

## **POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU (W JĘZYKU POLSKIM)**

*(Należy podać cel projektu, opisać jakie badania realizowane będą w projekcie oraz podać powody podjęcia danej tematyki badawczej)*

Taksonomia to jedna z najstarszych dziedzin nauki, która zajmuje się nazywaniem i opisywaniem gatunków. Badania taksonomiczne na drobnych bezkręgowcach są bardzo często wymagające, ponieważ wiele grup drobnych organizmów posiada bardzo nieliczne cechy umożliwiające opisywanie i rozpoznawanie gatunków. Przykładem takiej grupy mogą być niesporczaki (Tardigrada), czyli mikroskopijne zwierzęta, które można znaleźć w mchach i porostach, znane ze swych imponujących zdolności do przetrwania w ekstremalnie trudnych warunkach środowiskowych. Nieliczne cechy, które umożliwiają identyfikację gatunkową a także brak dokładnej wiedzy na temat zmienności w tych cechach przyczyniły się do notorycznego niedoszacowania bioróżnorodności gatunkowej niesporczaków, jako że trudności w ich rozpoznawaniu przekładają się na błędy w identyfikacji lub uznawanie kilku gatunków za jeden.

Zaproponowany projekt ma na celu rozwiązanie niejasności taksonomicznych i filogenetycznych (związanych z pokrewieństwem) gatunków należących do rodziny Macrobiotidae, w której znajduje się wiele grup zaniebawianych do tej pory przez naukowców ze względu na opisane powyżej trudności. Rozwiązanie niejasności będzie możliwe dzięki użyciu nowoczesnych metod taksonomii integratywnej, która łączy dane pochodzące z kilku dyscyplin biologii takich jak np. morfologia, biologia molekularna czy ekologia. Podczas realizacji projektu uzyskane zostaną szczegółowe dane morfologiczne (z użyciem mikroskopu świetlnego i skaningowego mikroskopu elektronowego) oraz molekularne (w postaci sekwencji DNA) na temat badanych gatunków i ich populacji. Umożliwi to przygotowanie nowych, bardziej szczegółowych opisów gatunków nominalnych, które są „wzorcowymi” dla poszczególnych rodzajów i grup w obrębie rodziny Macrobiotidae, a których oryginalne opisy są przestarzałe i niedokładne. Ponadto, dzięki szerokiemu wachlarzowi danych możliwe będzie wyodrębnienie i opisanie nowych dla wiedzy gatunków, co w innym wypadku nie byłoby możliwe z powodu ich dużego morfologicznego podobieństwa do wspomnianych wyżej, niedokładnie opisanych gatunków. Sekwencje DNA pozyskane w ramach projektu zostaną także wykorzystane do rekonstrukcji filogenezy, czyli poznania pokrewieństw między badanymi gatunkami, grupami i rodzajami w obrębie Macrobiotidae, która w połączeniu z danymi morfologicznymi pozwoli odpowiedzieć na pytanie jak mogła wyglądać ewolucja poszczególnych cech morfologicznych w tej rodzinie.

Realizacja projektu przyczyni się do znacznego poszerzenia wiedzy na temat biologii, taksonomii i pokrewieństw gatunków, grup oraz rodzajów należących do rodziny Macrobiotidae. Tym samym, uzyskane wyniki stworzą bazę dla dalszych badań związanych z różnorodnością organizmów żywych i ich ekologią. Wobec powyższego, niniejszy projekt może stać się szablonem dla dalszych badań nad innymi grupami niesporczaków.