

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU (W JĘZYKU POLSKIM)

Celem projektu jest odpowiedź na pytania dotyczące pochodzenia fauny muchówek z rodziny ochotkowatych (Diptera Chironomidae) Jeziora Szkoderskiego - unikatowego słodkowodnego układu modelowego na Półwyspie Bałkańskim. Jezioro Szkoderskie jest określane, jako „hotspot” bioróżnorodności. Na kompleks ten składa się powstałe około 1200 lat temu jezioro oraz system geologicznie starych, prawdopodobnie pliocenских, źródeł

Analiza pochodzenia fauny Chironomidae odnosi się do kluczowych zagadnień ewolucyjnych w różnych skalach:

Q1) Skąd pochodzi fauna Jeziora Szkoderskiego? Projekt ten pozwoli porównać Jezioro Szkoderskie z innymi jeziorami ekoregionu śródziemnomorskiego pod względem poziomu różnorodności gatunkowej Chironomidae w oparciu o dane literaturowe, wcześniej otrzymane wyniki i niniejszy projekt;

Q2) Czy system starych geologicznie źródeł stanowił centrum radiacji dla gatunków, które w późniejszym czasie skolonizowały Jezioro Szkoderskie? Jezioro to jest prawdopodobnie pozostałością po wcześniejszym, znacznie większym systemie jeziornym, które z początku było słonawe a obecnie jest słodkowodne.

Do odpowiedzi na powyżej postawione pytania wykorzystane zostaną techniki masowej generacji danych takich jak **metabarkoding DNA** oraz **sekwencjonowanie RAD** (Restriction-site Associated DNA sequencing) w oparciu o zróżnicowanie sekwencji kodujących mitochondrialny gen *oksydazy cytochromowej c* podjednostki 1 (*cox1*, *COI*). Zastosowane techniki **Masowego Sekwencjonowania Nowej Generacji (NGS)** pozwalają na obniżenie kosztów i czasu analizy każdego osobnika przy jednoczesnym zwiększeniu ilości informacji uzyskanych po sekwencjonowaniu. Zwiększa to zarówno zasięg (rozległość) badań oraz ich dokładność. Techniki te połączone z tradycyjną taksonomią opartą o cechy morfologiczne oraz metody numeryczne stosowane w ekologii pozwolą udzielić jednoznacznej odpowiedzi na dwa powyższe pytania.

Nowatorskość projektu polega na realizacji dwóch podstawowych zadań. Po pierwsze, **zbadanie składu gatunkowego unikalnych siedlisk niemal zupełnie niezbadanego akwenu, jakim jest Jezioro Szkoderskie**. Po drugie, **uzupełnienie stanu wiedzy na temat zasadniczych procesów kształtujących rozmieszczenie gatunków Chironomidae w oparciu o hipotezę, że gatunki zamieszkujące system starych źródeł mogły stanowić pulę wyjściową dla fauny zasiedlającej Jezioro Szkoderskie**, po jego późniejszym uformowaniu. Cele te można osiągnąć badając grupę taksonomiczną mającą kluczowe znaczenie dla funkcjonowania ekosystemów słodkowodnych z wykorzystaniem zaawansowanych Techniki Sekwencjonowania Nowej Generacji (NGS) takich jak DNA barcoding i sekwencjonowanie RAD.

Pomijając rozwijanie wiedzy dotyczącej fauny Chironomidae systemu wodnego Jeziora Szkoderskiego (między innymi wyznaczenie dróg kolonizacji jeziora), wyniki otrzymane podczas projektu będą miały kluczowe skutki w rozwoju przyszłych strategii oceny bioróżnorodności, szczególnie w odniesieniu do zagadnienia globalnego ocieplenia, obserwowanego podczas ostatnich dziesięcioleci. Larwy Chironomidae są niezwykle istotnym elementem badania stanu środowiska wodnego, lecz pozostają nie w pełni wykorzystane ze względu na brak technik, pozwalających na uzyskanie dokładnych wyników na poziomie gatunku. Ponadto, tylko samce osobników dorosłych mogą zostać zidentyfikowane na podstawie cech morfologicznych. Larwy, które mogłyby być najbardziej użyteczne dla oceny stanu środowiska wodnego są bardzo trudne do oznaczenia i często pomijane w szczegółowych opracowaniach. **Rozwój bazy sekwencji genu oksydazy cytochromowej podjednostki 1 (*cox1*) dla ochotkowatych zamieszkujących system Jeziora Szkoderskiego będzie także niezwykle istotny z punktu widzenia istniejących już repozytoriów sekwencji (np. BOLD, GenBank) oraz dla już trwających projektów (np. DNAqua-Net COST Action CA 15219).**