

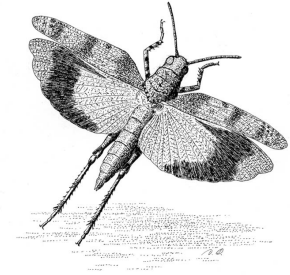
Forschungsförderung der DGfO

Antragsteller:

Lara-Sophie Dey (Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg)

Gefördertes Projekt:

Multi-gen Analyse einer rezenten Radiation mit intensivem Barcode Sharing



Abstract

Mit über 170 derzeit beschriebenen Arten und einer weltweiten Verbreitung, gehört die Gattung *Sphingonotus* zu einer der Vielfältigsten innerhalb der Oedipodinen. Vielfach wird bis heute die Systematik der Gruppe auf Grund der weiten Verbreitung und der schwierigen zum Teil unklaren Morphologie der Arten überholt. Genetische Methoden sollen Abhilfe schaffen, um die Taxonomie der Gattung zu klären. Hierfür wurden bereits 177 Individuen basierend auf 59 morphologisch identifizierten Arten in einem Genabschnitt der Cytochrom Oxidase 1 (COI), dem Barcoding Gen, sequenziert und mit Hilfe von fünf mathematischen Modellen zur Artabgrenzung analysiert (ABGD, stGMYC, mtGMYC, bGMYC, Species Delimitation Tool). Da auf Grund des jungen Alters der Gattung viele Arten die selben Barcodes teilen und eine potentielle Hybridisierung nicht auszuschließen ist, war es bisher nicht möglich, die Arten mit Hilfe der genannten Methoden zu unterscheiden. Um die erforderliche Überarbeitung der Systematik der Gattung *Sphingonotus* durchführen zu können, besteht die Notwendigkeit, zusätzliche Gene (mitochondriale so wie Kerngene) der bereits verwendeten und weiterer Proben zu sequenzieren und mit Hilfe weiterer mathematischer Modelle zu analysieren. Hierfür stehen weitere Individuen zahlreicher Arten der Gattung aus Sammlungsmaterial der Akademie der Wissenschaften der Mongolei, dem Centrum für Naturkunde der Universität Hamburg und dem Jalal Afshar Zoological Museum der Universität Teheran, so wie frisches Material aus Expeditionen in den Iran und der Mongolei zur Verfügung. Ziel dieser Arbeit ist es, eine Methode zur objektiven Artunterscheidung zu finden und somit Klarheit in die Systematik der Gattung *Sphingonotus* bringen zu können.