

Celem projektu jest rekonstrukcja filogenezy bogatej w gatunki grupy ślimaków lądowych z rodziny świdrzyków (Clausiliidae, podrodzina Phaedusinae), z wyznaczeniem momentów zmian strategii rozrodczej w historii ewolucyjnej grupy.

Podrodzina obejmuje ok. 600 gatunków zamieszkujących wschodnią i południowoschodnią Azję (wschodnie Phaedusinae), a także starą i mniej zróżnicowaną grupę występującą w rejonie pontyjskim (zachodnie Phaedusinae). Rozdzielenie zasięgu nastąpiło prawdopodobnie w miocenie, pod wpływem wypiętrzania Wyżyny Tybetańskiej i pustynnienia Azji Środkowej. Tło dalszego różnicowania się grupy to powstanie cyrkulacji monsunowej, kształtowanie się wulkanicznych archipelagów, a także wielokrotne wahania poziomu morza podczas zlodowaceń, odsłaniające lądowe połączenia pomiędzy wyspami szelfu Malajskiego i Azji. Współczesne Phaedusinae, to ślimaki leśne i naskalne, występujące w zróżnicowanych warunkach klimatycznych: od lasów tropikalnych Borneo aż po klimat umiarkowany Hokkaido. Ze względu na intensywne przekształcanie naturalnych siedlisk leśnych na uprawy, pozyskiwanie surowców mineralnych, a także przeludnienie krajów SE Azji, przetrwanie tej grupy świdrzyków jest silnie zagrożone.

Systematyka Phaedusinae jest oparta na budowie muszli (głównie tzw. aparatu zamykającego), bez poparcia w cechach układu rozrodczego i molekularnych, tym samym w mało wiarygodny sposób oddaje relacje filogenetyczne. Występują tu zróżnicowane strategie rozrodu, jajorodność i żyworodność, ale ze względu na słabe rozpoznanie biologii tych ślimaków (publikowane dane o 2% gatunków) nie można obecnie określić kiedy doszło do powstania żyworodności i czy przyspieszyło ono tempo dywersyfikacji grupy.

Zagadnienia te zostaną wyjaśnione dzięki zastosowaniu taksonomii integratywnej. W badaniach wykorzystamy barkodingowy marker mitochondrialny COI oraz zestaw markerów nuklearnych (28S, ITS1, ITS2, H3, H4). Przeprowadzona zostanie rekonstrukcja wielogenowej filogenezy, rekonstrukcja stanów ancestralnych dotyczących strategii rozrodu, a także analiza zmian tempa ewolucji. Oprócz poznania zróżnicowania grupy na poziomie molekularnym, zakres badań obejmuje także analizę porównawczą elementów historii życiowych oraz wybranych cech anatomicznych i morfologicznych związanych ze strategią rozrodu. Dane o rozrodzie będą pochodziły przede wszystkim z obserwacji około 40 gatunków trzymanyh w hodowli. Do wykrycia żyworodności oraz określenia liczby i rozmiarów embrionów przetrzymywanych w muszli rodzica użyjemy także mikrotomografii komputerowej ( $\mu$ -CT). Zbadamy budowę aparatu zamykającego w muszlach z kolekcji muzealnych. Przekształcenia aparatu zamykającego odtworzymy w poszczególnych liniach filogenetycznych Phaedusinae. W celu rozszerzenia wiedzy o cechach taksonomicznych świdrzyków i ich adaptacjach do żyworodności planowane są również badania histologiczne i histochemiczne obejmujące poznanie budowy i funkcji narządów rozrodczych. Analizy te pozwolą ustalić, które cechy morfologiczne i anatomiczne świadczą o wspólnej historii ewolucyjnej gatunków, co w przyszłości może zaowocować rewizją taksonomiczną Phaedusinae. W oparciu o dane o rozmieszczeniu taksonów o różnych strategiach rozrodu i dostępnych danych dotyczących warunków klimatycznych w SE Azji powstaną modele nisz klimatycznych zajmowanych przez gatunki żyworodne.

Rozpoznanie cech biologii i historii ewolucyjnej rzadkich i ginących gatunków jest jednym z warunków koniecznych dla nowoczesnej pojętej ochrony zasobów przyrodniczych. Realizacja projektu poszerzy wiedzę o różnicowaniu fauny rejonów uznawanych za hotspoty różnorodności biologicznej, które w odniesieniu do malakofauny są niedostatecznie zbadane.