

### Abstract

## DNA barcode derived community phylogenies reveal strong phylogenetic clustering of host-plant use in European Lepidoptera

Patrick STRUTZENBERGER & Konrad FIEDLER

We used a community phylogeny approach to investigate phylogenetic structuring in European Lepidoptera associated with a set of 200 selected focal plant species. We focused on plant species with a wide distribution in Europe, which can be reliably identified also by lepidopterists, and which represent all major lineages of vascular plants. Host records of Lepidoptera larvae for each of those 200 plant species were extracted from the literature resulting in ~7300 plant-herbivore associations. All available barcodes for the resulting selection of lepidopteran herbivores were extracted from the Barcode of Life Datasystems (BOLD). Eight of the 200 plant species had to be removed from the analysis due to a lack of barcode coverage for their associated herbivores.

This resulted in a sequence alignment containing 2341 species of Lepidoptera from 70 families feeding on 192 different plant species. Only for 5% of lepidopteran species recorded to feed on the focal plants no barcode data were yet available. This comprehensive dataset was used to reconstruct a phylogenetic tree with BEAST. A backbone constraint was used to replicate the currently recognized family level relationships within Lepidoptera and the tree was time-calibrated according to the results of a previously published large-scale phylogenetic study. Measures of phylogenetic diversity of the herbivore assemblages affiliated with each plant species were calculated. The Net Relatedness Index (NRI) revealed that species feeding on herbaceous plants are slightly but significantly more closely related to each other than is the case on graminoid and woody plants. The UniFrac measure was used to gain further insight into phylogenetic clustering. UniFrac measures the fraction of cumulative branch length in a tree that is unique to the assemblage in question, i.e. a measure of shared evolutionary history among herbivores on the same plant species. Obtained UniFrac values were analyzed with ordination analyses (NMDS and canonical analysis of principal coordinates, CAP). Highly significant structuring was revealed between herbivore communities on herbs, graminoids, and woody plants. In a CAP analysis all but 11 plant species clustered with their correct growth-form category. The majority of those 11 misclassified plant species were either highly toxic plants, plants with an unusual phenology, plants with a low number of associated Lepidoptera species, or a combination of more than one of those factors. This case study demonstrates the utility of DNA barcode sequences beyond species discovery, identification, and taxonomy. The amount of DNA sequence data generated through barcoding campaigns is currently unrivaled, rendering those datasets prime sources for large scale macro-ecological studies.

### **STRUTZENBERGER P. & FIEDLER K., 2018: DNA-Barcode basierte Stammbäume zeigen starke phylogenetische Klumpung in mitteleuropäischen Raupengemeinschaften (Lepidoptera).**

Die phylogenetische Struktur von mitteleuropäischen Raupengemeinschaften wurden unter Verwendung eines community phylogeny Ansatzes untersucht. Zu diesem Zweck wurden ca. 7300 Fraßbeziehungen zwischen Lepidopteren und Pflanzen aus der Literatur extrahiert. Kriterien zur Auswahl der Pflanzenarten waren eine weite Verbreitung in Mitteleuropa und einfache, auch durch Entomologen durchzuführende Bestimmung. Zur Erstellung einer zeit-kalibrierten Phylogenie wurden DNA-Barcodes aus den Barcode of Life Datasystems (BOLD) zusammen mit einem backbone constraint zur Auflösung tiefer Verzweigungen verwendet. Nach Entfernung der in BOLD nicht mit Sequenzdaten vertretenen Arten ergab sich ein Datensatz von 2341 Lepidopterenarten aus 70 Familien mit Fraßbeziehungen zu 192 Pflanzenarten. Auf Basis des generierten Stammbaums wurden diverse Metriken für phylogenetische Diversität berech-

net. Ergebnisse des Net Relatedness Index (NRI) haben gezeigt, dass Lepidopteren auf krautigen Pflanzen signifikant näher miteinander verwandt sind als das für Arten auf graminoiden und holzigen Pflanzen der Fall ist. Zur weiteren Untersuchung der phylogenetischen Struktur der Gemeinschaften wurde das UniFrac Maß verwendet. UniFrac mißt im paarweisen Vergleich der Gemeinschaften die für die jeweilige Artengemeinschaft einzigartige Evolutionsgeschichte. Die errechneten UniFrac Werte wurden mittels Ordinationsverfahren ausgewertet. Eine NMDS Ordination zeigte hochsignifikante Unterschiede in der phylogenetischen Zusammensetzung zwischen Artengemeinschaften auf krautigen, holzigen und graminoiden Pflanzen. Eine CAP Ordination hat gezeigt das 181 von 192 Pflanzenarten aufgrund der phylogenetischen Struktur ihrer Raupengemeinschaften der korrekten Wuchsform zugeordnet wurden. Bei falsch zugeordneten Pflanzen handelte es sich entweder um hochgradig giftige Pflanzen (z. B. Eibe), Pflanzen mit ungewöhnlicher Wuchsform (z. B. Misteln), oder Pflanzen mit sehr wenigen assoziierten Herbivoren. Über die unmittelbaren Ergebnisse hinaus zeigt diese Fallstudie sehr deutlich, dass DNA-Barcodes neben Taxonomie und Biodiversitätsforschung auch für makroökologische Studien eine überaus wertvolle Datenquelle sind.

**Keywords:** DNA barcoding, food webs, plant-insect interaction.

**Addresses:**

Dr. Patrick STRUTZENBERGER, Univ.-Prof. Dr. Konrad FIEDLER, Department of Botany and Biodiversity Research, University of Vienna, Rennweg 14, A-1030 Wien, Austria.  
E-Mail: patrick.strutzenberger@univie.ac.at, konrad.fiedler@univie.ac.at

# ZOBODAT - [www.zobodat.at](http://www.zobodat.at)

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Verhandlungen der Zoologisch-Botanischen Gesellschaft in Wien. Frueher: Verh.des Zoologisch-Botanischen Vereins in Wien. seit 2014 "Acta ZooBot Austria"](#)

Jahr/Year: 2019

Band/Volume: [156](#)

Autor(en)/Author(s): Strutzenberger Patrick, Fiedler Konrad

Artikel/Article: [DNA barcode derived community phylogenies reveal strong phylogenetic clustering of host-plant use in European Lepidoptera 264-265](#)