

Wodopójki (Hydrachnidia) są grupą niezwykle różnorodną i bogatą w gatunki; zasiedlają niemal wszystkie środowiska słodkowodne, a z powodu drapieżnego charakteru odżywiania mają olbrzymi wpływ na redukcję liczebności hydrobiontów. Ze względu na powszechność występowania i zróżnicowany charakter autekologiczny poszczególnych gatunków grupa ta ma duże możliwości bioindykacyjne, które mogą być wykorzystywane do określania kondycji ekologicznej zarówno wód stojących jak i bieżących. Jednocześnie w grupie tej istnieją duże braki na poziomie alfa-taksonomicznym, np. istnieje sporo gatunków niepewnych, których opisy są wielce niedoskonałe, a istotność cech diagnostycznych jest niepewna. Istnieją duże braki w wiedzy o zakresie wewnątrzgatunkowej różnorodności fenotypowej, a wiedza o różnorodności kryptycznej jest na poziomie zerowym. Powszechny jest również pogląd, że ze względu na duże możliwości dyspersyjne (przenoszenie pasożytniczych larw wodopójek przez owady wodne), wodopójki charakteryzują się niezwykle niskim stopniem endemiczności. Celem planowanych badań jest rozpoznanie metodą „DNA barcoding” różnorodności gatunkowej dwóch szeroko rozprzestrzenionych i odmiennych ekologicznie, ale blisko spokrewnionych rodzajów: *Atractides* i *Hygrobates* oraz skonfrontowanie jej z systematyką konwencjonalną. Oba te rodzaje są związane z wodami bieżącymi, przy czym *Atractides* obejmuje gatunki niemal wyłącznie reobiontyczne i reofilne, ewentualnie krenofilne, podczas gdy *Hygrobates* ma szersze rozmieszczenie środowiskowe zamieszkując zarówno wody stojące, bieżące, jak i źródła. Oba te rodzaje znacznie różnią się stopniem specjacji i zróżnicowania gatunkowego. Rodzaj *Atractides* należy do najbogatszych w gatunki, natomiast *Hygrobates* jest średnio zróżnicowany.

Podstawowe cele projektu:

- Ocena ukrytej różnorodności za pomocą metod „DNA barcoding” i molekularnej delimitacji gatunków.
- Na podstawie wyznaczonych molekularnych taksonomicznych jednostek operacyjnych (MOTU) wyznaczenie gatunków kryptycznych, a na podstawie cech fenotypowych (cechy morfologiczne, ultrastruktura powierzchni ciała) opisanie nowych gatunków w ramach MOTU.
- Zmapowanie rozsiedlenia wszystkich gatunków i wyznaczenie centrów specjacji.
- Korelacja rozmieszczenia z dostępnymi danymi środowiskowymi w celu wyznaczenia ekotypów badanych gatunków/MOTU.

Planowane badania znacznie przyczynią się do powiększenia wiedzy na temat różnorodności wodopójek ze wspomnianych wyżej rodzajów na terenie Europy. Prawdopodobnie zaowocują opisaniem nowych gatunków dla nauki i włączeniem wyników do międzynarodowych baz danych o bioróżnorodności (np. Barcode of Life Datasystem). Pogłębią wiedzę na temat tempa specjacji i dyspersji oraz przyczynią się do lepszego zrozumienia roli refugium glacialnych w kształtowaniu różnorodności biologicznej w wodach śródlądowych Europy. Umożliwią również zweryfikowanie, powszechnie przyjętego poglądu o niewielkim stopniu endemizmu wśród wodopójek.