Neue Erkenntnisse zur Stammesgeschichte der Gerromorpha basierend auf phylogenomischen Daten

MICHAEL J. RAUPACH

Zusammenfassung

Die Gerromorpha werden aufgrund ihrer Lebensweise häufig als semi-aquatische Wanzen bezeichnet. Die Arten dieser weltweit aus acht Familien bestehenden Gruppe innerhalb der Heteroptera leben auf der Wasseroberfläche überwiegend stehender und fließender Süßgewässer. Aktuelle genomische Daten werfen ein neues Licht auf die Stammesgeschichte der Gerromorpha. So werden die bereits angenommene Paraphylie der Veliidae bestätigt und für die Gruppen der Hebridae, Hydrometridae und Macroveliidae neue Verwandtschaftsverhältnisse postuliert. Die geplante Analyse von weiteren noch fehlenden Taxa wird helfen, die Stammesgeschichte dieser Gruppe im Detail zu klären.

Abstract

The Gerromorpha are often called semi-aquatic bugs because of their way of life. Species of this group of Heteroptera, which consists of eight families worldwide, live on the water surface of predominantly standing and flowing freshwaters. New genomic data shed new light on the phylogeny of Gerromorpha. Thus, the already assumed paraphyly of the Veliidae is confirmed and new relationships are postulated for the groups of the Hebridae, Hydrometridae and Macroveliidae. Further analysis of still missing taxa will help to clarify the phylogeny of this group more in detail.

Einleitung

Innerhalb der Wanzen können die Gerromorpha POPOV, 1971 oder Wasserläufer „im weiteren Sinne“ als Grenzgänger zwischen zwei Welten bezeichnet werden. Im Gegensatz zu den zahlreichen terrestrischen Arten und den nicht näher verwandten, im Wasserkörper lebenden „echten“ Wasserwanzen (Nepomorpha) ist der Lebensraum der Gerromorpha die Wasseroberfläche (WACHMANN et al. 2006, DECKERT & WACHMANN 2020). Auf dieser nutzen die Tiere die Oberflächenspannung, um sich gleitend und springend fortzubewegen, ohne dabei die Wasseroberfläche zu durchstoßen. Grundlage hierfür ist vor allem die feine hydrophobe Behaarung der Tarsen und Beine, die durch verschiedene am Rostrum austretende Sekrete zusätzlich imprägniert werden können (WICHARD et al. 1999). Man findet Vertreter der Gerromorpha auf fast allen limnischen Gewässern weltweit, und einigen Arten gelang es sogar die Hochsee zu besiedeln (Gattung *Halobates* ESCHSCHOLTZ, 1822; Gerridae) (MAHADIK et al. 2020). Die Nahrung der Gerromorpha besteht aus kleinen Insekten und anderen Arthropoden, die auf das Wasser fallen oder zum Luftholen an die Wasseroberfläche kommen. Mit Hilfe von wellensensitiven Sinnesorganen, Vibrationsrezeptoren sowie den großen hervorstehenden Augen wird die Beute erkannt, mit den Vorderbeinen ergriffen und ausgesaugt. Im Körperbau der Gerromorpha können alle Übergänge von der rundlich-ovalen Gestalt verschiedener Gattungen der Gerridae (z. B. *Metrocoris* MAYR, 1865) bis hin zu schlanken, nadelförmigen Körperformen bei Vertretern der Hydrometridae (z. B. *Hydrometra* LATREILLE, 1797) unterschieden werden. Bislang wurden rund 2100 Arten der Gerromorpha beschrieben, wobei die größte Artenvielfalt in den Tropen zu beobachten ist. Die bislang beschriebenen Arten verteilen sich auf die nachfolgend genannten acht Familien: Gerridae LEACH, 1815 (= Wasserläufer im eigentlichen Sinne), Hebridae AMYOT & SERVILLE, 1843 (= Zwergwasserläufer), Hermatobatidae COUTIÈRE & MARTIN, 1901 (kein deutscher Name), Hydrometridae BILLBERG, 1820 (= Teichläufer), Macroveliidae MCKINSTRY, 1942 (kein deutscher Name), Mesoveliidae DOUGLAS & SCOTT, 1867 (= Hüftwasserläufer), Paraphrynoveliidae MØLLER ANDERSEN, 1978 (kein deutscher Name) und Veliidae BRULLÉ, 1836 (= Bachläufer) (ANDERSEN 1982). Aus Deutschland sind 23 Arten dokumentiert, welche kürzlich mittels DNA-Barcodes molekulargenetisch charakterisiert

wurden (HAVEMANN et al. 2018) und sich auf die Familien der Gerridae, Hebridae, Hydrometridae, Mesoveliidae und Veliidae verteilen (WACHMANN, MELBER & DECKert 2006, DECKERT & WACHMANN 2020).

Innerhalb der Heteroptera wird die Monophylie der Gerromorpha durch verschiedene morphologische Merkmale wie beispielsweise das Vorhandensein von drei am Kopf inserierenden, in Gruben lokalisierten Trichobothrien, als auch umfangreichen molekularen Daten gut unterstützt (ANDERSEN1982, JOHNSON et al. 2018). In diesem Zusammenhang sind insbesondere die umfassenden Arbeiten von NIELS MØLLER ANDERSEN (1940-2004) zu erwähnen, der sich intensiv mit der Biologie, Phylogenie und Klassifizierung der Gerromorpha beschäftigt hat (u. a. ANDERSEN 1982, ANDERSEN & WEIR 2004). Im Rahmen seiner Studien wurde eine erste umfassende phylogenetische Analyse der Gerromorpha durchgeführt, welche die Mesoveliidae als Schwestergruppe zu allen anderen Gerromorpha erkannte (Abbildung 1A, vereinfacht ohne Berücksichtigung der Hermatobatidae, Macroveliidae und Paraphrynoveliidae). Stufenartig folgen die Hebridae als Schwestergruppe der Hydrometridae, Velidae und Gerridae, wobei sich die beiden letztgenannten Taxa in einem Schwestergruppenverhältnis zueinander befinden.

Eine erste molekulare Untersuchung unter Verwendung von vier Genfragmenten (16S, COI, COII, 28S) mit einer Gesamtlänge von rund 2500 Basenpaaren sowie verschiedener morphologischer Merkmale bestätigte die Position der Mesoveliidae (DAMGAARD 2008). Allerdings treten Diskrepanzen hinsichtlich der Verwandtschaft der Hebridae und Hydrometridae auf (Abbildung 1B, vereinfacht ohne Berücksichtigung der Hermatobatidae, Macroveliidae und Paraphrynoveliidae). Am auffälligsten ist jedoch die paraphyletische Natur der Veliidae.

Zur weiteren Klärung der Verwandtschaftsverhältnisse der verschiedenen Familien innerhalb der Gerromorpha werden hier erste vorläufige Resultate präsentiert, welche auf umfassenden genomischen Daten beruhen und in Kooperation mit MICHAEL BALKE, JIA JIN MARC CHAN, LANNA CHENG, JAKOB DAMGAARD, FABIAN DEISTER und ADRIAN VILLASTRIGO erfolgen.

Methoden

Insgesamt wurden bislang 19 Vertreter der Gerromorpha bearbeitet, die sich wie folgt auf die verschiedenen Familien verteilen: Hebridae: 1 Art, Mesoveliidae: 2 Arten, Hydrometridae: 2 Arten, Veliidae: 9 Arten, Gerridae: 5 Arten. Mittels eines *genome skimming*-Ansatzes (u. a. STRAUB et al. 2012, TREVISAN et al. 2019) wurden von jedem untersuchten Tier mehrere Millionen DNA-Sequenzfragmente mit einer Länge von 150 Basenpaaren erzeugt, aus denen mittels verschiedener Softwareprogramme längere, zusammenhängende DNA-Fragmente generiert wurden. Aus diesen sogenannten *scaffolds* wurden bioinformatisch komplette mitochondriale Genome sowie vollständige nukleare ribosomale Gene (5,8S, 18S, 28S) und verschiedene proteinkodierende Kerngene (Histon 2B, 3, 4) extrahiert und annotiert. Im Gegensatz zu aufwändigen und mitunter teuren Analysen des Transkriptoms können kostengünstigere, robuste *genome skimming*-Ansätze auch für älteres, getrocknetes Tiermaterial verwendet werden. Die Sequenzdaten wurden mit Hilfe des Programmes MAFFT (KATO et al. 2019) aliniert (Gesamtgröße des Datensatzes: ca. 21000 Basenpaare) und unter Verwendung des Softwarepaketes IQTREE (NGUYEN et al. 2015) analysiert.

Ergebnisse und Diskussion

Die vorliegenden Ergebnisse bestätigen die bereits vermutete Paraphylie der Veliidae (Abbildung 1C). Alle anderen untersuchten Familien wurden dagegen eindeutig als Monophyla

erkannt. Unterschiede finden sich in den verwandtschaftlichen Beziehungen der Hebridae, Mesoveliidae und Hydrometridae (Abbildung 1C). Diese bilden eine Klade, welche als Schwestergruppe der (paraphyletischen) Veliidae und Gerridae auftritt. Der gewählte Ansatz zur Analyse der Phylogenie der Gerromorpha ist äußerst vielversprechend, wobei eine Bearbeitung der Hermatobatidae, Macroveliidae und Paraphrynoveliidae bislang noch aussteht. Ferner ist die Stammesgeschichte der Unterfamilien innerhalb der „Veliidae“ und Gerridae noch nicht hinlänglich geklärt. Mit Hilfe einer umfassenden und robusten Hypothese zur Stammesgeschichte der Gerromorpha können in Zukunft beispielsweise die Besiedlungsprozesse Südamerikas oder Australiens als auch die Evolution bestimmter Anpassungen an den Lebensraum „Wasseroberfläche“ erstmalig im Detail untersucht werden.

Literaturverzeichnis:

ANDERSEN, N.M (1982): The semiaquatic bugs (Hemiptera, Gerromorpha): Phylogeny, adaptations, biogeography, and classification. – Entomonograph **3**, 1-455.

ANDERSEN, N.M & WEIR, T.A. (2004): Mesoveliidae, Hebridae and Hydrometridae of Australia (Hemiptera: Heteroptera: Gerromorpha), with a reanalysis of the phylogeny of the semiaquatic bugs. – Invertebrate Systematics **18**, 467-522.

DAMGAARD, J. (2008): Phylogeny of the semiaquatic bugs (Hemiptera-Heteroptera, Gerromorpha). – Insect Systematics and Evolution **39**, 431-460.

DECKERT, J. & WACHMANN, E. (2020): Die Wanzen Deutschlands. Entdecken – Beobachten – Bestimmen. – Wiebelsheim, 715 S.

HAVEMANN, N., GOSSNER, M.M., HENDRICH, L., MORINIÈRE, J., NIEDRINGHAUS, R., SCHÄFER, P. & RAUPACH, M.J. (2018): From waterstriders to waterbugs: the molecular diversity of aquatic Heteroptera (Gerromorpha, Nepomorpha) of Germany based on DNA barcodes. – PeerJ **6**, e4577.

JOHNSON, K.P., DIETRICH, C.H., FRIEDRICH, F., BEUTEL, R.G., WIPFLER, B., PETERS, R.S., ALLEN, J.M., PETERSEN, M., DONATH, A., WALDEN, K.K.O., KOZLOV, A.M., PODSIADLOWSKI, L., MAYER, C., MEUSEMANN, K., VASILIKOPOULOS, A., WATERHOUSE, R.M., CAMERON, S.L., WEIRAUCH, C., SWANSON, D.R., PERCY, D.N., HARDY, N.B., TERRY, I., LIU, S., ZHOU, X., MISOF, B., ROBERTSON, H.M. & YOSHIZAWA, K. (2018): Phylogenomics and the evolution of hemipteroid insects. – Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America **115**, 12775-12780.

KATOH, K., ROZEWICKI, J. & YAMADA, K.D. (2019): MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. – Briefings in Bioinformatics **20**, 1160-1166.

MAHADIK, G.A., HERNANDEZ-SANCHEZ, J.F., ARUNACHALAM, S., GALLO JR, A., CHENG, L., FARINHA, A.S., THORODDSEN, S.T., MISHRA, H. & DUARTE, C.M. (2020): Superhydrophobicity and size reduction enabled *Halobates* (Insecta: Heteroptera, Gerridae) to colonize the open ocean. – Scientific Reports **10**, 7785.

NGUYEN, L.-T., SCHMIDT, H.A., VON HAESELER, A.& MINH, B.Q. (2015): IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum likelihood phylogenies. – Molecular Biology and Evolution 32, 268-274.

STRAUB, S.C.K., PARKS, M., WEITEMIER, K., FISHBEIN, M., CRONN, R.C.C. & LISTON, A. (2012): Navigating the tip of the genomic iceberg: Next-generation sequencing for plant systematics. – American Journal of Botany **99**, 349-364.

TREVISAN, B., ALCANTARA, D.M.C., MACHADO. D.J., MARQUES, F.P.L & LAHR, D.J.G. (2019): Genome skimming is a lost-cost and robust strategy to assembly complete mitochondrial genomes from ethanol preserved specimens in biodiversity studies. – PeerJ **7**, e7543.

WACHMANN, E., MELBER, A. & DECKERT, J. (2006): Wanzen 1. Dipsocoromorpha, Nepomorpha, Gerromorpha, Leptopodomorpha, Cimicomorpha (Teil 1). – In: DAHL: Die Tierwelt Deutschlands **77**. – Keltern, 1-264.

WICHARD, W., ARENS, W. & EISENBEIS, G. (1999): Atlas zur Biologie der Wasserinsekten. –Spektrum Akademischer Verlag. Heidelberg, 338 S.

Anschrift des Autors:

Michael J. Raupach, Sektion Hemiptera, Staatliche Naturwissenschaftliche Sammlungen Bayerns,
Zoologische Staatssammlung München, Münchhausenstraße 21, D-81247 MÜNCHEN
e-mail: raupach@snsb.de

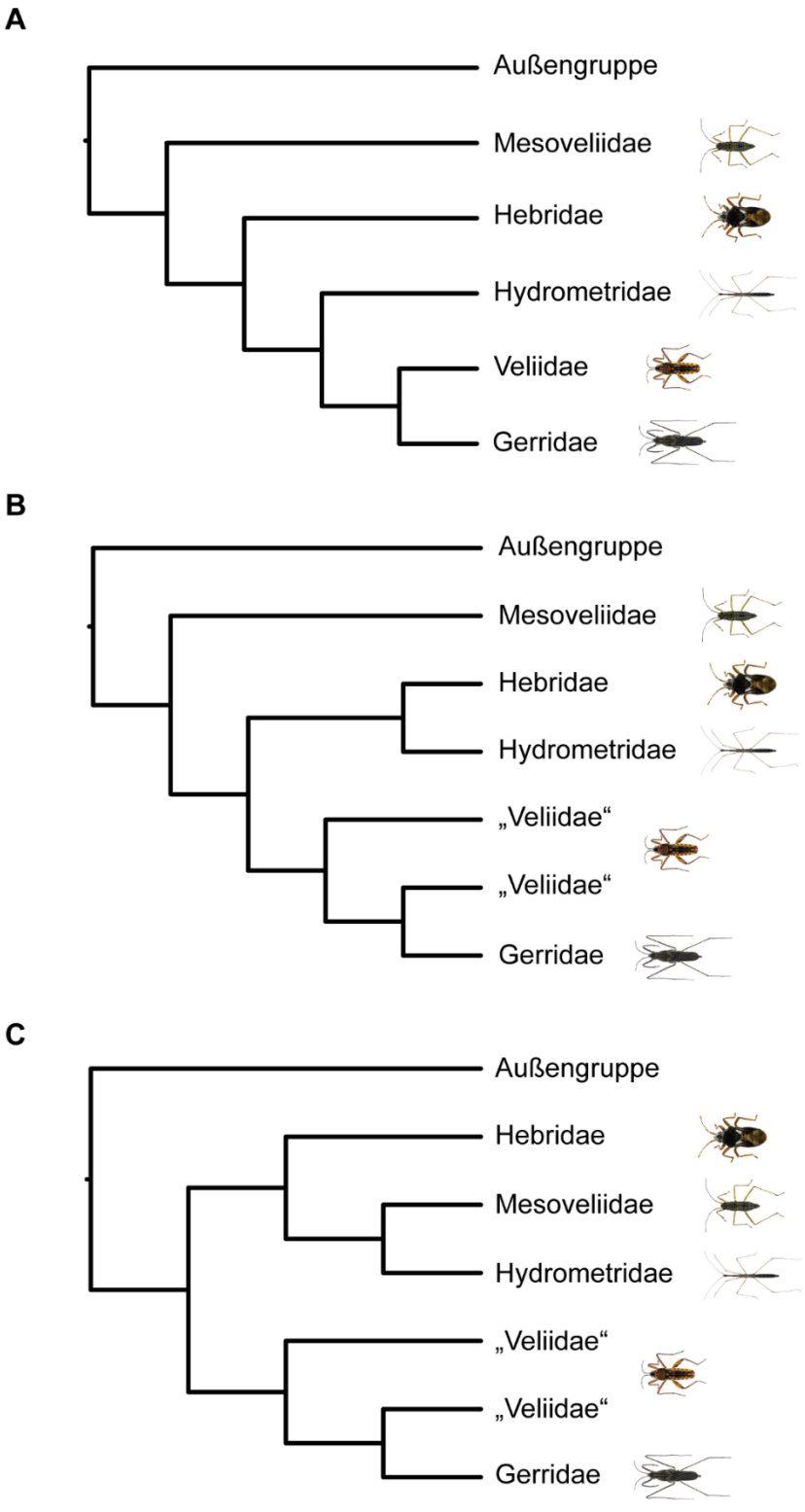

Abb.1: Vergleich der bislang vorliegenden Hypothesen zur Phylogenie der Gerromorpha.
A: Stammbaum verändert und vereinfacht nach ANDERSEN & WEIR (2004).
B: Stammbaum verändert und vereinfacht nach DAMGAARD (2008).
C: Stammbaum (ML) basierend auf den neu vorliegenden genomischen Daten.
Wanzenabbildungen: G. STRAUSS (www.corisa.de).

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Heteropteron - Mitteilungsblatt der Arbeitsgruppe Mitteleuropäischer Heteropterologen

Jahr/Year: 2021

Band/Volume: 64

Autor(en)/Author(s): Raupach Michael J.

Artikel/Article: Neue Erkenntnisse zur Stammesgeschichte der Gerromorpha basierend auf phylogenomischen Daten 8-11