

Cel projektu

Głównym celem projektu jest oszacowanie różnorodności oraz ustalenie afiliacji biogeograficznych słodkowodnych skorupiaków obunogich (Amphipoda, Gammaridae) dwóch dużych wysp Morzaródziemnego – Krety i Sycylii. Dodatkowym celem projektu będzie próba rekonstrukcji datowanej filogenezy badanych organizmów za pomocą analizy filogenetycznej polimorfizmu mitochondrialnych i nuklearych markerów DNA oraz zinterpretowanie jej w kontekście paleogeografii Morzaródziemnego.

Badania

Badania w ramach projektu obejmą dwie duże wyspy Morzaródziemnego pochodzenia kontynentalnego o odmiennej historii geologicznej: Kretę oraz Sycylię. Ze względu na historię wspomnianych wysp, do analizy wykorzystane zostaną osobniki z różnych kontynentalnych obszarów referencyjnych: Peloponezu (dla Krety) oraz Półwyspu Apenińskiego i Afryki Północnej (dla Sycylii). Ponadto przeanalizowany zostanie materiał referencyjny z Balearów, niektórych wysp Morza Egejskiego oraz Cypru, służący jako tło umożliwiającej lepszą interpretację ewentualnych podobieństw i różnic pomiędzy fauną wysp o różnym pochodzeniu i czasie powstania. W ten sposób uzyskano na równie bardziej kompletny obraz różnorodności słodkowodnej fauny niektórych wysp różniomorskich. DNA do analizy molekularnej zostanie wyekstrahowane z minimum 12 osobników z każdego stanowiska. Następnie przy pomocy amplifikacji fragmentu I podjednostki oksydazy cytochromowej (COI) zostaną zidentyfikowane molekularne jednostki taksonomiczne (MOTU) reprezentujące potencjalne filogenetyczne gatunki kryptyczne. Następnie materiał DNA z wybranych trzech osobników z każdego MOTU zostanie poddany amplifikacji dla innych markerów molekularnych, zarówno fragmentów genów jądrowych oraz mitochondrialnego DNA. Dzięki użyciu tych markerów, możliwe będzie rzetelne porównanie wyników z innymi pracami o podobnej tematyce oraz z sekwencjami zgromadzonymi w GenBank i przedyskutowanie ich w szerszym kontekście filogenetycznym. Wyznaczone nowe gatunki zostaną opisane z wykorzystaniem różnych typów narzędzi optycznych: przy użyciu tabletu rysunkowego narysowane zostaną cechy taksonomiczne nowych gatunków, a do prac graficznych zostanie wykorzystane specjalistyczne oprogramowanie. Znalezienie różnic między gatunkami kryptycznymi będzie możliwe dzięki analizie przy użyciu skaningowego mikroskopu elektronowego (SEM), z którego zdjęcia zostaną użyte przy opisie nowych gatunków. Dodatkowo, w celu ustalenia pochodzenia fauny słodkowodnej oraz do ustalenia ram czasowych ewolucji fauny wyspowej, wykonana zostanie również rekonstrukcja filogenezy z wykorzystaniem datowania molekularnego.

Znaczenie

Istnieje kilka powodów podjęcia tej tematyki badawczej. Po pierwsze, wyspy uznawane są za 'naturalne laboratoria ewolucji' i miejsca o najwyższym poziomie endemizmu, a sam obszar różniomorski uważany jest za jeden z 25 najcenniejszych przyrodniczo centrów ('hotspotów') bioróżnorodności w skali światowej. Badania wykonane w ramach tego projektu będą pierwszymi tego typu szerzej zakrojonymi studiami nad różnorodnością i afiliacjami biogeograficznymi epigeicznej fauny słodkowodnej wysp Morzaródziemnego. Po drugie, ze względu na brak aktualnych danych dotyczących skali różnorodności rodziny Gammaridae badanych wysp oraz fakt, że Gammaridae znane są z dużej różnorodności kryptycznej, można spodziewać się obecności nowych, dotychczas nieopisanych gatunków. W przypadku obunogów odnotowanych uprzednio z obszaru badanych wysp, opisy i opracowania zawierające diagnozy gatunków wymagają aktualizacji oraz rewizji taksonomicznej. Dodatkowo, wyniki badań mogą posłużyć do przygotowania nowych, aktualnych kluczy diagnostycznych opartych nie tylko o same analizy molekularne, ale także w połączeniu z cechami morfologicznymi gatunków, czyniąc z nich możliwe najbardziej rzetelne narzędzia taksonomiczne. Po trzecie, w dalszym ciągu niewiele wiadomo o pochodzeniu i mechanizmach wczesnej dywersyfikacji zwierząt słodkowodnych nie tylko na wyspach różniomorskich, ale również w skali kontynentalnej. Pomijając kręgowce, wciąż słabo poznane są mechanizmy ewolucyjne i czynniki historyczne kształtujące faunę słodkowodną poszczególnych regionów geograficznych, w tym Europy. Dlatego ze względu na innowacyjność badań i podejmowaną tematykę, można uznać, że wyniki tych badań znacząco rozszerzą wiedzę na temat fauny słodkowodnej wysp Morzaródziemnego. Co więcej, pozwolą one na wyróżnienie centrów różnorodności i endemizmu, co może posłużyć do zaplanowania efektywnej strategii ochrony siedlisk słodkowodnych zagrożonych degradacją.