

Pochodzenie, dywersyfikacja i ewolucja muchówek z rodziny Fanniidae (Diptera)

Niesamowita różnorodność gatunkowa organizmów żywych od dawna fascynuje nie tylko naukowców, ale również osoby doświadczające bezpośredniego kontaktu z przyrodą. Różnorodność form i obserwowane bogactwo gatunkowe prowokują do podejmowania dyskusji oraz badań nad przyczynami zróżnicowania gatunkowego w różnych siedliskach, regionach i grupach taksonomicznych. Jednym z lepiej udokumentowanych i powszechnie obserwowanych wzorców jest występowanie większej liczby gatunków w regionach tropikalnych w porównaniu do obszarów położonych na wyższych szerokościach geograficznych. Szerokościowy gradient różnorodności gatunkowej tradycyjnie opisuje spadek bogactwa gatunkowego od równika do biegunów. Mimo że ten fascynujący wzorzec badany jest od dziesięcioleci, satysfakcjonujące wyjaśnienie pozostaje nadal nieuchwytnie. Istotnym wyzwaniem dla zrozumienia standardowego szerokościowego gradientu różnorodności gatunkowej jest mała, ale rosnąca liczba taksonów, które odbiegają od tego wzorca. Grupy te nie wykazują zmienności w różnorodności gatunkowej w związku ze zmianą szerokości geograficznej lub wykazują odwrotny wzorzec, z największym bogactwem gatunków w regionach pozatropikalnych. Istotnym celem nauk biologicznych jest zidentyfikowanie i scharakteryzowanie takich nietypowych grup organizmów oraz zrozumienie procesów przyczyniających się do powstania ich odmiennego wzorca różnorodności. Badając takie grupy możemy zdobyć nową wiedzę na temat gradientów różnorodności, poprzez szukanie wyjaśnień dla tych nietypowych przypadków przy użyciu tych samych fundamentalnych mechanizmów, które ostatecznie wpływają na powstawanie różnorodności gatunkowej.

W trakcie realizacji projektu badawczego wykorzystamy muchówki z rodziny zgniółkowatych (Diptera: Fanniidae) jako grupę modelową, w celu zbadania scenariuszy, potencjalnie pozwalających na wyjaśnienie szerokościowego gradientu różnorodności. Fanniidae występują we wszystkich regionach biogeograficznych świata, jednak największa różnorodność gatunkowa zaobserwowana została w strefach umiarkowanych obu półkul, a zatem rodzina ta wykazuje odwrotny szerokościowy gradient różnorodności. Warunkiem wstępnym do realizacji naszych badań jest wiarygodna filogeneza grupy modelowej. Ponieważ relacje pokrewieństwa pomiędzy poszczególnymi liniami ewolucyjnymi zgniółkowatych budzą poważne wątpliwości, pierwszym etapem naszego projektu badawczego będzie rekonstrukcja filogenezy Fanniidae. W tym celu wykorzystamy najnowsze metody molekularne, włączając sekwencjonowanie kompletnych genomów, które umożliwiają odtworzenie z dużą dokładnością relacji pokrewieństwa na różnych poziomach taksonomicznych. Wyniki naszych badań pozwolą opisać z większą dokładnością relacje pokrewieństwa w obrębie tej istotnej, zarówno z punktu widzenia ekonomicznego, jak i sanitarnego, dla człowieka rodziny muchówek. Określimy wiek powstania oraz region geograficznych, w którym wyewoluowały muchówki z tej grupy owadów. Następnie zbadamy czy gradient różnorodności gatunkowej Fanniidae może być wyjaśniony mechanizmami związanymi z akumulacją gatunków w czasie, różnym tempem dywersyfikacji gatunków w różnych regionach geograficznych lub czynnikami związanymi z regionalną dostępnością zasobów. Zakładamy również, że kombinacja tych mechanizmów może wpływać na obserwowaną globalnie różnorodność gatunkową Fanniidae. Wreszcie, poprzez zsekwencjonowanie kompletnych genomów przedstawicieli Fanniidae wyróżniających się odmiennymi wymaganiami środowiskowymi oraz cechami behawioru, przeprowadzimy analizy mające na celu zbadanie potencjalnych mechanizmów genetycznych i genomowych leżących u podstaw adaptacji Fanniidae do lokalnych środowisk.

Badania planowane do przeprowadzenia w projekcie naukowym przyczynią się nie tylko do pogłębienia stanu wiedzy na temat rodziny Fanniidae, co wzbudzi zainteresowanie wśród specjalistów entomologów, ale w głównej mierze pozwolą na uzyskanie wyników, które mogą wzbudzić zainteresowanie szerszej społeczności akademickiej oraz opinii publicznej. Poszerzymy stan wiedzy na temat mechanizmów wpływających na wzorce różnorodności biologicznej i procesów wpływających na ewolucję organizmów.