

Who drives the evolution of color mimicry in the Mediterranean ant *Camponotus lateralis*?

HERBERT C. WAGNER

The color similarity between *Camponotus lateralis* (OLIVIER, 1792) and *Crematogaster scutellaris* (OLIVIER, 1792) was noticed by many myrmecologists. Already CARLO EMERY (1886) suggested Batesian color-mimicry, but no predator driving its evolution has been suggested until I started observing lizards in the field and designing feeding-experiments. Several field anecdotes indicate that lizards eat ants but avoid *Crematogaster*. *Crematogaster* was in relation to individual number in the field highly significant underrepresented in feces of the common wall-lizard (*Podarcis muralis*). Laboratory feeding-experiments in an observation terrarium with 25 Italian wall-lizards (*Podarcis sicula*) were designed to test the adaptive value of mimicry in *Ca. lateralis*. The experiments took ca. 16 months. The following results were statistically supported:

1. Lizards ate more *Ca. lateralis*-group than *Cr. scutellaris*-group workers.
2. Lizards ate more *Crematogaster* workers when they were spatially closer to those of *Camponotus*.
3. Lizards preferred *Camponotus* workers with a color difference to *Crematogaster* even two months after the experience.

The results suggest that lizards avoid the taste of *Crematogaster* workers and learn to associate taste with optical appearance. However, lizards often confuse mimic and model. The spatial proximity of *Ca. lateralis* and *Crematogaster* has the advantage for *Ca. lateralis* that it reduces lizard predation, but the disadvantage for *Crematogaster* that it increases predation. The long-term memory of lizards when recognizing a color pattern indicates strong selection pressure on color perception and memory power. *Camponotus* ants might be important due to their stable abundance throughout the year. Frequent syntopic occurrence with *Ca. lateralis* in near-natural biotopes and high lizard densities suggest that they are the main or only drivers of evolution of Batesian mimicry of regional color morphs in *Ca. lateralis*.

Anschrift des Verfassers

Herbert C. WAGNER, Institute of Biology, University of Graz, Graz, Austria.
E-Mail: heriwagner@yahoo.de

Was können wir von alter DNA über die jüngere Evolutionsgeschichte der Insekten lernen?

PHILIPP HUMMER, SARAH SAADAIN, OLIVIA CHERONET, RON PINHASI & ROBERT KOFLER

In den letzten Jahren konnten bei dem Sequenzieren von Exemplaren aus naturhistorischen Sammlungen – dies wird auch „Museomics“ genannt – große Fortschritte gemacht werden. So gelang es SHPAK ET AL. (2023) die gesamten Genome von 200 Jahre alten

Exemplaren von *Drosophila melanogaster* zu sequenzieren. Diese Genome wiederum verglichen SCARPA ET AL. (2024) mit denen von rezenten *D. melanogaster* in Bezug auf die enthaltenen „Transposable Elements“ (TEs) und zeigten dabei, dass in den alten Genomen mehrere TEs fehlen. Sie müssen daher in der Zwischenzeit durch horizontalen Transfer von anderen Arten hinzugekommen sein und insgesamt wurden damit bisher elf TE-Transfers in den letzten 200 Jahren nachgewiesen. Dies hat direkt zu einer beachtlichen Zunahme der Genomgröße um 0.8-0.91% geführt (PIANEZZA ET AL. 2024). Diese hohe Zahl ist besonders deshalb erstaunlich, weil man die durchschnittliche Rate an Transfers bisher auf einen pro etwa 10.000 Jahre geschätzt hat. Die letzten 200 Jahre müssen daher eine Besonderheit für *D. melanogaster* gewesen sein und PIANEZZA ET AL. (2024) haben die Hypothese aufgestellt, dass menschliche Aktivität und im Besonderen der globale Handel dafür verantwortlich sein könnten. *Drosophila melanogaster* ist ein enger Kommensal des Menschen und hat eine mittlerweile kosmopolitische Verbreitung, wodurch diese Art auch wieder in sekundären Kontakt mit anderen Drosophilidae gebracht wurde. Ist diese Hypothese korrekt, dann würde man auch bei anderen Arten erwarten, dass ihre Rate an TE-Transfers erhöht ist. Besonders gilt dies für Arten, die erst in der jüngeren Geschichte Kosmopoliten wurden. Bei diesen könnte die enge Assoziation mit dem Menschen daher zu so einer „Beschleunigung der Evolution“ geführt haben. Genau das wollen wir nun untersuchen, indem wir die Genome von besonders alten historischen Exemplaren sequenzieren. Aus diesem Grund habe ich ein Protokoll entwickelt, mit dem man nicht-destruktiv DNA aus genadelten Insekten extrahieren kann. Durch den Einsatz von „Haltevorrichtungen“ konnte ich es dabei selbst bei fragilen Exemplaren wie Schaben schaffen, dass es zu keinen sichtbaren Schäden gekommen ist. So ist es möglich, dass das sequenzierte Genom über die Verknüpfung mit dem intakten Museumsexemplar aufgewertet wird. Dies erhöht nicht nur die Wiederholbarkeit (MANDRIOLI 2008), sondern kann als öffentliche Ressource auch bei der Behandlung von unterschiedlichen Fragen dienen. Bisher konnten wir über die Zusammenarbeit mit drei Institutionen – dem Naturhistorischen Museum Wien, dem Stift Seitenstetten und dem Smithsonian National Museum of Natural History – aus insgesamt 86 Individuen von zehn verschiedenen Arten DNA gewinnen.

Anschrift der Verfasser:innen

Philipp HUMMER (Korrespondenzautor)*, Sarah SAADAIN*, & Robert KOFLER,
Institut für Populationsgenetik, Veterinärmedizinische Universität Wien, Wien, Österreich;
*Vienna Graduate School of Population Genetics, Wien, Österreich.
E-Mail: philipp.hummer98@gmail.com

Olivia CHERONET, Ron PINHASI, Department für Evolutionäre Anthropologie,
Universität Wien, Wien, Österreich.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Entomologica Austriaca](#)

Jahr/Year: 2025

Band/Volume: [0032](#)

Autor(en)/Author(s): Hummer Philipp, Saadain Sarah, Cheronet Olivia, Pinhasi Ron, Kofler Robert

Artikel/Article: [Was können wir von alter DNA über die jüngere Evolutionsgeschichte der Insekten lernen? 196-197](#)