

## **Integratywne badania radiacji adaptacyjnej w starożytnych jeziorach - przykład endemicznej grupy gatunków kiełży (*Gammarus* spp.) z Jeziora Ochrydzkiego**

Niniejszy projekt ma na celu kompleksowe wyjaśnienie, przy zastosowaniu podejścia integratywnego, mechanizmów ewolucyjnych leżących u podstaw powstania endemicznej grupy gatunków kiełży z rodzaju *Gammarus* w starożytnym Jeziorze Ochrydzkim. Główną hipotezą badawczą jest założenie, iż obserwowane zróżnicowanie gatunkowe jest wynikiem radiacji adaptacyjnej, czyli gwałtownej dywersyfikacji wielu gatunków od wspólnego przodka w konsekwencji przystosowywania się do nowych nisz ekologicznych.

Jeziora starożytne (np. Bajkał, Tanganika, Titicaca), czyli te, które trwają nieprzerwanie od ponad stu tysięcy lat, są powszechnie znane jako swoiste "naturalne laboratoria", w których procesy specjacyjne mogą zostać szczegółowo przebadane. Jezioro Ochrydzkie, położone na Półwyspie Bałkańskim na granicy Albanii i Macedonii, jest najstarszym jeziorem w Europie (1.3-1.9 mln lat) i jednym z mniejszych jezior starożytnych na świecie. Jego przeszłość geologiczna jest dobrze poznana i zarazem niezwykle interesująca. Jednocześnie, uwzględniając niewielkie rozmiary jeziora oraz jego bioróżnorodność, wyróżnia się ono najwyższym (sięgającym ponad 90%) poziomem endemizmu wśród obunogów (Crustacea: Amphipoda), z endemicznym kompleksem gatunków kiełży z rodzaju *Gammarus* na czele. Kiełże niejednokrotnie stosowane są jako organizmy modelowe w badaniach ekologicznych wód słodkich, ale także stanowią obiekt badań filogeograficznych, wykazując niespotykane wysoki poziom zmienności kryptycznej, obserwowanej jako rozbieżność pomiędzy ich zróżnicowaniem molekularnym a morfologicznym. Ochrydzki rój gatunków z rodzaju *Gammarus*, dzięki relatywnie niewielkiej liczbie około 10 gatunków, stanowi wspaniały model dający niepowtarzalną okazję do szczegółowego i kompleksowego zbadania procesów radiacji adaptacyjnej zwierząt w środowisku starożytnego jeziora. Dotychczas odnotowano istnienie pewnej struktury przestrzennej nisz ekologicznych zamieszkiwanych przez różne gatunki kiełży w jeziorze, ale zagadnienie to nie zostało jeszcze wnikliwie przebadane. Wyniki analiz filogenetycznych natomiast wykazały niezgodność diagnostycznych cech molekularnych i morfologicznych wyróżniających gatunki w obrębie kompleksu. Ponadto wstępne analizy kariotypów ujawniły różnorodność liczby chromosomów u poszczególnych przedstawicieli ochrydzkich kiełży. Wszystkie dotychczasowe analizy podkreślały konieczność zastosowania strategii integratywnej w rozwiązaniu zagadki powstania ochrydzkiego roju gatunków *Gammarus*, łączącej dane zarówno genomowe jak i ekologiczne oraz morfologiczne.

W niniejszym projekcie planujemy podjęcie badań molekularnych polegających na sekwencjonowaniu transkryptomu, określeniu preferencji żywieniowych na podstawie metabarkodingu DNA treści pokarmowej oraz analizie wielkości genomu poszczególnych gatunków przy użyciu cytometrii przepływowowej, w połączeniu ze szczegółową analizą morfologii funkcjonalnej gatunków z Jeziora Ochrydzkiego, a także ich krewnych z pobliskich rzek i strumieni. Tym samym po raz pierwszy uzyskamy tak dogłębny i całościowy obraz endemicznego kompleksu gatunków skorupiaków pochodzących ze starożytnego jeziora.