

Od czasu wynalezienia mikroskopu świetlnego przez Antoniego van Leeuwenhoek'a w XVII wieku, człowieka fascynuje świat mikroorganizmów. Już ponad 300 lat badacze z mozołem i determinacją opisują i próbują poznać te powszechnie otaczające nas organizmy, od których w ogromnym stopniu jest zależna nasza egzystencja. Tymczasem współczesne projekty naukowe prowadzone na dużą skalę takie jak TARA (<http://oceans.taraexpeditions.org>) lub BIOMARKS (<http://www.biomarks.eu>) pokazują, że nasza wiedza o ich bogactwie, zróżnicowaniu gatunkowym i ekologii jest wciąż bardzo ograniczona.

Jedną ze najsłabiej poznanych pod tym względem grup mikroorganizmów eukariotycznych są eugleniny zielone (jednokomórkowe glony), które pojawiły się na ziemi ponad miliard lat temu. Wszystkie są miksotrofami (pomimo zdolności do prowadzenia fotosyntezy odżywiają się również na drodze osmotrofii) dlatego masowo występują w wodach eutroficznych i hipereutroficznych (m.in. stawach rybnych, sadzawkach wiejskich, miejskich sadzawkach parkowych oraz zbiornikach śródpolnych), i chociaż ich rola nie jest do końca rozpoznana to są dowody na ich udział w samooczyszczaniu się wód. W ostatnich latach pojawiły się doniesienia o gatunku toksycznym (*Euglena sanguinea*), który produkując ichtiotoksyny doprowadził do masowej śmierci ryb w stawach hodowlanych w Północnej Karolinie i spowodował dotkliwe straty materialne. Badania paramylonu u *Euglena gracilis* (węglowodanu, materiału zapasowego) wykazały jego aktywność przeciwnowotworową oraz regeneracyjną komórek wątroby i skóry u zwierząt eksperymentalnych. W komórkach innego gatunku (*Euglena viridis*) wykazano obecność aktywnych związków przeciwbakteryjnych. Estry woskowe, wytwarzane podczas fermentacji beztlenowej, są doskonałym surowcem do produkcji biopaliw. Gromadzone w komórkach duże ilości nutraceutyków i kosmeceutyków sprawiają, że biomasa euglenin ma dużą wartość odżywczą. Podane przykłady tylko w niewielkim stopniu pokazują duże możliwości tych niezwykłych organizmów, które mógłby wykorzystać człowiek. Niestety, lepsze ich poznanie było dotąd bardzo trudne, praco- i czasochłonne z uwagi na dużą liczbę opisanych gatunków (ponad tysiąc), kłopoty z identyfikacją i praktycznie brak wiarygodnych informacji na temat ich ekologii czy zróżnicowania gatunkowego. Bezprecedensową okazją zmiany tej sytuacji jest pojawienie się wydajnych technik molekularnych (sekwencjonowania nowej generacji) oraz zaawansowanych narzędzi bioinformatycznych. Współczesne badania różnorodności i bogactwa gatunkowego w środowiskach wodnych i lądowych prowadzone tymi metodami pokazują, że mikroorganizmy eukariotyczne są znacznie bardziej zróżnicowane niż dotychczas sądzono, a prawdziwa skala tej różnorodności, rozmieszczenie gatunków, dynamika ich pojawów oraz znaczenie ekologiczne, są praktycznie nieznane. Zdecydowanie najmniej wiadomo o małych, eutroficznych i hipereutroficznych zbiornikach słodkowodnych, mimo ich dużego rozpowszechnienia i znaczenia ekologicznego. Ponadto niektóre grupy mikroorganizmów eukariotycznych, w tym także autotroficzne eugleniny, dominujące w tych siedliskach, nie są odpowiednio reprezentowane w sekwencjonowaniu środowiskowym. Jest to prawdopodobnie związane z tym, że wykorzystywany powszechnie w tzw. barkodingu środowiskowym (ang. metabarcoding) fragment DNA (rejon V4 nSSU rDNA; rodzaj „kodu kreskowego”) przy identyfikacji molekularnej gatunków, jest wyjątkowo długi i zmienny u euglenin, co może generować problemy. Dlatego w planowanym projekcie zostanie użyty inny fragment (V2 nSSU rDNA), który wytypowaliśmy na kod kreskowy DNA, w celu oszacowania składu gatunkowego oraz różnorodności biologicznej autotroficznych euglenin występujących w czterech wybranych typach charakterystycznych dla nich siedlisk eutroficznych (stawach rybnych, sadzawkach wiejskich i miejskich oraz zbiornikach śródpolnych), różniących się zarówno parametrami fizyczno-chemicznymi wody jak i lokalizacją. W tym celu z dwunastu zbiorników zlokalizowanych na terenie Polski (na Mazowszu, Mazurach i w Wielkopolsce) zostaną wielokrotnie pobrane próby planktonu w okresie kolejnych trzech sezonów wegetacyjnych i zmierzone wybrane parametry fizyczno-chemiczne wody. Później, stosując metody klasyczne (mikroskopowe), molekularne nowej generacji i zaawansowane narzędzia bioinformatyczne zostanie przeprowadzona identyfikacja gatunków we wszystkich pobranych próbach. Ostatnim krokiem będą analizy statystyczne.

Spodziewamy się, że planowane badania (1) pozwolą lepiej i szybciej ocenić bogactwo i zróżnicowanie taksonomiczne zielonych euglenin występujących w siedliskach eutroficznych, wskazać taksony dominujące, ustalić dynamikę pojawów i czynniki ją kształtujące. Spodziewamy się również (2) ) wskazać gatunki wskaźnikowe, które mogą być wykorzystane w biomonitoringu takich ekstremalnych ekosystemów (3) odkryć nowe dla nauki i Polski gatunki; (4) poznać zróżnicowanie genetyczne w poszczególnych kładach drzewa filogenetycznego euglenin, zwłaszcza wewnątrzgatunkowe; obecnie wiele kładów jest reprezentowanych przez pojedyncze szczepy (5) odkryć nowe linie filogenetyczne (rodzaje). Badania będą prowadzone wyłącznie na terenie Polski, ale zważywszy na fakt, że zielone eugleniny są kosmopolitami (podobnie jak większość mikroorganizmów), to uzyskane wyniki będą miały charakter uniwersalny.