

## Wpływ paleoceńsko-eoceńskiego maksimum termicznego na dynamikę dywersyfikacji u chrząszczy kusakowatych Paederinae

Klimat jest jednym z głównych czynników napędzających ewolucję życia na Ziemi, dlatego rekonstrukcja dawnych procesów biologicznych i geologicznych jest ważna dla poznania jego wpływu na obecną bioróżnorodność. Eocen jest wyjątkowym czasem w erze kenozoicznej zarówno pod względem skali zmian klimatycznych, jak i powiązanych z nimi zmian biotycznych, a wiele dzisiejszych grup roślin i zwierząt wywodzi się z tej epoki. Jednak wpływ najszybszego i najbardziej znaczącego zjawiska ocieplenia klimatu w ciągu ostatnich 65 milionów lat, paleoceńsko-eoceńskiego maksimum termicznego (PETM), na ewolucję dzisiejszych grup, jest wciąż w niewielkim stopniu poznane. Co więcej, większość badań pomija wysoce różnorodne grupy organizmów, takie jak owady, a wszystkie nieliczne w tym temacie prace dotyczące owadów koncentrują się wyłącznie na grupach fitofagicznych. **Drapieżniki lub grupy, które nie są bezpośrednio zależne od różnorodności roślin są wciąż niezbadane w tym kontekście.**

Chrząszcze kusakowate (Staphylinidae), największa rodzina zwierząt, są doskonałym przykładem niesamowitego sukcesu ewolucyjnego z ok. 64 000 znanymi współczesnymi gatunkami występującymi na każdym kontynencie, z wyjątkiem Antarktydy. Jedną z najbardziej różnorodnych wśród nich grup pod względem liczby gatunków i rozmieszczenia na całym świecie są Paederinae, podrodzina skupiająca wyłącznie gatunki drapieżne. Jednocześnie zaobserwowano znaczący wzrost ich zapisu kopalnego po PETM, co może oznaczać, że miał on istotny wpływ na ewolucję grupy, być może prowadząc do ich obecnej wielkiej różnorodności. Taka podrodzina stanowi bardzo obiecującą „grupę modelową” dla badania wpływu przeszłych zdarzeń klimatycznych i dlatego właśnie **Paederinae zostały wybrane jako grupa badawcza** w proponowanym projekcie.

Głównym celem proponowanego projektu jest zbadanie odpowiedzi ewolucyjnej chrząszczy drapieżnych z podrodziny Paederinae na paleoceńsko-eoceńskie maksimum termiczne.

Niestety, podrodzina Paederinae jest również jednym z przykładów bardzo zróżnicowanej grupy, w której wciąż niewiele wiemy o ich filogenezie. Bogactwo gatunkowe sprawia, że grupa ta jest niezwykle trudna dla badań filogenetycznych, a zatem nigdy nie była przedmiotem szerszych badań ewolucyjnych. Proponowany projekt pomoże pokonać tę przeszkodę, budując pierwszą filogenezę podrodziny na poziomie rodzaju i umożliwiając wprowadzenie jej do dalszych badań makroewolucyjnych.

Cel ten zamierzam osiągnąć stosując zestaw innowacyjnych metod, takich jak: uczenie maszynowe do identyfikacji gatunków, sekwencjonowanie nowej generacji i bayesowska filogenetyka statystyczna. Pierwsza na tak dużą skalę filogeneza chrząszczy Paederinae zostanie zbudowana na podstawie morfologii oraz informacji zawartych w ich genomach (ultrakonserwatywne elementy) a następnie wykorzystana do badania procesów ewolucyjnych. Zastosuję niedawno opracowaną metodę datowania filogenezy, która wykorzystuje skamieniałości bezpośrednio wprowadzone do matrycy danych. Wydatowanie filogenezy oraz testowanie różnych modeli dywersyfikacji umożliwi oszacowanie wpływu PETM na dynamikę dywersyfikacji tej grupy a także odpowie na pytanie czy wydarzenie to było jedną z głównych przyczyn ich obecnej, wielkiej różnorodności gatunkowej.

W wyniku projektu powstanie szereg artykułów w czasopiśmie recenzowanych. Przyczyni się to do zwiększenia wiedzy na temat ewolucyjnych sił napędowych i zapewni wgląd w rolę zmian klimatu w ewolucji drapieżnych owadów, takich jak chrząszcze kusakowate. Jednym z pośrednich rezultatów projektu będzie pierwsza filogeneza na poziomie rodzaju przy użyciu danych genomowych w całej rodzinie kusakowatych. Dodatkowo, metody uczenia maszynowego zostaną użyte dla dwóch taksonomicznie trudnych rodzajów i po raz pierwszy zastosowane w badaniach ewolucyjnych o szerszym zakresie.