

Resultaten van onderzoek

Fons Verheyde

Onderzoekers publiceren hun resultaten regelmatig in vaktijdschriften. Van een paar recente artikelen hierbij een bespreking om een beter beeld te krijgen van de resultaten van dit onderzoek. Het volledige verhaal is gewoonlijk digitaal te vinden.

Klassieke morfologie vs. genetica binnen sluipwespen-taxonomie: subfamilie Ichneumoninae

Santos, B.F., D.B. Wahl, P. Rouse, A.M.R. Bennett, R. Kula & S.G. Brady, 2021. Phylogenomics of Ichneumoninae (Hymenoptera, Ichneumonidae) reveals pervasive morphological convergence and the shortcomings of previous classifications. - <https://doi.org/10.1111/syen.12484>

In deze paper wordt de evolutionaire geschiedenis en taxonomie van de subfamilie Ichneumoninae onderzocht. Dit is de bekendste en grootste subfamilie binnen de sluipwespen, met wereldwijd 4375 beschreven soorten waaronder het befaamde genus *Ichneumon*. De soorten zijn endoparasitair op Lepidoptera (nachtvlinders). Belangrijk is dat de dieren rechtstreeks de larven van de gastheren parasiteren of eventueel de laatste fasen van hun pop. De finale gedaanteverwisseling vindt bijna altijd plaats in de pop van de gastheer. Vaak zijn de gastheren vrij specifiek. Dit in tegenstelling tot bv. sluipwespen uit de subfamilies Cryptinae en Phygadeuontinae, die ook enkel in de (pre-)popfase hun gastheer parasiteren.

Om te kijken hoe bepaalde biologische eigenschappen doorheen de tijd veranderden, analyseerden de auteurs het laatste achterlijfssegment van de sluipwespen, het zogenaamde hypopygium. Een lang hypopygium dat de legboorschede bedekt (of bijna bedekt) noemt men 'amblypygous' (hier is de legboor vaak moeilijk of niet zichtbaar). Een kort hypopygium dat de legboorschede niet bedekt noemt men 'oxygygous' (hier is de legboor zichtbaar). Uit een analyse van kweekexemplaren blijkt dat soorten met een zichtbare legboor (oxygygous) geen obligatoire parasitoiden zijn van

poppen, terwijl soorten met een verscholen legboor (amblypygous) wel enkel levende larven als gastheer kunnen gebruiken. Dit duidt mogelijk op evolutionaire specialisatie.

En dan verschijnt de genetica in het verhaal. Binnen de Ichneumoninae blijkt er een grote mate van polyfylie te zijn. Hier gruwelen taxonomen van. Dit betekent dat de laatste gemeenschappelijke voorouder van de groep niet binnen het eigen taxon valt, maar uit een andere evolutionaire stamboom komt (indien dit wel zo is spreekt men van monofylie). Hoe komt dit? Klassieke taxonomen gebruikten vaak kenmerken zoals de kaken of de achterzijde van het hoofd, of de groeven op het propodeum. Deze evolutionaire en biologische kenmerken blijken goed om groepen af te bakenen op een lager niveau, maar vanaf het niveau van subtribus of tribus zijn ze zeer onbetrouwbaar. Er blijkt namelijk sprake te zijn van een enorm grote morfologische convergentie of homoplasie: de ontwikkeling van gelijkaardige eigenschappen die evolutionair gezien apart werden verworven. Een ander groot probleem is de evolutie doorheen de tijd. Ichneumoninae blijken een zeer snelle radiatie te hebben, wat betekent dat ze op een korte tijd snel evolueerden, wellicht onder invloed van massa-extincties en/of de beschikbaarheid van nieuwe ecologische niches. Ten tweede blijkt dat de wisselingen in ecologie of specialisatie in gastheergebruik zeer frequent waren en niet noodzakelijk lineair plaatsvonden. De transities van oxygygie naar amblypygie en van exoparasitisme naar endoparasitisme zijn wellicht de belangrijkste drivers geweest voor de afsplitsing binnen de Ichneumoniformes (zie hieronder) tegenover de andere subfamilies. Met andere woorden: Ichneumoninae staan verder (recenter) op de genetische stamboom.

Het uiteindelijke taxonomische resultaat van de genetische analyse is dat de meeste tribus van de Ichneumoninae op de schop gaan (herziening van Broad et al. 2018) – er zijn er nu zeven:

- Eurylabini, Phaeogenini en Platylabini (incl. *Probolus* [vroeger Ichneumonini] en *Cotibersiarches* [vroeger Zimmeriini, een tribus die wordt opgeheven]) zijn sterke monofyletische tribu en blijven behouden. De verdeling van de subtribi binnen Phaeogenini zoals in Selfa & Diller (1994) wordt afgevoerd wegens geen bewijs.
- Alomyinae (subfamilie) wordt opnieuw een tribus binnen Ichneumoninae: Alomyini (ook reeds aangehaald door Bennett in 2019)

- Notosemini (*Notosemus*) en Abzariini (*Abzaria*) zijn nieuwe tribi
- Ichneumonini: de restgroep; wegens gebrek aan genetisch bewijs worden de meeste oude tribi hierin geplaatst (Goedartiini, Heresiarchini, Listrodromini en Oedicephalini).

Er zijn ook nog enkele conclusies voor de oergroep van de Ichneumoniformes. Deze groep maakt zo'n 38% van de bestaande soorten uit en bevat naast de Ichneumoninae ook de subfamilies Adelognathinae, Agriotypinae, Ateleutinae, Cryptinae, Micropletinae, Phygadeuontinae en mogelijk ook Eucerotinae (hierover is men niet zeker). De genetische analyses tonen aan dat de Cryptinae uit een goed gedefinieerde monofyletische groep bestaan. Veel minder goede resultaten zijn er voor Phygadeuontinae en drie groepen ('clades') rond de genera *Bathytrix*, *Endasys* en *Hemiteles*. Dit duidt erop dat er in de toekomst wellicht nog veel zal veranderen voor deze groepen wat taxonomische plaatsing betreft.

Tot slot lijkt deze studie dus andermaal te bewijzen dat er een sterke link is tussen morfologie en gastheergebruik, ondanks het feit dat dit niet zomaar retrospectief gebruikt kan worden voor een taxonomische boom. Gekoppeld aan de sterke gastheerspecialisatie binnen Ichneumoninae kan dit mogelijk de aanwezigheid van bestaande kleurvarianten en ondersoorten bij bepaalde soorten verklaren, iets wat ontbreekt bij andere subfamilies en tot op heden amper onderzocht werd.

Onverwachte diversiteit binnen enkele wespenfamilies (op basis van genetisch onderzoek)

Schmid-Egger, C. & S. Schmidt, 2021. Unexpected diversity in Central European Vespoidea (Hymenoptera, Mutillidae, Myrmosidae, Sapygidae, Scoliidae, Tiphiidae, Thynnidae, Vespidae), with description of two species of *Smicromyrme* Thomson, 1870.

<https://doi.org/10.3897/zookeys.1062.70763>

In dit artikel worden enkele kleinere wespenfamilies binnen de angeldragers (Aculeata) onderzocht, meer bepaald binnen de superfamilie Vespoidea. Voorbeelden zijn mierwespen, knotswespen, dolkwespen, plooi vleugelwespen en keverdoders. Naast de taxonomische stabiliteit (het op zich bestaan als soort) wordt ook de bredere taxonomische positie geanalyseerd. In totaal werden 134 soorten bekeken.

Het zou ons te ver brengen om de studie volledig in detail te bespreken. We zijn vooral geïnteresseerd in de gevolgen voor Nederland en België.

Een eerste concreet gevolg is het opsplitsen van de 'Gewone mierwesp' (*Smicromyrme rufipes*). Uit de studie blijkt dat het dier niet van foto te herkennen is, aangezien er twee dubbelsoorten bestaan (hier nieuw beschreven als *S. burgeri* en *S. langobardensis*). Het is mogelijk dat er nog onbeschreven soorten bestaan in Europa, want noordelijke specimens werden slechts beperkt gebruikt. De verwachting is dat het niet onmogelijk is dat alle nieuw beschreven soorten in de Lage Landen voorkomen. Om hierover een sluitend antwoord te geven zijn meer specimens nodig. *S. burgeri* wordt in de paper als iets meer zuidelijk beschouwd, *S. langobardensis* zoals de naam doet vermoeden alpien (meer bepaald in Italië). *S. burgeri* lijkt dus wel een meer realistische kandidaat om hier ook voor te komen, naast eventueel onbeschreven soorten dan.

Een ander gevolg heeft betrekking tot ons idee van 'ondersoorten'. Klassiek beschouwde men enkele kleurvarianten van de - ij ons als importsoort bekende- reuzendolkwesp *Megascolia maculata* als ondersoort. Er werd echter geen genetische basis hiervoor gevonden. Vanaf nu krijgen de varianten dus hoogstens de notatie 'var.', en worden ze niet meer als derde woord na de soortnaam geplaatst (zoals een ondersoort). Ook vanuit een breder perspectief is dit interessant, want binnen Hymenoptera is er nog niet veel onderzoek gebeurd naar ondersoorten, terwijl die binnen bepaalde families vrij veelvuldig aanwezig zijn. Omgekeerd blijken er trouwens soms ook ondersoorten in werkelijkheid verschillende soorten te bevatten, bv. deze rond de metselwespsoort *Enmenses coarctatus*. Het valt op hoe er nog veel voorzichtigheid is ingebouwd, vaak door een gebrek aan geteste specimens, maar ook soms door het niet kunnen vinden van morfologische verschillen bij genetisch diverse specimens. Verschillende keren wordt er op de mogelijkheid van het bestaan van cryptische soorten gewezen, bv. in het geval van de bruine mierwesp *Myrmosa atra* of in het geval van de gewone keverdoder *Tiphia femorata*. We moeten hiervoor dus waakzaam blijven en zorgen dat ook 'meer evidente' families voldoende worden ingezameld om deze in de toekomst grondig te kunnen onderzoeken met eventueel gereviseerde sleutels.

Erik van der Spek

Inventarisatie en monitoring van bestuivende bijen: evaluatie van de effectiviteit van algemene waarnemingsmethoden

Hutchinson, L.A., T.H. Oliver, T.D. Breeze, R.S. O'Connor, S.G. Potts, S.P.M. Roberts, & P.D. Garrat, 2021. Inventorying and monitoring crop pollinating bees: Evaluating the effectiveness of common sampling methods. - *Insect Conservation and Diversity* 2021:1-13. DOI: 10.1111/icad.12557.

Wilde bijen zijn wereldwijd belangrijke bestuivers van gewassen. De vastgestelde achteruitgang van bijen, met name in agrarische landschappen, vormt daarom een bedreiging voor de toekomstige voedselzekerheid. Evaluaties van de methoden om bijen te inventariseren worden echter zelden uitgevoerd bij verschillende gewassen of richten zich specifiek op gewasbestuivende soorten. In dit onderzoek zijn gestandaardiseerde velddatasets gebruikt uit een groot aantal onderzoeken om verschillen in de bruikbaarheid te vergelijken van: het lopen van transecten, het waarnemen op vaste observatieplots en het plaatsen van kleurvallen. Dit om wilde bijenbestuivers-gemeenschappen te inventariseren bij vier verschillende gewassen. De resultaten laten zien dat elke onderzoeksmethode verschillende delen van de gewasbestuiversgemeenschappen vastlegt, met genus en lichaamsformaat als mogelijk belangrijke oorzaken van deze verschillen. In dit onderzoek zijn de data verzameld met kleurvallen door acht gedeeld om het aantal bijen verzameld in een periode van 2-3 uur te krijgen. Dat is de tijd die normaal gesproken per locatie aan transecttellingen is besteed. Er van uitgaande dat kleurvallen normaal gesproken de hele dag staan. (Het lijkt mij dat niet met 24 uur gerekend mag worden, maar dat dit beperkt moet worden tot de periode van de dag dat er bijen vliegen. In onze streken bij daglicht en een temperatuur boven 10 (hommels) tot 15 graden.) In de betrokken onderzoeken zijn 2 tot 15 vallen per locatie gebruikt die 1 tot 4 dagen bleven staan. Ik heb de indruk dat in Nederland vallen over het algemeen 24 uur of van het begin van de ochtend tot het eind van de middag blijven staan om niet een groot effect op de populaties te riskeren. In alle bij het onderzoek betrokken studies zijn de kleurvallen op de hoogte geplaatst waar de bloemen van het gewas zich bevonden. Bij de meeste

onderzoeken werden gele, witte en blauwe kleurvallen gebruikt.

Voor de transecten is in bijna alle onderzoeken volgens een strak protocol gewerkt. Waarbij in een deel van de onderzoeken alleen met visuele observatie is gewerkt, in andere met netvangsten en meenemen van dieren voor determinatie later. Ook combinaties hiervan komen voor en er zijn ook onderzoeken waarin alleen hommels in het veld zijn gedetermineerd en de solitaire bijen als groep geteld. Wanneer de aantallen uit kleurvallen zijn gecorrigeerd voor de tijdsduur van het lopen van transecten dan is de abundantie van zandbijen *Andrena* lager in kleurvallen in appels en aardbeien, en de soortenrijkdom lager in kool dan bij transecten. Bij appels en kool zijn veel meer solitaire bijen via kleurvallen waargenomen dan met de andere methodes. In kool leverden alle drie methodes veel hommelswaarnemingen op. In aardbeien leverden transecten veel hommelswaarnemingen op. In bonen zijn de minste soorten solitaire bijen aangetroffen en werkten transecten het beste. Bij kleurvallen leverden gele vallen de hoogste soortenrijkdom op (27 soorten), blauwe vallen werkten het beste voor hommels, tien van de dertig soorten solitaire bijen in de betrokken onderzoeken zijn niet in blauwe vallen gevonden. (Mijn eigen waarneming is dat pluimvoetbijen juist veel in blauwe vallen terecht komen.) Drie soorten solitaire bijen zijn alleen in witte vallen verzameld. Met transecten is de helft of minder van de totale potentiële soortenrijkdom in drie van de vier studiegewassen vastgesteld. Transecten bleken de meest efficiënte methode om hommels te bemonsteren, maar kleinere solitaire soorten zijn daarbij vaak gemist, deze zijn het meest efficiënt bemonsterd met gele kleurvallen. Het gewastype is waarschijnlijk een belangrijke determinant van de meest geschikte onderzoeksmethoden om bijenbestuivers-gemeenschappen te bemonsteren. Hoewel transecten alleen voldoende zijn in gewassen die overwegend door hommels worden bestoven, kunnen kleurvallen en mogelijk observatiemomenten een belangrijke toevoeging zijn in sommige gewassen, waar kleinere solitaire bijensoorten potentieel belangrijke bestuivers zijn.

De onderzoeksresultaten geven aan dat de meest efficiënte methoden om bijensoorten in landbouwlandschappen te bemonsteren, afhankelijk zijn van het gewastype en van de samenstelling van de bestuivingsgemeenschap.