

Dokładne oszacowanie liczby gatunków jest podstawowym zadaniem w wielu dziedzinach nauk przyrodniczych takich jak ekologia czy ochrona środowiska. W klasyfikowaniu organizmów żywych od kilku wieków dominującym podejściem jest wykorzystanie jedynie danych o budowie zewnętrznej (morfologii). Dotyczy to w szczególności najbardziej różnorodnej grupy na Ziemi – owadów. Pomimo szybkiego rozwoju metod molekularnych, opis morfologiczny pozostaje nadal głównym wyznacznikiem ustanawiania nowych gatunków. Wyznaczanie gatunków wyłącznie na podstawie danych morfologicznych może jednak nie odzwierciedlać rzeczywistych procesów ewolucyjnych, takich jak ewolucja zbieżna czy zmiennie kryptyczna (nie wyrażona w budowie zewnętrznej). Z tego powodu w ostatnich latach zaproponowano metody oparte na modelach koalescencji mające umożliwić identyfikację niezależnych linii ewolucyjnych. Równolegle rozwijane są także projekty mające pomóc w szybkiej identyfikacji gatunkowej na podstawie łatwego do uzyskania fragmentu DNA oraz odpowiedniej bazy danych tzw. barcoding. W przedstawionym projekcie zamierzamy przetestować czy metody morfologiczne i oparte na koalescencji są ze sobą zgodne i potwierdzają podział gatunkowy otrzymany z sekwencji barkodowej. Problemy dotyczące wyróżniania gatunków będą w niniejszym projekcie testowane z wykorzystaniem muchówek z podrodziny *Miltogramminae* (pasowaty gniazdowe błonkówek o niezwykle interesującej biologii, należące do rodziny czerwicowatych). Owady te są dobrym przykładem szybko różnicującej się grupy wraz z wynikającymi z tego problemami w odtwarzaniu pokrewieństw pomiędzy różnymi liniami rozwojowymi. W obrębie rodzajów oraz pomiędzy nimi gatunki różni się subtelnymi cechami, które z dużym prawdopodobieństwem są pod wpływem silnego doboru naturalnego. W rezultacie dla podrodziny *Miltogramminae* funkcjonuje kilka alternatywnych systemów klasyfikacji, z różnie pojętą koncepcją gatunku. Centrum różnorodności badanych rodzajów zlokalizowane jest na Bliskim Wschodzie i w Azji Centralnej, gdzie jednocześnie może występować do kilkudziesięciu gatunków. Kraje tego regionu są więc idealnym naturalnym laboratorium do testowania granic gatunków i przepływu genów między różnymi formami morfologicznymi. W niniejszym projekcie będziemy odpowiadać na następujące pytania: (1) czy wyróżnianie gatunków na podstawie nowoczesnych modeli koalescencji jest zgodne z tradycyjnym podejściem opartym na budowie morfologicznej? Które z cech morfologicznych są najbardziej zgodne z wyróżnianiem gatunków na podstawie danych molekularnych? Czy istnieje zmiennie kryptyczna i czy daje się ona skorelować z jakimkolwiek cechami morfologicznymi? Czy granice gatunków wnioskowane na podstawie danych barkodowych są zgodne z danymi morfologicznymi i bazującymi na modelach koalescencji? Odpowiedzi na powyższe pytania spróbujemy udzielić na podstawie materiału zebranego podczas badań terenowych w Iranie, kraju o wyjątkowym bogactwie gatunkowym *Miltogramminae*. Cechy budowy zewnętrznej zostaną udokumentowane z wykorzystaniem wysokiej klasy sprzętu optycznego z zintegrowanym systemem do dokumentacji cyfrowej obrazów. W badaniach molekularnych zostaną wykorzystane nowatorskie metody sekwencjonowania nowej generacji (NGS - Next Generation Sequencing). Uzyskane dane molekularne i morfologiczne będą analizowane przy wykorzystaniu najnowszego oprogramowania bioinformatycznego, służącego do testowania modeli koalescencji i analizom statystycznym. Silną stroną projektu jest także zebrany zespół naukowców o wzajemnie uzupełniających się kompetencjach potwierdzonych licznymi publikacjami (w tym w najlepszych czasopiśmie naukowych światowej rangi) oraz planowane włączenie do prac nad projektem studentów z Polski oraz lokalnych współpracowników z Iranu.

Realizacja niniejszego projektu poprzez porównanie wyników badań morfologicznych i genomowych pozwoli na stworzenie podstaw nowoczesnej taksonomii nie tylko dla grupy będącej bezpośrednim przedmiotem badań, ale także będzie krokiem w kierunku budowy jednolitego systemu klasyfikacji dla całego rzędu muchówek liczącego dziesiątki tysięcy gatunków.