

# X Konferencja Dipterologiczna Polskiego Towarzystwa Entomologicznego

„Biologia i systematyka muchówek”

oraz

## XXXVI Zjazd Sekcji Dipterologicznej Polskiego Towarzystwa Entomologicznego



Sponsorzy konferencji:

Biuro Gospodarcze i Kulturalne Tajpej

Toruń-Przysiek, 21–23 kwietnia 2017 r.



## II sesja referatowa

### **Różnorodność i wzorce filogenetyczne rozmieszczenia ochotkowatych (Chironomidae) w geologicznie młodym Jeziorze Szkoderskim i związanym z nim starym systemie źródeł**

PIOTR GADAWSKI<sup>1</sup>, BRUNO ROSSARO<sup>3</sup>, VALERIA MEREGHETTI<sup>2</sup>, WOJCIECH GILKA<sup>4</sup>,  
MICHAŁ GRABOWSKI<sup>1</sup>, MATTEO MONTAGNA<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Uniwersytet Łódzki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Zakład Biogeografii i Ekologii Bezkręgowców, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

<sup>2</sup>University of Milan, Department of Agricultural and Environmental Sciences – Production, Landscape, Agroenergy, Via Celoria 2, 20133 Milano, Italy

<sup>3</sup>University of Milan, Department of Food, Environmental and Nutritional Sciences, Via Celoria 2, 20133 Milano, Italy

<sup>4</sup>Uniwersytet Gdański, Wydział Biologii, Katedra Zoologii Bezkręgowców i Parazytologii, ul. Wita Stwosza 59, 80-308 Gdańsk

Autor korespondencyjny: piotr.gadawski@biol.uni.lodz.pl

Celem projektu jest odpowiedź na pytania dotyczące pochodzenia fauny muchówek z rodziny ochotkowatych (Diptera Chironomidae) Jeziora Szkoderskiego - unikatowego słodkowodnego układu modelowego na Półwyspie Bałkańskim. Jezioro Szkoderskie jest określane jako „hotspot” bioróżnorodności. Na kompleks ten składa się powstałe około 1200 lat temu jezioro oraz system geologicznie starych, prawdopodobnie plioceńskich źródełsk.

Analiza pochodzenia fauny Chironomidae odnosi się do kluczowych zagadnień ewolucyjnych w różnych skalach:

Q1) Skąd pochodzi fauna Jeziora Szkoderskiego?

Q2) Czy system starych geologicznie źródełsk stanowił centrum radiacji dla gatunków, które w późniejszym czasie skolonizowały Jezioro Szkoderskie?

Charakter projektu polega na realizacji dwóch podstawowych zadań. Po pierwsze, zbadanie składu gatunkowego unikalnych siedlisk niemal zupełnie niezbadanego akwenu, jakim jest Jezioro Szkoderskie. Po drugie, uzupełnienie wiedzy na temat zasadniczych procesów kształtujących rozmieszczenie gatunków Chironomidae w oparciu o hipotezę, według której gatunki zamieszkujące system starych źródełsk mogły stanowić pulę wyjściową dla fauny zasiedlającej Jezioro Szkoderskie po jego późniejszym uformowaniu. Cele te można osiągnąć badając grupę taksonomiczną mającą kluczowe znaczenie dla funkcjonowania ekosystemów słodkowodnych z wykorzystaniem zaawansowanych Technik Sekwencjonowania Nowej Generacji (NGS), takich jak DNA barcoding i sekwencjonowanie RAD. Na obecną chwilę baza zawiera sekwencje reprezentujące 82 gatunki Chironomidae. Po dokonaniu identyfikacji taksonomicznej udało się wykazać 102 gatunki ochotkowatych w oparciu o 904 wyniki poczwarkowe i 86 gatunków w oparciu o 7218 oznaczonych samców imagines.