

JOURNAL CLUB

19 OKTOBER 2019

19/10/2019

VVE WG DV

1

1

Inhoud Journal Club

Deel 1: link met werking binnen de VVE WG DV

Deel 2: migratie/expansie van dagvlinders

Deel 3: het concept soort

19/10/2019

VVE WG DV

2

2

DEEL 1: link met VVE WG DV

Sinusbeheer

MRR van *Colias myrmidone*

Stavaza Wallonië 2018

19/10/2019

VVE WG DV

3

3

Couckuyt J. 2019

Sinus management, grassland mowing in an agricultural environment: how to improve and adapt the management in favour of butterflies and insects?

Phegea 47(31): 111-120

19/10/2019

VVE WG DV

4

4

Sielezniew *et al.* 2019

Dispersal in a metapopulation of the critically endangered Danube Clouded Yellow butterfly *Colias myrmidone*: implications for conservation

Journal of Insect Conservation

19/10/2019

VVE WG DV

5

5

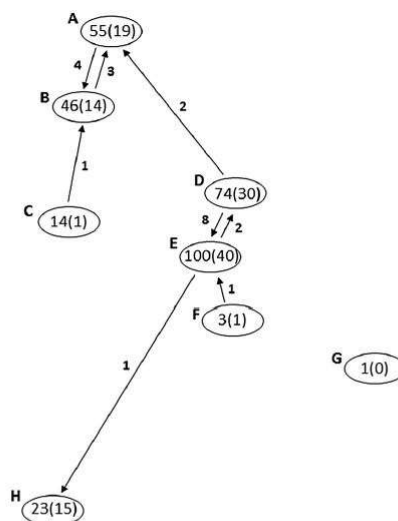
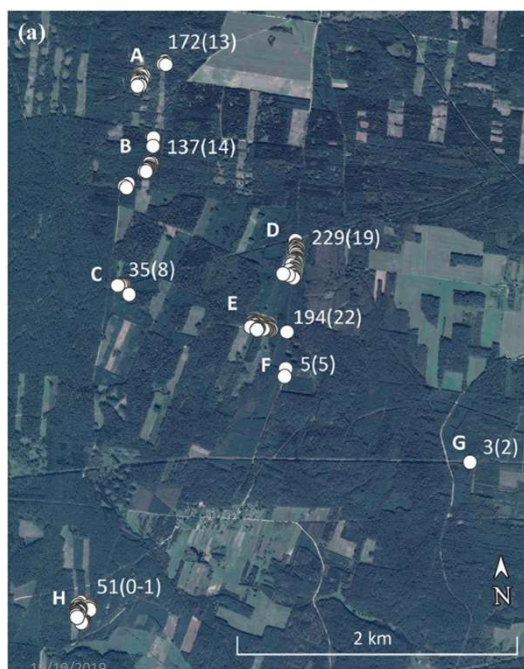
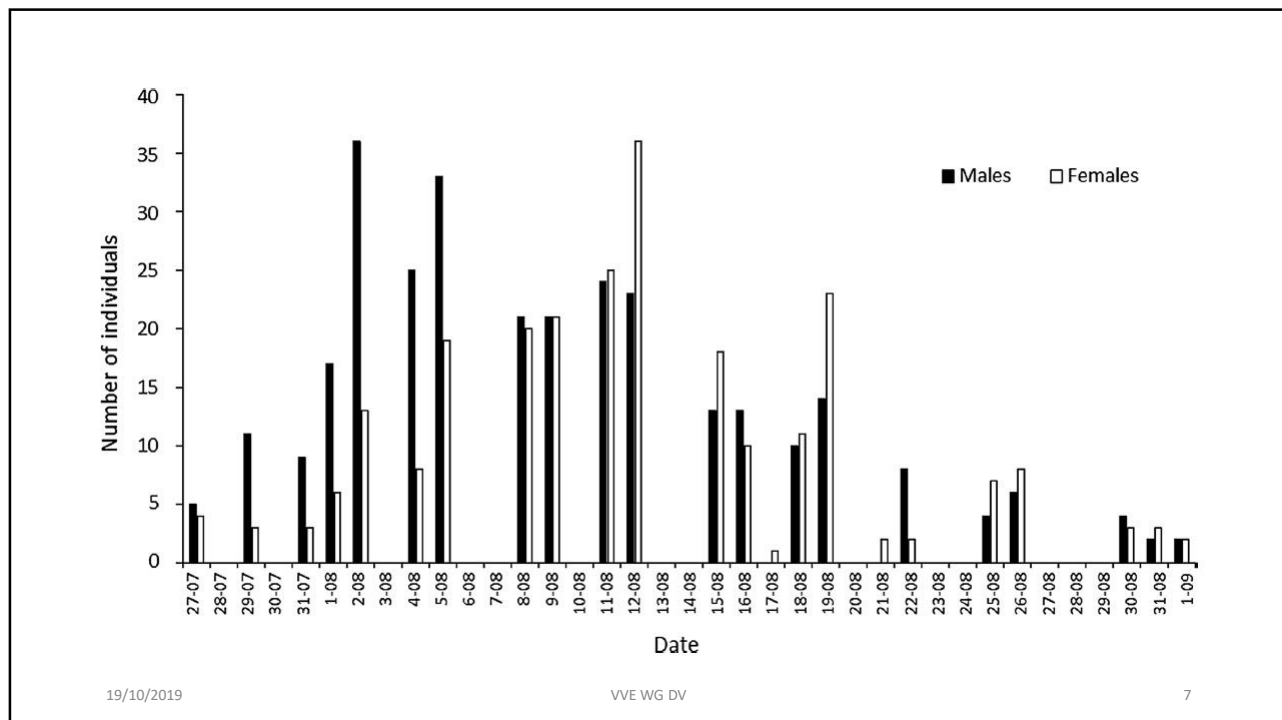


Fig. 2 Outline of the study system in which MRR survey of *C. myrmidone* was performed in 2017. The numbers in ovals indicate the numbers of marked individuals and recaptures (in parentheses) within eight habitat patches (A–H). The numbers of recorded movements are given next to the arrows showing direction of flights

6

6



7

Abstract

Colias myrmidone has suffered a dramatic decline in Europe, and now its occurrence is restricted to just a few countries. We investigated one of the last viable metapopulations (Knyszyn Forest, NE Poland), where the butterfly is almost completely dependent on forestry, inhabiting some clearings and young tree plantations rich in larval food plants (*Chamaecytisus ruthenicus*) and nectar resources. Intensive mark-recapture studies were performed in 2017 on eight occupied patches separated by 0.5–5 km. The overall population size of imagoes in the second brood was calculated at about 750 individuals. Sex ratio was shown to be well-balanced and average residency was estimated at 5.6 days. Dispersal occurred mostly between neighbouring patches, and isolation of patches contributed to the high mortality of emigrants. The average distance covered during dispersal was significantly higher for males. However, females left small patches much more readily than males. These patches were probably used only as ‘stepping stone’ sites in dispersal. Restricted dispersal could be related to barriers created by forest stands but it is also not excluded that individuals living in an isolated metapopulation become increasingly sedentary and our results are an early warning sign. The most distant local population was clearly isolated, with hardly any immigration from the other populations. To maintain a network of more stable habitat patches some clearings should be left deforested and appropriately managed. However this goal is difficult to achieve under the current forestry rules and therefore (re)creation of habitats on other available open areas should be considered.

8

Cors R. & Goffart Ph. pour le GT *Lycaena* 2019

Rapport d'activité GT *Lycaena* 2018

SPW/DEMNA, GEMBLoux

19/10/2019

VVE WG DV

9

9

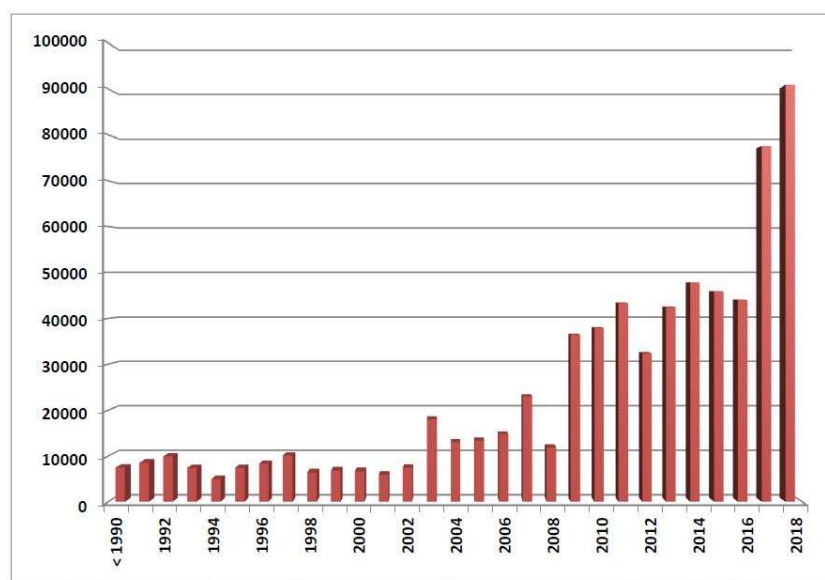


Fig. 1 - Évolution du nombre d'observations encodées pour le territoire wallon au 12/03/2019
(Sources des données : DFF, Offh web, Observations.be, Biogeonet)

19/10/2019

VVE WG DV

10

10

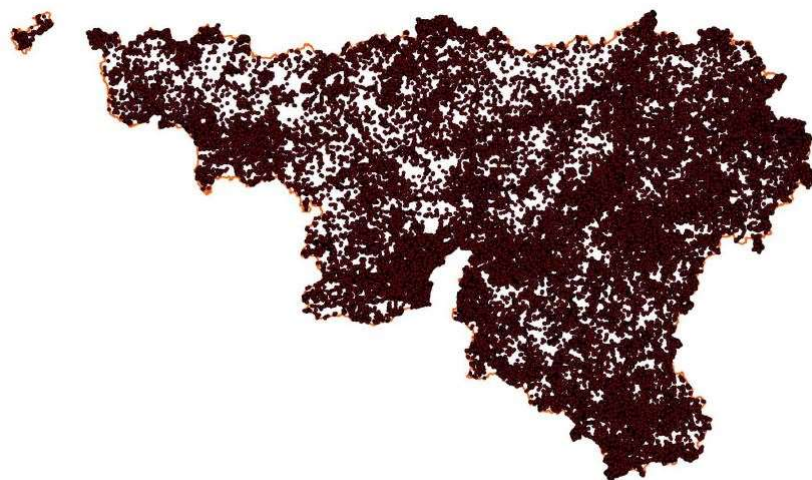


Fig. 2 - Répartition des données de la BD récoltées sur le territoire wallon au 12/03/2019
(Sources des données : DFF, Offh web, Observations.be, Biogeonet)

19/10/2019

VVE WG DV

11

11

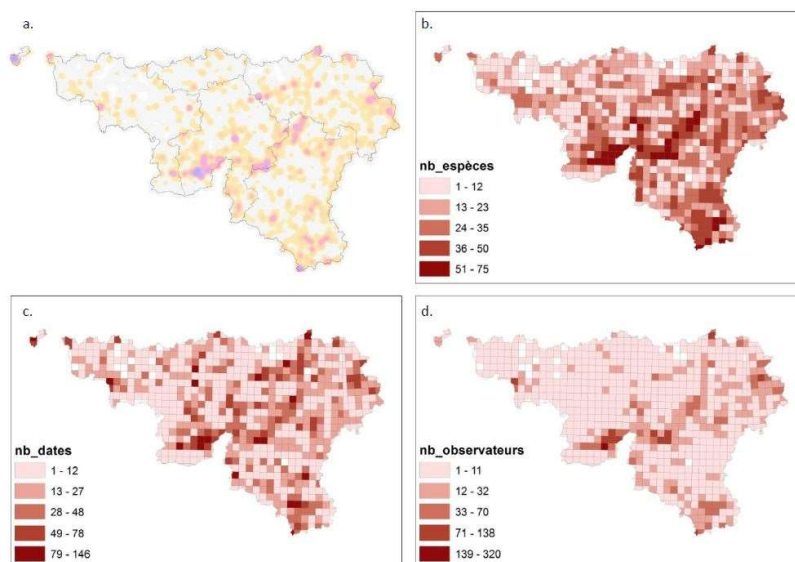


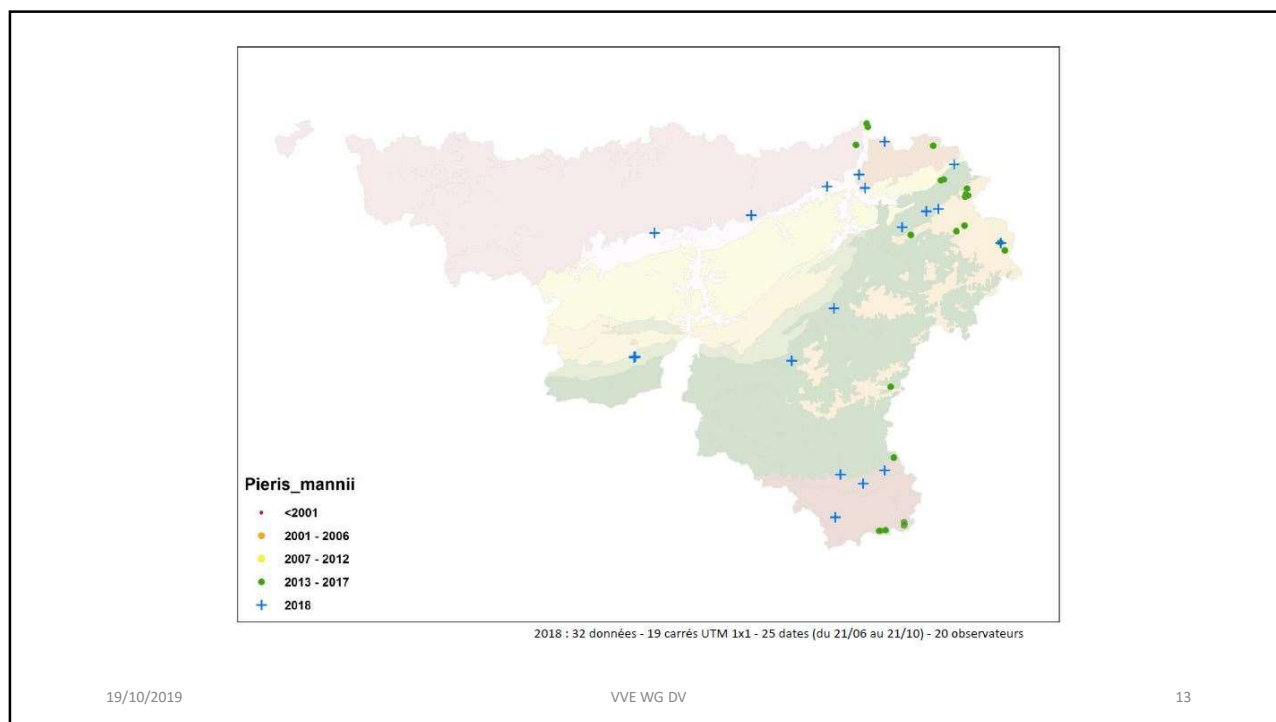
Fig. 3a - Répartition de la densité en données pour l'année 2018 ; 3b - nombre d'espèces par carré UTM 5x5 ; 3c - nombre de visites par carré UTM 5x5 ; 3d - nombre d'observateurs par carré UTM 5x5.
(Sources des données : DFF, Offh web, Observations.be, Biogeonet)

19/10/2019

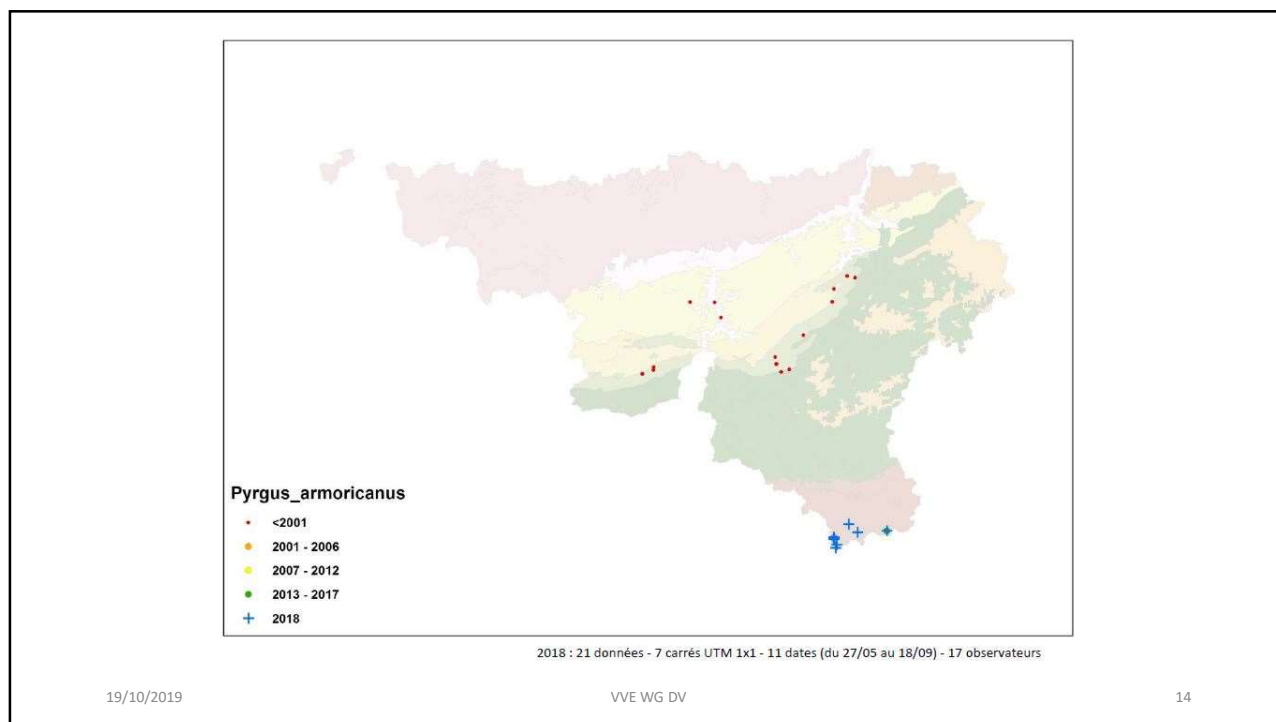
VVE WG DV

12

12



13



14

DEEL 2: migratie & expansie

Migratie van *Vanessa cardui*

Wereldwijde expansie van *Pieris rapae*

19/10/2019

VVE WG DV

15

15

Menchetti *et al.* 2019

Spatio-temporal ecological niche modeling of
multigenerational insect migrations

Proc. R. Soc. B **286**: 20191583

19/10/2019

VVE WG DV

16

16

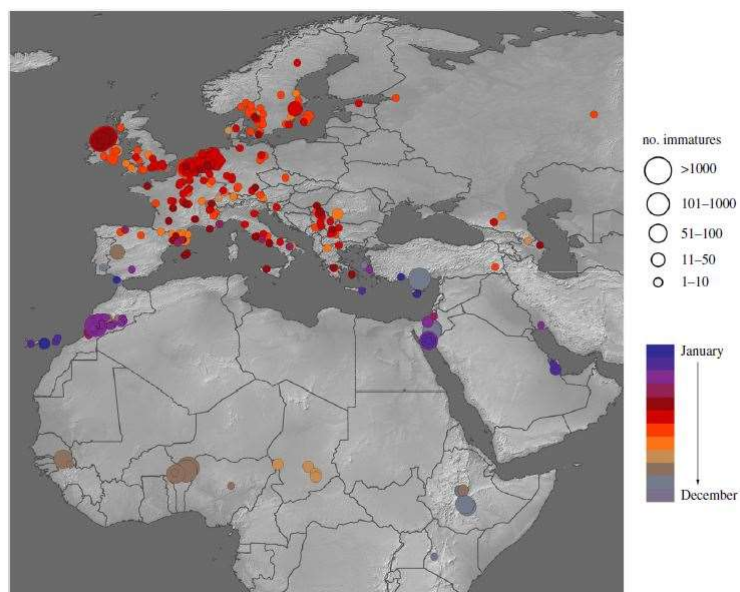


Figure 1. Map of breeding records used within the study area. A total of 646 breeding sites were recorded. Colour indicates the month when breeding was recorded (January–December, see scale). Circle sizes denote relative numbers of immatures per breeding site and date. (Online version in colour.)

19/10/2019

VVE WG DV

17

17

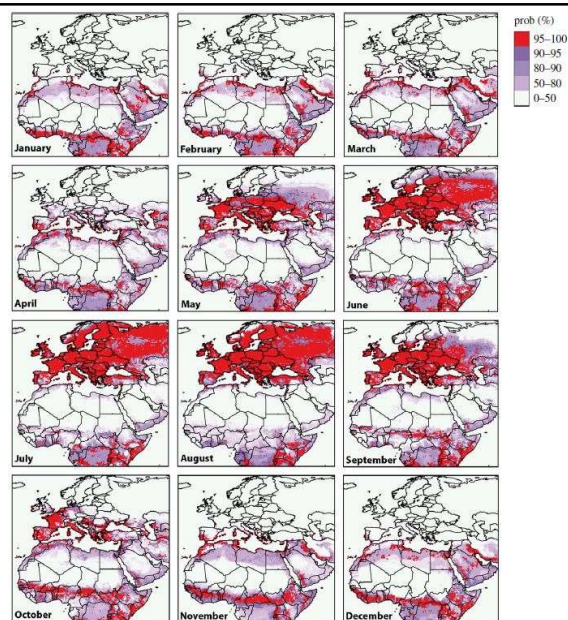


Figure 2. Monthly projections of the ensemble species distribution models. Colour denotes probabilities from 0 (white) to 100 (red). (Online version in colour.)

19/10/2019

VVE WG DV

18

18

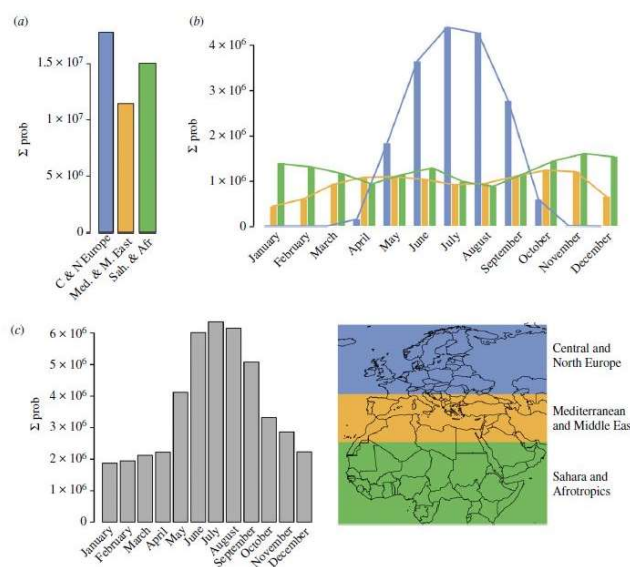


Figure 3. Variation of predicted suitable habitat (presence probability summations) for *Vanessa cardui* in the Palearctic-African migratory range: (a) yearly overall summations along latitudinal divisions, (b) monthly overall summations along latitudinal divisions, and (c) monthly overall summations for the entire range. Colours represent three latitudinal divisions as represented in the map: blue (Central and North Europe), yellow (Mediterranean and Middle East), and green (Sahara and Afrotropics). (Online version in colour.)

19/10/2019

VVE WG DV

19

19

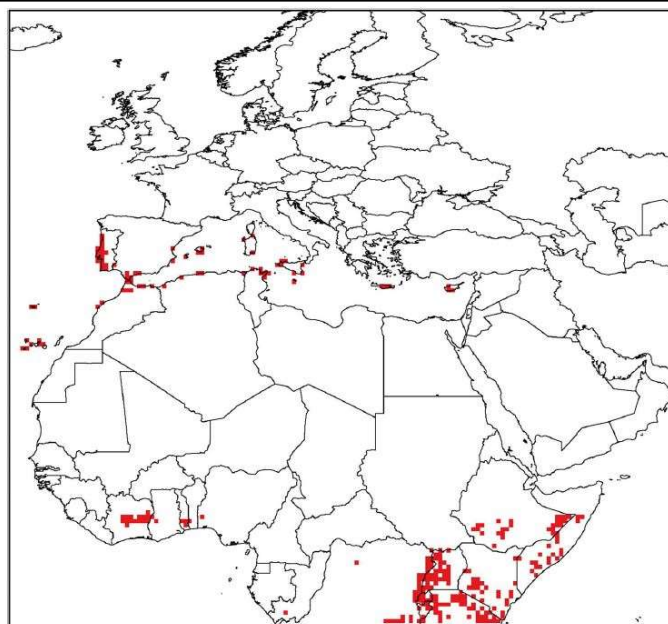


Figure 5. Regions (in red) showing year-round permanent high probabilities (greater than 90%) of suitable breeding habitat for *Vanessa cardui*. (Online version in colour.)

19/10/2019

VVE WG DV

20

20



THE WORLDWIDE PAINTED LADY MIGRATION

19/10/2019

VVE WG DV

21

21



19/10/2019

VVE WG DV

22

22

Zuidelijk halfrond

- The phenomena is different, and mostly affects Africa. While all migrate north and south at the same time as response to similar stimuli (dry/cold), they navigate in opposite direction (sun position is opposite, for example).
- Thus, there are two migratory pools circulating in Africa, and these rarely meet in time, although these surely share space in eastern Africa (at different times).

19/10/2019

VVE WG DV

23

23

Ryan *et al.* 2019

Global invasion history of the agricultural pest butterfly *Pieris rapae* revealed with genomics and citizen science

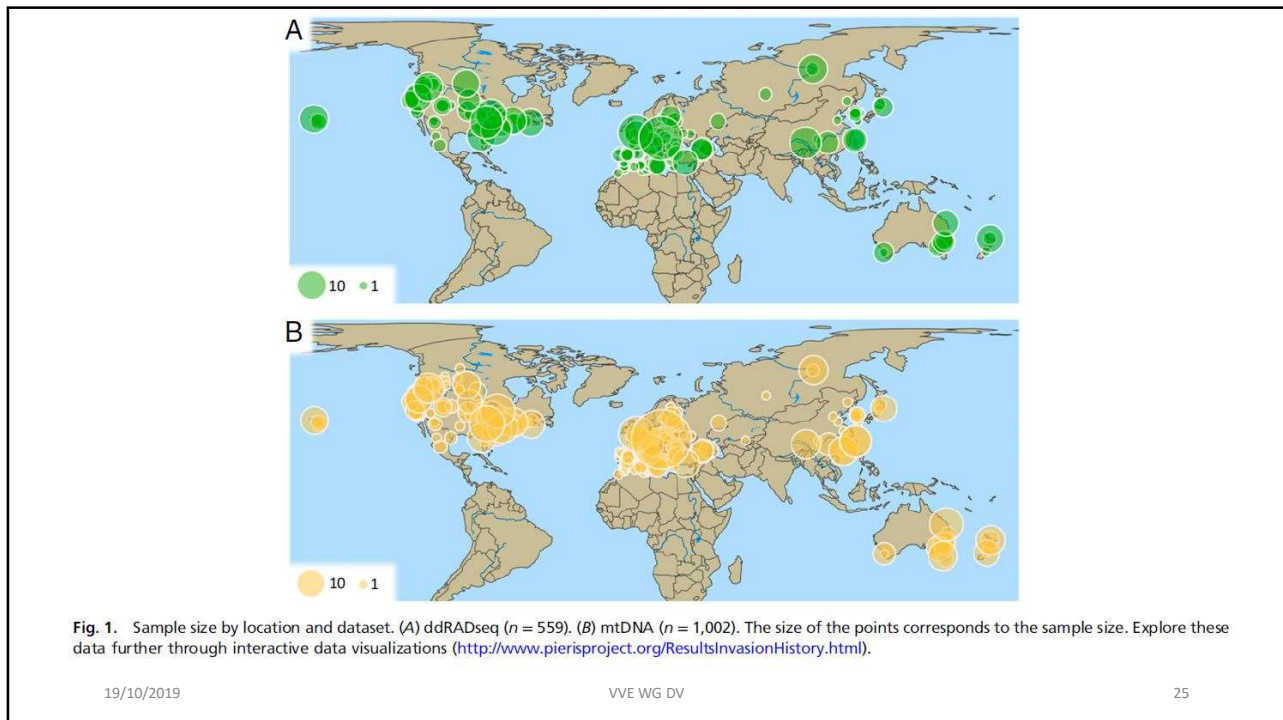
www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1907492113

19/10/2019

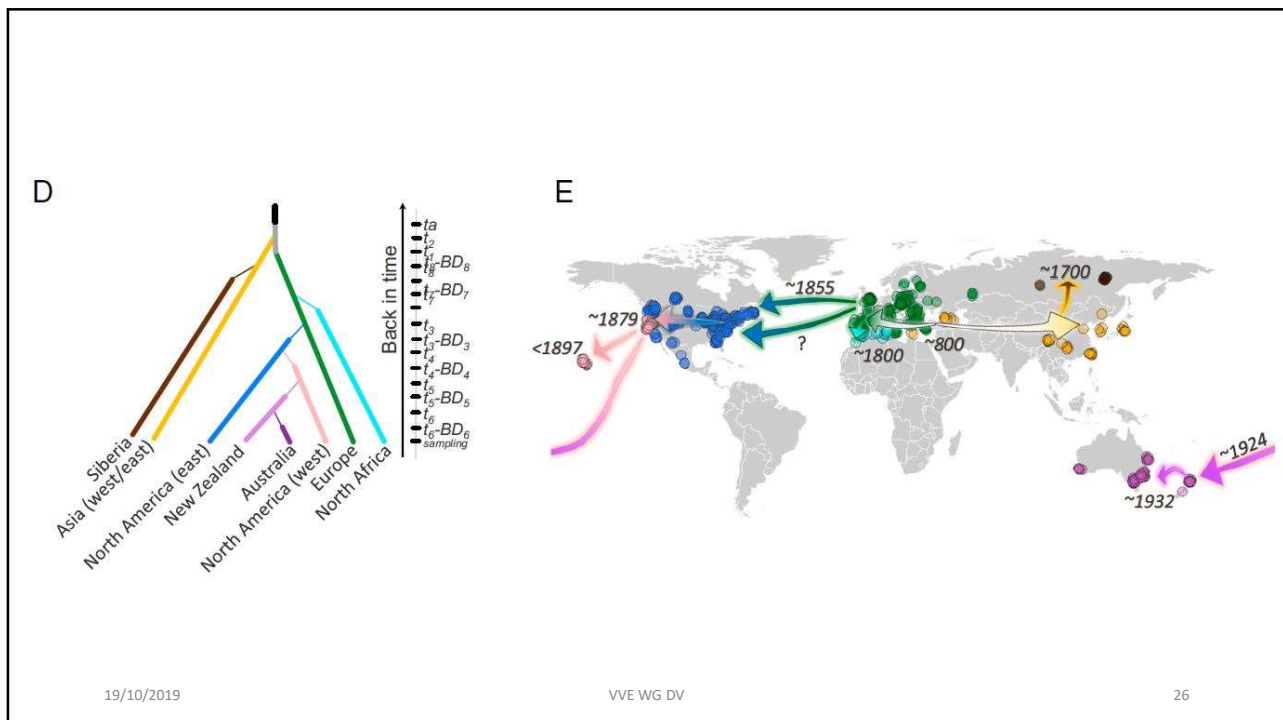
VVE WG DV

24

24



25



26

<http://www.pierisproject.org/ResultsInvasionHistory.html#>

Significance

Over the last few thousand years, the seemingly inconspicuous cabbage white butterfly, *Pieris rapae*, has become one of the most abundant and destructive butterflies in the world. Here, we assessed variation at thousands of genetic markers from butterflies collected across 32 countries by over 150 volunteer scientists and citizens to reconstruct the global spread of this agricultural pest. Our results suggest this butterfly spread out from eastern Europe to occupy every continent except South America and Antarctica, with the timing of many of these events coinciding with human activities—migration, trade, and the development of crop cultivars that serve as food plants for the butterfly larvae. Interestingly, many of these invasions were hugely successful despite repeated losses of genetic diversity.

DEEL 3: concept soort

Afbakenen van soorten – cryptische soorten

Thymelicus sylvestris

Melitaea didyma

19/10/2019

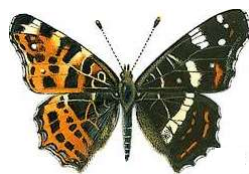
VVE WG DV

29

29

Soort : een unieke eenheid

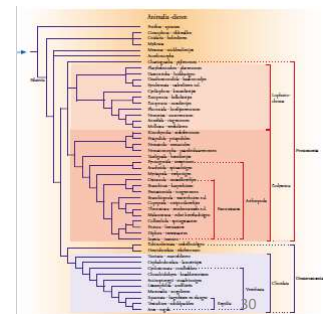
- Morfologie



- Biologie



- Genetica



19/10/2019

VVE WG DV

30

30

Lukhtanov 2019

Species Delimitation and Analysis of Cryptic Species Diversity in the XXI Century

Ent. Review **99**(4): 463-472

Enkele begrippen

Morfologie – biologische reproductie – fylogenetische stamboom

Sympatrisch – parapatrisch – allopatrisch

DNA – DNA barcoding – genoom

Mitochondriën – nucleus (kern)

Monofylie – parafylie

Taxa – lineages– BIN - ...

Inleiding

1758 Carl Linnaeus = start **zoölogische taxonomie**

Soortbegrip is een theoretische benadering voor biologische taxa

❑ Morfologische benadering, geografische verspreiding, ecologische kenmerken & karyologie

➤ Sinds 30-40 jaar ontwikkeling DNA enorme impact

➤ Digitale beeld analyses (morfometrische studies) + machine learning

L. arzanovi (n=unknown)

L. melamarina (n=84)

L. corydonius (n=84)

L. sheikh (n=84)

L. ossmar (n=84)

L. albicans (n=82)

L. caelestissima (n=87)

L. hispana (n=84)

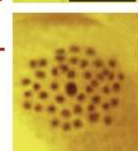
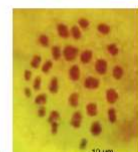
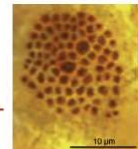
L. coridon (n=87-93)

L. dezina (n=unknown)

L. syriaca (n=24; n=30)

L. bellargus (n=45)

L. punctifera (n=24)



19/10/2019

VVE WG DV

33

33

Het concept soort – biologisch

➔ Een reproductief geïsoleerde groep

- een geheel individuen die onderling vermenigvuldigen maar geïsoleerd zijn van andere vergelijkbare gehelen

- de isolatie kan onvolledig zijn maar voldoende om geen versmelting te krijgen tot één genetische pool

- allopatrie is moeilijk voor dit concept

- cryptische soort: sympatrisch en zwak gedifferentieerd op morfologie

19/10/2019

VVE WG DV

34

34

Het concept soort – fylogenetisch

➔ Een evolutionaire “lineage”

- diagnostiek: een groep populaties die zich onderscheiden door één of meerdere unieke eigenschappen ➔ monofyletische groepen

- oversplitting waarbij elke (bijna) geïsoleerde populatie op soortniveau wordt geplaatst

- Parafylletische soorten bij peripatriscie soortvorming waar niet alle nakomelingen volledig zijn inbegrepen

Fylogenetisch ⇔ Biologisch

In praktijk heel dikwijls leidend tot dezelfde eenheden van diversiteit

Lineages die beginnen af te wijken zijn in het begin nog onderling reproductief & met verdere evolutie van de lineages ontstaat reproductieve isolatie

Omgekeerd bij sympatriscie soortvorming is een groep niet onmiddellijk monofyletisch maar door genetische isolatie op het einde wel

Bij recente divergerende taxa kan afhankelijk van de benadering er een verschil zijn qua aflijnen van soorten

Soort bepaling in de pre DNA periode

Basis Mayr (1971)

Analyse van morfologische kenmerken.
Bij hiaat geïnterpreteerd als verschillende taxonomische taxa.

Wat entomologie betreft veel nadruk op de morfologie van de genitalia

Biologisch concept: verschillende morfologie bij sympatrie of parapatrie

- voor allopatrie moeilijker en meer op basis vergelijkingen bij sympatrie/parapatrie
- soms werd reproductieve isolatie aangetoond met kweek experimenten (*L. reali*) & morfometrische studies

Soort bepaling in de DNA periode

Pons *et al.* (2006)

Niet te zien als exclusieve middelen voor bepaling soorten maar hulp voor

- versnellen van ontdekken/beschrijven nieuwe soorten
- standaardisatie door gebruik zelfde markers voor veel verschillende taxa
- geformaliseerd, transparant en reproduceerbaar
- onthullen & beschrijven van cryptische soorten (*L. juvernica*)

DNA - soort bepaling gebaseerd op afstanden

➔ Bepalingmethodes om toenemende genetische divergerende lineages te meten

Bv 2 % verschil in DNA barcode op 658 base paren

Gelijkende individuele specimens komen samen in een “BIN” die mogelijke soorten zijn maar is onvoldoende voor taxonomische beslissingen (bruikbaar om verder te testen met andere benaderingen)

19/10/2019

VVE WG DV

39

39

DNA – soort bepaling op fylogenetisch analyse

➔ Soorten ontstaan tijdens de evolutie in de tijd en reconstructie van die geschiedenis door fylogenetische analyse toont majeure lineages en eindigend in soort

Veel individuen opgenomen in de analyse clusteren in een fylogenetisch “stamboom” met statistische analyses om te objectiveren

Per gen (onbetrouwbaar want de genen kunnen apart verschillend ontwikkelen)
Voor meerdere genen hogere betrouwbaarheid

Fylogenetische reconstructie van 1 gen + gegevens van morfologie, ecologie, karyologie, verspreiding is wel waardevol voor taxonomische beslissingen

19/10/2019

VVE WG DV

40

40

DNA barcoding voor soort bepaling

In meeste gevallen leidend tot correcte soort bepaling

Maar vals positieve en vals negatieve resultaten!

- vals positief dikwijls door intracellulaire *Wolbachia* infectie binnen een populatie brengt intraspecifieke divergentie van mitochondriale genen
- Vals negatief komt voor in recent ontstane soorten of bij mitochondriale introgressie (door sporadische hybridisatie)

19/10/2019

VVE WG DV

41

41

Gebruik van meerdere genen voor soort bepaling

Meer adequaat is een fylogenetische analyse met meerdere genen
Bij voorkeur nucleaire genen op verschillende chromosomen

Limitatie is evenwel dat nucleaire genen trager evolueren dan mitochondriale genen

19/10/2019

VVE WG DV

42

42

Besluit

- Zelfs studies met honderden/duizenden markers geven geen definitieve antwoorden op soort niveau
- Correlatie samen met gegevens over verspreiding, morfologie en ecologische voorkeur versterkt sterk de waarde
- Enkel een ervaren taxonomist kan de moleculaire gegevens goed gebruiken samen met de gekende gegevens om tot een taxonomisch besluit te komen

19/10/2019

VVE WG DV

43

43

Hinojosa *et al.* 2019

A mirage of cryptic species: Genomics uncover striking mitochondrial discordance in the butterfly *Thymelicus sylvestris*

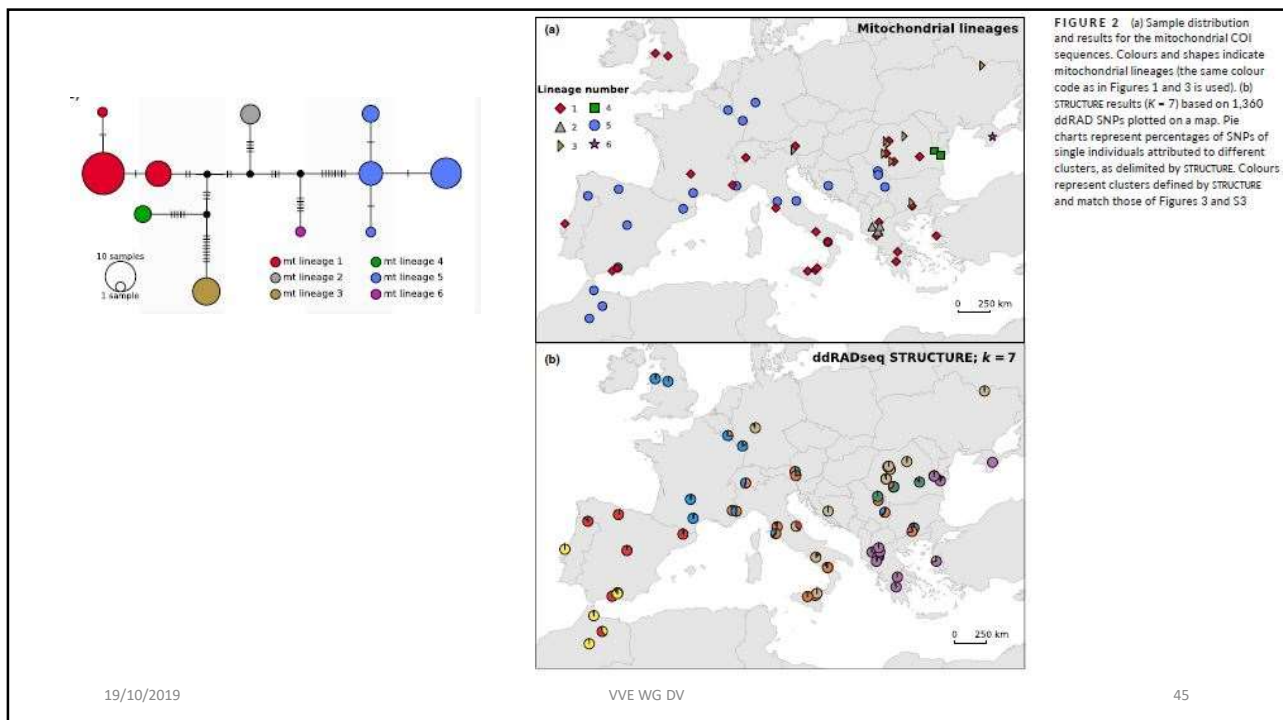
Molecular Ecology DOI: 10.1111/mec.15133

19/10/2019

VVE WG DV

44

44



45

Hinojosa *et al.* 2019

6 verschillende lineages op basis van mtDNA en sommige sympatrisc
voorkomend (suggestief voor cryptische soorten)

RAD sequencing gaf niet hetzelfde resultaat en toonde een geografisch
patroon

Uitleg: lange isolatie perioden werden gevolgd door expansies in de
verspreiding (tussen de ijstijden) waarbij de nucleaire genen opnieuw
homogeen werden ("mengen") maar niet de mitochondriale genen

Op bepaalde momenten (isolatie) met soortenvorming die later opnieuw
fuseerden

19/10/2019

VVE WG DV

46

46

Dinca *et al.* 2019

The conundrum of species delimitation: a genomic perspective on a mitogenetically super-variable butterfly

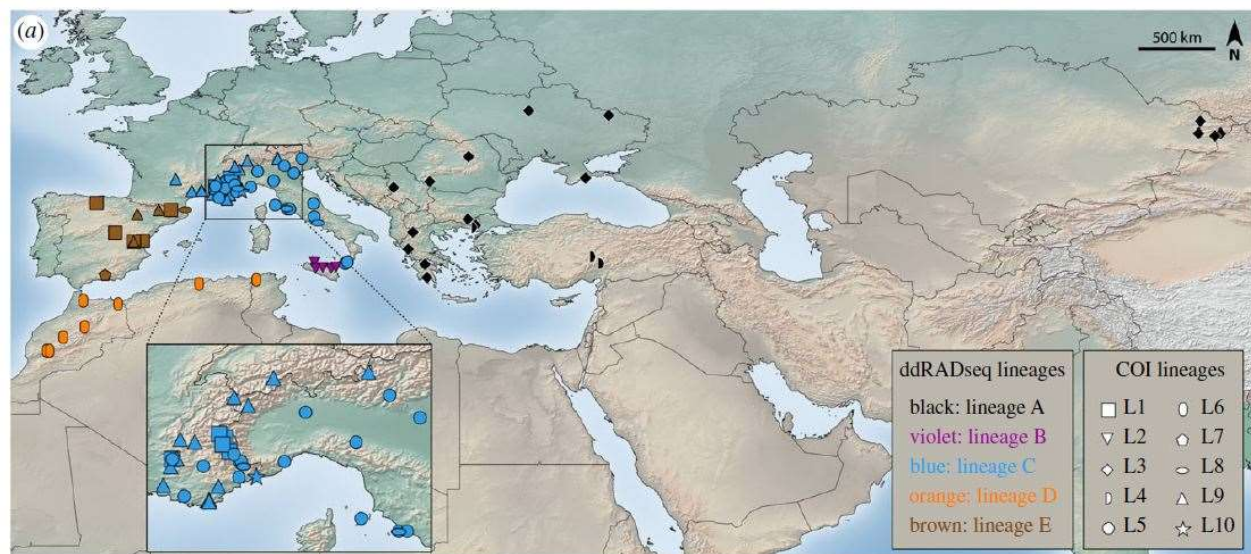
Proc. R. Soc. B **286**: 20191311

19/10/2019

VVE WG DV

47

47



19/10/2019

VVE WG DV

48

48

Dinca *et al.* 2019

10 mitochondriale lineages (deels sympatrisch) met divergentie tot 7,4 %

Vergelijking mtDNA met RAD sequencing is enkel gelijklopend voor de allopatrische populaties

Introgressie en *Wolbachia* op andere mtDNA lineages wordt vermoed

“... one of the first cases of deep mtDNA splits among European butterflies assessed by a genome wide DNA analysis and reveals that the interpretation of patterns remains challenging even when a high amount of genomic data is available

19/10/2019

VVE WG DV

49

49

De publicaties zijn beschikbaar op aanvraag

➔ Jurgen

19/10/2019

VVE WG DV

50

50