

Dzisiejsza różnorodność muchówek jest rezultatem jednej z czterech superradiacji owadów stanowiących zdecydowaną większość organizmów żyjących na Ziemi. Najnowsze badania wykorzystujące narzędzia filogenetyczne dostarczają danych na temat czasu i przebiegu ewolucji muchówek, wciąż jednak istnieje tu wiele zastrzeżeń i problemów. Jednym z nich jest popularne stosowanie prostych metod sangerowskich w rekonstrukcjach filogenezy opartych na danych molekularnych. Generuje to problemy głównie w postaci słabego wsparcia statystycznego węzłów uzyskiwanych drzew filogenetycznych. Ponadto rekonstrukcje te zbyt często opierają się na genach mitochondrialnych. Nie daje to gwarancji, że uzyskane drzewa filogenetyczne są rzeczywiście drzewami przedstawiających ewolucję gatunków, a nie analizowanych genów. Nadzieję na rozwiązanie tych problemów przyniosło pojawienie się danych genomowych. Niestety empiryczne i symulowane analizy zbiorów danych wskazały na szereg problemów dotyczących także filogenomiki. W przedstawionym projekcie zamierzamy uzyskać dane genomowe za pomocą różnych metod sekwencjonowania nowej generacji (NGS) a następnie wykorzystać różne metody rekonstrukcji datowanych drzew filogenetycznych w obrębie bardzo różnorodnej (ok. 15.000 gatunków) grupy muchówek wyższych - nadrodziny Oestroidea. Nadrodzina Oestroidea obejmuje jedne z najbardziej znanych i najczęściej spotykanych owadów, takie jak plujki (Calliphoridae), ścierwice (Sarcophagidae) czy gzy (Oestridae). Muchówki te charakteryzują się bardzo szeroką gamą strategii rozwojowych postaci dorosłych i larw. Wiele gatunków ma istotne znaczenie medyczne i weterynaryjne będąc wektorami groźnych patogenów lub wywołując choroby. Nekrofagiczne gatunki Oestroidea są najczęściej wykorzystywaną grupą owadów w biologii sądowej do szacowania okresu pośmiertnego. Pomimo dużego zróżnicowania Oestroidea są grupą młodą ewolucyjnie (liczą mniej niż 50 mln lat). Ostatnie badania molekularne potwierdzają monofiletyczny charakter tej nadrodziny, ale relacje pomiędzy licznymi rodzinami i podrodzinami wewnątrz grupy są skomplikowane i pozostają nierozwiązane. Problem ten ma dwie przyczyny, biologiczną i niezwiązaną z biologią. Po pierwsze, dotychczas opublikowane analizy zostały przeprowadzone wyłącznie przy użyciu danych opartych na metodach sangerowskich. Po drugie, ewolucja nadrodziny Oestroidea charakteryzuje się krótkimi okresami szybkiego różnicowania, mającymi wyraz w skróceniu wewnętrznych gałęzi drzewa filogenetycznego. Wpływa to na wyniki analiz, często dając błędny obraz uzyskiwanych drzew. Ten problem można rozwiązać poprzez zastosowanie dużych ilości danych i różnorodnych metod analizy pokrewieństw w badanej grupie. W naszym projekcie planujemy trzyetapowe podejście do problemu rekonstrukcji filogenezy Oestroidea: 1) wygenerowanie czterech typów danych genomowych, 2) wykorzystanie dwóch alternatywnych metod do analizy tych danych, 3) wydatowania wysoko wspartych statystycznie i zgodnych drzew filogenetycznych przy wykorzystaniu dostępnych skamieniałości Oestroidea. Ostatecznie zamierzamy otrzymać możliwie najlepszą rekonstrukcję drzewa filogenetycznego muchówek reprezentujących megaróżnorodną nadrodzinę Oestroidea.