

Annelida (pierścienice) to liczna w gatunki i szeroko rozpowszechniona grupa bezkręgowców. Dżdżownice zaś to jedna z lepiej znanych i ważnych, np. z ekologicznego punktu widzenia grup pierścienic. Wszyscy znamy różowawe dżdżownice pełzające po podłożu po deszczu. Z biologicznego punktu widzenia dżdżownice to główne łądowe i ryjące w podłożu pierścienice posiadające siodełko. Siodełko (clitellum) wszystkich dżdżownic to wyspecjalizowany i wielowarstwowy nabłonek, występujący tylko na kilku segmentach ciała, który produkuje bogatą w białka wydzielinę formującą kokon. Taki białkowy kokon zapewnia ochronę jak i pożywienie dla rozwijających się zarodków. Choć dżdżownice to zwierzęta o bardzo dobrze poznanej anatomii i fizjologii (anatomia dżdżownicy ziemnej, *Lubricus terrestris* jest w każdym podręczniku zoologii), co zaskakuje fakt, iż dane na temat struktury i funkcjonowania ich jajników są nad wyraz skąpe i niepełne. Z drugiej strony zarówno u dżdżownic jak i u innych siodełkowców (takich jak wazonkowce i rureczniki) lokalizacja i morfologia gonad i całych systemów rozrodczych są istotnymi cechami taksonomicznymi i służą ich klasyfikacji. Biorąc pod uwagę powyższe fakty, można stwierdzić, iż **celem projektu jest wykonanie porównawczych analiz mikroskopowych organizacji jajników i przebiegu procesu oogenezy wybranych taksonów dżdżownic, i co więcej użycie uzyskanych danych mikroskopowych (histologicznych i ultrastrukturalnych) do przedstawienia prawdopodobnych dróg ewolucji jajnika oraz wraz z uzyskanymi danymi genetycznymi przedstawienie prawdopodobnych powiązań filogenetycznych w obrębie dżdżownic opartych na łączonych danych „morfomolekularnych”**. Taka łączona analiza filogenetyczna zawierająca nowe dane dotyczące histologii i ultrastruktury jajnika oraz dane genetyczne (planowane jest sekwencjonowanie pięciu wybranych genów dla każdego badanego osobnika) powinna mocno wzbogacić naszą wiedzę na temat biologii rozwoju oraz filogenezy dżdżownic.

Aby osiągnąć zakładane cele w trakcie realizacji projektu zostaną zastosowane trzy zestawy metod. Metody mikroskopii świetlnej (w tym fluorescencyjnej) oraz transmisyjnej i skaningowej mikroskopii elektronowej umożliwią zarówno poznanie budowy histologicznej i ultrastrukturalnej jajników jak i ich funkcjonowania w sześciu rodzinach dżdżownic i dwóch grupach ich bliskich krewnych. Metody molekularne umożliwią izolowanie DNA oraz uzyskanie sekwencji wybranych genów (12S, 28S, 18S, COI, oraz histon H3) z każdego badanego osobnika. Następnie zostaną użyte metody typowe dla analiz filogenetycznych takie jak metoda parsymonii czy metoda największej wiarygodności, które umożliwią wykonanie analiz prawdopodobnych pokrewieństw pomiędzy badanymi rodzinami dżdżownic z wykorzystaniem zarówno cech uzyskanych w badaniach mikroskopowych (dane histologiczne i ultrastrukturalne) jak i genetycznych (sekwencje genów). Taki szeroki wachlarz metod da nowe dla nauki dane nie tylko na temat budowy i funkcjonowania jajników ale także na temat ewolucji tego organu. Ponad to wyniki uzyskane w ramach projektu umożliwią weryfikację starszych jak i aktualnie diskutowanych koncepcji dotyczących wzajemnych pokrewieństw w obrębie dżdżownic.