

HET GENUS *SIRIELLA* – ORDE SCHEPPEN IN CHAOS

Merckx Bea

Universiteit Gent; Vakgroep Biologie; Afdeling Mariene Biologie
Campus De Sterre, s8, Krijgslaan 281, 9000 Gent
E-mail: magda.vincx@ugent.be

Het genus *Siriella*, het meest soortenrijke van de ordo Mysida of aasgarnalen omvat tot op vandaag 66 soorten en ondersoorten. Een algemeen overzichtswerk rond dit genus bestaat tot nu toe niet. Bovendien zijn de beschrijvingen vaak summier en om een idee te krijgen van de intraspecifieke variatie, is het nodig meerdere literatuurbronnen te raadplegen. Om orde te scheppen in deze chaos van gegevens worden via een databank morfologische en geografische gegevens rond dit genus samengebundeld.

Door de gegevens in de databank te koppelen aan de oorspronkelijke informatiebron kan bij uitbijtende waarden, deze bron steeds gecontroleerd worden. Voor de morfologische gegevens worden karakteristieken opgedeeld in klassen gedefinieerd. De keuze van deze karakteristieken gebeurt op basis van de beschikbare literatuur en op eigen waarnemingen op specimens die uit verschillende collecties samengebracht werden.

Alle op literatuurbronnen gebaseerde morfologische gegevens worden in de databank ingevoerd en aangevuld met eigen observaties. De zo verkregen morfologische dataset wordt op twee manieren gebruikt: (1) opstellen van een polytome sleutel die rechtstreeks raadpleegbaar is via het internet, (2) uitvoeren van een fylogenetische analyse. Om de betrouwbaarheid van beide te verhogen wordt de intraspecifieke variatie van de karakteristieken nagegaan. Gemeten karakteristieken worden statistisch geanalyseerd, waarbij (1) de seksuele variaties, (2) de geografische en temporele variaties, (3) de spreiding binnen één staalname en (4) de correlatie met de lengte worden nagegaan. De andere karakteristieken worden getest door de variatie in de toegewezen klassen te onderzoeken. Op basis hiervan is het mogelijk de karakteristieken in te delen in drie groepen (variabel tot stabiel). Bij gebruik van de polytome sleutel is het raadzaam eerst de stabiele karakteristieken te gebruiken. Bij de fylogenetische analyse wordt deze informatie gebruikt bij de a priori weging.

Een aantal soorten van het genus *Siriella* worden gekenmerkt door grote interspecifieke gelijkenissen. Zo is volgens de literatuur hét belangrijkste verschil tussen *S. panamensis*, *S. roosevelti* en *S. pacifica* de vorm van de gemodificeerde setae op mannelijke pleopoden. Bij de specimens wordt vastgesteld dat deze setae bij *S. roosevelti* op zo'n manier variëren dat ze een sterke gelijkenis vertonen met deze van *S. panamensis*. Dit suggereert sterk dat de soorten kunnen gesynonymiseerd worden. Een tegenargument is dat *S. roosevelti* enkel waargenomen werd op de Galápagoseilanden zodat het hier mogelijk om een endemische populatie gaat. Een variatie in de gemodificeerde setae wordt ook waargenomen bij *S. paulsoni*.

S. jaltensis, die in de literatuur bekendstaat om zijn grote variabiliteit vertoont binnen één populatie niet meer variatie dan andere soorten.

Via interbreedingexperimenten en DNA-analyses kan onderzocht worden of (1) *S. panamensis*, *S. pacifica* en *S. roosevelti* inderdaad één soort zijn en (2) de soort *S. jaltensis* een grote intraspecifieke variatie vertoont of de soort verschillende soorten omvat.

De polytome sleutel staat ter beschikking op het internet (<http://intramar.ugent.be/nemys/>). Met deze sleutel kunnen nagenoeg alle soorten foutloos gedetermineerd worden. De sleutel werkt als volgt: bij het aanklikken van een kenmerk worden enkel de soorten weerhouden die voldoen aan dit kenmerk. Ook de lijst van kenmerken wordt gereduceerd: alleen deze kenmerken die differentiërend zijn voor de overgebleven soorten blijven behouden. Bij sterk variabele soorten kunnen problemen opduiken: een variatie niet opgenomen in de dataset kan tot een foute identificatie leiden. Een tweede identificatiemodule, waarbij eerst alle kenmerken moeten ingevuld worden en pas daarna naar de best passende soort gezocht wordt, zou hier een oplossing kunnen bieden. Het resultaat kan gecontroleerd worden aan de hand van de figuren, geografie en literatuur over deze soort die eveneens beschikbaar zijn via de Nemys-website.

De fylogenetische analyse van sterk gelijkende, maar eveneens sterk variabele soorten wordt bemoeilijkt omdat enerzijds onvoldoende aan-/afwezigheid karakteristieken kunnen gedefinieerd worden en anderzijds een groot aantal morfometrische multistate karakteristieken gebruikt worden die een hoge graad van polymorfisme vertonen. Er bestaat geen consensustechniek voor de verwerking van dergelijke datasets. Daarom worden verschillende methodes toegepast: geen weging, a priori wegen, a posteriori wegen en additief maken van de gemeten karakteristieken. De verschillende wegingsmethodes hebben elk hun waarde en beperkingen, vermoedelijk te wijten aan een onvolledige kennis van de intraspecifieke variabiliteit. Omdat de relatieve waarde van de methodes niet ingeschat kan worden, worden consensusgroepen gedefinieerd op basis van de bekomen 'strict consensus' bomen.

Daarnaast werd ook morphocode, een module die morfometrische karakteristieken automatisch indeelt in klassen a.d.h.v. de gap-weighting methode, toegepast. Deze methode gaf een sterk afwijkende fylogenetische boom. Daarbij werden, in tegenstelling tot de andere bomen, soorten en subsoorten in verschillende monofyletische groepen geplaatst. Dit suggereert dat toepassen van morphocode in dit geval geen betrouwbare methode is. Bovendien steeg de boomlengte sterk ten opzichte van de ongewogen boom en zijn de CI en RI waarden de laagste die voor alle methodes gevonden werden. Deze methode houdt onvoldoende rekening met de intraspecifieke variatie, bovendien worden er minstens 10 klassen gedefinieerd en zijn de morfometrische kenmerken additief, wat voor variabele soorten zoals *Siriella* spec. zwaar kan doorwegen in de analyse.

Als outgroup bij de fylogenetische analyses werd het zustertaxon *Anchialina typica* gekozen. Aangezien homoplasie van karakteristieken niet uitgesloten is, kan de ancestrale staat niet met zekerheid afgeleid worden. Daarom konden op basis van de fylogenie geen hypothesen in verband met de evolutierichting afgeleid worden.

Vergelijking van de bekomen fylogenetische groepen met de groepen gedefinieerd door Li (1964) toont een grote similariteit tussen beide, hoewel de definitie van Li (1964) gebaseerd is op slechts vier of vijf karakteristieken. Op basis van de geografische en fylogenetische gegevens worden enkele groepen aangepast: bij de dubia-groep wordt *S. singularis* toegevoegd, de aequiremisgroep en anomalagroep worden samengenomen en *S. robusta* wordt eraan toegevoegd. De thompsonigroep vertoont een verdere fylogenetische onderverdeling.

De geografische gegevens, weergegeven in tabelvorm of op een wereldkaart, zijn eveneens consulteerbaar via de NeMys-website.

De geografische verspreiding van de soorten van het genus *Siriella* vertoont een latitudinale beperking. Het complete verspreidingspatroon levert voldoende argumenten om te stellen dat temperatuur de beperkende factor is. Er zijn drie oceanische soorten die wereldwijd, weliswaar temperatuursgelimiteerd, voorkomen. De verspreiding van de neretische soorten is, op *S. jaltensis* en *S. vulgaris* na, beperkt tot een bepaalde biogeografische regio.

Naast temperatuurslimitatie kunnen andere factoren de verspreiding beperken. De Rode Zee heeft vijf endemische *Siriella* soorten. De hoge graad van endemiteit is voornamelijk te verklaren door de hoge saliniteit. Bij de monding van grote rivieren worden geen soorten van het genus *Siriella* aangetroffen door de instroom van grote hoeveelheden zoetwater en modder.

In het Suezkanaal werden twee soorten van het genus *Siriella* aangetroffen. De migratie verloopt in de richting van de Middellandse Zee. Tot nu toe werden ze er nog niet aangetroffen.

De geografische verspreiding van enkele fylogenetische groepen is beperkt tot één biogeografische regio. Andere groepen, zoals groep 7, vertonen een groot geografisch bereik. Binnen deze groep kunnen enkele subgroepen onderscheiden worden die tot één regio behoren. Dispersie over de oceaan is weinig waarschijnlijk, ook omdat de soorten van het genus *Siriella* geen larvale stadia vertoont. Aangezien fossiele records van het genus *Siriella* gekend zijn die dateren van het Jura, is de vicariantiehypothese een plausibele verklaring voor dit verspreidingspatroon. Verder onderzoek aan de hand van moleculaire data en gekende mutatiesnelheden (moleculaire klok), kan deze hypothese bevestigen.