

Biedronkowate – rodzina Coccinellidae, obejmująca ponad 6000 znanych gatunków, rozsielonych na całym świecie, to ważna modelowa grupa w badaniach biologicznych, ekologicznych i genetycznych. W większości są drapieżnikami odżywiającymi się głównie mszycami i czerwcami, ale ich dieta jest znacznie bardziej zróżnicowana, obejmując też inne owady z rzędu Hemiptera (pluskwiaki różnoskrzydłe, koliszki, mączliki), larwy chrząszczy i motyli, a także grzyby, pyłek kwiatowy i zielone tkanki roślin. Wiele gatunków jest wykorzystywanych do walki biologicznej ze szkodnikami roślin; niektóre zaś bywają gatunkami inwazyjnymi, wpływającymi na stabilność ekosystemów w skali całych kontynentów (np. biedronka azjatycka, *Harmonia axyridis*).

Wciąż jednak zaskakująco niewiele wiadomo o ewolucji i relacjach pokrewieństwa w obrębie biedronkowatych - grupie, tak szeroko wykorzystywanej w badaniach, gdzie ramy filogenetyczne są szczególnie istotne. Dotychczasowe próby rekonstrukcji filogenezy rodziny Coccinellidae oparte były na niewielkiej liczbie gatunków i co najwyżej kilku genach. I choć wszystkie dotychczasowe badania wskazują iż rodzina biedronkowatych jest taksonem naturalnym (grupa monofiletyczna), to relacje w obrębie tej grupy, na poziomie podrodzin i plemion pozostają w większości nierozwiązane. Sytuacja ta – brak wiarygodnej hipotezy o filogenezie rodziny - uniemożliwia kompleksowe badania najważniejszych aspektów ewolucji biedronkowatych (np. ewolucja preferencji pokarmowych czy kluczowych cech morfologicznych) i znacząco utrudnia badania taksonomiczne, systematyczne i ekologiczne Coccinellidae.

Proponowane badania, poprzez analizy danych filogenomicznych (sekwencje transkryptomowe i genomowe) oraz morfologicznych, mają na celu wiarygodną rekonstrukcję relacji pokrewieństwa w obrębie rodziny biedronkowatych a także całej nadrodziny Coccinelloidea, oraz ustanowienie ram czasowych dywersyfikacji biedronkowatych. Uzyskane drzewa filogenetyczne zostaną wykorzystane do testowania hipotez dotyczących ewolucyjnej historii różnicowania się Coccinellidae, relacji pokrewieństwa, ewolucji cech morfologicznych oraz zmian preferencji pokarmowych w toku ewolucji.

Wykorzystując wynikowe drzewo czasu molekularnego (moleculuar timetree), czyli chronogram oraz porównawcze metody filogenetyczne, chcemy w szczególności przesledzić (a) absolutny i relatywny czas różnicowania linii ewlucyjnych, (b) obecność istotnych zmian w tempie różnicowania, (c) wzór zmian w preferencjach pokarmowych, oraz (d) powstanie i następujące zmiany w mechanizmach obronnych Coccinellidae. Analizom poddany zostanie również zestaw danych morfologicznych biedronkowatych oraz grup pokrewnych, jako niezależne (od analiz danych molekularnych) oszacowanie filogenezy tej grupy. Dane morfologiczne będą też stanowiły podstawę do testowania hipotez o ewolucji morfologii, zarówno osobników dorosłych jak i larw Coccinellidae.

Proponowane badania, oparte na wielkoskalowej analizie danych filogenomicznych będą prowadzić do uzyskania pierwszej, wiarygodnej filogenezy i opartego na datowaniu w oparciu o materiały kopalne molekularnego drzewa czasu (moleculuar timetree) rodziny biedronkowatych, oraz nadrzędnej nadrodziny Coccinelloidea.

Uzyskane ramy filogenetyczne i ewolucyjne umożliwią wykorzystanie biedronkowatych jako grupy modelowej do testowania bardziej ogólnych teorii, dotyczących koewolucji układów drapieżnik-ofiara i ewolucji zmian preferencji pokarmowych (np. zmian z drapieżnictwa na roślinożerność).

Prowadzone równolegle analizy morfologiczne pozwolą na uzyskanie niezależnej hipotezy o filogenezie tej grupy chrząszczy. Umożliwi to wzajemne testowanie wyników analiz różnych zestawów danych, oraz poszerzy wiedzę odnośnie przydatności cech morfologicznych w odtwarzaniu filogenezy szybko ewoluujących i różnicujących się grup owadów.

Proponowany projekt lokuje się w czołówce obecnych prac z zakresu systematyki filogenetycznej, stanowiąc jedno z pierwszych zastosowań łącznej analizy transkryptomów i danych pochodzących z zakotwiczonego hybrydowego wzbogacenia.