

## **Ewolucja fenotypów wzdłuż linii filogenetycznych Echiniscoidea**

Rozwiązywanie zagadek filogenezy, to znaczy historii naturalnej różnych organizmów, która doprowadziła do ewolucji zadziwiającej różnorodności form żyjących na Ziemi, od zawsze znajdowało się w samym sercu nauk biologicznych. Solidne drzewa filogenetyczne, dokładnie przedstawiające drogi ewolucyjne danej grupy organizmów, oraz wynikające z nich naturalne klasyfikacje (systemy taksonomiczne) leżą u podstaw badań nad różnorodnością biologiczną i ekologią. Jednak, wciąż wiele grup roślin, zwierząt czy grzybów nie posiada wiarygodnych filogenez, co utrudnia zrozumienie ich biologii na różnych poziomach – od molekularnej maszyny komórek po zachowanie i relacje ekologiczne. Rekonstrukcja filogenez jest trudna zwłaszcza dla nieuchwytnych mikroorganizmów, takich jak niesporczaki, drobnych zwierząt (zazwyczaj długich tylko na pół milimetra) szeroko znanych z ich zdolności do życia w trudnych warunkach środowiskowych. Jest tak z powodu problemów z otrzymaniem wysokiej jakości sekwencji DNA i trafnej oceny zmienności morfologicznej. Projekt zakłada wyjaśnienie ewolucji morfologicznej i rozwikłania relacji filogenetycznych pomiędzy członkami niesporczakowego rzędu Echiniscoidea, fascynującej linii ewolucyjnej zamieszkującej zarówno środowiska pływakowe (związane z wybrzeżami morskimi), jak i wodno-łądowe (obecne w wodach słodkich, mchach i porostach).

Badania będą skoncentrowane na różnorodności przedstawicieli rzędu Echiniscoidea na odmiennych poziomach: molekularnemu zróżnicowaniu gatunków, cech morfologicznych kluczowych rodzajów oraz ich rozmieszczeniu geograficznemu na kuli ziemskiej w świetle filogenezy. W obliczu szóstego masowego wymierania organizmów (określanego też jako „wymieranie antropocenu”), ujawnienie filogenezy i różnorodności słabo poznanych grup zwierząt jest szczególnie istotne, jako że pozwala na lepsze zrozumienie ich cech biologicznych i znaczenia. Program badawczy obejmuje obszerne analizy morfologiczne i molekularne oparte na wielu loci, które mają na celu rozszyfrowanie relacji pomiędzy rodzajami niesporczaków. Zrekonstruowana filogeneza wskaże prawdopodobną morfologię ostatniego wspólnego przodka wszystkich członków Echiniscoidea. Co za tym idzie, nowe zmiany w systematyce zostaną zaproponowane, aby poprawić i unowocześnić klasyfikację grupy. Zapewni to porządne tło filogenetyczne dla przyszłych badań nad, na przykład, kolonizacją łądów przez formy pierwotnie morskie oraz pochodzeniem kryptobiozy. Co nie mniej ważne, odkryte pokrewieństwa w obrębie Echiniscoidea posłużą jako przykładowe studium przypadku dla innych zoologów pracujących na mikroskopijnych bezkręgowcach, demonstrując „know-how” dla wnikliwej analizy molekularnych i morfologicznych komponentów oszałamiająco dużej i skomplikowanej różnorodności biologicznej.