

Genetische variatie in populaties van *Chironomus nuditaris* Keyl (Diptera, Chironomidae); implicaties voor biodiversiteit

Biodiversiteit wordt op verschillende niveaus bestudeerd. Meestal worden morfologisch te onderscheiden soorten gebruikt, maar bij moeilijke groepen worden ook hogere taxa gehanteerd. Niettemin is het uiteindelijke doel het kennen en bewaren van de genetische diversiteit.

Dansmuggen spelen een belangrijke ecologische rol in Vlaamse rivieren en plassen. Uit genetische analyse blijkt dat verschillende soorten dansmuggen van het geslacht *Chironomus* in Vlaanderen voorkomen. In een recent artikel van Kiknadze et al. (2006) werden Vlaamse populaties van de dansmug *Chironomus nuditaris* bestudeerd en vergeleken met populaties van dezelfde soort elders in Europa. Deze publicatie bleef echter onopgemerkt omdat ze enkel in het Russisch verscheen. Soorten als *C. nuditaris* worden slechts zelden geïdentificeerd omdat zowel larvale stadia als adulten zeer sterk gelijken op een tiental andere nauw verwante soorten (zgn. tweelingsoorten). Uit de gedetailleerde genetische analyse blijkt dat de genetische variatie in Vlaamse populaties van *C. nuditaris* groter is dan in populaties elders in Europa of in Siberië. Ook het lokale behoud van algemene en wijdverspreide soorten is daarom belangrijk voor het behoud van de genetische biodiversiteit.

Larven van dansmuggen (Diptera, Chironomidae) vormen een belangrijk deel van de fauna in de meeste rivieren en meren op alle continenten. Ook in Vlaanderen vormen ze zowel in aantallen als in soortenrijkdom vaak het belangrijkste deel van de bodemfauna in beken en vijvers. Soorten van het genus *Chironomus* zijn bekend bij henge-laars en aquarium liefhebbers als "vers-de-vase". Ecologen associëren ze stevast met een slechte waterkwaliteit en verstoorde ecosystemen met een lage biodiversiteit omdat sommige soorten zich hebben aangepast aan zuurstofarme condities.

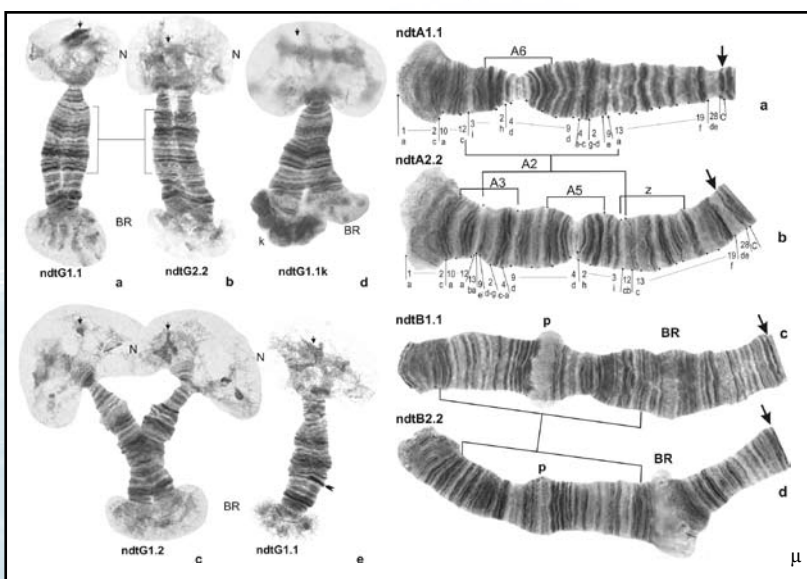
In Vlaanderen komen enkele honderden soorten dansmuggen voor, maar hun verbazingwekkende

diversiteit blijft vaak onopgemerkt. In ecologische studies worden vaak enkel soortengroepen opgenomen omdat zowel larven als adulten van dansmuggen heel erg moeilijk te identificeren zijn op basis van morfologische kenmerken. Elk van deze groepen bestaat echter uit een aantal soorten met morfologisch quasi identieke larven die enkel kunnen worden geïdentificeerd door ze op te kweken tot adulte mannetjes of door een cytogenetische studie van de polytene chromosomen.

Methodes

Polytene chromosomen of reuzechromosomen werden al in 1881 waargenomen door Balbiani in de speekselklieren van *Chironomus* larven met een eenvoudige microscoop. Ze worden gevormd doordat een grote reeksen parallele kopieën van hetzelfde DNA worden gevormd zonder dat celdeling optreedt. Dit maakt dat de reuzechromosomen groot genoeg zijn om ze gemakkelijk te kunnen bestuderen. Ze vertonen een "streepjescode", een karakteristiek patroon van lichte en donkere banden dat specifiek is voor elke soort. Variaties in het bandenpatroon laten toe soorten en variëteiten van elkaar te onderscheiden en om de genetische verschillen tussen populaties van dezelfde soort te bestuderen (Dubinin et al, 1936; Keyl, 1959; Fisher, 1978; Dévai et al, 1989; Michailova, 1989; Butler et al, 1999; Shobanov et al, 1999). In een recent artikel van Kiknadze et al. (2006) werd een Vlaamse populatie van de dansmug *Chironomus nuditaris* bestudeerd en vergeleken met zes andere populaties van dezelfde soort in West Siberië, Bulgarije en Zwitserland. Deze publicatie bleef echter onopgemerkt omdat ze enkel in het Russisch verscheen.

Figuur 1: Aan de hand van het typische strepen patroon in de verschillende chromosomen kunnen sterk gelijkende soorten worden onderscheiden en kunnen genetische verschillen tussen populaties van dezelfde soorten worden bestudeerd. Arm G (links op de figuur); het naast elkaar liggen van de homologe chromosomen is typisch voor *C. nuditaris*. In armen A en B (rechts op de figuur) komen verschillen unieke inversies voor.



Resultaten

C. nudatarsus wordt slechts zelden geïdentificeerd omdat zowel larvale stadia als adulten zeer sterk gelijken op een tiental andere nauwverwante tweelingsoorten. Uit de genetische analyses van Kiknadze et al (2006) blijkt nu dat verschillende soorten *Chironomus* in Vlaanderen voorkomen. In bepaalde erg zuurstofarme ecosystemen blijken zowel *C. plumosus*, *C. cingulatus* als *C. nudatarsus* samen voor te komen. Bij een klassieke morfologische identificatie worden al deze larven beschouwd als behorende tot één en dezelfde *plumosus*-groep.

C. nudatarsus heeft een groot verspreidingsgebied. Daarom is ook gekeken naar genetische verschillen tussen de Vlaamse populaties van *C. nudatarsis* en populaties elders in Europa en in Siberië. Bij mutaties in het erfelijk materiaal gaan soms delen van chromosomen verloren (deletie), worden ze verplaatst naar andere chromosomen (translocatie), of omgedraaid (inversie). Binnen de *Chironomus* populaties in West Europa werden zo niet minder dan 14 inversie sequenties gevonden. Zowel het grote aantal inversies als hun frequentie onderscheiden de Europese populaties van de Siberische. Van alle bestudeerde Siberische populaties bleek het karyotype bijna volledig identiek op één kleine uitzondering na. Het karyotype is de precieze samenstelling en structuur van de verschillende chromosomen en hun armen. In figuur 1 tonen we louter ter illustratie een aanduiding van de delen van 2 chromosoom armen die verschillen tussen de Vlaamse en de Siberische populaties. In één van die armen (A) werden niet minder dan 6 inversies gevonden die enkel voorkomen in Vlaanderen en niet in de andere populaties van *C. nudatarsis*. In een eerste analyse werd daarom gedacht dat het mogelijk om een nieuwe, nog niet beschreven soort zou gaan nauw verwant aan *C. plumosus* (Int Panis et al, 1994). Het conjugereren van homologe chromosomen in arm G is echter typisch voor *C. nudatarsis*. Een bepaalde sequentie (ndtA1) die het meest voorkomt in Vlaanderen is helemaal afwezig in Siberië. Daarnaast komen in België talrijke vormen voor die zijn terug te brengen tot de Siberische vorm door middel van een aantal eenvoudige en complexe (overlappende) inversies in de ndtA2 sequentie. Ook van chromosoom armen G en E werden in Vlaanderen verschillende en soms zelfs unieke vormen gevonden. De chromosoom armen C, D en F bleken steeds identiek. Ondanks het feit dat er morfologisch niets van te merken is, blijkt er een grote genetische kloof te zijn tussen de Palearctische en de Vlaamse populaties. Die verschillen worden tenminste deels bepaald door de ecologische omstandigheden van de wateren waarin deze dansmuggen voorkomen (Gunderina et al, 1999, 2000). Wanneer populaties lang genoeg gescheiden blijven en genetische verschillen zich opstapelen kunnen uiteindelijk nieuwe soorten worden gevormd (Kiknadze et al, 1996; Shobanov et al, 1999).

Conclusie

In Vlaamse populaties vinden we een genetische variatie die groter is dan elders in Europa of in Siberië. We besluiten hieruit dat ook het behoud van algemene en wijdverspreide soorten belangrijk is voor het behoud van de genetische biodiversiteit.

Referenties

BUTLER M.G., KIKNADZE I.I., GOLYGINA V.V., MARTIN J., ISTOMINA A.G., WUELKER W.F., SUBLETTE J.E., SUBLETTE M.F. (1999), Cytogenetic differentiation between Palearctic and Nearctic populations of *Chironomus plumosus* L. (Diptera, Chironomidae). // *Genome*. V. 5, N 42: 797-815.

DÉVAI Gy., MISKOLCZI M., WUELKER W. (1989), Standardization of chromosome arms B, C and D in *Chironomus* (Diptera, Chironomidae) // *Advances in Chironomidology: Acta Biol. Debr. Oecol. Hung.* V. 2: 79-92.

DUBININ N.P., SOKOLOV N.N., TINIAKOV G.G. (1936), Occurrence and distribution of chromosome aberration in nature // *Nature*. V.137: 1035-1936.

FISHER J. (1978), Zum Problem der Chromosomen-Evolution durch Translocationen bei *Chironomus* (Diptera) // *Arch. Genet.* 51: 73-98.

GUNDERINA L.I., KIKNADZE I.I., GOLYGINA V.V. (1999), Intraspecific differentiation of the cytogenetic structure in natural populations of *Chironomus plumosus* L., the central species in the group of sibling species (Chironomidae: Diptera) // *Russ. J. Genet.* 35, 2: 142-150.

GUNDERINA L.I., KIKNADZE I.I. (2000), Divergence of Karyopool in Sibling Species of the *plumosus* Group (Chironomidae, Diptera) // *Russ. J. Genet.* V. 36, No 3 p. 265-272.

INT PANIS, L., KIKNADZE, I., BERVOETS, L., AIMANOVA, K. (1994), Karyological identifications of some species of the genus *Chironomus* Meigen, 1803, from Belgium. *Bull. Anns Soc. r. belge Ent.*, 130, pp 135-142.

KEYL, H-G, KEYL I. (1959), Die cytologische Diagnostic der Chironomiden. I. Bestimmungstabelle für die Gattung *Chironomus* auf Grund der Speicheldrüsen-Chromosomen //

KIKNADZE I.I., BUTLER M.G., AIMANOVA K.G., GUNDERINA L.I., COOPER J.K. (1996), Geographic variation in the polytene chromosome banding pattern of the Holarctic midge *Chironomus* (*Camptochironomus*) *tentans* (Fabricius) // *Can. J. Zool.* Vol. 74: 171-191.

KIKNADZE, I., MICAILOVA, P., ISTOMINA, A.G., GOLYGINA V.V., INT PANIS, L., KRASTANOV

(2006), Chromosomal polymorphism and the divergence of populations in

Chironomus nudatarsis Keyl (Diptera, Chironomidae). *Tsitologia* V.48, N7, p. 595-609

ArC. Hydrobiol. V. 56. P. 43-57.

MICHAILOVA P. (1989), The polytene chromosomes and their significance to the systematics of the family Chironomidae, Diptera // *Acta Zool. Fenn.* V. 186: 107pp

SHOBANOV N.A., KIKNADZE I.I., BUTLER M.G. (1999), Palearctic and Nearctic *Chironomus* (*Camptochironomus*) *tentans* (Fabricius) are different species // *Entomol. Scand* V. 30: 311-322.

Int Panis L.,

Projectverantwoordelijke bij de Vlaamse Instelling voor Technologisch Onderzoek (VITO), expertisecentrum Integrale Milieustudies (IMS), Boeretang 200, 2400 Mol.

Tel 014 33 58 87. Fax 014 32 11 85