D Y S K U S J A

WIAD. ENTOMOL., T. 5, NR 1-2: 41-46
WARSZAWA—WROCŁAW 1984

Artykuł tu zamieszczony jest ciekawym projektem uzupełnienia poważnej luki w krajowym piśmiennictwie entomologicznym, którą jest brak klucza do oznaczania rodzin chrząszczy występujących w Polsce. Autor zgłosił pomysł przygotowania takiego klucza na IX Sympozjum Sekcji Koleopterologicznej PTE odbytym na Św. Krzyżu 19–20 V 1983 r. Zaproponował wówczas, aby klucz taki ukazał się poza planowanym zeszytem wstępnym w ramach części XIX „Kluczy do oznaczania owadów Polski". Ma to być klucz popularny, przeznaczony dla szerokiego grona entomologów, w tym amatorów, a także praktyków rolnictwa i leśnictwa oraz studentów i uczniów starszych klas licealnych. Autor i Redakcja WE oczekują na uwagi dotyczące tego projektu, które oddzielnie zamieścimy w następnych zeszytach pisma.

Redakcja

JAN KAJETAN MŁYNARSKI

Prace nad kluczem do oznaczania rodzin chrząszczy polskich

Brak klucza do oznaczania rodzin chrząszczy występujących w Polsce stanowi dość znaczną lukę w naszym piśmiennictwie koleopterologicznym. Jej wypełnienie nie jest wcale łatwe. W tej sytuacji podjąłem próbę opracowania klucza, który spełniałby różnorodne wymagania. Klucz doskonały, który staram się opracować, powinien umożliwić oznaczenie z jak największą pewnością każdego pojedynczego chrząszcza nawet przez niespecjalistów w minimalnym czasie i przy minimalnym nakładzie energii. Tymczasem klucze spotykane w praktyce pozwalają na oznaczenie tylko niektórych owadów przez specjalistów o dużej praktyce i to z dużym wysiłkiem. Klucz podzielony będzie na trzy zasadnicze części: ogólną, właściwy klucz, i systematyczną. Część ogólna ma zawierać zagadnienia związane z morfologią, ekologią, zbieraniem, preparowaniem i hodowlą chrząszczy, a także krótkie omówienie systematyki. Częścią

drugą będzie właściwy klucz do oznaczania, obejmujący około 125 rodzin chrząszczy. W części systematycznej podane zostaną bardziej szczegółowe opisy rodzin.

Za pomocą klucza będzie można w zasadzie oznaczać postacie dojrzałe. Jednak w części systematycznej podane będą opisy diagnostyczne larw, a odpowiednie ilustracje zebrane razem w kilka tablic utworzą rodzaj atlasu, który powinien umożliwić oznaczanie do rodzin 70–80% larw.

Część ogólna projektowanego klucza

W części tej zostanie zwrócona uwaga na problemy związane z trzema podstawowymi w praktyce entomologicznej grupami czynności: zbieraniem, preparowaniem i oznaczaniem. Wymaga to podania dodatkowych informacji dotyczących ekologii, biologii, hodowli oraz morfologii i systematyki.

W zakresie morfologii przedstawię informacje potrzebne przy oznaczaniu (nazwy i lokalizacja ważniejszych sklerytów i okolic ciała chrząszczy z rysunkami wyjaśniającymi używane w kluczu terminy).

Część poświęcona ekologii i biologii będzie zawierała podstawowe wiadomości z szerszym rozwinięciem tych zagadnień, które mają znaczenie przy zbieraniu i hodowli. Omawiając zagadnienie zbierania owadów, obszerniej zostaną scharakteryzowane metody i techniki połowu chrząszczy ze szczególnym uwzględnieniem metod o dużej wydajności i rzadziej stosowanych. Przewiduję także komentarz na temat powtarzalności wyników i przydatności niektórych metod w badaniach ilościowych.

Rozdział poświęcony hodowli będzie zawierał 4 części: pierwsza dotyczyć ma hodowli z odtworzeniem warunków mniej więcej normalnych; druga — hodowli „półlaboratoryjnej" (warunki odbiegające od naturalnych, ale pokarm naturalny); trzecia — laboratoryjnej hodowli in vitro z zastosowaniem pożywek syntetycznych (w warunkach zapewniających powtarzalność); czwarta — otrzymywania postaci dorosłych larw i poczwarek. W pewnym stopniu zamierzam także omówić metody hodowli umożliwiające prowadzenie obserwacji etologicznych.

W jednym z ważniejszych rozdziałów przedstawione zostaną rozmaite metody preparowania i konserwowania wszystkich stadiów rozwojowych chrząszczy, sporządzania preparatów z genitaliów i całościowych preparatów mikroskopowych.

W zasadzie nie zamierzam prezentować żadnego zdecydowanego poglądu na system chrząszczy, ponieważ uważam, że klucz służy przede wszystkim do oznaczania i w miarę możności nie powinien narzucać konkretnych koncepcji systematycznych (ścisły rozdział klasyfikacji i de-

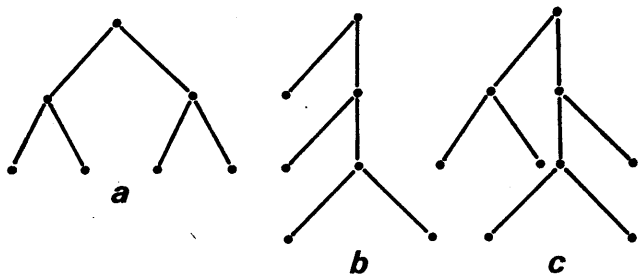
terminacji). Powinien natomiast informować o ich istnieniu, w związku z czym pozycja poszczególnych rodzin będzie dokładniej dyskutowana w części systematycznej, a w części ogólnej zostanie nieobowiązująco zaprezentowane któreś z nowszych ujęć systemu *Coleoptera*. Oczywiście nie sposób uniknąć podejmowania decyzji systematycznych wobec niejednolitego traktowania rodzin przez różnych autorów. Przyjąłem zatem zasadę uwzględniania możliwie największej ilości nazw rodzinowych (z wyjątkiem przypadków kuriozalnych). W przypadku, gdy jakaś rodzina wyodrębniana jest raczej rzadko lub jej status wydaje się wątpliwy, w części systematycznej zostanie wymieniona dwukrotnie; raz samodzielnie, a potem w opisie rodziny, do której zwykle jest zaliczana. System przyjęty w kluczu będzie uwzględniał wszystkie rodziny wymienione w podstawowej polskiej literaturze koleopterologicznej, przede wszystkim w „Kluczach do oznaczania owadów Polski" (część XIX) i „Katalogu fauny Polski" (część XXIII), a także w ważniejszych dziełach traktujących o chrząszczach Europy Środkowej, jak np. „Die Kaefer Mitteleuropas" (Freude, Harde, Lohse).

Omawianie zoogeografii chrząszczy na szczeblu rodzinowym nie ma większego sensu w przypadku pojedynczego kraju, wymienione tu zostaną zasadnicze, najczęściej u nas wyróżniane elementy zoogeograficzne, wyjątek stanowią rodziny obejmujące jeden lub kilka gatunków, dla których można podać dokładniejsze zasięgi. Podstawowe dane dotyczące rozmieszczenia na świecie będą podane w części systematycznej. Na zakończenie części ogólnej zamieszczę krótki rozdział przeznaczony dla początkujących, prezentujący sposoby posługiwania się kluczem.

Klucz

Układ klucza opracowałem na podstawie przeprowadzonych badań nad optymalizacją formalną kluczy zoologicznych (wyniki zostaną opublikowane osobno). Starałem się przy tym przestrzegać zasady, że najważniejsza w kluczu jest pewność oznaczeń.

Klucz obejmie około 125 rodzin, zatem w przypadku, gdyby był on kluczem ściśle dychotomicznym (takim, w którym każda alternatywa dzieli liczbę możliwości na dwie równe części, rys. 1a) to droga oznaczania składałaby się z mniej więcej 7 kroków oznaczania (tzn. wyborów teza -antyteza). Taki sposób postępowania jest optymalny w przypadku, gdy grupy stanowiące przedmiot klucza są równopospolite. Oczywiście pomiędzy rodzinami zachodzą zasadnicze różnice i pospolitość (ściślej idzie tu właściwie o prawdopodobieństwo oznaczenia), np. ryjkowców jest co



Ryc. 1. Reprezentacje graficzne kluczy dychotomicznych: a — ściśle dychotomicznego, b — minimalnego, c — mieszanego

najmniej 100 tys. razy większa niż przedstawicieli *Leptinidae*. W związku z tym klucz ściśle dychotomiczny nie jest tu kluczem optymalnym i do rodzin o największej pospolitości należy zastosować dychotomię minimalną (rys. 1b) lub (częściej) mieszaną (rys. 1c), ponieważ pomimo wydłużenia maksymalnej drogi oznaczania uzyskuje się znaczne skrócenie drogi oczekiwanej (średnio najbardziej prawdopodobnej). Oczywiście im bardziej pospolite rodziny, tym bliżej muszą być początku klucza (tym krótsza musi być do nich droga). Przyjąłem, że nie należy jednak zbytnio wydłużać drogi oznaczania rodzin rzadkich, bo przecież i z nimi ma się czasem do czynienia, droga maksymalna nie będzie zatem dłuższa niż 15 kroków (ale jej prawdopodobieństwo będzie znikome).

Zastosowanie takiego układu sprawia jednak pewne trudności, pierwsze 5–7 tez wyodrębniać będzie rodziny pospolite. W związku z tym powstaje niemiła konieczność przebywania za każdym razem dość długiej drogi, aby stwierdzić, czy oznaczony okaz nie jest kusakiem, ryjkowcem, stonką itp. Tymczasem koleopterolodzy będą sięgać po klucz w przypadku rodzin mniej znanych i raczej rzadkich (w przeciwieństwie do początkujących). Pewnym rozwiązaniem tej trudności jest umieszczenie przy tezach nazw rodzin, które one wyodrębniają. Dzięki temu oznaczający, jeżeli zna te rodziny i wie, że oznaczany okaz do nich nie należy, może od razu przejść do tezy następnej i powtarzać tę procedurę do momentu kiedy natrafi na rodzinę nie znaną. Stanowi to swego rodzaju „drogę dla zaawansowanych".

Niestety, formalna optymalizacja prawie nigdy nie może być w pełni zrealizowana ze względu na „twardą rzeczywistość cech", klucz może być w zasadzie tylko tak dobry, jak na to pozwalają cechy grupy, które faktycznie dyktują jego układ. Szczególnie skomplikowany jest przypadek taksonów wyższego szczebla. Dla wielu rodzin trudno jest podać zwięzłą, jednolitą diagnozę ze względu na zwykle dużą liczbę wyjątków. Znaczna część cech używanych w diagnozach klasyfikacyjnych nie na-

daje się zresztą do użytku w praktycznym oznaczaniu (oznaczając przynależność rodzinową trudno np. wypreparowywać z okazu tentorium). Szeroko stosowanym sposobem uniknięcia tego rodzaju trudności jest podzielenie rodzin na grupy wyznaczane przez jedną lub kilka wyraźnych cech i wielokrotne „dochodzenie" w kluczu do tej samej rodziny. Przewiduję dość częste użycie tego sposobu w omawianym kluczu.

Widać z tego, że układ klucza będzie znacznie odbiegał od formalnie optymalnego, powinien jednak być tak do niego zbliżony, jak na to pozwalają dostępne cechy. Oczekiwana długość drogi oznaczania nie powinna przekraczać 7 kroków (minimalna 2 kroki, maksymalna 15).

Ponadto klucz nie wszędzie będzie dychotomiczny, ponieważ można w sposób ścisły pokazać, że dla wielu przypadków rozkładu cech bezwzględne przestrzeganie dychotomii prowadzi do wydłużenia czasu oznaczania, a nawet zwiększenia ryzyka błędu. Nigdzie jednak alternatywa nie będzie większa niż czteroczłonowa.

W celu zmniejszenia prawdopodobieństwa błędu przy każdej tezie identyfikującej rodzinę zostaną omówione cechy różniące przedstawicieli tej rodziny od innych, które szczególnie łatwo mogą zostać z nią pomylone. Sposób ten zmniejsza zarówno ryzyko błędu, jak również, w pewnej mierze, długość drogi oznaczania. Dzieje się tak, ponieważ istnieje spore prawdopodobieństwo pomylenia przez kogoś początkującego rodziny rzadkiej (długa droga) z rodziną pospolitą (krótka droga).

Każda teza będzie ilustrowana. Przewiduję wprowadzenie rysunków pokrojowych, których zadaniem ma być oddanie charakterystycznej „postaci" rodziny. Jak się zdaje, wiedza specjalisty rozpoznającego bez kłopotu rodziny składa się ze znajomości grupy charakterystycznych postaci oraz zbioru wyjątków. Ilustracje zaopatrzone będą w nazwy rodzin oraz numery odpowiednich tez. Zostaną one rozmieszczone zgodnie ze strukturą klucza (będą towarzyszyć odpowiednim tezom), tak że możliwe będą trzy drogi oznaczania:

1) Z użyciem wyłącznie ilustracji. Ten sposób jako najszybszy (choć nieco niedokładny) wygodny będzie do użytku terenowego oraz dla osób bez jakiejkolwiek wprawy (nieoswojonych z językiem opisów morfologicznych). Daje to gwarancję dobrego oznaczenia pod warunkiem sprawdzenia tezy końcowej zawierającej diagnozę różnicową.

2) Normalna — z użyciem ilustracji i tekstu.

3) „Dla zaawansowanych" — z pomijaniem rodzin znanych oznaczającemu.

Ponadto klucz cechować będzie pewna nadmiarowość, polegająca na umieszczeniu opisów i rysunków cech o mniejszej wyraźności zarówno w tezie, jak i części objętej antytezą, np. teza — czułki z buławką, antyteza — czułki bez buławki, w tym przypadku gatunki o cienkiej i luź-

nej buławce zostaną umieszczone zarówno w części klucza wskazanej przez tezę, jak i antytezę. Powinno to zwiększyć pewność oznaczeń, a także uwolnić od uciążliwego rozważania przypadków wątpliwych.

Część systematyczna

W części systematycznej przedstawię charakterystyki poszczególnych rodzin według następującego schematu:

a) nazwa łacińska i jej autor;
b) ważniejsze (częściej spotykane) synonimy;
c) nazwa polska (jeżeli istnieje);
d) entymologia nazw;
e) opis diagnostyczny postaci dorosłych i krótką diagnozę larw;
f) zwięzłe omówienie stanowiska systematycznego, liczby gatunków i rozmieszczenia na świecie;
g) dane dotyczące ekologii, biologii, metod zbierania, hodowli oraz literatury umożliwiającej oznaczanie krajowych gatunków.

Ponieważ w przypadku niektórych rodzin ustalenie np. liczby gatunków na świecie napotyka znaczne trudności, a zebranie kompletnego zestawu danych znacznie opóźniałoby ukazanie się klucza, opisy niektórych rodzin nie będą zawierać pełnego zestawu informacji z punktu (g). Dane na temat sporej liczby rodzin zamierzam wzbogacić informacjami o kariologii, najwcześniejszych znanych materiałach kopalnych, filogenezie, stopniu poznania itp. Szczególną uwagę zwrócę na możliwości badań systematycznych, ekologicznych, populacyjnych i etologicznych danej rodziny. Oczywiście ilość tych wiadomości zależna będzie od charakteru i stopnia poznania rodziny.

Zakład Zoologii Systematycznej
i Doświadczalnej PAN
ul. Sławkowska 17, 31-016 Kraków