

Förderantrag

Antragsteller/in	Dr. Anja Palandačić
Forschungsstätte (Institut)	Naturhistorisches Museum Wien
Anschrift des / der Antragstellers/in	Burgring 7, 1010 Wien
Email-Adresse	anja.palandacic@nhm-wien.ac.at
Kurztitel des Projekts	Wiener Typen
Voraussichtliche Projektdauer (in Monaten)	1 Jahr
Beantragte Mittel	Personalkosten 6 046,25 €
	Sachkosten 7 656 €
	Gerätekosten /
	Reisekosten /
	Overhead 1 209,25 €
	Gesamtsumme 14 911,5 €
Förderungen von dritter Seite	/
Förderungen durch HJS/HJF in den letzten Jahren (Jahr und Betrag)	Jahr 2016, 7500 €, H-275981/2016
Datum 25.3.2022	Unterschrift Anja Palandačić
	Bestätigung des Instituts/der Fakultät

Beilagen:

- Projektbeschreibung
- Detaillierter Kostenplan, ev. Kostenvoranschläge
- Lebenslauf
- Publikationsliste

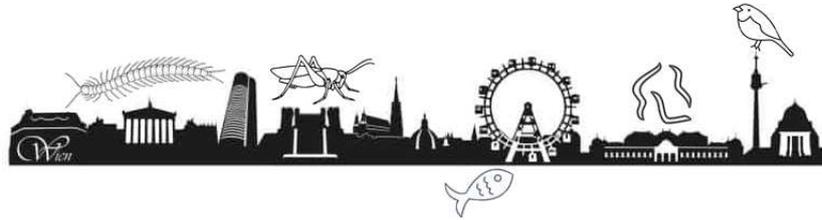
NATURHISTORISCHES MUSEUM

GENERALDIREKTION

A-1010 Wien, Burgring 7

Wiener Typen

Was haben vier Tausendfüßer, zwei Heuschrecken, vier Parasiten, eine Gans, ein Neunauge und zwölf Fische gemeinsam? Sie sind echte Wiener Arten!



Resümee

Die Diagnosen biologischer Arten sind die Grundlage für unser Verständnis von Biodiversität. Zu wissen, was man vor sich hat, ist für viele Forschungsbereiche essenziell, von der Taxonomie bis zum Arten- und Naturschutz. Die Beschreibung von Arten und ihre Abgrenzung von anderen Taxa ist angesichts der aktuellen Zerstörung von Ökosystemen und dem damit verbundenen Artensterben besonders wichtig. Die Artbeschreibung basiert dabei auf einem oder einigen wenigen Individuen, die an einem bestimmten Standort gesammelt wurden, der Typenlokalität. So wurden auch zahlreiche Arten auf Basis von Individuen beschrieben, die aus Wien stammen.

In den letzten Jahren wird die morphologische Diagnose von Arten zunehmend durch genetische Daten komplettiert. DNA-Vergleiche werden dann auch verwendet um Arten zu bestimmen. Eine molekulare Methode, DNA-Barcoding sticht dabei insofern hervor, als der Ansatz sammlungsbasiert ist und immer Belegexemplare zu Referenzsequenzen vorhanden sind.

Der aus taxonomischer Sicht wichtigste Teil Zoologischer Sammlungen sind Typusexemplare, die als ursprüngliche und einzigartige Referenz der jeweiligen Arten dienen und quasi das Urmeter einer Art darstellen. Genetisch sind diese Typen nur selten analysiert, weil das oft hohe Alter des Materials sehr spezielle Methoden und viel Erfahrung bei der Bearbeitung des häufig schlecht erhaltenen Erbmaterials verlangt. Für eine vollständige Diagnose einer Art zählt jedoch ihr genetisches Profil zum State-of-the-Art, besonders, weil morphologisch-anatomische Merkmale allein bei ähnlichen Arten (kryptische Arten) oft keine sichere Aussage erlauben.

In unserem letzten Projekt der Hochschuljubiläumstiftung der Stadt Wien (H-275981/2016) haben wir uns mit einer kryptischen Elritzenart aus Wien beschäftigt und konnten auf Grundlage genetischer Untersuchungen des Typusexemplars nachweisen, dass es sich tatsächlich um eine eigenständige, gültige Art handelt. Die Ergebnisse dieser Studie wurden in zwei wissenschaftlichen Publikationen veröffentlicht. Der Umstand, dass so gezeigt werden konnte, dass unbekannte Arten

nicht nur in tropischen Regenwäldern oder der Tiefsee zu entdecken sind, sondern unmittelbar vor unserer Haustüre, hat einige Aufmerksamkeit erregt.

Das hier vorgestellte Projekt will an den Erfolg des vorangegangenen anknüpfen und soll bei einer Reihe von Typen aus Wien durch genetische und morphologische Untersuchungen für die fundierte Absicherung des Status der Arten sorgen - oder aber für die eine oder andere Überraschung.

Ziele des Projekts

Ziel 1: Genetische Bearbeitung von Typen

Beim DNA-Barcoding-Ansatz werden Sequenzen von verlässlich bestimmten Individuen einer Art als Referenzen in einer Datenbank hinterlegt. Die Sequenzen unbestimmter Individuen können dann über einen Vergleich mit diesen DNA-Barcodes bestimmten Arten zugewiesen werden. Da es aber eine Reihe morphologisch nicht einfach unterscheidbare, kryptische Arten gibt (siehe das Beispiel *P. marsilii* unter „Material und Methoden“), ist es erstrebenswert, die DNA-Barcodes von den Typen einer Art zu generieren, um Fehlbestimmungen zu verhindern. Allerdings ist auch die Sequenz des CO1-Gens, die einem DNA-Barcoding-Ansatz analysiert wird, „nur“ ein weiteres Merkmal, das ermöglicht, Arten zu unterscheiden. Daher ist bei dem vorgestellten Projekt ein „erweitertes“ Barcoding geplant, das eine große Menge an genomische Daten liefert. Ziel ist es, für die aus Wien stammenden Typen durch genetische Charakterisierung einen höheren Grad an Zuverlässigkeit sicher zu stellen.

Ziel 2: Erstellung einer Typenkatalogs

Kommentierte Listen von Typen, unter Berücksichtigung einer gründlichen Untersuchung aller Aspekte historischer Museumsexemplare gemäß des „extended specimen approach“, stellen eine wesentliche Ressource für Forscher dar, um taxonomische Revisionen vorzunehmen oder weiterführende Studien (z.B. zu Phylogenie, Genetik, Artenschutz, etc.) zu betreiben. Entsprechend sollen die gewonnenen Daten der Wiener Typen in einen publizierten Katalog einfließen.

Ziel 3: Digitalisierung sämtlicher verfügbarer Informationen zu Typen

In den vergangenen zwei Jahrzehnten hat die Sammlung und Verfügbarkeit digitaler Biodiversitätsdaten für die Forschung, den Naturschutz, die Öffentlichkeitsarbeit und integrierte Studien in allen Bereichen der Biodiversitätswissenschaften exponentiell zugenommen (Nelson & Ellis 2018). Digitalisate lassen einen einfachen Zugang zu vielen wichtigen Informationen zu und ermöglichen so viele Bearbeitungen ohne einen physischen Besuch von Sammlungen.

Ziel 4: Beitrag zu Biodiversitätsforschung in Wien

Die Bewohner*innen von Wien teilen ihre Stadt mit unzähligen Organismen, die in großer Diversität hier heimisch sind. Dieses Projekt trägt dazu bei, deren Vielfalt und Lebensraum besser zu kennen und das neu gewonnene Wissen auch über populärwissenschaftliche Kanäle mit so manchem „Aha Erlebnis“ zu verbreiten.

Einleitung

Die Evolution ist ein Kontinuum; obgleich langsam, verändern sich die Lebensformen im Laufe der Zeit ständig. Deswegen sind biologische Arten, die eine Grundeinheit der biologischen Systematik darstellen, Momentaufnahmen, da der Prozess der Artenbildung in der Natur mehrdimensional und kontinuierlich ist (Galtier 2018). Auch wenn die Beschreibungen von Arten in den Zeiträumen der Evolution nur eine aktuelle Situation anzeigen, bilden sie die Grundlage, auf der die natürliche Variation erfahrbar ist und auf welcher eine Reihe von Forschungsbereichen, wie Ökologie und Makroevolution, aber auch der Natur- und Umweltschutz basieren (Hey et al. 2003; Isaac et al. 2004, Faurby et al. 2016). Die Abgrenzung von Arten ist angesichts der derzeitigen raschen Zerstörung von Ökosystemen und des Artensterbens besonders wichtig. Der Artenreichtum eines Gebiets, seine biologische Vielfalt, bestimmt häufig die Maßnahmen zu seinem Schutz.

In den letzten Jahren etablierte sich zunehmend eine molekulare Methode, mit der Arten schnell und effizient identifiziert werden können (Hebert et al. 2003, Herbert & Gregory 2005). Das so genannte DNA-Barcoding bestimmt Arten anhand von DNA-Sequenzen eines standardisierten Abschnitts ihrer DNA. Bei Tierarten wird meist die Cytochrom-c-Oxidase Untereinheit 1 (CO1) genutzt, ein mitochondrielles Gen, das maternal vererbt wird. Bisherige Barcoding Projekte haben große Mengen an Wissen produziert, aber mehr noch auf große bestehende Wissenslücken hingewiesen. In diesem Zusammenhang soll die geplante, erweiterte genetische Charakterisierung helfen. In Österreich läuft seit 2014 das Programm ABOL (Austrian Barcoding of Life), eine überinstitutionelle Initiative zur Erfassung der genetischen Vielfalt aller Tier-, Pflanzen- und Pilz-Arten Österreichs mittels DNA-Barcoding.

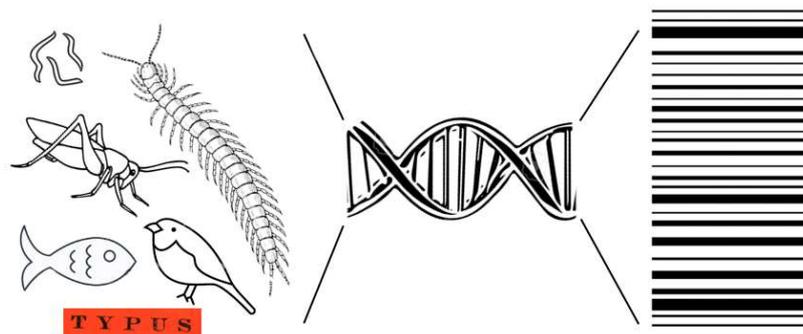


Abbildung 1: DNA-Barcoding

Zoologische Sammlungen sind das wichtigste Archiv für Belege der Artenvielfalt, die oft seltene, aus heute nicht mehr zugänglichen Gebieten stammende, oder gar ausgestorbene Arten enthalten. Viele der Exemplare sind oft mehr als 100 Jahre alt und können Rückschlüsse auf den Zustand der Ökosysteme vor den massiven menschlichen Eingriffen des 20. Jahrhunderts zulassen. Der aus taxonomischer Sicht wichtigste Teil dieser Sammlungen sind Typusexemplare, die als ursprüngliche und einzigartige Referenz der jeweiligen Arten dienen. Jede Neubeschreibung einer Art ist

UNTERLAGE 1: Projektbeschreibung Wiener Typen

zwingend mit der Hinterlegung zugehöriger Belegexemplare, so genannter Typen, in einer naturwissenschaftlichen Sammlung verbunden. Sie stellen für die Definition einer Art quasi das Urmeter dar, den Maßstab, mit dessen Hilfe eine Art zu bestimmen ist. In der modernen Taxonomie (Systematisierung von Arten) werden neben Merkmalen wie Form, Struktur und Farbe oft auch genetische Daten zur Diagnose herangezogen. Bei alten Typusexemplaren fehlt oft der genetische Aspekt, da die entsprechenden Untersuchungen an dem oft sehr alten Material schwierig sind.

Im Idealfall ergeben morphologische Charakteristika und genetische Merkmale ein stimmiges Bild, was Art diagnose und Art abgrenzung betrifft. Es gibt aber oft Arten, auch kryptische Arten genannt, die aufgrund unzureichender (taxonomischer) Studien oder aufgrund eines tatsächlichen Mangels an erkennbaren (körperlichen) Unterschieden, nicht einfach voneinander zu unterscheiden sind (Brickford et al. 2007). Ein solches Beispiel ist die „Wiener Elritze“, mit der wir uns bei unserem vorangegangenen Projekt der Hochschuljubiläumsstiftung der Stadt Wien (H-275981/2016) beschäftigt haben. Die Art wurde im Jahre 1836 von Johann Heckel beschrieben und ihre Typusexemplare in der Fischsammlung des Naturhistorischen Museums Wien (NHM Wien) hinterlegt. Im Lauf der Jahrzehnte wurde der Status dieser Art angezweifelt und mit der „gewöhnlichen“ Europäischen Elritze zusammengelegt. Auf Grundlage genetischer Analysen der Typusexemplare und aktuellem Material aus Wien und Umgebung, konnten wir nachweisen, dass es sich tatsächlich um eine gültige Art handelt. Die Studie wurde in zwei wissenschaftlichen Publikationen veröffentlicht (Palandačić et al. 2017, Palandačić et al. 2020).

Arbeitsplan (siehe auch Methoden unten)

	I. Quartal	II. Quartal	III. Quartal	IV. Quartal
Genetische Analyse (Ziel 1)		x	x	
Erstellens des Typenkatalogs (Ziel 2)	x	x		
Digitalisierung (Ziel 3)	x	x	x	
Veröffentlichung von Resultaten (Ziel 4)			x	x

Material und Methoden

Zunächst sollen alle verfügbaren Daten über die behandelten Typusexemplare recherchiert und zusammengetragen werden (vgl. Bogutskaya et al. 2022, in Druck). Inkludiert werden sämtliche alte und neue Museumsquellen (Akquisitions- und Inventar-Bücher, Etiketten, Karteikarten, historische Notizen). Daneben wird die gesamte verfügbare Literatur zu den Typen, von den Erstbeschreibungen der Arten bis zu modernen Publikationen, zusammengetragen und ausgewertet. Anschließend werden die Exemplare morphologisch untersucht (nach den aktuellen Standards der jeweiligen Gruppen), Vermessungen durchgeführt, die Daten mit den Originalbeschreibungen verglichen sowie aussagekräftige Fotos und/oder

UNTERLAGE 1: Projektbeschreibung Wiener Typen

Röntgenbilder angefertigt. Auf Basis dieser Untersuchungen wird ein Typuskatalog „Wiener Typen“ erstellt und publiziert (Ziel 2).

Alle oben genannte Informationsquellen, Publikationen, Fotografien werden digitalisiert (Ziel 3).

Danach wird eine genetische Analyse durchgeführt (Ziel 1). Entsprechende Untersuchungen an historischem Material erfordern ein spezielles Know-how und einen höheren Aufwand als bei frischen Proben, da die DNA bei älteren Exemplaren aus Museumsbeständen durch verschiedene Faktoren (bzw. Konservierung, Licht, Alter) in der Regel beschädigt ist und daher nur vergleichsweise kurze DNA-Stücke gewonnen werden können. Am NHM Wien steht ein molekulargenetisches Labor, mit einem speziellen Reinraum für das Arbeiten mit DNA aus altem Material für die erforderlichen Arbeiten zur Verfügung. Von der Antragstellerin wurde bereits erfolgreich DNA von altem Material aus der Fischesammlung analysiert, das älteste Exemplar stammte aus dem Jahr 1826.

Je nach Größe der zu untersuchenden Exemplare wird entweder ein kleines Gewebestück entnommen, alternativ können Exemplare (z.B. Parasiten) in einem Extraktionspuffer gebadet werden, um an die genetische Information zu gelangen. Es gibt auch weitere minimal-invasive Methoden (Patzoldi et al. 2020), die eine erfolgreiche Analyse selbst bei sehr kleinen, fragilen Exemplaren ermöglichen. Anschließend wird die DNA aus der Probe extrahiert und ihre Qualität (Menge, Fragmentgröße) bestimmt. Die Probe mit der größten Menge DNA, die gleichzeitig auch die längsten und am wenigsten beschädigten Strangteile enthält, einer Shotgun-Sequenzierung unterzogen.

Die Shotgun-Sequenzierung ist eine Methode, bei der die gesamte DNA zunächst zufällig zerstückelt wird und die entstehenden Stücke anschließend sequenziert werden. Mittels einer bioinformatischen Analyse werden die Fragmente danach in der passenden Reihenfolge wieder zusammengebaut. Je nach Intensivität des Sequenzierungsprozesses, können so längere Kettenstücke, das Genom ganzer Mitochondrien oder gar ganze Genome eines Organismus erstellt werden. Weil die Methode auf kleine Fragmente aufbaut, sind beschädigte DNA Proben aus Museumsmaterial für diesen Prozess besonders geeignet. Diese Methode ermöglicht auch, anstatt nur ein Gen zu amplifizieren, ganze Mitochondrien und mehrere nukleare Gene gleichzeitig zu gewinnen, was nicht nur die Artidentifizierung, sondern auch tiefere molekular-taxonomische Analysen möglich macht. Sollte es Schwierigkeiten bei dieser Form der Untersuchung geben, können mit den Resten aus der DNA-Extraktion mittels CO1 Gen Amplifizierung dennoch Daten für einen Vergleich mit den vorliegenden Angaben aus diversen ABOL Initiativen gewonnen werden.

Der Abgleich der gewonnenen Informationen der genetischen Analyse der Typusexemplare mit den verfügbaren Barcodes der zugehörigen Arten in diversen Datenbanken (ABOL, GenBank) schließt die Untersuchung ab. Die Daten werden

UNTERLAGE 1: Projektbeschreibung Wiener Typen

veröffentlicht und als zentrale, zusätzliche Information zu den Typusexemplaren zur Verfügung gestellt.

Databank entry

Cards: lectotype/paralectotype

Original label

Acquisition book

Jar labels

Inventory book

Photo/x-ray: lectotype

Photo/x-ray: paralectotype

Recent publications

Original description

Genetic information on three genes: complete COI, partial cyt b, ITS1

Basic morphological information: The lectotype is characterized by lateral line extending close to caudal fin base (87 scales in lateral series: 74 pored and 13 non-pored); two patches of breast scales, not separated by scaleless area (three rows of scales, 4–6th, confluent); no scales between pelvic and pectoral fins; 8 branched rays in both dorsal and anal fins (last two rays originating on single pterygiophore); 16/16 branched pectoral fin rays; 7/7 branched pelvic fin rays; total vertebrae, 40 (22 abdominal, and 18 caudal); depth of caudal peduncle, 9.8% standard length (SL), 35% caudal peduncle length and 60.7 % body depth; body depth, 16.1% SL.

Abbildung 3: Ein Beispiel komplett bearbeitet Typusexemplare: Elritzenart *Phoxinus marsilii* (Projekt H-275981/2016)

Erwartete Resultate

Wissenschaftliche Resultate

Das erste Ergebnis der Studie wird ein Typenkatalog sein, der in einem wissenschaftlichen Journal veröffentlicht wird. Zusätzlich werden auch Digitalisate hergestellt, die in der neu entwickelten Datenbank des NHMs Wien inkludiert werden. Genetische Daten werden in entsprechenden internationalen Datenbanken veröffentlicht, wie z.B. GenBank und BOLD. Morphologische und genetische Daten werden dem Typusexemplar dauerhaft, gemeinsam mit dem spezifischen genetischen Profil (u.a. auch mit einem CO1 Fragment), zugeordnet. Dieses Profil wird wie das Typusexemplar selbst die Art repräsentieren. Die Ergebnisse werden in weiteren wissenschaftlichen Publikationen veröffentlicht.

Populärwissenschaftliche Resultate

Dem Bildungsauftrag des NHM Wien entsprechend, werden wir ein großes Augenmerk auf die populärwissenschaftliche Vermittlung der Ergebnisse dieser Studie legen. Das Thema wird in der Zeitschrift des NHM Wien („das Naturhistorische“) präsentiert werden. Dazu wird es eine „Meet a Scientist“ Multimedia-Präsentation geben und bei einer Veranstaltung zum Thema auf dem Deck 50 des NHM werden Teilnehmer*innen einzelne Untersuchungsschritte nachvollziehen können.

Innovative Aspekte und die Bedeutung des Projekts

Diese Studie(n) werden Daten zu wichtigen Teilen des natürlichen Erbes Wiens digital zugänglich machen und einen wesentlichen Beitrag zu laufenden Initiativen zur Erfassung der Biodiversität Österreichs (ABOL) liefern. Typusexemplare genetisch zu bearbeiten und sowohl mit einem DNA-Barcode als auch einem erweiterten genetischen Profil auszustatten, ist ein essentieller Schritt zur umfassenden Beschreibung der jeweiligen Art. Das Projektdesign folgt den neuesten Standards der objektbezogenen zoologischen Forschung im Sinne der „collection based science“, die durch Digitalisierung alle Aspekte von Museumsexemplaren für den Zugang via Open-Science bereitstellt und den Zugriff auf für phylogenetische, systematische und taxonomische Fragestellungen wichtige Daten enorm erleichtert. Anhand von Exemplaren aus höchst unterschiedlichen zoologischen Sammlungen des NHM Wien werden sammlungsbasierte Techniken angewandt und weiterentwickelt. Spezifische genetisch-analytische Methoden, wie z.B. minimal-invasive DNA-Extraktion, werden angewandt und ausgebaut. In Museen weltweit hat sich eine neue Disziplin entwickelt, die sich auf die Bearbeitung von genomischen Daten von Exemplaren in Museumssammlungen konzentriert. Dieses Pilotprojekt wird uns ermöglichen, die so genannten „Museomics“ im NHM Wien weiter auszubauen.

Team

Anja Palandačić (Projektleiterin; https://www.nhm-wien.ac.at/anja_palandacic) ist stellvertretende Kuratorin und Sammlungsmanagerin der Fische Sammlung des NHM Wien. Zu ihren herausragenden wissenschaftlichen Leistungen gehören vor allem populationsgenetische, phylogenetische und biodiversitätsbezogene Forschungen über kleine Weißfische auf dem Balkan, während der Durchbruch in ihrer Laufbahn die systematische Erforschung der europäischen Elritzen war, die einen enormen Wissenszuwachs über diese Fischgruppe brachte. Bei diesen Studien hat sie einen Schwerpunkt auf die genetische Analyse historischen Materials gelegt, wobei sie der Hochschuljubiläumsfond der Stadt Wien mit der Unterstützung im Rahmen des Projekts zur Wiener Elritze sehr unterstützt hat (siehe Palandačić et al. 2017, 2020). Neben ihrer Forschung an Elritzen verfügt sie über umfangreiche Erfahrungen mit der genetischen Analyse anderer Gruppen. 2021 wurde sie an der Universität Ljubljana, Slowenien, habilitiert und lehrt ancient- und Museums-DNA für Studierende. Neben ihren wissenschaftlichen Erfahrungen verfügt AP auch über Praxis in der Erwachsenenbildung und ist am NHM Wien in die Bildungsarbeit eingebunden. Mit ihren herausragenden wissenschaftlichen Ergebnissen, ihrem innovativen Denken und ihren Führungsqualitäten wird sie leicht das Projekt leiten und ihre Kenntnisse weitergeben können.

Nesrine Akkari (https://www.nhm-wien.ac.at/en/nesrine_akkari) ist Kuratorin der Myriapoda Sammlung, wo sie eine der weltweit bedeutendsten Sammlungen dieser zoologischen Gruppe kuratiert. Ihre derzeitige Forschung konzentriert sich auf die

UNTERLAGE 1: Projektbeschreibung Wiener Typen

Integration verschiedener Ansätze zur Untersuchung der Systematik von Myriapoden, wobei sie Standardmethoden, innovative bildgebende Verfahren und molekulare Daten kombiniert. Sie hat ein breites Spektrum an Interessen und veröffentlicht regelmäßig über die Taxonomie, Morphologie, Phylogenie und Evolution verschiedener Gruppen von Tausendfüßern und Hundertfüßern.

Susanne Randolph (https://www.nhm-wien.ac.at/en/susanne_randolf) ist Kuratorin der Neuropterida und angeschlossene Sammlungen und bearbeitet die Kopfmorphologie von Netzflüglern. Die Ergebnisse werden zur Klärung ihrer Phylogenie und zur Darstellung von Miniaturisierungseffekten bei sehr kleinen Vertretern verwendet.

Luise Kruckenhauser (https://www.nhm-wien.ac.at/en/luise_kruckenhauser) ist stellvertretende Leiterin des Forschungslabors für Molekulare Systematik am NHM Wien und arbeitet schon seit über 15 Jahren mit Museumsmaterial für DNA Analysen. Sie nahm an zahlreichen Studien, die „ancient DNA“ benutzten, teil, ein Großteil ihrer Publikationen beschäftigt sich (auch) mit Museumsmaterial. Sie hat eine reiche Forschungserfahrung im Bereich der genetischen Diversität, sowohl was Fragestellungen der Molekularen Systematik, des Artenschutzes, der Populationsgenetik als auch der Phylogeographie betrifft. LK lehrt an der Universität Wien und betreut zahlreiche Dissertationen und Masterarbeiten.

Hans-Martin Berg (https://www.nhm-wien.ac.at/hans-martin_berg) ist Sammlungsmanager der Vogelsammlung. Ein Schwerpunkt seiner Arbeit liegt in der Evaluierung, Digitalisierung und Bereitstellung des weltweiten Sammlungsmaterials sowie in der faunistischen und naturschutzfachlichen Aufarbeitung mit Fokus auf Mitteleuropa.

Pedro Frade (https://www.nhm-wien.ac.at/en/pedro_frade) ist Kurator der Evertebrata varia-Sammlung und beschäftigt sich mit verschiedenen Aspekten von Sammlungs-basierter Forschung und ist auch im Bereich der Öffentlichkeitsarbeit besonders aktiv. In diesem Projekt wird er als ausgebildeter Molekularbiologe mitarbeiten.

Ernst Mikschi (https://www.nhm-wien.ac.at/ernst_mikschi) ist Abteilungsdirektor der Wirbeltierabteilung des NHM Wiens und Kurator der Fische-Sammlung. Zu seinen zentralen Arbeitsgebieten zählen neben taxonomisch/systematischen Fragen die Ökologie der Fische und der Arten- und Naturschutz. Eine Reihe von grundlegenden Publikationen über die Gefährdung der heimischen Fauna (Rote Listen), Endemiten unter den Fischarten oder Alien Species unserer Fauna liegen vor. Arbeitsschwerpunkt in ökologischer Hinsicht ist der Nationalpark Neusiedlersee, den EM seit seiner Entstehung als Fischbiologe begleitet.

Nikolaus Szucsich (https://www.nhm-wien.ac.at/nikolaus_szucsich) ist ABOL-Manager. Seit 2014 koordiniert er die überinstitutionelle, nationale DNA-Barcoding-Initiative. Er hat zahlreiche Erfahrung mit Barcoding-Projekten und verfügt ist eingebunden in zahlreiche nationale und internationale Netzwerke.

Referenzen

Bickford D, Lohman DJ, Sodhi NS, Ng PKL, Meier R, Winker K, Ingram KK, Das I. Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 2007, 22(3):148–55.

Bogutskaya N, Mikschi E, Riedl MD, Szeiler S, Frade PR, Palandačić A. A catalogue of the type specimens described by Maximilian Holly housed in the Natural History Museum of Vienna. Part. 1. Chordata: Actinopterygii and Echinodermata: Asterozoa. *Die Annalen des Naturhistorischen Museums. Serie A*. 2022 in Druck.

Faurby S, Eiserhardt WL, Svenning J-C. Strong effects of variation in taxonomic opinion on diversification analyses. *Methods in Ecology and Evolution*, 7(1): 4-13.

Galtier N. Delineating species in the speciation continuum: A proposal *Evolutionary Applications*, 2018, 12(4): 657-663.

Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, de Waard JR. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings Royal Society, Biological Sciences*, 2003, 270(1512): 313–21.

Hebert PDN, Gregory TR. The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic Biology*, 2005, 54(5): 852–859.

Hey J, Waples RS, Arnold ML, Butlin RK, Harrison RG. Understanding and confronting species uncertainty in biology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 2003, 18: 597-603.

Isaac NJB, James Mallet, Georgina M Mace. Taxonomic inflation: its influence on macroecology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 2004, 19(9): 464-9.

Nelson G, Ellis S. The history and impact of digitization and digital data mobilization on biodiversity research. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 2018, 374(1763): 20170391.

Palandačić A, Kruckenhauser L, Ahnelt H, Mikschi E. European minnows through time: museum collections aid genetic assessment of species introductions in freshwater fishes (Cyprinidae: *Phoxinus* species complex). *Heredity*, 2020, 124: 410–422.

Palandačić A, Naseka A, Ramler D, Ahnelt H. Contrasting morphology with molecular data: an approach to revision of species complexes based on the example of European *Phoxinus* (Cyprinidae). *BMC Evolution Biology*, 2017, 17:184.

UNTERLAGE 1: Projektbeschreibung Wiener Typen

Patzold F, Zilli A, Hundsdoerfer AK. Advantages of an easy-to-use DNA extraction method for minimal-destructive analysis of collection specimens PLoS One. 2020, 15(7): e0235222.

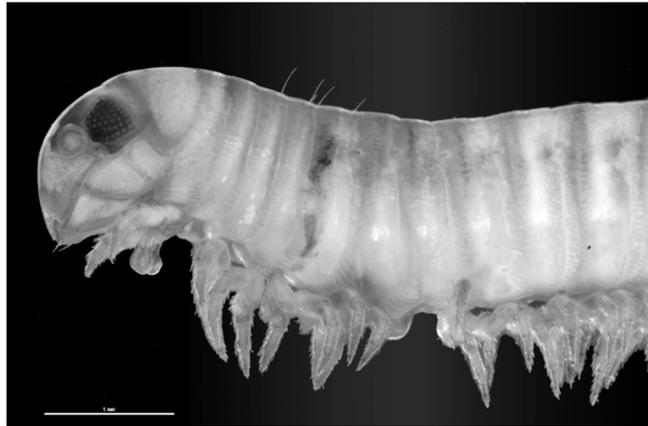
Typen Menü

Tausendfüßer

1. *Julus scandinavus* Latzel, 1884

Fundort: Wien, Prater bei Wien; Kirchdorf, ÖO; NÖ; Inv.Nu. 2749

VALID



2. *Ophiulus fallax lobatus* Attems, 1927

Fundort: Wien, Hernals, Neuwaldegg; Wienerwald, Wien und NÖ; Inv.Nu. 8040

NICHT VALID (*Ophiulus pilosus*)

3. *Cylindroiulus ignoratus* Attems, 1927

Fundort: Wien, Prater; Inv.Nu. 8170

NICHT VALID (*Cylindroiulus parisiorum*)

4. *Brachydesmus superus* Latzel, 1884 (Gemeiner Kleiner Bandfüßer)

Fundort: Wien, Prater; Inv.Nu. 3661

VALID

Insekten

5. *Troglophilus cavicola* Kollar, 1833 (Kollars Höhlenschrecke)

Fundort: Baden bei Wien; Inv.Nu. xxx

VALID

6. *Tetrix tuerki* Krauss, 1876 (Türks Dornschröcke)

Fundort: Wien; Inv.Nu. xxx

VALID



Parasiten

7. *Orchipedum tracheicola* Braun, 1901 (Saugwurm)

Fundort: Wien (*Anas fusca*); EU 4472

VALID



8. *Lyperosomum corrigia* Braun, 1901 (Saugwurm)

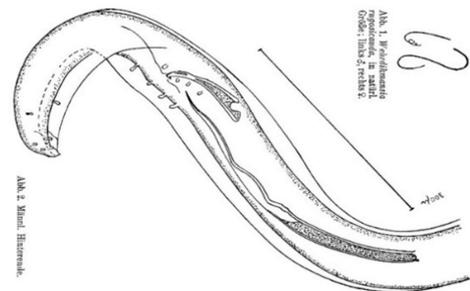
Fundort: Wien (*Tetrao tetrix*); EU 4429

VALID

9. *Wehrdikmansia rugosicauda* Böhm & Supperer, 1935 (Fadenwürmer)

Fundort: Wien (Reh, subcutan) EU 6352;

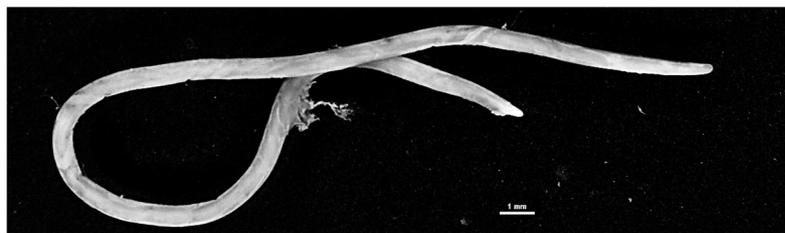
NOT VALID (*Cercopithifilaria rugosicauda* Böhm & Supperer, 1953)



10. *Diplotrriaena monticelliana* Stossich, 1890 (Fadenwürmer)

Fundort: Wittgensteinstrasse 32, 1130 Wien (Mönchsgrasmücke); EU

16844; VALID



Vögel

11. *Anser brevirostris* Brehm, 1831 (Zwerggans)

Fundort: Aspern, Wien; Seefeld, NÖ; NMW 55.939, NMW 55.170

NICHT VALID (*Anser erythropus*)



Neunaugen

12. *Eudontomyzon danfordi vladykovi* Oliva und Zanandrea, 1959 (Donauneunauge)

Fundort: Prater bei Wien; NMW- 50020

NICHT VALID (*Eudontomyzon danfordi*)

Fische

13. *Alburnus breviceps* Heckel und Kner, 1858 (Laube)

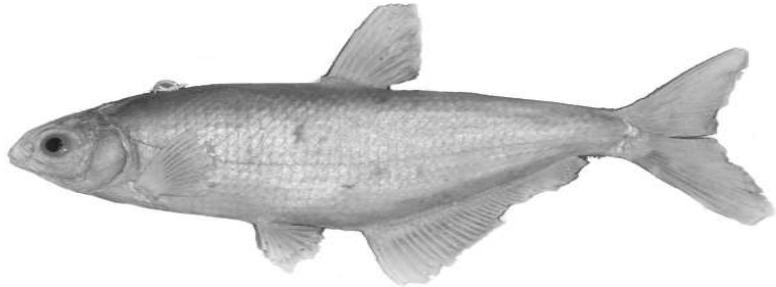
Fundort: Donau, Wien; NMW- 55539

NICHT VALID (*Alburnus alburnus*)

14. *Abramis schreibersii* Heckel, 1836 (Zobel)

Fundort: Donau unterhalb Wiens; NMW- 16584, 79462, 79463;

NICHT VALID (*Ballerus sapa*)



15. *Blicca argyroleuca* Heckel, 1843 (Güster)

Fundort: Donau, Wien; NMW- 54918

NICHT VALID (*Blicca bjoerkna*)

16. *Cyprinus acuminatus* Heckel und Kner, 1858 (Karpfen)

Fundort: Donau, Wien; NMW- 52846

NICHT VALID (*Cyprinus carpio*)

17. *Idus melanotus* Heckel und Kner, 1858 (Nerfling)

**Fundort: Wien; NMW- 11023-5, 53428, 53434, 53436-40, 53442-6, 53449-52,
53454-5, 53460-2, 53467-9, 58775, 78739, 81013, 94805**

NICHT VALID (*Leuciscus idus*)



18. *Idus miniatus* Heckel und Kner, 1858 (Nerfling)

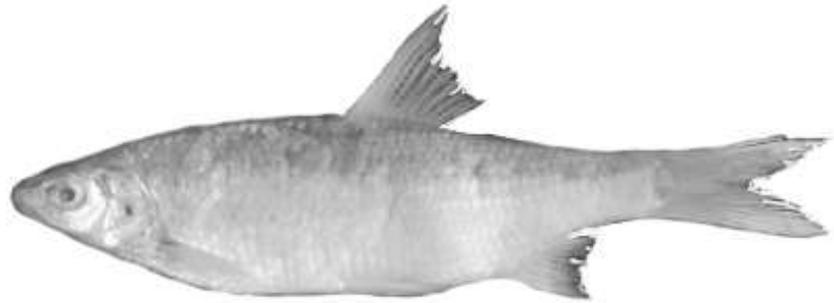
Fundort: Aus dem Hofgarten, Wien; NMW- 53432, 94807

NICHT VALID (*Leuciscus idus*)

19. *Squalius lepusculus* Heckel, 1852 (Hasel)

Fundort: Wien; NMW- 49345, 49347, 49348

NICHT VALID (*Leuciscus leuciscus*)



20. *Leuciscus virgo* Heckel, 1852 (Frauennerfling)

Donau, Wien; NMW- 22373, 50626

VALID (*Rutilus virgo*)

21. *Squalius delineates* Heckel, 1843 (Moderlieschen)

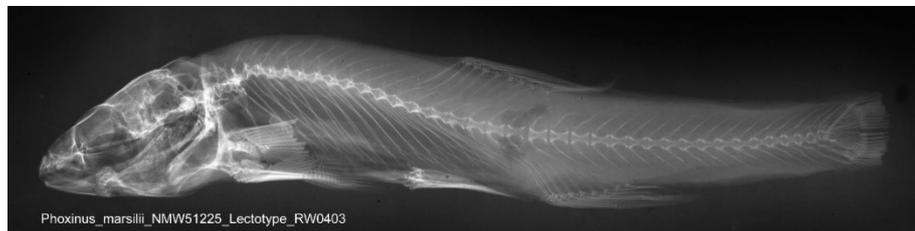
Fundort: Wien; NMW- 94777

VALID (*Leucaspis delineatus*)

22. *Phoxinus marsilii* Heckel, 1836 (Elritze)

Fundort: Wien; NMW- 51225

VALID



UNTERLAGE 2: Detaillierte Kostenaufstellung Wiener Typen

Personalkosten

Für die Umsetzung des Projekts wird ein(e) Technische*r Assistent*in für 6 Monate, 10 Stunden pro Woche, eingestellt.

Brutto 6 046,25 €

Overheads 1 209,25 €

Summe Personalkosten = 7 255,5 €

Sachkosten

Laborkosten: Die meisten aufgelisteten Arten sind nicht mit einem Typus, sondern mit einer Typuserie (mehrere Typusexemplare, Co-Typen oder Syn-Typen genannt) repräsentiert. Da das Gewebe schon sehr alt und beschädigt ist, werden durchschnittlich 5 Exemplare aus eine Typuserie beprobt, extrahiert und die Qualität der DNA gemessen. Bei 22 Arten ergibt das 110 Extraktionsproben. Nach dem Qualitätsmessungen wird die Probe mit dem besten Ergebnis mit der Methode der Shotgun-Sequenzierung sequenziert.

1 Extraktion = 3,5 €	$3,5 \text{ €} \times 110 \text{ Exemplare} = 385 \text{ €}$	
Qualitätsmessungen (Qbit, Tapestation) = 4,5 €	$4,5 \text{ €} \times 110 \text{ Exemplare} = 495 \text{ €}$	
Shotgun Sequencing = 250 €* (NovaSeq6000, paired-end 250bp, 35 Millionen reads pro Sample)	$250 \text{ €} \times 22 \text{ Exemplare} = 5 500 \text{ €}$	
	Netto =	6 380 €
	Brutto =	7 656 €

Tabelle 2: Ausgearbeitete Laborkosten; * im Antrag werden noch drei Angebote für Shotgun Sequencing inkludiert, mit preislichen Unterschieden (zwischen 395 Euro und 130 pro Probe), wobei sich die Produkte ein wenig unterscheiden. Das mittlere Angebot (250 Euro pro Probe) wurde für die Laborkostenberechnung ausgewählt.

Brutto 7 656 €

SUMME = 14 911,5 €

Palandacic Anja

Von: Sommer,Andreas <andreas.sommer@vbcf.ac.at>
Gesendet: Freitag, 28. Jänner 2022 12:14
An: Palandacic Anja
Betreff: Re: Anfrage Fisch Sammlung NHM Wien

Liebe Anja,

Beim letzten shot-gun sequencing haben wir NovaSeq verwendet (paired-end 250bp reads on NovaSeq6000 - min. 25 million reads/sample)

Hast Du vielleicht weitere Informationen darüber wie die Proben prozessiert wurden (Protokoll, Kit, etc.)?

und dafür ungefähr 500 Euro pro Probe (26 Proben) bezahlt (wir haben nur DNA geschickt).

Wir sollten deutlich darunter liegen, bei dieser Anzahl von Samples. ~250EUR

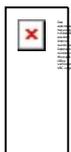
Dieses mal könnten wir auch eine niedrigere Coverage haben, weil wir am meisten in assembly von ganzen Mitochondrien interessiert sind.

bei deutlich höherer Ausbeute, ca. 35 Millionen pro Sample.

Wir haben noch nicht viel Erfahrung mit verschiedenen Illumina Optionen, deswegen wurde ich gerne einmal über verschiedene Möglichkeiten und Ansätze für unsere zahlreiche Experimente und über den Preis reden.

Du kannst mich gerne nächste Woche anrufen, wenn du noch generelle Fragen hast.

Liebe Grüße
Andreas



Andreas Sommer
Head of NGS Facility
T +43 1 7962324 7030
M 0664-808477030
andreas.sommer@vbcf.ac.at

Vienna BioCenter Core Facilities GmbH
Dr. Bohr-Gasse 3
1030 Vienna
Austria
www.vbcf.ac.at

On 27.01.2022, at 09:12, Palandacic Anja <Anja.Palandacic@NHM-WIEN.AC.AT> wrote:

Sehr geehrter Herr Sommer,

Ich arbeite in der Fischsammlung des Naturhistorisches Museums. Wir machen gerade Pläne für Illumina Sequencing für verschiedene Proben, zum Beispiel auch von altes Museummaterial und genotyping by sequencing von Microsatelliten. Wir haben bis jetzt die Firma TGB Genomics in

[Seite]

Trieste Italien verwendet. Es wäre aber viel praktischer in Biozentrum unsere Sequenzierungen zu machen, weil die DHL Service (die oft unzuverlässig ist) weg fehlt.

Beim letzten shot-gun sequencing haben wir NovaSeq verwendet (paired-end 250bp reads on NovaSeq6000 - min. 25 million reads/sample) und dafür ungefähr 500 Euro pro Probe (26 Proben) bezahlt (wir haben nur DNA geschickt). Dieses mal könnten wir auch eine niedrigere Coverage haben, weil wir am meisten in assembly von ganzen Mitochondrien interessiert sind.

Wir haben noch nicht viel Erfahrung mit verschiedenen Illumina Optionen, deswegen wurde ich gerne einmal über verschiedene Möglichkeiten und Ansätze für unsere zahlreiche Experimente und über den Preis reden.

Vielen Danke und LG, Anja

*Priv.-Doz. Dr. Anja Palandačić
Fish Collection
1. Zoological Department
Natural History Museum Vienna
Burgring 7
1010 Vienna
Austria*

Information gemaess UGB Par. 14 Abs. 1

Naturhistorisches Museum
1010 Wien, Burgring 7
Firmenbuchnummer: FN 236724z
Firmenbuchgericht: Handelsgericht Wien
UID: ATU 38020609
Rechtsform: Wissenschaftliche Anstalt
oeffentlichen Rechts des Bundes

QUOTATION

Bill To

Naturhistorisches Museum Wien
Burggring 7,
1010, Vienna, Austria
VAT ID: ATU 38020609
(Account ID: APalandacic)

Quotation#
EUQN-212851

Quoted Date	Expiry Date	Sales person
08-03-2022	19-04-2022	Alexandra Patmanidi

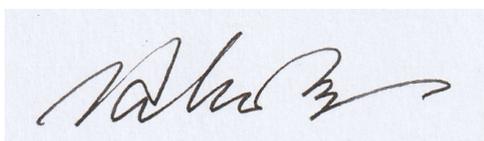
#	Item	Qty	Unit price	Amount
1	Package (WGS) - Custom output - TruSeq Nano - NovaSeq 6000	26 Sample	130.00	3,380.00

- The customer will deliver 26 gDNA samples taken from old specimens, at a final concentration of 0.1 ug in 20ul of Elution Buffer, TE Buffer or water. The customer has informed us that the DIN is unknown and the DNA due to its age is degraded.
- Libraries will be produced by Macrogen using the TruSeq Nano kit (350bp insert).
- Sequencing will be done using the NovaSeq 6000 platform at a configuration of 2x150bp and an output of 25 Mio total reads (3,75 Gb) per sample.
- Data will be delivered in FASTQ format using a Commercial Cloud service indicated by the customer.
- TAT is 4-6 weeks upon successful QC of the samples.
- Shipment is free of cost for orders over 1500 euro.

Sub Total	3,380.00
Reverse charge of VAT (0%)	0.00
Total	€3,380.00

Terms of Quotation

- The quotation price is excluding VAT.
 - The above quotation would be changed under various circumstances.
 - The purpose of the quotation is for sole price estimation upon your requested services; therefore it relates NOT to any payment process.
 - Macrogen Europe B.V. provides free delivery service for your convenience under certain conditions, but shall under no circumstances be liable for any loss, damage, expense, or delay to the shipments for any reason whatsoever when said shipments are in custody, possession, or control of third parties (transportation companies, customs, etc.).
- Either a purchase order number or credit card number must be presented when placing an order.
If you have any further question on our service and others, please contact ngs@macrogen-europe.com



Bongcho Kim, PhD. CEO
Macrogen Europe B.V.

Terms of Service

1. The quotation #EUQN-212851 is prepared for price estimation of specific project, and price information is confidential to the parties directly involved with this project.
2. Service cost usually includes initial sample shipment to MacroGen's facility and quality checks throughout the process. Amount in final invoice may vary from initial quotation when additional services are used. e.g. nucleic acid extraction, hard disk delivery, etc.
3. Upon arrival of samples, MacroGen personnel registers clients' samples in the system and proceed with initial quality check. When main service – library preparation and sequencing – is not executed due to the client's change of mind, service cost will be calculated up to the point – shipping and QC fee – and be charged to the client. Once the client's samples pass initial QC step, MacroGen will attempt maximum twice of library preparation. When the library still fails QC step and eventually its sequencing run is not performed, MacroGen considers the cause is in the submitted sample's specificity and charge 50% of the library price.
4. MacroGen Europe B.V. provides free delivery service for your convenience under certain conditions, but shall under no circumstances be liable for any loss, damage, expense or delay to the shipments for any reason whatsoever when said shipments are in custody, possession or control of third parties (transportation companies, customs, etc.).
5. Sequencing raw data and its analysed result will be discarded 3 months after the data delivery. BCL file will be deleted before the others due to its huge size. Within the 3-month data storage period, your analysis result may be used for data quality inspection, validation, and internal training purposes for better service by MacroGen.
6. Processed sample and any unused sample such as back-up, QC failed one, etc. will be discarded 3 months after the data delivery, unless otherwise special request is made. At request, the samples can be returned at the recipient's cost. Request should be made no later than 1 month after the data delivery. For the project amount of total €15,000 or above, the shipping and handling charge can be waived.
7. Whilst we are willing to examine client queries surrounding the data, we dictate that any formal objections should be addressed within 3 months after the data delivery.
8. The service is for research purposes only, and not for clinical or diagnostic procedures.
9. MacroGen is a global research facilitator with its headquarter in Seoul, Korea and has affiliated corporation and branch offices all over the world. We reserve rights to utilise our global supply chain to meet agreed service terms.
10. For any purchases made by MacroGen due to special request from client side, all sample preparation costs will be charged regardless of the result of the experiment.
11. Terms of payment is NET 30 days, and client is subject to 10% late fee of total amount. All payments shall be without any deduction of fees, taxes, other withholding or similar taxes whatsoever. For the avoidance of doubt, client shall pay all of the aforementioned fees and taxes in addition to the cost of services/products with respect to using MacroGen's services and/or products. Further orders may not be accepted when overdue amount is considered substantial. Available payment methods are as follows:
 - * Credit card: Master, VISA
 - * Wire transfer to a bank account of MacroGen Europe B.V.
 - Beneficiary: MacroGen Europe B.V.
 - IBAN: NL36 INGB 0008 8449 96
 - Bank Info: ING bank
 - BIC: INGBNL2A

By signing below, I acknowledge that I have read and accept terms of service and scope of work.

Name:

VAT ID:

(The VAT ID is mandatory for your tax deduction)

Date:

Signature:

Please send signed copy of the quotation electronically to your MacroGen representative, and provide details of your samples upon your sample shipment.

Dr Anja Palandacic
 Naturhistorisches Museum Wien
 Fischsammlung
 Burgring 7
 1010 Wien

28 February 2022

Offer | 32667_LHa

Dear Dr Palandacic,

Following your inquiry, I am pleased to send you the following offer for your sequencing project using our Illumina Sequencing system:

YOUR DEMAND

Shotgun sequencing of 26 DNA sampes using the 2*250 bp NovaSeq chemistry.

OUR OFFER

<i>Item</i>	<i>Cat. no.</i>	<i>Quantity</i>	<i>Your price [Euro]</i>	<i>Total [Euro]</i>
Library preparation and sequencing				
Illumina TruSeq library	30005	26	153,00	3 978,00
SP flow cell, 2*250	30530	1	7 460,00	7 460,00
			Total	11 438,00
Total incl an additional discount of 10%:				10 294,20

Service description
Library preparation and sequencing

The library preparation includes a QC of your samples, the library preparation and QC of the final library. For the Illumina TruSeq nano library please provide >0.5µg DNA with a concentration >10ng/µl (for more details please check our website).

Please use proper sealed plates for more than 24 samples, otherwise we have to charge additional costs.

The throughput of the Illumina NovaSeq SP flow cell 2*250 for RNA Sequencing is 1300 Mio. passed filter reads (650 Mio forward and 650 Mio reverse) and may deviate by ± 25% depending on sample and library type.

Data delivery

Delivery of the data: 4-5 weeks after reception of the samples.

The quality of the shipped data equals at least the Illumina specifications of the sequencing platform utilized (for this service: $\geq 75\%$ of bases higher than Q30).

Sequencing data will be delivered per https-ftp-download as adaptor trimmed, demultiplexed, and quality checked raw reads in fastq or fasta format. If Bioinformatics services were conducted, additional analysis files in various standard formats are provided (e.g. vcf, bam, txt, csv, png, html, etc.).

Sample Shipment

Please use our webshop for sample submission where you also find additional information concerning sample requirements and shipment: <https://srvweb.microsynth.ch/>

Feel free to use the comment field and the file upload for providing special wishes or additional information.

Please ship a printout of the generate sample summary along with the physical samples.

In case you ordered DNA/RNA isolation "Isolation & Genetic Assaying" is the entry point of choice.

General Conditions and Remarks

- All prices in EUR excluding VAT
- The offer is valid until 31.12.2022
- **Important!** Please indicate your offer number in the respective field when placing your order.
- Microsynth does not take any responsibility for the identity control of the received samples.
- Microsynth will charge 80% of the arising expenses if the project has to be stopped due to repeated unsuccessful library preparation or two-step PCR amplification (for sample intrinsic reasons only).
- For two-step PCR amplifications: If $\leq 5\%$ of the samples cannot be amplified, Microsynth may proceed with sequencing of the residual samples without notification of the customer.
- Please be aware that a downstream analysis might not be feasible to the full degree anymore if too many samples cannot be processed.
- The prices mentioned in this offer are not subject to discounts defined in earlier offers or contracts.
- The customer will be briefed about the status of his project. In case of unforeseen difficulties, the next steps will be discussed together with the customer.
- Results are for research purposes only. The customer is responsible for the data interpretation.
- Microsynth treats all data confidentially and claims no right on them.

CERTIFICATION AND QUALITY

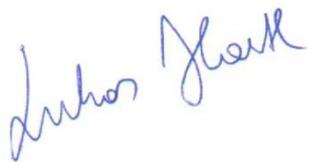
Microsynth is a leading European company in nucleic acid synthesis & analysis. Up to date we put every effort in constantly improving the underlying production processes. All branches of Microsynth are ISO 9001:2015 certified. The services of Microsynth AG (Balgach) related to NGS and Sanger sequencing as well as to fragment length analysis are additionally ISO/IEC 17025:2017 accredited

(STS 0429). Microsynth AG is also authorized by Swissmedic to perform quality control of medicinal products by GMP Sanger sequencing. Further, Microsynth AG is EN ISO 13485:2016 certified for the production and distribution of nucleic acids and components for IVD manufacturers and provision of associated activities.

CUSTOMER SUPPORT

At Microsynth Austria customers have direct access to experts in the field either by email or phone (see also <https://www.microsynth.com/were-here-to-help.html>)

I hope this offer meets your expectations. If you have any questions regarding the offer, please do not hesitate to contact me.



Dr. Lukas Hartl | Sales Manager Austria

Tel (direct): +43 699 172 460 10

Email: lukas.hartl@microsynth.at

Curriculum Vitae

Personal Data

Name: **Dr. Anja Palandačić**
Birth: 17.06.1982, Ljubljana, Slovenia
Nationality: Slovene
Address: Natural History Museum Vienna, Burgring 7, 1010 Vienna, Austria
Current position: Fish collection manager, I. Zoological Department
E-mail: Anja.palandacic@nhm-wien.ac.at

Professional History

Since 01.07.2013 **Fish collection manager**, I. Zoological Department,
Natural History Museum Vienna, Burgring 7, 1010 Vienna, Austria
28.09. 2021 – **Habilitation at the university of Ljubljana in Evolution Biology**
01. 06.2012 – 01.05.2013 **Researcher**
University Medical Centre Ljubljana, Clinical institute for Medical Genetics,
Šljajmerjeva 3, Ljubljana
01. 10. 2007 – 31.03. 2012 **Junior Researcher**
University of Ljubljana, Biotechnical faculty, Department of Animal Science,
Groblje 3, 1230 Domzale, Slovenia

Projects

31.10. 2019 – 29.04.2024 **„Dispersal of Aquatic Organisms in Karst Landscapes“**
Awarded by **FWF Austrian Science Funds**
Joint Project with Biotechnical Faculty in Ljubljana; No.: I 4131-B25
12. 2016 – 12. 2017 **„Gibt es Wiener Elritzen?“**
Awarded by **Hochschuljubiläumsstiftung der Stadt Wien**
No.: H-275981/2016

Training

22. – 26. 11. 2021 **Basic Collections Techniques/the Shipping Workshop** at the Museum für
Naturkunde Berlin, online
11. – 12. 11. 2021 **muse-OMICS workshop** organized by the DFG SPP 1991 Taxon-Omics,
online
20. – 24. 06. 2016 **NGS Sequencing Workshop**, Plant Molecular Ecology & Evolutionary
Genomics, University of Vienna
23. – 25. 02. 2016 **A workshop on the Nagoya Protocol and Access and Benefit Sharing**, The
Bavarian State Collection of Zoology, Munich, Germany
20. – 25. 05. 2012 **25th Course in Medical Genetics (Remote Center Split)**
European Genetics Foundation, Bologna,
in collaboration with Medical Faculty of Split
27. 09 – 01. 10. 2011 **Workshop CONGEN (Pop. Genetics Data Analysis Course)**
University of Montana (USA) and CIBIO (Portugal)
04. 06. – 04. 10. 2010 **Internship**
Walter Salzburger Laboratory, Evolutionsbiologie,
Zoologisches Institut, Universität Basel, Switzerland
09. – 30. 01 2010 **Workshop on Molecular Evolution**
<http://molecularevolution.org/>
09. 01. – 02. 02. 2009 **Internship**
Ben Koop Laboratory, Centre for Biomedical Research, University of Victoria,
Canada

Other

Reviewer for the ERC (European Research Council) 2020 -
Co-organizer of ConsGen18: Third Annual Meeting in Conservation
Genetics 2018 in Vienna
Reviewer on Synthesys Panel in Natural History Museum Prague, Czech
Republic, 2014

UNTERLAGE 3: Lebenslauf und Publikationsliste Wiener Typen

Education

01.10. 2007 – 06.04.2012

PhD in Genetics

University of Ljubljana, Biotechnical faculty, Department of Animal Science, Groblje 3, SI-1230 Domzale, Slovenia

01. 10. 2001 – 05. 06. 2007

Bachelor of Science in Biology

University of Ljubljana, Biotechnical faculty, Department of Biology, Večna pot 111, SI-1000 Ljubljana, Slovenia

01. 09. 1997 – 30. 08. 2001

High school graduate

Gimanzija Bežigrad, Peričeva 4, Ljubljana, Slovenia

Languages

Slovene (Mother tongue), English (fluent), German (fluent), Croatian (fluent), Serbian (fluent), Spanish (basic)

Awards and Grants

Research grant of the Slovenian Research Agency for Internship in Switzerland, 2010

Special Achievement Award awarded by Slovenian Human Resources Development and Scholarship Fund for diploma thesis "Virulence factors of uropathogenic *Escherichia coli* strains collected from general practices in Ljubljana", 2009

Zois Grant for talented students awarded by Government of Slovenia 1997 - 2006

REFERENCE LIST

ORIGINAL PAPERS:

BOGUTSKAYA N, MIKSCHI E, RIEDEL MD, SZEILER S, FRADE PR, **PALANDAČIĆ A**. A catalogue of the type specimens described by Maximilian Holly housed in the Natural History Museum of Vienna. Part. 1. Chordata: Actinopterygii and Echinodermata: Asteroidea. Die Annalen des Naturhistorischen Museums. Serie A. 2022; In print.

PALANDAČIĆ A, KRUCKENHAUSER L, AHNELT H, MIKSCHI E. The unexpected biodiversity of the genus *Phoxinus* (Leuciscidae) in Austria – a perfect example of pros and cons of the DNA barcoding region COI for taxonomical use; Extended Abstract, Acta ZooBot Austria, 158: 189 - 199.

TSAPARIS D, KONSTANTINIDIS I, **PALANDAČIĆ A**, KALOGIANNI E, TH. STOUMBOUDI M, BARBIERI R, VARDAKAS L, KOUTSIKOS N, TSIGENOPOULOS CS. **DNA barcoding provides new insights on the distribution, systematics and conservation of the freshwater genus *Pelagus* (Cypriniformes: Cyprinidae) in Greece.** Hydrobiologia, 2021, 848, 1163–1176. <https://doi.org/10.1007/s10750-021-04526-9>

BRAVNIČAR J, **PALANDAČIĆ A**, SUŠNIK BAJEC S, SNOJ A. **Neotype designation for *Thymallus aeliani* Valenciennes, 1848 from a museum topotype specimen and its affiliation with Adriatic grayling on the basis of mitochondrial DNA.** ZooKeys, 2020, 999: 165-178. <https://doi.org/10.3897/zookeys.999.56636>

BRAVNIČAR J, **PALANDAČIĆ A**, JELIĆ D, PODGORNIK S, SNOJ A. **Molecular data reveal distinct phylogenetic position of *Cottus metae*, establish its distribution range, and invalidate the species status of *C. scaturigo*.** Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research, 2020, 59 (2), 428-441. <https://doi.org/10.1111/jzs.12434>

ENGLMAIER G, VIÑUELA RODRIGUEZ N, WAIDBACHER H, **PALANDAČIĆ A**, TESFAYE G, GESSL W and MEULENBROEK P. **New data on *Garra makiensis* (Cyprinidae, Labeoinae) from the Awash River (Ethiopia) with remarks on its relation to congeners on the Arabian Peninsula.** Zookeys, 2020, 984: 133-163. <https://doi.org/10.3897/zookeys.984.55982>

PALANDAČIĆ A, KRUCKENHAUSER L, AHNELT H, MIKSCHI E. **European minnows through time: museum collections aid genetic assessment of species introductions in freshwater fishes (Cyprinidae: *Phoxinus* species complex).** Heredity, 2020, 124, 410–422. <https://doi.org/10.1038/s41437-019-0292-1>

SIDELEVA V G, NASEKA A, NOWAK M, **PALANDAČIĆ A**. **The finding of holotype and redescription of *Cottus microstomus* Heckel 1837 (Cottidae).** Ichthyological Research, 2019, 66, 249–257. <https://doi.org/10.1007/s10228-018-00676-4>

PALANDAČIĆ A, NASEKA A, RAMLER D, AHNELT H. **Contrasting morphology with molecular data: an approach to revision of species complexes based on the example of European *Phoxinus* (Cyprinidae).** BMC Evolutionary Biology, 2017, 17 (1), 1. <https://bmcevolbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12862-017-1032-x>

- MAVER A, LAVTAR P, ..., **PALANDAČIĆ A**, ..., PETERLIN B. **Identification of rare genetic variation of NLRP1 gene in familial multiple sclerosis.** Scientific Reports, 2017, 7(1): 3715. <https://www.nature.com/articles/s41598-017-03536-9>
- RAMLER D, **PALANDAČIĆ A**, DELMASTRO GB, WANZENBÖCK J, AHNELT H. **Morphological divergence of lake and stream *Phoxinus* of Northern Italy and the Danube basin based on geometric morphometric analysis.** Ecology and Evolution, 2017, 7(2): 572-584. <https://doi.org/10.1002/ece3.2648>
- PALANDAČIĆ A**, BRAVNIČAR J, ZUPANČIČ P, ŠANDA R, SNOJ A. **Molecular data suggest a multispecies complex of *Phoxinus* (Cyprinidae) in the Western Balkan Peninsula.** Molecular phylogenetics and evolution, 2015, 92, 118-123. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1055790315001670>, doi: 10.1016/j.ympev.2015.05.024.
- BROWNSTEIN AB, BEGGS AH, ..., **PALANDACIC A**, ..., MARGULIES DM. **An international effort towards developing standards for best practices in analysis, interpretation and reporting of clinical genome sequencing results in the CLARITY Challenge.** Genome Biology, 2014, 25;15(3):R53. doi: 10.1186/gb-2014-15-3-r53. <http://www.genomebiology.com/content/pdf/gb-2014-15-3-r53.pdf>
- SIVKA U, SNOJ A, **PALANDAČIĆ A**, SUŠNIK BAJEC S. **Identification of candidate genes involved in marble color pattern formation in genus *Salmo*.** Comparative biochemistry and physiology. Part D, Genomics and proteomics, 2013, Vol. 8, No. 3. 244-249. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1744117X13000336>, doi: 10.1016/j.cbd.2013.06.003.
- PALANDAČIĆ A**, BONACCI O, SNOJ A. **Molecular data as a possible tool for tracing groundwater flow in karst environment: example of *Delminichthys adspersus* in Dinaric karst system.** Ecohydrology, 2012, Vol. 5, No. 6. 791-797. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/eco.269/abstract>, doi: 10.1002/eco.269
- PALANDAČIĆ A**, MATSCHINER M, ZUPANČIČ P, SNOJ A. **Fish migrate underground: the example of *Delminichthys adspersus* (Cyprinidae).** Molecular Ecology, 2012, vol. 21, issue 7, 1658-1671. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1365-294X.2012.05507.x/pdf>, doi: 10.1111/j.1365-294X.2012.05507.x.
- STARČIČ ERJAVEC M, **PALANDAČIĆ A**, ŽGUR-BERTOK D, AMBROŽIČ J. **Genetic background of uropathogenic *Escherichia coli* isolates from Slovenia in relation to fluoroquinolone and sulfamethoxazole/trimethoprim resistance.** Acta Biologica Slovenica, 2011, vol. 54, issue 2, 5-13. <http://www.dlib.si/details/URN:NBN:SI:DOC-YXP4003R>
- PALANDAČIĆ A**, ZUPANČIČ P, SNOJ A. **Revised classification of former genus *Phoxinellus* using nuclear DNA sequences.** Biochemical Systematics and Ecology, 2010, vol. 38, issue 5, 1069-1073. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2010.09.021>
- FIŠER C, KEBER R, KEREŽI V, MOŠKRIČ A, **PALANDAČIĆ A**, PETKOVSKA V, POTOČNIK H, SKET B. **Coexistence of species of two amphipod genera: *Niphargus timavi* (Niphargidae) and *Gammarus fossarum* (Gammaridae).** Journal of Natural History, 2007, vol. 41, issue 41/44, 2641-2651. <https://doi.org/10.1080/00222930701661225>
- CONFERENCE PARTICIPATION:**
- PALANDAČIĆ A.** The unexpected biodiversity of the genus *Phoxinus* (Leuciscidae) in Austria – a perfect example of pros and cons of the barcoding region COI for taxonomical use. 7. ABOL Tagung, Online Conference, 5. December 2020.
- PALANDAČIĆ A** & BOGUTSKAYA N. Contrasting morphology with molecular data in the *Phoxinus* species complex including some taxonomical and nomenclatural observations. In: The Book of Abstracts: 14. Tagung der Gesellschaft für Ichthyologie. 23. – 26. November 2017, Bonn, Germany.
- PALANDAČIĆ A** & MIKSCHI E. Viennese Minnow – the blast from the past. In The Book of Abstracts: Heritage Science Days. 22. - 24. November 2017, Vienna, Austria.
- PALANDAČIĆ A**, RIEDEL B, RAMLER D, AHNELT H; MIKSCHI E. The influence of the habitat on morphological species delimitation characteristics: example of *Phoxinus* (Cyprinidae). In: The book of Abstracts 7th International Symposium of Ecologists of Montenegro – ISEM7. 4.-7. October 2017, Sutomore, Montenegro.
- BRAVNIČAR J, **PALANDAČIĆ A**, MARIĆ S, ŠANDA R, SNOJ A. Phylogeny of European bullhead (*Cottus* sp.) in Western Balkan. In: Abstract book, XV European Congress of Ichthyology, Porto Portugal 07-11 September 2015. [S. l.: s. n.]. 2015, str. 35-36. [COBISS.SI-ID 3617928]
- PALANDAČIĆ A**, RAMLER D, BRAVNIČAR J, SNOJ A, AHNELT H. Resolving phylogeny of the genus *Phoxinus* in the Western Balkan Peninsula with the help of museum specimens. In: International workshop

UNTERLAGE 3: Lebenslauf und Publikationsliste Wiener Typen

biodiversity in the Mediterranean basin Koper, 11 - 13 March 2015. FIŠER PEČNIKAR, Živa (Ed.), LUŽNIK, Martina (ur.). Book of abstracts. Koper: University of Primorska Press, 2015, str. 18.

PALANDAČIĆ A, BRAVNIČAR J, SNOJ A. The chosen trail for travel: underground! (Genetic evidence on underground fish dispersal in karst systems). In: BERNARDI, Massimo (Ed.). The XXXIII Congress of the Willi Henning Society, Trento July 6 - 10, 2014. Trento: Museo delle Scienze, cop. 2014, str. 72.

BRAVNIČAR J, **PALANDAČIĆ A**, PODGORNIK S, JELIĆ D, SNOJ A. Phylogeny of *Cottus meate*. V: BERNARDI, Massimo (ur.). The XXXIII Congress of the Willi Henning Society, Trento July 6 - 10, 2014. Trento: Museo delle Scienze, cop. 2014, str. 73.

OTHER MATERIAL

PALANDAČIĆ A & BOGUTSKAYA N. Pisanci v Sloveniji [Minnows in Slovenia]: brochure. Natural History Museum Vienna. Vienna, Austria, 2020.

PALANDAČIĆ A. Imotska gaovica mala ali čudesna [*Imotska gaovica - small but wonderful*]: brochure. Ljubljana: Department of Animal Science, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, 2011.

PRPAR S, KUNEJ T, PUSTOVRH G, **PALANDAČIĆ A**, SIVKA U, PETRIČ N, DOVČ P. Study literature for Biotechnology studies. Domžale: Biotechnical Faculty, Department of Animal Science, 2011.