

3. Dezember 2015  
100/15

Pressedienst

### Die liebe Verwandtschaft:

## Forscher der Universität Hamburg klären Herkunft der Bänderschnecken-Arten

Zu der Gattung der Bänderschnecken (*Cepaea*) wurden bisher vier Arten gerechnet. Die Hamburger Zoologen und Evolutionsbiologen Prof. Dr. Bernhard Hausdorf und Marco Neiber haben nun die verwandtschaftlichen Beziehungen dieser und weiterer Arten aus der Familie der Schnirkelschnecken mit molekulargenetischen Methoden untersucht. Dabei zeigte sich, dass nicht nur die Verwandtschaftsverhältnisse anders sind als gedacht, sondern auch der Ursprung der Bänderschnecken. Die Ergebnisse, die nun in der Fachzeitschrift „*Molecular Phylogenetics and Evolution*“ veröffentlicht wurden, haben Einfluss auf Forschungsprojekte zur genetischen Variation bei dieser Gattung.

Außer den beiden in Mitteleuropa weit verbreiteten Arten, der Hainbänderschnecke (*Cepaea nemoralis*) und der Gartenbänderschnecke (*Cepaea hortensis*), wurden zwei weitere Arten zu der Gattung gerechnet: Die Waldbänderschnecke (*Cepaea sylvatica*) ist hauptsächlich in den westlichen Alpen heimisch und erreicht Deutschland über das Rheintal, während die Gerippte Bänderschnecke (*Cepaea vindobonensis*) vor allem in Südost- und Osteuropa, aber auch im oberen Elbtal bis nach Deutschland verbreitet ist.

Im Rahmen eines von der Volkswagenstiftung geförderten Projektes über die Besiedlung der Kaukasusregion durch Landschnecken wurde der Stammbaum der Familie der Schnirkelschnecken mithilfe von DNA-Sequenzen rekonstruiert. Und der zeigt: Die vier Bänderschneckenarten sind nicht näher miteinander verwandt und nur bei der Hainbänderschnecke und der Gartenbänderschnecke handelt es sich um Schwesternarten, d. h. es gibt große genetische Übereinstimmungen.

Die Waldbänderschnecke dagegen gehört zu einer in den Westalpen heimischen Gattung und muss ab jetzt *Macularia sylvatica* genannt werden, während die Gerippte Bänderschnecke mit einer hauptsächlich in der Kaukasusregion verbreiteten Gruppe von Arten verwandt ist und daher *Caucasotachea vindobonensis* heißen muss. Die vier Arten sind also nicht nur nicht näher miteinander verwandt, sondern haben auch einen unterschiedlichen „Migrationshintergrund“.

Die Ergebnisse haben weitreichende Folgen für Forschungsprojekte zum Polymorphismus. „Arten sind polymorph, wenn sie eine große, genetische bedingte Vielfalt an äußeren Erscheinungsformen aufweisen – und die Gattung der Bänderschnecken tut das in besonderer Weise“, erklärt Prof. Bernhard Hausdorf. Vor allem bezüglich der Gehäusefarbe, die bei den beiden mitteleuropäischen

Arten von braun über rosa bis hin zu gelb reicht, und der variablen Anzahl von bis zu fünf, meist dunkelbraunen Bändern auf dem Gehäuse.

Die Häufigkeiten verschiedener Farb- und Bänderungsvarianten lassen nicht nur Rückschlüsse auf die genetische Zusammensetzung von Populationen zu, sondern es kann auch untersucht werden, wie sich zum Beispiel Veränderungen des Klimas auf Bänderschnecken-Populationen auswirken.

Die beiden vermeintlichen „*Cepaea*“-Arten weisen dabei eine geringere Variabilität auf als die beiden mitteleuropäischen, wurden aber wegen der reduzierten Komplexität als Modelorganismen für genetische Untersuchungen des Polymorphismus vorgeschlagen. Da die neuen Ergebnisse jetzt zeigen, dass die Waldbänderschnecke und die Gerippte Bänderschnecke aber mit den echten Bänderschnecken nur sehr entfernt verwandt sind, muss erst einmal nachgewiesen werden, dass die Variabilität dieser Arten durch die gleichen genetischen Mechanismen wie bei den echten Bänderschneckenarten bestimmt wird. „Die Studie zeigt damit beispielhaft, wie wichtig die Kenntnis des richtigen Stammbaums für die vergleichende Biologie ist“, so Prof. Hausdorf.

**Für Rückfragen:**

Prof. Dr. Bernhard Hausdorf  
Universität Hamburg  
Centrum für Naturkunde (CeNak) – Zoologisches Museum  
Tel.: +49 40 42838-2284  
E-Mail: [hausdorf@zoologie.uni-hamburg.de](mailto:hausdorf@zoologie.uni-hamburg.de)