

Celem niniejszego projektu jest weryfikacja taksonomii ryjkowców (rodzina chrząszczy) z podrodzaju *Liophloeodes* Weise, 1894. Badane przez mnie gatunki, wchodzące w skład tego podrodzaju, są do siebie bardzo podobne. Jedyną cechą, przy pomocy której możemy je oznaczyć, to kształt aedeagusa (członek męskich genitaliów). Co więcej, również ta cecha jest bardzo zmienna w obrębie poszczególnych gatunków. Efekty tego są takie, że oznaczenie samców jest trudne, a samic-praktycznie niemożliwe. Nasuwa się więc pytanie: może tych kilka (wg obecnej literatury 5-8) gatunków, wcale nie jest „prawdziwymi gatunkami”? Jak to jednak sprawdzić? I po co to w ogóle robić?

Zacznijmy od drugiego pytania. Budowanie taksonomii jest zajęciem męczącym, trudnym oraz pochłaniającym czas i koszty. W efekcie otrzymujemy skomplikowany system, w którym każda grupa organizmów ma swój własny „szufladek”. Wydawałoby się, że takie badania mijają się z celem – ale to błądny trop. Przy wszystkich kontrowersjach związanych z definicją gatunku, pozostaje on podstawową jednostką w świecie przyrody. Znaczący podział gatunkowy świata ożywionego, jest w stanie zrozumieć procesy zachodzące w rodowisku, zmiany ewolucyjne, a także – często specyficzne dla gatunków lub wyszczególnionych jednostek taksonomicznych – procesy odbywające się na poziomie fizjologicznym. Nasza wiedza na temat różnorodności gatunkowej, mimo że systematycznie wzrasta, jest wciąż niewielka. Co więcej, od dłuższego czasu jesteśmy wiadkami – oraz, niestety, przyczyną – wymierania wielu gatunków. Z jednej strony wciąż giną grupy, których nawet nie zdaliśmy poznać, z drugiej – nie mamy prawdziwego obrazu bioróżnorodności, nie potrafimy jej skutecznie chronić. Należy więc zaznaczyć, że rozwijanie metody tworzenia rzetelnej taksonomii jest zadaniem bardzo ważnym.

Teraz skupmy się na kwestii, jak to zrobić w przypadku badanego przez mnie taksonu. Długa i wciąż trwająca historia pomyłek, błędnych ocen i sporów naukowych dotyczących taksonomii, pokazuje nam, że opieranie się tylko na jednym źródle informacji nie jest najlepszym pomysłem. Najlepszymi metodami taksonomicznymi jest podejście integracyjne – łączące wszystkie dostępne rzetelne metody. Metoda ta jest obecnie w fazie rozwoju i, niestety, wciąż nie jest stosowana na tak szeroką skalę, jak powinna być. Zgodnie z tymi metodami zaprojektowane jest moje badanie: do sprawdzenia taksonomii badanej grupy użyję zarówno metod molekularnych jak i morfologicznych i powiązanych z ekologią badanego gatunku. Swoje badania rozpocznę od zebrania odpowiedniej liczby ryjkowców *Liophloeodes* z całego znanego zasięgu ich występowania. Następnie zebrane owady zostaną zbadane następującymi metodami:

- 1) Zróżnicowanie i filogeneza DNA. Przeprowadzę badanie na trzech markerach genetycznych: *COI* (gen należący do DNA mitochondrialnego), *EF-1* oraz *ITS-2* (fragmenty DNA jądrowego). Zbadam ich różnorodność w obrębie i pomiędzy gatunkami, aby stwierdzić, które z populacji są najbliższe ze sobą spokrewnione. W tym samym celu odtworzę filogenezę (rodzowód i historię rozwoju) tych populacji.
- 2) Zróżnicowanie morfologiczne. Przeprowadzę pomiary morfometryczne wybranych części ciała badanych ryjkowców: głowa, genitalia, pokrywy, noga. Uzyskane wyniki również pomogą mi określić stopień podobieństwa między gatunkami i populacjami.
- 3) Zróżnicowanie rolin ywicielskich. Opierając się na rolinach, z których zostaną zebrane badane ryjkowce oraz na sekwencjach DNA rolin ywicielskich wyizolowanych z układu pokarmowego badanych owadów, określimy różnice pomiędzy gatunkami rolin, którymi odżywiają się poszczególne gatunki i populacje.
- 4) Zróżnicowanie szczepów endosymbionta *Wolbachia*. Zbadam różnorodność szczepów bakterii (gen *wsp*), która zamieszkuje komórki badanych przez mnie ryjkowców. Znajomość tej różnorodności pomoże mi w interpretacji wyników uzyskanych poprzednimi metodami.

W wyniku przeprowadzonych badań, zaproponuję nowy podział taksonomiczny badanego podrodzaju. Badanie to pomoże również rozwinąć integracyjne metody w pracy nad systematyką ryjkowców.