of the spermooviduct and the bursa copulatrix with its stalk develop later from the pallial anlage. Finally, the anterior anlage is formed at the right side of the head and gives rise to the genital atrium, the epiphallic complex and the anterior spermooviduct.

This formation of the genital system from three, locally separated anlagen, differs strikingly from that of most other euthyneuran gastropods. In both the opisthobranch nudibranchs and the pulmonate stylommatophorans development proceeds from a single site. A similar pattern like that of *W. radiata* is described from the basommatophoran *Lymnaea stagnalis* only. Based on additional, unpublished data on bullomorph opisthobranchs and ellobiid pulmonates we assume that the mode of genital formation found in *Williamia* represents the plesiomorphic condition for euthyneuran gastropods. Comparison of development with other euthyneurans enables conclusions on homology relations of structures like the lower genital ducts and the bursa copulatrix.

Butterfly Taxonomy on the Internet - the GART / GloBIS Database Projects

Christoph Häuser, Joachim Holstein, and Axel Steiner (Stuttgart)

GloBIS-D is a prototype of a comprehensive information system for butterflies based on extensive taxonomic databases (GART – Global Species Register of Butterflies). Although several continent-wide treatments or catalogues for butterflies are available, no globally comprehensive information source currently exists.

The information generated by GloBIS-D is made available on the internet via a joint database application (SysTax: www.biologie.uni-ulm.de/systax/) for the German GBIF-D node Evertabrata I (Insecta), and via a separate project portal (Science4you: www.s2you.com/platform/projects/globis/home/index.do). The project will incorporate results of the BMBF BIOLOG project „Globales Artregister Tagfalter - GART“ [www.insects-online.de/gartfron.htm] and thereby contribute to data maintenance and update for that project. The GART / GloBIS-D work plan includes the following specific goals:

- (5) Compiling global species check-lists of the families Papilionidae, Pieridae, and Lycaenidae
- (6) Building a comprehensive taxonomic database for these families
- (7) Creating a collection of digital butterfly images (set specimens from collections) for these families
- (8) Digitising and data-basing of primary butterfly type specimens in German museums
- (9) Developing a comprehensive web-based information system (3 levels) for selected species-groups of the above-mentioned families:
 - 1) Illustrated species check-lists with information about general distribution,
 - 2) Species pages with important information in compiled form,
 - 3) Comprehensive information system accessing primary data and original sources.

The GloBIS-D project (Global Butterfly Information System – Germany) is expected to provide a significant contribution to two GBIF work programs, 'Catalogue of Names of Known Organisms (ECAT)' and 'Digitisation of Natural History Collections (DIGIT)'. At the same time it will be a prototype for GBIF's 'Species Bank' program planned for future implementation. The digitisation of collection specimen data, especially type specimens, will be carried out in direct co-operation with the "European Network for Biodiversity Information" (ENBI), funded by the European Commission in support of GBIF.

This project is supported by the GBIF-D program of the German Federal Ministry of Education and Research - BMBF (project ID: DLR 01LI0204; project leader: Dr. C. Häuser; chaeuser@gmx.de), and the Ministry for Science, Research, and Arts of the State of Baden-Württemberg.

Molecular taxonomy of the Mediterranean species of the genus *Aplysina* (Porifera: Demospongiae)

Isabel Heim, Franz Brümmer

Members of the phylum Porifera produce a lot of secondary metabolites for their defence. Many of these substances may be of pharmaceutical use.

The genus *Aplysina* (Porifera: Demospongiae: Verongida: Aplysinidae) is particularly rich in natural substances. Two species are known from the Mediterranean Sea: *Aplysina aerophoba* (Schmidt, 1862) and *Aplysina cavernicola* (Vacelet, 1959). It is still being debated whether *A. cavernicola* is a species of its own or just an ecological variant of *Aplysina aerophoba*, living in caves (Voultsiadou-Koukoura, 1987). Recently we found specimens of *Aplysina* sp. which differs in morphology, biochemistry and ecology from the two formerly described species (Heim, 2003).

At present there are no general genetic markers on species level known for sponges. Therefore we tested the following markers: ITS-rDNA, 12S mtDNA, 16S mtDNA, Cytochrome oxidase subunit I and MNC (mitochondrial noncoding region).

In the case of ITS-rDNA one individual has several copies of this region, showing large differences in the sequences. Therefore it is not useful for species characterisation. The mitochondrial markers 12S, 16S and COI are highly conserved and not suitable to discriminate species but eventually the genus. Only with the MNC we can show that *Aplysina aerophoba* and *Aplysina cavernicola* from different sites in the Mediterranean Sea are two species. The MNC sequence of *Aplysina* sp. is identical with *A. cavernicola*.

Further studies are required to clarify the extent to which parameters influence the physiology, and therefore the metabolic pathways of *Aplysina*.

Phylogenetic position and putative biogeography of three *Tethya* species from aquarium type habitats

Isabel Heim, Franz Brümmer & Michael Nickel

At present the genus *Tethya* (Porifera: Demospongiae: Hadromerida) consists of 56 described species and 40 recognised, but not yet described species (Sarà, 2002). Its geographical distribution is cosmopolitan, predominantly tropic, with the highest biodiversity in the Indo-pacific (Sarà, 1998).

Recently we described three new species from three different public aquariums (Sarà et al., 2001): *T. wilhelma* from aquarium of the zoological-botanical garden Wilhelma Stuttgart (Germany), *T. minuta* from Vivarium of the State Museum of Natural History Karlsruhe (Germany), and *T. gracilis* from Aquazoo – Löbbecke Museum Düsseldorf, (Germany). Though it is presumed for *T. wilhelma* that it was brought to the aquarium during the 1980ies from the Red Sea, the geographic origin is unknown. All three species are white, which is an unusual character, but all three species differ significantly from each other by means of spiculation (sizes and forms) and skeletal arrangement. Their phylogenetic position within the genus *Tethya* was unknown.

To resolve this problem, we built a matrix of morphological and other characters from more than 30 species of *Tethya*. Various character sets of the following types were used (generic terms): general morphology, spicule morphology, skeletal arrangement, histology, ecology and reproduction. The matrix was analysed using PAUP* 4.10, including two demosponge outgroups. All three species assorted within the *T. seychellensis* group, which was not an unexpected result. This result points towards an Indo-pacific origin of all three species.

Further investigations on the molecular phylogeny of the genus *Tethya* using mitochondrial markers in combination with the morphological dataset are planned.

Floral longevity, self pollination and stamen movement in Loasaceae subfam. Loasoideae

Tilo Henning, Christof Schneider & Maximilian Weigend

Loasaceae subfam. Loasoideae has complex flowers with various pollination syndromes and are distributed from sea level to over 4500 m in the Andes. They show a wide range of growth forms, from ephemeral annuals to lianescent shrubs. While a basic understanding of floral function has been obtained in the past few years, many details of floral biology remain unexplored. The present poster provides data on three aspects of floral biology, namely self pollination, floral longevity and stamen movement in the genera *Mentzelia*, *Plakothira*, *Presliophytum*, *Aosa*, *Loasa*, *Nasa* and *Caiophora*, spanning the entire ecological and morphological range of the subfamily Loasoideae. Flower longevity ranges from 6 hrs to > 10 days. Mid-anthetic self-pollination is widespread in *Nasa*, *Caiophora*, *Loasa*, *Aosa*, *Presliophytum* and *Presliophytum*, whereas post-anthetic self-pollination is observed in *Mentzelia*. Self pollination is intimately linked to overall floral morphology and pollination syndrome: Whereas all bee-pollinated taxa are facultatively self-pollinated, the ornithophilous taxa are usually not self pollinated and require a pollinator to deposit the pollen on the stigma. The ability for self-pollination also appears to be linked to habit and habitat, with perennial and shrubby representatives of *Nasa* and *Caiophora* generally not self-pollinating.

Variability in flower morphology and scent composition in a population of the *Gongora quinquenervis* RUIZ & PAVON-complex (Orchidaceae) in Costa Rica

Heiko Hentrich, Gerhard Gottsberger, Günter Gerlach, Andreas Jürgens

The morphology and floral biology of a large population (>100 ind.) of the *Gongora quinquenervis* RUIZ & PAVON-complex (Orchidaceae) in a tropical secondary forest at the Central Pacific coast of Costa Rica was studied. Species of the genus *Gongora* are exclusively pollinated by male euglossine bees. The bees collect floral fragrances that are secreted by specialised tissues. Fragrance composition in *Gongora* is species-specific and each bee species has its own preferences for special fragrance bouquets. Because floral fragrances are primary attractants and resources for pollinators, floral morphology and floral colouring shows much variation without apparent loss of the attractiveness of flowers to the pollinators.

The flowers of the population varied strongly in morphology as well as in fragrance composition. Flower colouring of different individuals ranged from creamy white to dark red, and there were unicoloured as well as densely spotted ones. Within an individual, colours were similar, whereas flower size showed some variation. Considering floral fragrance composition, all flowers contained large amounts of cis- and trans-methyl-4-methoxy-cinnamate which is resubliming on the flower surface as small needle like crystals. With respect to further fragrance compounds and bee species visiting the flowers, it was possible to distinguish two groups in the population. One group was visited mainly by *Euglossa azureoviridis* and *E. variabilis* and its fragrance contained estragole and chavicol. The other group, apparently without these two compounds, was mainly visited by *E. deceptrix*, *E. erythrochlora* and *E. variabilis*. However, it was not possible to distinguish plants of the two groups by their morphology only.

It is suspected that hybridization or sympatric speciation is occurring because all individuals share one visitor, *Euglossa variabilis*. A closer look at the fragrance compounds gives further hints. Besides individuals with large amounts of estragole and chavicol, also plants with small amounts of these substances occur. Estragole is rarely found in floral fragrances of euglossine-pollinated species and is first reported here for the genus *Gongora*. Interestingly, field bioassays with estragole showed no attraction for the euglossine bees.

Survival of foraminifera in the gut of holothuroids from Elba Island (Mediterranean Sea)

Elke J. Goldbeck , Carmen Houben & Martin R. Langer

Detritivorous macroorganisms have important functions in nutrient remineralisation and may exert significant predation pressure on meiofaunal communities. We have examined food excrements of detritus grazing holothuroids off Elba Island (Mediterranean Sea) to investigate whether ingested foraminifera survive the passage through the digestive tract. Our findings provide evidence that some benthic foraminifera pass the complete digestive tract without being harmed by its predators.

The holothurians were collected by scuba diving in the Bay of Fetovaia (SW-Elba Island, Mediterranean Sea) at depths between 10 and 30 metres. The collecting sites are located between dense *Posidonia* seagrass meadows. The holothuroids were identified to belong to three different species of the genus *Holothuria* (*H. tubulosa*, *H. helleri*, and *H. polii*).

The analysis of the holothurian excrements revealed that at least nineteen different species of benthic foraminifera were ingested, and had passed through the complete digestive tract before being excreted by the holothurians. The total number of foraminiferal individuals recovered was 41 and included 11 (56%) perforate and 8 (44%) porcellaneous species. No agglutinated foraminifera or fragments thereof were found within the excrement inspected. Among the taxa retrieved, 13 species were found dead, while 6 species survived apparently without being affected by the digestion process.

The categories of damage are mechanical and/or chemical, and are inflicted to maximise the nutritional value of the proteinaceous components of the test and foraminiferal cytoplasm. Because the foraminiferal tests recovered from the excrement do not show any signs of mechanical damage, it is unlikely that the intestinal system exerts physical pressure or stress on the minute foraminiferal test, as has been reported from the more specialised scaphopod or gastropod feeding apparatuses (Shimek, 1988, 1990; Langer et al., 1995). However, microscopic inspection of the foraminifera recovered from the excrement of the Mediterranean holothuroids did not provide evidence that chemical agents in the digestive system affected the foraminiferal tests. This result would be expected with a comparatively moderate pH value, and the relatively short residence time reported for food items, within the digestive tract in holothurians (approximately 6 to 8 hours, Binyon, 1972; Kaestner, 1963).

Survival of foraminifera passing through the guts of invertebrates has previously not been reported but appears plausible in view of the fact that ciliates and a variety of other organisms also thrive and survive within the digestive and intestinal system of holothuroids (Fechter, 1970). In light of evidence that a comparatively high proportion of foraminifera survive the transport through the digestive tract, it seems unlikely that foraminifera at Fetovaia are specifically targeted as a food resource and therefore do not represent a prime target of the holothuroids. The magnitude of predatory pressure, however, depends on the abundance of both holothuroids and foraminifera for which precise data at the collection site at Fetovaia are not yet available.

Biodiversity in past, present and future joint access to botanical data with GBIF

A. Hahn, A. Kirchhoff, R. Jahn & W.G. Berendsohn

Analysis and prediction of changes in botanical diversity rely on a sound base of data, existing in form of objects in herbaria covering past and present primary organism data. Bringing this wealth of information together with present-day observation data and modern, concept based taxonomical information sources allows the evaluation of biodiversity changes over time, overcoming the impediment of taxonomic change. For example the data access system of the German GBIF Node of Botany facilitates the combination of data stored in Herbaria covering botanical information over a range of more than three centuries with current observation data.

The German GBIF node project for Botany, coordinated by the Botanic Garden and Botanical Museum Berlin-Dahlem (BGBM, Freie Universität Berlin), pursues the following aims:

- 1) Setting up a World Wide Web portal for botanical collections and databases in Germany
- 2) Integrating existing databases and networks by means of a concept-base approach to the taxa represented by collections and observations of plants in Germany, and by creating cross-discipline virtual collections, combining living collections, observational data and herbaria
- 3) Digitising herbarium collections and jointly presenting them in a "Virtual Herbarium"
- 4) Cooperating within the German GBIF system, with other National Nodes, GBIF International and other international organisations.

Advances made so far include, inter alia:

- the connection of several German databases to the international GBIF system using technology developed in the course of the BioCASE project (Biological Collection Access Service for Europe)
- the provision of a preliminary access system to distributed collection databases which is now in use for data access to German as well as for European collection data resources
- the investigation of possibilities for user feed-back from electronic publication of collection data (remote annotation) and its role in collection management

All collection holders, of living as well as conserved collections and of observation data sets, are invited to participate by connecting their databases to the network (<http://www.gbif.de/botanik>).

**A new species of Nannoniscidae (Isopoda) ?
- *Pseudomesus* sp. nov. from the Angola Basin -**

Stefanie Kaiser

The Nannoniscidae Hansen, 1916 are a group of small deep-sea asellotes with a widespread distribution and a broad range of morphologies between the genera (Siebenhaller & Hessler, 1981). It is difficult to clarify the relationships within the family and to separate them clearly from their sisterfamily Desmosomatidae Sars, 1897.

Originally the genus *Pseudomesus* was described as a family (Pseudomesidae Hansen, 1916), later Svavarsson (1988) described species of the genus within the Desmosomatidae. Today, following Wägele (1989), the genus is regarded as Nannoniscidae. There only remains a question mark.

It is the aim of the present study to try to find more or new characters by describing new species for a better understanding of the relationships within the family and the position of the genus *Pseudomesus*.

Morphologische Untersuchungen zur Systematik der Bindenwarane (Reptilia: Varanidae: *Varanus salvator* ssp.- Komplex)

André Koch (Bonn)

Die Systematik und Taxonomie des Bindenwarans (*Varanus salvator*) ist seit der umfassenden Revision der gesamten Varanidae durch ROBERT MERTENS 1942 stark vernachlässigt worden. Denn diese in Südostasien weit verbreitete Spezies gliedert sich mittlerweile in acht anerkannte Unterarten (*Varanus s. salvator* LAURENTI, 1768; *V. s. bivittatus* KUHL, 1820; *V. s. marmoratus* WIEGMANN, 1835; *V. s. cumingi* MARTIN, 1838; *V. s. nuchalis* GÜNTHER, 1872; *V. s. togianus* PETERS, 1872; *V. s. andamanensis* DERANIYAGALA, 1944 und *V. s. komaini* NUTPHAND, 1987) auf.

Anhand der Untersuchung morphologischer wie morphometrischer Merkmale an über 300 Präparaten dieses polymorphen Komplexes aus fast allen Regionen des Verbreitungsgebietes wurde im Rahmen einer Revision, die Taxonomie des Bindenwarans überarbeitet. Wie die statistische Analyse der Pholidose- und Proportionswerte in Verbindung mit einem Vergleich der Färbungs- und Zeichnungsmerkmale der unterschiedlichen Populationen ergibt, lassen sich innerhalb des *V. salvator*-Komplexes zwei geographisch korrelierte Gruppen klar differenzieren. Dies sind zum einen die drei von den Philippinen beschriebenen Taxa *marmoratus*, *nuchalis* und *cumingi* sowie alle Populationen der übrigen Subspezies des Bindenwarans, welche sich als distinkte Entwicklungslinien deutlich gegenüberstehen.

Doch auch die einzelnen (Insel-) Populationen der Nominatform, die das bei weitem größte Areal bewohnt, unterscheiden sich signifikant von einander, so dass tief greifende taxonomische Konsequenzen die Folge sind:

(1) das Taxon *s. salvator* LAURENTI, 1768 muss auf die designierte Terra typica Sri Lanka beschränkt bleiben; (2) für die Bindenwaran-Population Sulawesi wird ein bisheriges Synonym der Nominatform – *celebensis* SCHLEGEL, 1844 – als weitere Unterart revalidiert; (3) das Taxon *cumingi* MARTIN, 1838 von den Philippinen erhält erneut Artstatus und ist in zwei Unterarten – *V. c. cumingi* für die Typuslokalität Mindanao und *V. cumingi* ssp. nov. für die Populationen der Inseln Bohol, Leyte und Samar – aufgegliedert; (4) die beiden übrigen Taxa der Philippinen *marmoratus* WIEGMANN, 1835 und *nuchalis* GÜNTHER, 1872 werden ebenfalls wieder zu eigenen Spezies aufgewertet und bilden einen vielgestaltigen *marmoratus-nuchalis*-Komplex; (5) aufgrund des sympatrischen Vorkommens der Taxa *celebensis* SCHLEGEL, 1844 und *togianus* PETERS, 1872 auf Sulawesi selbst, erhält letzteres seinen ehemaligen Artstatus zurück.

Ein Elektronischer Katalog von Primärtypen der Wirbeltiere in deutschen Forschungssammlungen

Renate van den Elzen, Gerhard Storch, Frank Glaw, Sylke Frahnert und
Peter Bartsch
(vorgestellt von Axel Kwet)

Die Global Biodiversity Information Facility, kurz GBIF, ist eine internationale Initiative, die es sich zum Ziel gesetzt hat, primäre Biodiversitätsdaten für jedermann frei verfügbar ins Internet zu stellen. Das GBIF Deutschland Programm besteht aus sieben Knoten, die sich an größeren Organismengruppen orientieren. Die Aufgabe dieser Knoten besteht darin, die in Deutschland vorhandenen Informationen zur biologischen Vielfalt zu erfassen, zu digitalisieren und durch Vernetzung mit weiteren Datenbanken virtuell zu vereinen. Der Wirbeltierknoten GBIF-D-Vertebrata ist am Zoologischen Forschungsinstitut und Museum Alexander Koenig in Bonn eingerichtet.

Ziel dieses Dreijahresprojektes ist die Erfassung der Primärtypen von Wirbeltieren in deutschen Forschungsmuseen. Der Teilknoten Vertebrata umfasst alle Wirbeltiergruppen: Säugetiere (im taxonomischen Sub-Knoten MAMM-Vert), Vögel (AVES-Vert), Reptilien und Amphibien (HERP-Vert) sowie Fische (PISCES-Vert). Taxonomische Großgruppen mit einem hohen Anteil tropischer Arten werden vorrangig behandelt. Neben der ursprünglichen Namenskombination der Erstbeschreibung, des überprüften Originaltextes und -zitates, einer Geo-Referenzierung der Fundorte und Angaben zur heute gültigen Taxonomie, werden die Typen und deren Etiketten digital erfasst und als Bilddateien zur Verfügung gestellt. Die Bearbeitung und Speicherung erfolgt, nach Wirbeltierklassen getrennt, in ACCESS. Die Daten werden im www über SysTax bereitgestellt und können dort abgefragt werden.

Die Zahl der Wirbeltier-Primärtypen, die in deutschen Forschungseinrichtungen lagern, wurde ursprünglich auf etwa 12. 000 Exemplare geschätzt. Die ersten Monate praktischer Arbeit haben aber bereits gezeigt, dass diese Zahlenangaben zu niedrig geschätzt sind. Viele als verschollen geglaubte Typen sind doch noch vorhanden.

Am Museum für Naturkunde, Berlin, liegt vermutlich die Hälfte allen Typenmaterials mit Ausnahme der Fische, die einen weiteren Schwerpunkt im Zoologischen Museum der Universität Hamburg aufweisen. Im Forschungsinstitut Senckenberg, Frankfurt/M, dem Staatlichen Museum für Naturkunde, Stuttgart, dem ZFMK, Bonn und der Zoologischen Staatssammlung, München werden ebenfalls größere Datensätze erwartet. Das restliche Material verteilt sich auf Museen und Institute in Braunschweig, Bremen, Dresden, Halberstadt, Halle und Hamburg.

Arbeiten im Berichtszeitraum: In den ersten Arbeitsmonaten wurde eine Eingabemaske nach den Vorgaben des IT-Partners und den Wünschen der mitarbeitenden Institute in ACCESS programmiert, die Sammlungen nach Typenmaterial durchforstet und anhand von Erstbeschreibungen nach Taxa geforscht.

Die Primärnamen waren auf ihre heutige Gültigkeit und Aktualität zu überprüfen, Fundangaben, Sammler usw. in der Datenbank abzulegen. Die Typusexemplare und ihre Etiketten sind digital zu erfassen und ebenfalls in die Datenbank einzugeben. Je nach Tiergruppe sind etwa 10 – 25 Prozent der Typen erfasst.

***Oelandocaris oelandica*, the possible earliest stem-lineage crustacean**

Andreas Maas, Martin Stein and Dieter Waloszek

Oelandocaris oelandica Müller, 1983 was originally described from a single limb-less fragment found in 'Orsten' limestones of Upper Cambrian age from the Isle of Öland, Sweden. It has been affiliated with the Crustacea on the basis of its general design, particularly the shallow head shield with a frontal rostrum but short lateral and no posterior extensions (Müller 1983). Six additional specimens with preserved appendages discovered subsequently permit a detailed reconstruction of this approximately one millimetre long arthropod. The most significant features of *Oelandocaris* are: a shallow long hypostome with a pair of lobes anteriorly (median eyes?); a huge antennula subdivided into three long, spine-bearing outgrowths; two subsequent limbs differing from the series of posterior limbs in having segmented exopods (with inwardly-oriented setation) rather than paddle-shaped exopods. The three anterior appendages were likely involved in food gathering and intake, while the six posterior limbs may have served mainly for swimming. The hypostome with exposed mouth at its rear, the lack of a labrum and the lack of fine setulation in the mouth area suggest a position of *Oelandocaris* in the stem lineage of Crustacea sensu Walossek & Müller (1990), and the characteristic proximal endite, one of the autapomorphies of Crustacea, is developed only in the third limb (named mandible in the in-group crustacean taxon Labrophora = Phosphatocopina + Eucrustacea; see Siveter et al. 2003; Maas et al. 2003). *Oelandocaris* may, hence, be regarded as the earliest representative of stem-lineage crustaceans discovered so far in the 'Orsten'. The striking similarities to the anterior three appendages of the "shell-bearing" co-existing fossil arthropod *Agnostus pisiformis* (Wahlenberg, 1818), traditionally interpreted as a diminutive trilobite, raises again the question if the specialisation of these appendages characterise early phase in the evolution of Crustacea, which would bring, as a consequence, the agnostids closer to the crustaceans (see Walossek & Müller 1990).

Diversität und Ökologie endemischer Nagetiere (Muridae: Nesomyinae) im „Drachenbaum-Regenwald“ von Ost-Madagaskar

Kathrin Marquart

Isoliert vom afrikanischen Kontinent, führt Madagaskar seit Millionen von Jahren ein evolutionsbiologisches Eigenleben. Bezeichnend ist die einzigartige, in hohem Maße endemische Tier- und Pflanzenwelt. Darüber hinaus ist die Insel eine der artenreichsten der Erde und wurde von der IUCN als „megadiversity area“ in die höchste Schutzkategorie gestellt. Mit der Besiedlung der Menschen vor rund 2000 Jahren begann die Abholzung: Über 90 Prozent aller Primärwälder sind bereits verschwunden. Im regenreichen Osten der Insel liegt der 1600 Hektar große „Drachenbaum-Regenwald“ von Maromiza. Dieses Schutzgebiet, mit charakteristischen Drachenbäumen, bildet ein wichtiges Bindeglied im Netzwerk der letzten bestehenden nördlichen und südlichen Regenwälder. Im Rahmen eines Projektes zur Erfassung der Vögel -und Kleinsäugerfauna, ergaben die endemischen Nagetiere aus der eigenen Unterfamilie der Madagaskar-Ratten (Nesomyinae) folgende Ergebnisse: Von den neun bisher bekannten Quastenschwanzratten (*Eliurus*) konnten drei bekannte Regenwaldarten (*E. minor*, *E. webbi*, *E. tanala*) und eine vermutlich unbeschriebene Art (*Eliurus spec.*), sowie die bodenbewohnende Östliche Rote Waldratte (*Nesomys rufus*) und die seltene Voalavoanala (*Gymnuromys roberti*) im Drachenbaum-Regenwald gefunden werden. Erstmals für diese Region wurden morphologische Unterschiede und Habitatpräferenzen der Nesomyinae untersucht und mit den unterschiedlichsten Mikrohabitaten in Beziehung gesetzt. Diese spezialisierten Madagaskar-Ratten nutzen verschiedene Bereiche im Regenwald: Von Lianen bewachsene Bäume über verzweigtes Unterholz bis hin zum Boden. Sie wurden in der Nähe von Wasserläufen, in sumpfigen Senken, an trockeneren Hängen und auf nebligen, mit Flechten und Moosen bewachsenen Bergrücken unterhalb der Baumgrenze bis 1200 m Höhe gefangen. Die abgeholzten, bewirtschafteten Kulturflächen in der Nähe von menschlichen Siedlungen waren dagegen artenarm. Hier dominiert die eingeschleppte Hausratte (*Rattus rattus*). In den nächsten Jahren wird die 2003 begonnene Forschungsarbeit fortgeführt, u.a. soll untersucht werden, wie sich die dort geplante Wiederaufforstung auf die Artendiversität auswirkt.

Molecular phylogenetic relationships and ecology of *Pristionchus* species

Werner E. Mayer, Matthias Hermann, and Ralf J. Sommer

The nematode *Pristionchus pacificus* has been developed as a satellite organism in evolutionary developmental biology by comparing various developmental processes to the model organism *Caenorhabditis elegans*. Our knowledge of the ecology and natural habitats of the nematode genus *Pristionchus* (family Diplogastridae) is rather scarce. The same is true for the number of *Pristionchus* species and their phylogenetic relationship. Recently, more than 30 strains from around the world were collected and grouped into six species by mating experiments and ITS sequence analysis. Several of the isolates in Europe were associated with may bugs (or cockchafers). In the present study we investigate this interaction in more detail in representative collections of beetles from various European geographical sites and extend the molecular analysis of the *Pristionchus* samples using the small subunit ribosomal RNA (SSU) for the definition of species as molecular operational taxonomic units (MOTU). More than 200 new nematode isolates associated with scarab beetles were characterised and classified into three known and one new *Pristionchus* species, as well as into members of the genera *Diplogasteroides* and *Koerneria*. The putative associations of beetle and nematode species will be described.

GBIF-Germany, Evertabrata II: A database on Chelicerata, Myriapoda and Mollusca types housed in German natural history museums

Gerhard Haszprunar & Roland Melzer

In German natural history museums, a high number of chelicerate, myriapod and mollusc type specimens is housed (> 30.000). Many of these are part of historical collections of high importance for biodiversity research (e.g., the Verhoeff collections in Berlin and Munich). Within the Global Biodiversity Information Facility (GBIF) the scope of the Evertabrata II – projects is twofold:

(1) to establish a coordinated Germany-wide database on type specimens, hence an information system on the original names, the current naming, the type locality, the actual placing of the material and its preservation status, a digital image of the type and its original label, and primary as well as secondary literature. Connected to this, type-revisions, clarification of type-conflicts and restoration of the collections will be provided by the collaborating institutions.

(2) to establish a www-portal via the SYSTAX-database (J. Hoppe, Ulm) so that these data can be searched at once from all over the world.

The subprojects are as follows (see also Bohn et al. 2003, Glaubrecht et al. 2003): TYTEARBBER (Jason Dunlop and Anja Friederichs; Berlin) and TYTEARFIS (Peter Jäger; Frankfurt) work on Chelicerata types, TYMUNAC (Jens Bohn and Roland Melzer; München) on Acari, GLOMYRIS (Jörg Spelda and Roland Melzer; München) on Myriapoda, and MOTYBER (Matthias Glaubrecht and Frank Köhler; Berlin), MOTYFIS (Ronald Janssen and Eike Neubert; Frankfurt) and MOTYMUNHACIS (Michael Schrödl and Thomas Knebelberger, München; Bernhard Hausdorf, Hamburg; Vollrath Wiese, Cismar) on Mollusca.

The node Evertabrata II of GBIF-Germany provides high-ranked information on types housed in German natural history museums. In the future we will add a wide set of general biodiversity data and contribute to global information systems on the given taxa according to the species bank concept. Thus the whole field of biological science connected to molluscs and terrestrial arthropods will profit considerably.

Relationships within tuberous Periplocoideae (Apocynaceae) from Africa and Madagascar

Ulrich Meve & Sigrid Liede-Schumann

Representatives of nearly all African and Malagasy genera of Periplocoideae possessing root tubers were investigated. Analysis of the sequence data from two non-coding molecular markers (ITS region of nrDNA and trnT-L and trnL-F spacers and the trnL intron of cpDNA) give support that root tuber formation is clearly a derived state in Periplocoideae, but possibly of multiple origin. For the always tuberous Raphionacme (incl. *Pentagonanthus*) a broad taxonomic concept is to be applied. Together with *Schlechterella*, which is sister to Raphionacme, all Raphionacme-like taxa form a monophyletic group of somewhat diverse species. Sister to this *Schlechterella* / Raphionacme clade (the “Raphionacme s.l. clade”) is a clade comprised of *Stomatostemma* and the vine *Mondia*. All these tuberous taxa (the “tuberous clade”) occupy the terminal position of the cladogram. In the analysis combining all sequence data, sister to the “tuberous clade” is a clade formed by non-tuberous *Periploca* and the also tuberous *Petopentia natalensis*. *Ischnolepis graminifolia*, however, recently considered congeneric with *Petopentia* on the basis of root tuber, stem and flower morphology, is isolated from the other tuberous taxa and weakly associated with the Malagasy *Petopentia* and *Camptocarpus* according to the cpDNA data. In consequence, the recent inclusion of the monotypic South African *Petopentia* in the monotypic Malagasy endemic *Ischnolepis* is to be rejected. Since the non-tuberous Malagasy *Camptocarpus* is basal in the ITS and the combined analysis, a Malagasy origin for Periplocoideae can be discussed.

Verbreitungsmuster ausgewählter Gattungen der Flora Chiles: Refugialhabitate in einem florenhistorischen Übergangsgebiet

Andrés Moreira-Muñoz

Zentral Chile wird wegen seiner komplexen Florengeschichte schon lange als Übergangsgebiet anerkannt, das durch eine Mischung von neotropischen, australischen, andinen und endemischen Elementen charakterisiert wird.

Die florenhistorisch entscheidende Epoche ist das Tertiär. Damals erhielten die Kontinente ihr heutiges Aussehen. Die Anden wurden herausgehoben und die Blütenpflanzen entfalten sich geradezu explosiv.

Als Ergebnis wurden die ursprünglichen Verbreitungsflächen in einzelne „Inseln“ fragmentiert, was auf verschiedenen Maßstabsebenen zu beobachten ist. Im südamerikanischen Bereich ist die pazifisch-atlantische Disjunktion des tropischen Elements besonders wichtig. Sie findet im Pliozän statt, im Zusammenhang mit der kräftigen Erhebung der Anden, welche auch Grund für die Genese der ariden Diagonale ist. Ergebnis dieser geologischen Ereignisse ist die Disjunktion von vielen Gattungen die heute in Central Chile und Südbrasilien vorkommen: *Araucaria*, *Podocarpus*, *Azara*, *Crinodendron*, *Alstroemeria*. Auf regionaler Maßstabsebene erkennt man auch Reliktstandorte aller phytogeographischen Elemente die am Ende des Pleistozän durch die Vergletscherung an die Küste verdrängt wurden. Das gilt z.B. für die austral-asiatische Gattung *Nothofagus* und *Aextoxicon*, einem Endemiten der temperierten Wälder Chiles/Argentinien. Viele endemische Gattungen haben sich wahrscheinlich in dieser Zeit entwickelt. Auf lokaler Ebene kann man auch die engen Verbreitungsmuster verschiedener Gattungen erkennen, wie sie z.B. für die Gattungen *Calceolaria* und *Alstroemeria* charakteristisch sind.

Die Beziehungen zwischen Arealmuster und Artenbildung lassen uns viele Fragen stellen: Bedeuten enge Verbreitungsmuster eine schnelle Artbildung? Oder kann man allopatrische vs. parapatrische Artbildung in vielfältigen Gattungen unterscheiden? Als Beispiel wird die Gattung *Adesmia* gezeigt, deren Vielfaltszentrum in zentral Chile und Argentinien liegt. Bedeutet das nun, dass dort auch das Zentrum der Artbildung ist, oder bildet im Gegenteil diese Konzentration von Arten eine Reliktzone? Solche Fragen bleiben noch offen als Herausforderung für die interdisziplinäre Arbeit, die im Rahmen der botanischen Systematik und Phytogeographie entwickelt werden kann.

Molecular Systematics and population genetics of the Saker Falcon (*Falco cherrug*)

F. Nittinger, E. Haring, W. Pinsker, A. Gamauf

The Saker Falcon (*Falco cherrug*) is distributed from Eastern Europe to Central and Eastern Asia and belongs to the Hierofalcons. The other taxa of this species-complex are *F. biarmicus* (Africa to Near East and Southern Europe), *F. jugger* (Indian subcontinent), and *F. rusticolus* (circumpolar). It was the aim of the present study to investigate the phylogenetic position and the phylogeographic history of the Saker Falcon, as well as the genetic structure and interspecific gene flow of present populations.

Sequence variation was determined in non-coding regions of the mitochondrial (mt) genome (control region). In addition, seven microsatellite loci were analysed. About 160 Hierofalcon specimens covering the whole distribution ranges were studied to reconstruct the most likely phylogeographic scenario for this complex of closely related species. The phylogenetic analysis revealed two main mtDNA lineages within *F. cherrug*: Europe with southwestern Asia, and northeastern Asia, respectively. In the latter lineage haplotypes are shared between *F. cherrug* and *F. rusticolus*. The two taxa have a nearly allopatric distribution and there is no documentation of recent natural hybridization. Therefore, the results suggest that hybridization between the two taxa must have occurred during glacial periods. The sequences of *F. biarmicus* do not form a monophyletic group in our tree, but instead appear at the base of both clades. *F. jugger* is placed among specimens of *F. biarmicus*. Interestingly, within each of the clades only little phylogeographic structure was detected. In both clades sequence diversity is rather low. The only exception is *F. biarmicus* in which high haplotype variation was observed. This could be taken as indication of an African origin of the Hierofalcon-complex.

The microsatellite loci confirm the paraphyly of both *F. biarmicus* and *F. cherrug* revealed by the mitochondrial sequences. The present populations of *F. cherrug* show only little geographic differentiation. Some alleles in western populations (Eastern Europe) indicate introgression from East Asian populations or *F. rusticolus*. This is probably a more recent event and probably man-induced.

***Lithospermum* (Boraginaceae) in South America**

Maximilian Weigend, Hartmut H. Hilger & Nicolai Nürk

Boraginaceae tribe Lithospermeae are distributed over the entire northern hemisphere and both Andean South America and the afro-montane Region. The South American representatives are currently considered as members of the genus *Lithospermum*, whereas the North American representatives are segregated into various genera, such as *Onosmodium* and *Lasiarrhenum* on the basis mainly of floral morphology. Field studies and microscopic work was carried out on the South American taxa to a) establish species limits and b) investigate whether morphological genus limits are consistent in the New World, i.e., whether the South American taxa are really morphologically coherent with typical *Lithospermum* in North America. As a result of this study 10 native species of *Lithospermum* are now recognised for South America (i.e., 5 undescribed ones) and the range of known character states is considerably expanded. Five of the 10 South American taxa are found in the so-called Amotape-Huancabamba zone in northern Peru, and four of them are endemic to that region. Also, the morphological data obtained strongly indicate that the affinities of some South American taxa with shrubby habit and large, yellow corollas are not with *Lithospermum* sensu strictu, but rather with the North American segregate genera *Lasiarrhenum* and *Onosmodium*. Apparently four different lineages of *Lithospermum* migrated into South America. Genus limits of *Lithospermum* are evidently in urgent need of systematic revision with an emphasis on phylogenetic data.

Building the Global Biodiversity Facility (GBIF) - 3 years down the road

W. G. Berendsohn & S. Oehlschläger

The mission of the Global Biodiversity Information Facility (GBIF) is to make the world's primary data on biodiversity freely and universally available via the Internet. GBIF works on the development of worldwide capacity to access the vast amount of already existing biodiversity data by means of an interoperable network of biodiversity databases and information technology tools. The globally co-ordinated approach provides the framework for a rapid expansion of the network and is opening new possibilities for the utilisation of research data.

GBIF was founded in 2001. In June 2004, participation has grown to 40 countries and 26 organisations committed to contribute data to the GBIF information structure and to work towards an interoperable network. An important aspect is the sharing of biodiversity data with the countries of origin of the materials in collections. The total number of objects in natural history collections world-wide has been estimated at 1.5 billion. The international GBIF-Portal (www.Gbif.org) is already providing access to more than 24 million specimen-data records from 64 data providers, and the amount of data is constantly increasing. For simultaneous data access, GBIF makes use also of software developed in Germany in the course of the EU-funded BioCASE project (Biological Collection Access Service for Europe). Other European projects such as ENBI (European Network of Biodiversity Information) also join forces with European institutions and GBIF Nodes to mobilise biodiversity information resources.

The German federal government makes a substantial annual contribution to support the running of the international GBIF Secretariat and the GBIF work program. To foment the national contribution, GBIF Germany (GBIF-D) has been set up as a system of seven Nodes, each responsible for a range of taxonomic groups. The involved 48 institutes look after 64 funded sub-projects and already contributed more than 3,500,000 specimen and observation records to the GBIF network.

Universal availability of global primary biodiversity data and effective data access can help to focus on the filling-in of the huge gaps in knowledge that still exist. It will influence the setting of priorities for research and conservation management and foster the linkage of data systems on all levels of biodiversity, from molecule to ecosystem.

The German GBIF Node for Mycology

Dagmar Triebel, Wiltrud Spiesberger, Markus Weiss
(vorgestellt von Susanne Oehlschläger)

The GBIF-D Node for Mycology is housed at the Botanische Staatssammlung München, providing online access to biodiversity data of fungi including Myxomycota and lichens. The actual focus is on geo-referenced specimen data and structured descriptive data at species level. Furthermore, an index of myxomycete names is technically improved in collaboration with the National Herbarium Madrid and the LIAS index of lichen names is offered as joint effort together with international projects as Species 2000. GBIF-D Mycology acts as combined participant and multiple data node within the international framework of the Global Biodiversity Information Facility (GBIF). It supports data providers with technical as well as scientific advice and builds up a sustainable infrastructure that guarantees to the supporting node institution some perspective with regard to the long-term maintenance of the GBIF infrastructure.

The German mycological network started in 2002 with nine partner institutions and eleven projects. The general concept is to collect and present online a large amount of high quality data especially from ecologically and commercially important organisms. Five projects are focused to the optimization and extension of already existing initiatives and information systems with data of high value for applied research (e.g. identification tools of DEEMY, www.deemy.de and LIAS, www.lias.net). Four projects are housed at major herbaria and devoted to the databasing of specimen data (Berlin, Görlitz, München, Tübingen). The database structure is based on the Diversity Workbench database suite, being partly based on developments accomplished during GLOPP project (BIOLOG Biodiversity Informatics). A special Diversity Workbench project is devoted to the GBIF relevant design of database applications.

The GBIF-D Node for Mycology is administered on a centralised cluster of servers with combined Linux and Microsoft platforms. It represents an IT structure for data storage, access, and database interoperability, a project management system for special requirements of the node, builds up web interfaces, installs wrappers, web services and offers tailored information to GBIF International. A bilingual internet portal for user access and service information is designed and offered under www.gbif-mykologie.de and www.gbif-mycology.de.

Skeletal development in *Talpa europaea*, the common European mole

Jan Prochel

An ontogenetic series of 22 cleared and stained prenatal specimens of *Talpa europaea* were used to document the skeletal development. Special emphasis was laid on the sequence of ossification of the postcranial elements. In the carpus of *Talpa europaea* two sesamoids of the third finger appear before all other elements of the hand. In most stages of examined a chondrogenetic Anlage of an element appears, which is homologised with the precursor of the adult patella. Data of *Sus scrofa* were taken from a dissertation (Stöckli 1922). The relative sequence of ossification of postcranial elements in *Talpa europaea* was compared with that of 11 other therian mammals, including new data on the marsupial *Trichosurus vulpecula* and published information on *Sus scrofa* previously not considered in studies of this kind. Three outgroups (Alligator, Chelydra, and Lacerta) were used in the analysis. Using the event-pairing method shifts in the onset of ossification in both *Talpa* and *Sus*. In the mole the ossification of the caudal vertebrae starts before the metatarsals. In *Homo* and *Sus* the tarsals ossify before the pubic bone. These shifts in the sequence of ossification are unique among the mammals examined.

Phylogeny of Bolivian *Fosterella* species revealed by non-coding chloroplast DNA sequences and AFLPs

Martina Rex, Pierre L. Ibisch, & Kurt Weising

The majority of species of the neotropical genus *Fosterella* (Bromeliaceae) are found in semiarid to humid habitats of the Andean slopes and valleys of Bolivia. Numerous new taxa have been described in the past decade, raising the number of known *Fosterella* species to about 30. *Fosterella* plants are mesophytic terrestrial herbs with small and inconspicuous flowers. Morphological differentiation of species is difficult due to a paucity of characters, and little is known about the intrageneric phylogeny (Ibisch et al., *Selbyana* 23: 204-219, 2002). Traditionally, *Fosterella* is included in the subfamily Pitcairnioideae, but recent molecular data have challenged this classification (e.g., Horres et al., *Plant Biol.* 2: 306-315, 2000). Whereas the monophyly of the genus is generally accepted, sister group relationships of *Fosterella* within Bromeliaceae are ambiguous. To analyse the phylogeny of *Fosterella* at the species and genus level, we have initiated a molecular phylogenetic study based on AFLP markers and comparative sequencing of non-coding chloroplast DNA. From the results of these studies, we expect answers to the question whether the speciation processes in this genus are the result of an adaptive radiation in an ecologically very diverse region, or simply followed 'historical accidents', such as the evolution of mountain chains or single long-distance dispersal events.

Convergences in shell morphology and radula structure within the Helicinidae (Mollusca: Gastropoda: Neritopsina)

Ira Richling

The Helicinidae represent a family of land snails that have evolved to this mode of life independently from the pulmonates and groups within the caenogastropods. Earliest fossil findings of Helicinidae or the related Proserpinidae are known from the Tertiary, both in America and Europe. PIERCE & RASMUSSEN 1989 report the genera *Waldemaria*, *Hendersonia*, *Helicina* and *Lucidella* for the Miocene in America. *Dimorphoptychia arnouldii* (MICHAUD 1837) from the Lower Tertiary and *Proserpina woodwardi* PREECE 1981 from the Eocene were for example mentioned for Europe (PREECE 1981). The presence of different genera in the Miocene suggests a much earlier diversification. Recently, the Helicinidae are restricted to the subtropical and tropical zones of two distinct regions, i. e. the New World and the islands of the Pacific and Indopacific and margins of the Australian and Asian continents as well, being completely absent from Europe (and Africa).

Within these different evolutionary lines and distinct geographical regions the adaptation to similar habitats has led to astonishing convergent developments in shell and radula morphology. Examples given include species from the genera *Alcadia*, *Calybium*, *Geophorus*, *Helicina*, and *Priotrochatella*. In the past, the application of parameters of both characters to systematics has led to considerable confusion. Arguments for the present assignation of the species included here are mainly based on characteristics of the embryonic shell and the female reproductive system (reviewed by RICHLING 2004).

In addition, the presentation highlights one striking example of convergence in features of shell and periostracum in small, ground-dwelling neritopsines and pulmonates, i. e. *Alcadia (Microalcadia) hojarasca* (RICHLING 2001) (Helicinidae, Costa Rica) versus *Acanthinula aculeata* (O. F. MÜLLER 1774) (Valloniidae, Europe).

Microanatomy and ultrastructure of the cephalic tentacles of the Hygrophila (Pulmonata: Basommatophora)

Ina-Maria Rückert, Dirk Eheberg & Gerhard Haszprunar

The phylogeny of the Hygrophila (higher Basommatophora) is still controversially discussed. In order to widen the data-basis, we studied the cephalic tentacles of representatives of Latiidae, Acroloxidae, Planorbidae, Ancyliidae, Physidae and Lymnaeidae. The tentacles had not been given much attention by former authors. We applied light microscopy as well as TEM, SEM and immunocytochemical staining techniques combined with confocal laser scanning microscopy, specific attention was given to the muscle system. *Ovatella firminii* (Eupulmonata, Ellobiidae) was selected as outgroup.

The species within the taxon Hygrophila show high uniformity concerning the cytology and ultrastructure of their tentacles, whereas they clearly differ in microanatomy. Along with overall cytology, all families share a muscular system within the tentacles, which enables the organs to contract, but not to retract and invaginate, as well as the tentacular nervous system without specific tentacle ganglia. The differences are of quantitative rather than qualitative nature. The Planorbidae (but not Ancyliidae) show the highest complexity within their tentacles being endowed with an inner muscular cylinder, which is not found among the other families. The cephalic tentacles of Ancyliidae and Lymnaeidae are characterised by wide haemolymph sinuses, while those of Axroloxidae and Latiidae are almost completely filled with connective tissue cells. The tight connection of muscles and nerve cells is particularly remarkable in the Physidae.

Although most features of the hygrophilan cephalic tentacles are non-informative for higher phylogenetic considerations, certain apomorphic features (e.g. the inner muscular cylinder in the Planorbidae sensu stricto) will help to resolve family relationships within the Hygrophila.

**Phylogenetic studies on *Trichogramma aurosum* Sugonjaev & Sorokina
(Hymenoptera: Trichogrammatidae)**

Samara R.Y., Monje J.C. & Zebitz C.P.W.

Taxonomy and phylogeny of *Trichogramma* is often critical due to the fact that proper species discrimination can only be achieved by male morphology. Cryptic species, particularly when only females are available (in case of parthenogenetic species or strains) are common in this genus with consequences for practical purposes like biocontrol. The ITS2 (internally transcribed spacer 2) region of the rDNA was used to assess the identity of *Trichogramma* strains collected on eggs of *Nematus tibialis* (Hymenoptera: Tenthredinidae) from different locations in Middle Europe. Amplified products were identical in length (ca. 500 bp), and sequences showed a high percent similarity (> 96%) and no cryptic species could be detected in the samples.. Parsimony analysis of ITS2 sequences rendered *T. aurosum* together with *T. alpha* Pinto and *T. sibiricum* Sorokina. All three species belong to the *exiguum*-section and have been recovered from eggs of hymenopteran hosts, thus suggesting that they might have evolved from a single ancestor. Relationship with other species of the *exiguum*-section are presented and discussed.

***Tetramorium tsushimae*, a new invasive ant in North America**

Florian M. Steiner, Birgit C. Schlick-Steiner, James C. Trager, Gray Summit, Karl Moder, Matthias Sanetra, Erhard Christian, Christian Stauffer

A new invasive species of the ant genus *Tetramorium* is reported from the United States of America, where it has been found in parts of Missouri and Illinois. Both molecular and morphological investigations show that these populations are closely allied to *Tetramorium tsushimae* Emery, 1925, a species native to East Asia. According to mitochondrial DNA sequences the US-invasive populations originated from Japan. We provide RFLP and worker morphometrics as tools for the reliable determination of this species. In its introduced range *T. tsushimae* forms polygynous-polycalic nest associations, thus having the potential to become a major pest species if not controlled properly.

Molecular barcoding with restriction enzymes for species identification in tardigrades

Ralph O. Schill, Franz Brümmer and Günther Steinbrück

The study of species of the phylum Tardigrada presents a general problem which is frequently encountered in the study of small invertebrates. Due to their small size and their relatively uniform morphology only few morphological characters can be detected which may allow a definite identification of the species. In some cases closely related sibling species seem to be undistinguishable by classical morphological methods. Using a molecular barcode, derived from single-species polymerase chain reactions (PCR) and sequencing of the complete small subunit ribosomal RNA (18S rRNA) gene, we have developed a molecular taxonomic tool for identification of tardigrade species. The 18S rRNA of different species of the families Echiniscidae, Macrobiotidae and Milnesiidae were sequenced and analysed together with 18S rRNA sequences of the families Echiniscidae, Macrobiotidae, Hybsibiidae, and Milnesiidae available on *GenBank*. On the basis of the obtained sequences restriction fragment patterns can be predicted. We could show that the variation in positions and numbers of restriction sites obtained by standard restriction fragment analysis on agarose gels can be used successfully for taxonomic identification on different taxonomic levels. The simple restriction fragment analysis provides a fast and convenient method of molecular barcoding for species identification in tardigrades.

Labyrinth evolution and phylogeny in Diprotontia (Mammalia: Marsupialia)

Thomas Schmelzle, Marcelo R. Sánchez-Villagra

The inner ear of vertebrates serves as both a sound and a balance sensory system. Although the labyrinth has been well-studied with respect to its function, there have been no systematic morphometric studies of the Marsupialia to relate labyrinth morphology to habitat (terrestrial *versus* arboreal). Taking into account previous functional work allows us to hypothesise about the forces that directed the evolution of the marsupial vestibulocochlear system. Skulls from 8 species representing 5 of the 10 extant Diprotontia families and one from *Caluromys philander*, for outgroup comparisons, were examined with high resolution Computer Tomography. The relative sizes and spatial arrangements of the semicircular canals and the cochlea were indicated, statistically compared and phylogenetically interpreted. Results show that there has been a change both in the size and the relative arrangement of the semicircular canals that maps onto the ecological change from arboreality to terrestriality. *Drocopsis* is a morphological transitional state in the Macropodidae between the purely arboreal *Dendrolagus* species and the purely terrestrial genera such as *Macropus*. In particular, there are differences in the height of the anterior semicircular canals in relation to the posterior semicircular canals. *Vombatus* shows a morphologically highly derived labyrinth. The plesiomorphic condition is represented by *Caluromys* where the connection of the lateral and the posterior semicircular canals that extends into the vestibulum is fused.

Autopodial diversity in hystricognath rodents

S. Schmid, M. R. Sánchez-Villagra

In this study metapodials and phalanges were measured for the hands and feet of 197 specimens belonging to 45 extant species, encompassing the complete radiation of the Hystricognathi. The measurements were combined to create seven characters describing proportions between hand and foot, between the individual manual and pedal rays respectively, and the intrinsic proportions of manual or pedal rays. These characters were mapped on a phylogeny summarizing recent molecular and morphological studies. An aim of this work was to examine to what extent the autopodial characters coincide with the preexisting phylogeny and furthermore, whether they are able to give indications of unsolved phylogenetic relationships. Regarding this, the most important result was that two of seven characters unambiguously support a clade containing *Kannabateomys amblyonyx*, *Echimys* spp. and *Makalata armata* in a previously unresolved part of the tree. The functional link between locomotor function and skeletal morphology of the investigated portion of the autopodium was assessed. Published behavioural observations are used to assign the species to six broad locomotor categories: arboreal, scansorial, cursorial, terrestrial, fossorial and semi-aquatic. The correspondence between locomotor type and morphometric indices was examined with graphical bivariate analysis. Results demonstrated that some autopodial proportions served to clearly distinguish the cursorial, arboreal and fossorial forms. Arboreal hystricognaths exhibit autopodials where the combined proximal and intermediate phalanges are longer than the metapodials, whereas the cursorial taxa differ from other locomotor types in that metapodials make up at least two thirds and proximal plus intermediate phalanx make up less than a third of the total digital ray length. The fossorial locomotor type show relatively long second manual rays, whereas the extension of the fourth ray is a feature of arboreal hystricognaths.

Revision of the Genus *Minthostachys* Grisebach (Lamiaceae)

Alexander N. Schmidt-Lebuhn

Minthostachys is a genus of aromatic shrubs growing at middle elevations along the Andes from Venezuela to Northern Argentina. It was last revised by Epling (Rep. Spec. Nov., Beiheft 85: 162-168. 1936) who treated it as comprising twelve species, but even then he found his key unsatisfactory and the species delimitations vague. In 1963, Epling and Játiva expressed the suspicion that hybridization and polyploidy might be responsible for the notorious plasticity of *Minthostachys* (Brittonia 15: 366-376). Since then a wealth of new collections has been made, but the group remains in need of a new taxonomic treatment.

Minthostachys might also be of interest because of its unresolved relationship to new world *Satureja* s. l., a group whose phylogeny is currently studied by several systematists and which has recently been placed in *Clinopodium*.

The current study, which hopes to contribute to the understanding of the evolutionary history of the diverse Andean flora, aims at producing a new taxonomic and systematic treatment of this interesting group. The working plan includes the examination of morphological characters, chromosome counts and a molecular analysis based on the AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) method and ITS sequences.

Untersuchungen an Otolithen (Lapilli) rezenter Karpfenfische und das Ende von „genus *Cyprinidarum* sp.“

Tanja Schulz-Mirbach & Bettina Reichenbacher

Rezente und fossile Teleostei weisen im Labyrinth kalkige Mineralisationen auf, die als Otolithen bzw. als Lapillus (Otolith des Utriculus), Sagitta (Otolith des Sacculus) und Asteriscus (Otolith der Lagena) bezeichnet werden und einige Zehntel Millimeter bis mehrere Zentimeter groß sind. Das Besondere der Otolithen ist, dass sie gattungs- und arttypische Merkmale aufweisen. Sie haben deshalb eine große Bedeutung für die Rekonstruktion fossiler Fischfaunen, denn nicht selten sind sie die einzigen fossilen Überreste. Fossile Otolithen sind für die Kenntnis der Teleostei genauso wichtig wie beispielsweise fossile Zähne für die Rekonstruktion von Säugetierfaunen.

Der größte und merkmalsreichste, fossil am ehesten erhaltungsfähige Otolith ist im Allgemeinen die Sagitta, weshalb in erster Linie sie von paläontologischem Interesse ist. Nur bei Fischen der Ordnungen Siluriformes und Cypriniformes ist der größte Otolith der Lapillus oder der Asteriscus. Fossile Lapilli können bislang nur auf dem Niveau der Familie, z. B. als „genus *Cyprinidarum* sp.“, bestimmt werden, da morphologische Untersuchungen an den Lapilli rezenter Fische bislang kaum durchgeführt wurden.

Unsere Untersuchungen basieren auf 20 rezenten Arten aus der Familie der Karpfen (Cyprinidae) sowie einer Schmerlen-Art (Cobitidae). Zur Beschreibung der Lapilli wurde erstmalig eine Terminologie erstellt. Es zeigte sich, dass die Lapilli genug spezifische Merkmale aufweisen, um die untersuchten Gattungen gegeneinander abzugrenzen. Innerhalb der Gattung *Leuciscus* sind die Lapilli der einzelnen Arten einander sehr ähnlich. Dies trifft auch auf die Otolithen der sogenannten Zwillingarten *Scardinius erythrophthalmus* (Rotfeder) und *Rutilus rutilus* (Rotaugen) zu. Weiterhin konnte beobachtet werden, dass die intraspezifische Variabilität der Lapilli bei den einzelnen Arten unterschiedlich ausfällt, so ist diese bei *Alburnus alburnus* relativ hoch, bei *Rutilus rutilus* eher gering.

Die aus der rezenten Untersuchung gewonnenen Ergebnisse ermöglichten außerdem die Bestimmung und paläoökologische Auswertung fossiler Lapilli aus der oligozänen und miozänen Molasse der Schweiz und Süddeutschlands. Bislang wurden *Leuciscus*-, *Rutilus*-, *Scardinius*- und *Cobitis*-ähnliche Taxa nachgewiesen.

**Molecular phylogeny of *Cotesia* spp. (Hymenoptera: Braconidae)
inferred from 16S and COI genes**

Rameshwar Singh, J.C. Monje, Annette Reineke, Claus P.W. Zebitz and P.R. Gupta

Phylogenetic relationships among *Cotesia* species were explored using DNA sequence data from the mitochondrial large subunit (16S) and mitochondrial cytochrome oxidase (COI) gene. Molecular sequences of variable regions were available for 12 nominal specimens from Benin, India, Kenya, South Africa, Taiwan, Thailand, and United Kingdom. Analysis of the combined sequence data using both maximum parsimony and maximum likelihood analysis revealed three distinct species groups. Bootstrap (based on 100 replications) analysis on unweighted data indicated that *C. plutellae* is closer related to *C. flavipes*, and *C. sesamiae* than to *C. glomerata* and *C. rubecula*.

New fossil arthropods and the evolution of the cephalic feeding system of arthropods and crustaceans

Dieter Waloszek, Martin Stein and Andreas Maas

New information brought up from the Upper Cambrian 'Orsten' stem-lineage crustacean *Oelandocaris oelandica* Müller, 1983 (Stein et al. submitted), and of several Lower Cambrian Arthropoda s. str. from the Chengjiang biota in China (Waloszek et al. submitted) aided to enlighten the evolutionary path of the feeding system in the head of Arthropoda and toward the crown group of Crustacea in particular. We suppose that from a rather simple mode of food intake by the first antenna (single pre-oral appendage of Arthropoda s. str., cf. Maas et al. 2004) due to simple multi-annulated limbs lacking setation, a first significant change occurred by the formation of a rigid but flat basipod for proximal food manipulation towards the mouth at the rear of the hypostome. In the stem lineage of Crustacea, the two post-antennal limbs and associated structures modified in a special way in 2 major steps: 1) exopod setation is inwardly oriented; a lobe-shaped '*proximal endite*' appears medially and basally to the basipod – and 2) enlargement of the '*proximal endite*' into a '*coxa*' portion proximal to the retained basipod in the second and third head limbs (= second antenna and mandible) in the Labrophora (= Phosphatocopina + Eucrustacea; see Siveter et al. 2003; Maas et al. 2003). This significant step was coupled with: development of a fleshy labrum at the rear of the hypostome; recession of the mouth in an atrium oris; fusion of the sternites of the post-oral head segments (= sternum); paragnaths on the mandibular sternite; fine setulation on all structures around the mouth. This concentrated food intake and manipulation to this region. In a further step the fourth head limb modified into a mouthpart = maxillula, while the fifth head limb or maxilla became modified only in a few in-group taxa – if at all, as in the extant Cephalocarida, which have retained a trunk-limb shaped maxilla.

**Evolution of autopodials in pleurodire turtles:
developmental, phylogenetic and morphometric aspects**

Winkler, Jasmin D., Wurst Linda, Sánchez-Villagra, Marcelo R.

Variable materials and methods were used to document carpal and tarsal ontogeny and autopodial morphometrics in a sample of pleurodire turtles: histological sections of juvenile specimens of the chelids *Chelodina longicollis* and *Phrynops geoffranus*, the pelomedusoid *Podocnemis unifilis*, and cleared and double stained autopodials of the chelids *Chelus fimbriatus* (2) and *Phrynops geoffranus* (2) and the pelomedusoids *Podocnemis unifilis* and *Pelusios williamsi* were examined to detect patterns in carpal and tarsal ontogeny. Comparisons were made with skeletons of adult specimens after own observations in museum collections and data taken from the literature. There is much more morphological diversity in the manus than in the pes. Variation in chelid autopodial skeletons includes: (1) astragalus and calcaneum are either separated or fused, (2) distal carpals 4 and 5 are fused in most chelids, (3) distal carpals 3, 4 and 5 are fused only in some *Chelodina*, (4) central 2 exists in most but not all chelids, (5) centrals 3-4 are fused in some and separated in other species, (6) presence of accessory ossifications on the radial and/or ulnar side of the manus. Forelimb measurements were taken from 36 pleurodiran specimens, including 20 species within 12 genera. Examined morphometrics show that (1) chelids have lower values of the ratio radius length to metacarpal length than the african pelomedusids (2) chelids have lower values of the ratio fibula length to metatarsal length than pelomedusoids, (3) the chelid *Hydromedusa maximiliani* is an outlier within the chelids in many of the ratios measured and shows similar values to those characterizing pelomedusoids.

**How colourful live can be!
The investigation of a lacustrine species radiation of atyid shrimps
on Sulawesi, Indonesia**

Zitzler, Kristina & Glaubrecht, Matthias

The Malili lake system and Lake Poso on Sulawesi, Indonesia, harbour two allopatric and endemic species flocks of freshwater shrimps (Decapoda, Atyidae, *Caridina*). These flocks currently comprise 11 described species in the Malili lakes and four species in Lake Poso. In comparison to the riverine taxa of the genus with their rather inconspicuous appearance, the lake species are characterised by a variety of flamboyant colour patterns, which have been photographically documented during field work in 2003. These patterns so far have not received consideration as diagnostic features for the recognition of species. One focus of our project is to test if colouration is a feature that is typical for different species using molecular genetics. Another is to establish a molecular phylogeny of the lacustrine species flocks.

A preliminary molecular phylogeny of *Caridia* from Sulawesi, which is based on the analysis of partial sequences of the mitochondrial 16S rRNA gene, suggests that the species of the Malili lake system do not form a monophyletic group. Instead, among the Malili species four different clades are found, of which one clusters with species from Lake Poso; another also contains some riverine taxa. This molecular tree, is in part also supported by morphological data. For instance, some characters like the length and shape of the rostrum are typical for certain clades. However, this tree does not solve the question if colouration is typical for the different species. In this respect, a promising approach will be the use of molecular markers that evolve relatively fast, such as the mitochondrial COI gene, and the application of methods that may help to achieve a better resolution of the species tree, such as AFLP analysis of nuclear DNA.

Addresses

Michaela Achatz
Frei Universität Berlin
Institut für Biologie
Altensteinstr. 6
14195 Berlin
medusa6@gmx.de

Markus Ackermann
Frei Universität Berlin
Institut für Biologie
Altensteinstr. 6
14195 Berlin
markack@web.de

Grecebio J. Alejandro
Universität Bayreuth
Abteilung für Pflanzensystematik
Universitätsstr. 30
95440 Bayreuth
grecebio.alejandro@uni-bayreuth.de

Ulrike Aspöck
Naturhistorisches Museum
2. Zool. Abt.
Burgring 7
A-1014 Wien
ulrike.aspoek@nhm-wien.ac.at

Holger Bäcker
Ruhr-Universität Bochum
Lehrstuhl für Spezielle Zoologie
Universitätsstr. 150 (ND05/750)
44780 Bochum
hedorah@gmx.de

Gudrun Bänfer
Universität Kassel FB 18
Institut für Biologie
Heinrich-Plett-Str. 40
34132 Kassel
gbaenfer@uni-kassel.de

Markus Böggemann
Universität Osnabrück
FB 5 Spezielle Zoologie
Barbarastr. 12
49069 Osnabrück
mboeggem@aol.com

Angelika Brandt
Zoologisches Museum
Martin-Luther-King-Platz 3
20146 Hamburg
abrandt@zoologie.uni-Hamburg.de

Nora Brinkmann
Humboldt-Universität Berlin
Naturhistorische Museum
Invalidenstr. 43
10115 Berlin
matthias.glaubrecht@rz.hu-berlin.de

Saskia Brix
Universität Hamburg
Zoologisches Institut und Museum
Martin-Luther-King-Platz 3
20146 Hamburg
sbrix@zimserver.zoologie.uni-hamburg.de

Thomas Brune
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart

Daniel Burckhardt
Naturhistorisches Museum
Augustinergasse 2
CH-4001 Basel
Daniel.Burckhardt@unibas.ch

Natalie Cusimano
Institut für Biologie, Systematische
Botanik und Pflanzengeographie
Altensteinstr. 6
14195 Berlin
chiocciola-nc@gmx.de

Christian Dietzen
Inst. of Pharmacy and Molecular
Biotechnology - Biological Section
Im Neuenheimer Feld 364
69120 Heidelberg
ch.dietzen@urz.uni-hd.de

Hermann Dreyer
Universität Wien
Institut für Zoologie
Althanstr. 14
A-1090 Wien
Hermann.Dreyer@univie.ac.at

Dirk Eheberg
Zool. Staatssammlung München
Münchhausenstr. 21
81247 München
el-rubio@web.de

Korinna Esfeld
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
esfeld.smns.@naturkundemuseum-bw.de

Ronald Fricke
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
fricke.smns@naturkundemuseum-bw.de

Uwe Fritz
Staatl. Naturhistorische Sammlungen
Museum f. Tierkunde, A.-B.-Meyer Bau
Königsbrücker Landstr. 159
01109 Dresden
fritz@snsd.de

Birgit Gemeinholzer
Botanischer Garten und Museum
Berlin-Dahlem
Königin-Luise-Str. 6-8
14195 Berlin
b.gemeinholzer@bgbm.org

Matthias Glaubrecht
Humboldt-Universität Berlin
Naturhistorische Museum
Invalidenstr. 43
10115 Berlin

Martin Grund
Universität Bonn
Institut für Paläontologie
Nussallee 8
53115 Bonn
mgrund@uni-bonn.de

Jochen Gugel
Universität Stuttgart
Biologisches Institut, Abteilung Zoologie
Pfaffenwaldring 57
70569 Stuttgart
jochen.gugel@po.uni-stuttgart.de

Fabian Haas
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
haas.smns@naturkundemuseum-bw.de

Christoph Häuser
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
haeuser.smns@naturkundemuseum-b.de

Bernhard von Hagen
Universität Halle
Institut für Geobotanik
Neuwerk 21
06099 Halle
vonhagen@botanik.uni-halle.de

Steffen Harzsch
Universität Ulm
Fakultät für Naturwissenschaften
Albert-Einstein-Str. 11
89081 Ulm
Steffen.Harzsch@Biologie.uni-ulm.de

Gerhard Haszprunar
Zool. Staatssammlung München
Münchhausenstr. 21
81247 München
haszi@zsm.mwn.de

Isabel Heim
Universität Stuttgart
Biologisches Institut
Pfaffenwaldring 57
70569 Stuttgart
isagoldfish@gmx.de

Heiko Hentrich
Universität Ulm, Abt. Systematik,
Botanik und Ökologie
Albert-Einstein-Allee 11
89081 Ulm
heiko.hentrich@biologie.uni-ulm.de

Matthias Herrmann
Max-Planck-Inst. für Entwicklungs-
Biologie, Abt. für Evolutionsbiologie
Spemannstr. 37-39/IV
72076 Tübingen
matthias.herrmann@tuebingen.mpg.de

Sandra Hohmann
Universität Mainz
Institut für Spezielle Botanik
Bentzelweg 9a
55128 Mainz
shohmann@hotmail.com

Carmen Houben
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
houben.smns@naturkundemuseum-bw.de

Anna Hundsdörfer
Institut für Pharmazie und Molekulare
Stuttgart
Im Neuenheimer Feld 364
69120 Heidelberg
ji1@ix.urz.uni-heidelberg.de

Regine Jahn
Botanischer Garten und Museum
Berlin-Dahlem
Königin-Luise-Str. 6-8
14195 Berlin
r.jan@bgbm.org

Stefanie Kaiser
Universität Hamburg
Zool. Institut und Museum
Martin-Lutherr-King-Platz 3
20146 Hamburg
Steph.Kaiser@gmx.net

Juergen Kellermann
The University of Melbourne
VIC 3010 Melbourn / Australien
j.kellermann@pgrad.unimelb.edu.au

Hans Kerp
Universität Münster
Forschungsstelle für Paläobotanik
Hindenburgplatz 57
48143 Münster

Axel Kwet
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
kwet.smns@naturkundemuseum-bw.de

Sigrid Liede-Schumann
Universität Bayreuth
Lehrstuhl f. Pflanzensystematik
95440 Bayreuth
sigrid.liede@uni-bayreuth.de

Alexander von Lieven
Freie Universität Berlin
Institut für Zoologie
Königin-Luise-Str. 1-3
14195 Berlin
lieven@zedat.fu-berlin.de

Andreas Maas
Universität Ulm
Sektion Biosystematische Dokumentation
Helmholtzstr. 20
89081 Ulm
andreas.maas@biologie.uni-ulm.de

Kathrin Marquart
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
marquart.smns@naturkundemuseum-bw.de

Volker Mauss
Zentrum für Wespenkunde
Limbachstr. 27
74545 Michelfeld
volker.mauss@stechimmenschutz.de

Georg Mayer
Freie Universität Berlin
Botanisch-Zoologisches Institut
Königin-Luise-Str. 1-3
14195 Berlin
georg.mayer@zoosyst-berlin.de

Werner Mayer
MPI für Entwicklungsbiologie
Abt Evolutionsbiologie
Spemannstr. 37-39
72076 Tübingen
werner.mayer@tuebingen.mpg.de

Roland Melzer
Zoologische Staatssammlung
Münchhausenstr. 21
81247 München
melzer@zsm.mwn.de

Ulrich Meve
Universität Bayreuth
Lehrstuhl für Pflanzensystematik
95440 Bayreuth
ulrich.meve@uni-bayreuth.de

Axel Meyer
Universität Konstanz
Fakultät für Biologie
Universitätsstr. 10
78457 Konstanz
axel.meyer@uni-konstanz.de

Andrés Moreira-Munoz
Universität Erlangen-Nürnberg
Institut f. Geographie
Kochstr. 4/4
91054 Erlangen
amoreira@geographie.uni-erlangen.de

Franziska Nittinger
Naturhistorisches Museum Wien
Molekulare Systematik
Burgring 7
A-1014 Wien
franziska.nittinger@nhm-wien.ac.at

Nicolai Nürk
Freie Universität Berlin
Institut für Biologie
Altensteinstr. 6
14195 Berlin
NicolaiZ@web.de

Susanne Oehlschlaeger
Botanischer Garten u. Museum Berlin
Dept. F. Biodiversität
Königin-Luise-Str. 6-8
14191 Berlin
s.oehlschlaeger@bgbm.org

Lars Podsiadlowski
Freie Universität Berlin
Inst. Für Biologie
Königin-Luise-Str. 1-3
14195 Berlin
Podsi.Lars@t-online.de

Angelika Preisfeld
Universität Bielefeld
Fakultät für Biologie
Postfach 100131
33501 Bielefeld
a.preisfeld@uni-bielefeld.de

Jan Prochel
Universität Tübingen
Inst. F. Spezielle Biologie
Auf der Morgenstelle 28
72076 Tübingen
janprochel@yahoo.de

Thomas Raus
Botanischer Garten Berlin
Königin-Luise-Str. 6-8
14191 Berlin

Susanne Renner
Botanische Staatssammlung
München
Münchhausenstr. 21
81247 München

Martina Rex
Universität Kassel, Abt. Systematik
und Morphologie der Pflanzen
Heinrich-Plett-Str. 40
34132 Kassel
rex@student.uni-kassel.de

Ira Richling
Christian-Albrechts-Universität
Kiel, Zoologisches Institut
Olshausenstr. 40
24098 Kiel
irichling@zoologie.uni-kiel.de

Thomas von Rintelen
Naturhistorisches Museum
Institut für Systematische Zoologie
Invalidenstr. 43
10115 Berlin

Ina-Maria Rückert
Zool. Staatssammlung München
Münchhausenstr. 21
81247 München
ina216@yahoo.de

Rana Samara
Universität Hohenheim
Otto Sander Sr. 5
70599 Stuttgart
rysamara@uni-Hohenheim.de

Matthias Sanetra
Universität Konstanz
Fakultät für Zoologie
Universitätsstr. 10
78457 Konstanz
matthias.sanetra@uni-konstanz.de

Wolfgang Schawaller
Staatl. Museum f. Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
schawaller.smns@naturkundemuseum-bw.de

Ralph Schill
Universität Stuttgart
Biologisches Institut
Pfaffenwaldring 57
70550 Stuttgart
ralph.schill@uni-tuebingen.de

Matthias Schlee
Universität Tübingen
ZMBP - Allgemeine Genetik
Auf der Morgenstelle 28
72076 Tübingen
matthias.schlee@uni-tuebingen.de

Andreas Schlüter
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
schlueter.smns@naturkundemuseum-bw.de

Helmut Schmalfuß
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
schmalfuss.smns@naturkundemuseum-bw.de

Thomas Schmelzle
Universität Tübingen
Institut für Spezielle Biologie
Auf der Morgenstelle 28
72076 Tübingen
thomas.schmelzle@student.uni-tuebingen.de

Simone Schmid
Universität Tübingen
Zoologisches Institut
Auf der Morgenstelle 28
72076 Tübingen
simi.schmid@web.de

Alexander N. Schmidt-Lebuhn
Universität Göttingen
Abt. Systematische Botanik
Untere Karspüle 2
37073 Göttingen
schmidtleb@yahoo.de

Harald Schneider
Universität Göttingen
Albrecht von Haller Institut
Untere Karspüle 2
37077 Göttingen

Oliver Schultz
Ruhr Universität Bochum, ND 05/578
Abt. Tier Morphology & Systematik
Universitätsstr. 150
44801 Bochum
Oliver.Schultz-2@ruhr-uni-bochum.de

Tanja Schulz-Mirbach
LMU-München
Sektion Paläontologie
Richard-Wagner-Str. 10
80333 München
Tbio1@gmx.de

Anja Schunke
Zool. Forschungsinstitut und
Museum Alexander König
Adenauerallee 160
53113 Bonn
a.schunke.zfmk@uni-bonn.de

Rameshwar Singh
Universität Hohenheim
Institut für Phytomedizin (360)
Sander Str. 5
70599 Stuttgart
rsrattan@uni-hohenheim.de

Mónica M. Solórzano-Kraemer
Universität Bonn
Institut für Paläontologie
Nussallee 8
53115 Bonn
moraymita2002@yahoo.de

Rainer Sonnenberg
Zool. Forschungsinstitut und
Museum Alexander Koenig
Adenauerallee 160
53113 Bonn
r.sonnenberg.zfmk@uni-bonn.de

Jörg Spelda
Zool. Staatssammlung München
Münchhausenstr. 21
81247 München
spelda@t-online.de

Mike Thiv
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
thiv.smns@naturkundemuseum-bw.de

Dieter Uhl
Universität Tübingen
Institut für Geowissenschaften
Sigwartstr. 10
72076 Tübingen
dieter.uhl@uni-tuebingen.de

Dieter Waloszek
Universität Ulm, Sektion
Biosystematische Dokumentatiom
Helmholtzstr. 20
89081 Ulm
dieter.waloszek@biologie.uni--ulm.de

Maximilian Weigend
Freie Universität Berlin
Inst. F. Biologie und Syst. Botanik
Altensteinstr. 6
14105 Berlin
weigend@zedat.fu-berlin.de

Thomas Wesener
Ruhruniversität Bochum
Lehrstuhl Spezielle Zoologie
Universitätsstr. 150
44780 Bochum
thomas.wesener@ruhr-uni-bochum.de

Andreas Wessel
HU Berlin, Museum f. Naturkunde
Inst. F. Syst. Zoologie
Invalidenstr. 43
10115 Berlin
andreas.wessel@museum.hu-berlin.de

Elke Willen
Universität Oldenburg
AG Zoosystematik
Fakultät V
26111 Oldenburg
cybertravel@web.de

Jasmin Winkler
National History Museum
Dept. Palaeontology
SW7 5 BD London / UK
jadawinkler@hotmail.com

Arno Wörz
Staatl. Museum für Naturkunde Stuttgart
Rosenstein 1
70191 Stuttgart
woerz.smns@naturkundemuseum-bw.de

Kristina Zitzler
HU Berlin Naturhistorisches Museum
Institut für zoologische Systematik
Invalidenstr. 43
10115 Berlin
kristina.zitzler@museum.hu-berlin.de

Impressum

Herausgegeben vom Staatlichen Museum für Naturkunde Stuttgart, 25. August 2004
Schriftleitung: Dr. Günter Bechly (SMNS)

Folgende Firmen präsentierten sich auf der GfBS-Tagung:

BAL-TEC EM-Technik
Elsevier GmbH / Urban & Fischer Verlag
Hitachi High-Technologies Europe
Schweizerbarth'sche Verlagsbuchhandlung
Verlag Eugen Ulmer

Das elektronische Supplement zur Zeitschrift "Organisms Diversity Evolution" ist ein Service für die biologische Systematik weltweit.

Kontakt: Dr. Stefan Dressler, Botanik, Senckenberganlage 25, D-60325 Frankfurt/M.

Das elektronische Supplement zu "Organisms Diversity Evolution", der Zeitschrift der Gesellschaft für Biologische Systematik (GfBS), bietet der internationalen Systematikergemeinde erweiterte Möglichkeiten, die Druckerzeugnisse nicht in diesem Umfang zu leisten vermögen, wie z.B. die Publikation von ...:

- Audio und Videosequenzen
- Alignments und Daten Matrices
- anderen elektronischen Dateien
- umfangreichen Tabellen
- umfangreichen Monografien
- (in Druckwerken kostenintensiven) Farbabbildungen

Vorteile sind u.a. ...:

- ideale Ergänzung des Mediums Druckerzeugnis
- weltweiter Abruf, Ausdruck, Analyse, Weiterbearbeitung der Daten
- leichte Publikation auch umfangreicher Artikel für ein spezielles Klientel
- leichter Zugriff in Gebieten mit schlechter Bibliotheksversorgung

Alle elektronischen Supplements werden von einem Artikel im Druckheft begleitet. Nomenklatorisch relevante Aktionen erfolgen dort. Meist sind die Supplement-Beiträge als pdf-Dateien ausdrückbar.

Die Langzeitverfügbarkeit wird durch das Aufspielen auf den Archivserver deposit.ddb.de der Deutschen Bibliothek Frankfurt/M. gewährleistet.

Die Entwicklung der Anzahl der Supplemente in den ersten drei Jahrgängen spiegelt die Akzeptanz durch unsere Autoren wieder.

Besuchen Sie die Website: www.senckenberg.de/odes
und berücksichtigen Sie bitte die Zeitschrift "Organisms Diversity Evolution" mit dem elektronischen Supplement für die Publikation Ihrer Forschungsergebnisse.