



Entomologische Gesellschaft Zürich

www.insekten-egz.ch

**Fossilienvielfalt der Darwinwespen und ihr Schicksal
während des letzten Massensterbens**

Alexandra Viertler

Zürich, 20. Dezember 2024

Vorsitz: Michael Greeff

Anwesend: 18 Teilnehmer

Mitteilungen: Wir begrüssen unsere neuen Mitglieder Eva Frei und Roman Dirnberger.

Alexandra Viertler nimmt uns mit auf eine Zeitreise zurück in die Kreidezeit und zeigt uns die spannende Vergangenheit der heute artenreichsten Familie der Hautflügler: die Darwinwespen (Ichneumonidae). Ihre Fossilien, die in verschiedenen Sedimenten und in Bernstein gefunden werden, sind wertvoll bei der Rekonstruktion ihrer Geschichte. Wir erfahren zum Beispiel, welche Auswirkungen das Massenaussterben vor 66 Millionen Jahren auf diese Insekten hatte.

Zum Einstieg gibt Alexandra Viertler einen Überblick über den Stammbaum der Hautflüglern (Hymenoptera). Sie unterteilt den Stammbaum grob in vier Gruppen: Die Pflanzenwespen (Symphyta), welche keine Wespentaille besitzen und sich so von den anderen Hautflüglern unterscheiden, die Ameisen (Formicidae) die Bienen (Apioidae), und der ganze Rest. Dieser Rest wird den «Wespen» zugeordnet. In dieser Gruppe gib es eine sehr grosse Formenvielfalt, zu der auch die sogenannten Schlupfwespen (Braconidae und Ichneumonidae) gehören. Braconidae wurden dann als 'Brackwespen', und Ichnoimidae als 'echte Schlupfwespen' bezeichnet. Da diese Bezeichnung auf die Dauer etwas mühsam war, entschied eine Zusammenkunft von Experten 2019, die Ichneumonidae fortan Darwinwespen zu nennen; ausgehend von einem Zitat von Charles Darwin über diese Gruppe.

Darwinwespen haben generell lange Antennen, ihre Körpergrösse variiert von 6cm zu 3mm, der Körper ist allgemein schlank und die Weibchen verfügen über einen «Stachel» (Ovipositor). Durch die Flügeladerung können die Darwinwespen von den Brackwespen unterschieden werden.

Es gibt bei den Darwinwespen 42 rezente Unterfamilien, welche über 25'000 beschriebene Arten umfassen. Darwinwespen sind Parasitoiden. Im Unterschied zu Parasiten töten Parasitoiden ihren Wirt immer, um ihre Entwicklung abschliessen zu können. Endoparasitoiden legen ihre Eier in den Wirtskörper, während Ektoparasitoiden die Eier auf den Wirtskörper legen. Vielfalt der Darwinwespen zeigt sich auch in ihren Wirten. Parasitoiden werden so beispielsweise Schmetterlinge (Lepidoptera), Käfer (Coleoptera), Fliegen (Diptera), Kamelhalsfliegen (Raphidioptera), Köcherfliegen (Trichoptera) und Spinnen (Arachnida).

Betrachtet man die Fossilienfunde über die Zeit, so lassen sich 5 grosse Massensterben erkennen. Beim ersten Massensterben sind zwischen 60-70% der Arten (vorwiegend Marine Wirbellose) ausgestorben. Beim zweiten Massensterben verschwanden um die 75% der Arten (hauptsächlich Trilobiten, Panzerfische). Ende des Perm fand das grösste Massensterben statt. Dabei starben gut 95% der Arten, darunter auch Insekten, aus. Das wohl bekannteste Massensterben vor 66 Millionen Jahren löschte die Dinosaurier aus und vernichtete so gut 75% der Arten.

Das Massensterben der Insekten ist nicht gut verstanden. In fossilen Pflanzen findet man oft Frassspuren, und diese waren vor dem Perm relativ gross. Danach war die Frassspuren-Vielfalt deutlich geringer. Wenn man davon ausgeht, dass herbivore Insekten auch Wirtsarten der

Parasitoide waren, ist mit dem Aussterben des herbivoren Wirtes mit grosser Wahrscheinlichkeit auf die auf diese Art spezialisierten Parasitoid ausgestorben. Um effektiv herauszufinden, ob die Parasitoide effektiv auch vom Aussterbeereignis betroffen waren, musste Alexandra Viertler viele Fossilienfunde untersuchen.

Der Erfolg bei der Fossilien suche hängt von verschiedenen Faktoren ab. Allen voran muss man Experte der jeweiligen Art-Gruppe sein, um die Tiere zu erkennen und so zu wissen, wonach man Ausschau halten muss. Auch muss der Fossilienstandort bekannt und zugänglich sein. Die Grösse der Insekten und die Sklerotisierung spielen ebenfalls eine entscheidende Rolle, sowie die Faktoren welche die Fossilisierung beeinflussen.

Bei den Darwinwespen sind aktuell ca. 290 fossile Arten beschrieben. Die ältesten Fossilien stammen aus Sedimenten der Kreidezeit und gehören Unterfamilien an, welche heute ausgestorben sind. Nach dem Massensterben um vor 66 Milliarden Jahren findet man in den Fossilien Arten von zwei heute ausgestorbene Unterfamilien. Davon abgesehen gehören aber alle anderen Fossilien zu rezenten Familien, welche heute noch existieren.

Die Darwinwespen wurden für die Analyse des Massensterbens aus folgenden Gründen gewählt: rezente sowie ausgestorbene Arten haben eine weltweite Verbreitung, ihre Lebensweise ist stellvertretend für andere Insekten, und es gibt viele bekannte Fossilienfunde auf die man zurückgreifen kann.

So wurde die Fossilienvielfalt der Darwinwespen untersucht und die morphologischen Merkmale aller rezenten und fossilen Unterfamilien betrachtet. Der morphologische Vergleich ermöglicht eine Platzierung einer Art im Stammbaum auf Gattungsebene.

Zur Analyse des Massensterbens wurden alle verfügbaren Informationen kombiniert: die Morphologischen Daten von fossilen und rezenten Arten, die Zeitinformation, und Molekulare Daten von rezenten Arten. Der Stammbaum wurde dann aus allen Daten innert 4 Wochen Computerzeit errechnet. Es wurde ein Fossilized-Birth-Death Modell verwendet, bei welchem Speziationsrate, Aussterberate und Fossilisationsrate berücksichtigt wurde.

Das erste Resultat des Stammbaums zeigt eine Stammgruppe (sozusagen die Vorfahren der heutigen Arten), welche nicht monophyletisch (von einem gemeinsamen Vorfahren abstammend) ist.

Die Aussterberate während des Massensterbens ist gemäss Modell geringer als vor und nach dem Massensterbe-Ereignis. Dieser Befund ist unerwartet und macht wenig Sinn. Vermutlich ist das Zeitintervall zu kurz gewählt und es sind nicht genügend Informationen zu den Arten zu dieser Zeit vorhanden, um Aussagen zur Aussterberate zuzulassen. Der nächste Schritt ist nun die Korrektur verschiedener Berechnungsparameter. Dieses Projekt ist aber noch mitten in Arbeit.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass es noch viel zu entdecken gibt und das verwendete Modell sehr komplex ist. Das Datenset ist wertvoll und durch die gemachte Arbeit können die fossilen Arten in den Stammbaum platziert werden. Zukünftig gefundene Fossilien können so gemäss Anleitung in den bestehenden Stammbaum platziert werden.

Interessierte können sich den informativen Vortrag unter folgendem Link ansehen:

<https://video.ethz.ch/speakers/egz/2024/c5682e4d-d0fd-44f7-a195-ec47fda72c63.html>

Ende der Sitzung: 20:20 Uhr

Protokoll: Jeannine Klaiber