

Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät

Institut für Biowissenschaften / Chemie / Mathematik / Physik

Fachgebiet: Allgemeine und Spezielle Zoologie

Betreuer: Prof. Dr. Stefan Richter

Ihr Name Christoph Gert Höpel

(e-mail:) christoph.hoepel@uni-rostock.de

Systematik, Taxonomie und Phylogeographie der „Tasmanischen Berggarnelen“ der Gattung *Anaspides* (Anaspidesidae, Anaspidae, Malacostraca)

Deutsche Zusammenfassung

Die Anaspidae stellen eine einzigartige, jedoch wissenschaftlich bislang wenig untersuchte Ordnung innerhalb der Malacostraca (Höhere Krebse) dar und kommen ausschließlich im Süßwasser vor. Aufgrund ihrer großen morphologischen Übereinstimmung mit einem triassischen Fossil und vieler für die Malacostraca plesiomorph angenommener Merkmale, werden sie häufig als lebende Fossilien bezeichnet. Dies gilt insbesondere für die „Tasmanischen Berggarnelen“ der Gattung *Anaspides* Thomson, 1894. Bis zum Jahr 2023 waren lediglich sieben Arten beschrieben, von denen die meisten ein sehr begrenztes Verbreitungsgebiet aufweisen. Während einige Arten ausschließlich epigäische Gewässer besiedeln, zeigen andere sowohl Oberflächen- als auch Höhlenformen, und wiederum andere gelten als obligate Höhlenbewohner. Die vorliegende Dissertation liefert neue Erkenntnisse zu der Systematik, Taxonomie, Phylogeographie, Populationsgenetik und Artbildung der „Tasmanischen Berggarnelen“ (*Anaspides*). Neben morphologischen Analysen kamen insbesondere genetische Methoden wie die Sanger-Sequenzierung, Genome Skimming und ddRAD-Analysen zum Einsatz. Unsere Untersuchungen ermöglichten die präzise Bestimmung der Verbreitungsgrenzen der meisten Arten und stellten disjunkte Verbreitungsgebiete in Zusammenhang mit pleistozänen Vergletscherungen, wie etwa bei den Arten *Anaspides tasmaniae* Thomson, 1893 und *Anaspides driessenii* Höpel et al., 2023. Letzte wurde im Rahmen dieser Arbeit neu beschrieben. Mithilfe genetischer Daten konnte gezeigt werden, dass diese Art mehrfach Wasserscheiden über Bergplateaus überquert haben muss. Darüber

hinaus klärten Analysen des vollständigen mitochondrialen Genoms die meisten phylogenetischen Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der Familie Anaspidesidae. Es konnte eindeutig gezeigt werden, dass *Paranaspides* Smith, 1908 die Schwestergruppe von *Anaspides* darstellt. Auch innerhalb der Gattung *Anaspides* wurden die meisten Beziehungen aufgelöst, wobei aber auch zwei Artkomplexe identifiziert wurden. Darüber hinaus wurde das Grundmuster der Genanordnung bei Anaspidacea rekonstruiert und Hypothesen über die Verwandtschaftsbeziehungen der Anaspidacea innerhalb der Malacostraca diskutiert. Die populationsgenetischen Analysen mittels ddRAD erlaubten schließlich eine detaillierte Auflösung der Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb des „Central Clade“-Artkomplexes. Dabei wurden fünf monophyletische Arten identifiziert, davon drei bislang unbeschriebene, von denen vier innerhalb verschiedener genetischer Linien der Art *A. richardsoni* Ah Yong, 2016 stehen. Im Zuge dessen werden Artbildungsprozesse diskutiert und das Konzept von *A. richardsoni* als „paraphyletische“ Art eingeführt. Die detaillierten populationsgenetischen Daten zeigen eine starke Korrelation zwischen Lokalität und genetischem Signal, bei dem so gut wie jeder Fundort als eigenständige genetische Population ausgewiesen werden konnte. Auf Grundlage dieser Daten wurden glaziale Refugien sowie die Wiederbesiedlung ehemals vergletschelter Gebiete auf dem Zentralplateau Tasmaniens rekonstruiert. Abschließend widmet sich die Arbeit der Besiedlung von Höhlensystemen und den damit verbundenen Speziationsprozessen. Im Fokus steht die obligat höhlenbewohnende Art *A. eberhardi* Ah Yong, 2016. Hier konnte eine einmalige Besiedlung des subterranean Lebensraums mit anschließender unterirdischer Ausbreitung und Diversifikation festgestellt werden. Diese Prozesse stehen in engem Zusammenhang mit geomorphologischen Veränderungen infolge pleistozäner Vergletscherungen. Aufgrund der heute allopatrischen Populationen von *A. eberhardi* und *A. richardsoni*, der genetischen Daten sowie der glazialen Historie der Region wird die „climatic relict hypothesis“ als das plausibelste Modell für die Höhlenbesiedlung angenommen. Darüber hinaus wurden die Populationsstruktur und unterirdischen Wanderbewegungen von *A. eberhardi* rekonstruiert und diskutiert.

Englisch Zusammenfassung

The Anaspidacea represent an enigmatic but scientifically understudied order within the Malacostraca (higher crustaceans) and are exclusively found in freshwater habitats. Due to

their strong morphological resemblance to a Triassic fossil and the presence of numerous traits considered plesiomorphic for Malacostraca, they are often referred to as living fossils. This is especially true for the Tasmanian Mountain Shrimps of the genus *Anaspides* Thomson, 1894. As of 2023, only seven species had been described, most of which exhibit highly restricted distribution ranges. While some species inhabit exclusively epigeal waters, others display both surface and cave-dwelling forms, and yet others are considered obligate cave dwellers. This dissertation provides new insights into the systematics, taxonomy, phylogeography, population genetics, and speciation of Tasmanian Mountain Shrimps (*Anaspides*). In addition to morphological analyses, genetic methods such as Sanger sequencing, genome skimming, and ddRAD analyses were employed. Our investigations enabled precise delineation of the distribution of most species and linked disjunct distribution patterns to Pleistocene glaciations, as observed in *Anaspides tasmaniae* Thomson, 1893 and *Anaspides driessenii* Höpel et al., 2023. The latter was newly described in the course of this study. Genetic data revealed that this species must have crossed watersheds multiple times via mountain plateaus. Furthermore, analyses of complete mitochondrial genomes resolved most phylogenetic relationships within the family Anaspidesidae. It was shown that *Paranaspides* Smith, 1908 is the sister group to *Anaspides*. Within the genus *Anaspides*, most relationships were resolved as well, however, two distinct species complexes were identified. Additionally, the ground pattern of the gene order in Anaspidae was reconstructed, and hypotheses regarding the phylogenetic placement of Anaspidae within Malacostraca were discussed. Population genetic analyses using ddRAD ultimately allowed for a detailed resolution of relationships within the “Central Clade” species complex. Five monophyletic species were identified (with three previously undescribed ones), of which four are grouping within several distinct genetic lineages of *A. richardsoni* Ahyong, 2016. In this context, speciation processes are discussed, and the concept of *A. richardsoni* as a “paraphyletic” species is introduced. The detailed population genetic datasets further reveal a strong correlation between locality and genetic signal, with nearly every sampling site representing a distinct genetic population. Based on these findings, glacial refugia and the postglacial recolonization of formerly glaciated areas on Tasmania’s Central Plateau were reconstructed. Finally, the study addresses the colonization of cave systems and associated speciation processes. The obligate cave-dwelling species *A. eberhardi* Ahyong, 2016 is of particular interest. Our data suggests a single colonization event of the subterranean habitat, followed

by underground dispersal and diversification. These processes were heavily influenced by geomorphological changes due to Pleistocene glaciations. Given the current allopatric populations of *A. eberhardi* and *A. richardsoni*, the genetic signal, and the glacial history of the region, the “climatic relict hypothesis” is proposed as the most plausible model for this cave colonization. Additionally, the population structure and subterranean migration patterns of *A. eberhardi* were reconstructed and discussed.