

Kolekcje przyrodnicze zdeponowane w muzeach historii naturalnej stanowią bibliotekę życia będąc jednocześnie głównym zasobem informacji dla szeroko rozumianych badań różnorodności biologicznej. Biorąc pod uwagę, że przedstawiciele wielu obecnie znanych gatunków zwierząt nie zostali nigdy ponownie odłowieni, a gatunki te znane są jedynie z pojedynczych okazów lub serii opisowych (typów), kolekcje przyrodnicze są kluczowe dla pełnego poznania historii życia na naszej planecie – szczególnie w kontekście obecnego kryzysu bioróżnorodności. Większość z aktualnie dokonywanych odkryć nowych gatunków zwierząt oparta jest wyłącznie o okazy muzealne odłowione w okresie ostatnich 100 lat.

Ze względu na brak specyficznych protokołów izolacji i sekwencjonowania DNA, zasoby genetyczne okazów muzealnych przez dekady pozostawały w znacznym stopniu niewykorzystane. Niemniej jednak dynamiczny rozwój technik biologii molekularnej odmienił tę sytuację. Obecnie sekwencjonowanie DNA z okazów muzealnych zostało wykorzystane przez wiele różnych dyscyplin biologicznych, takich jak antropologia, czy ewolucja ssaków. Jednakże, opracowania dotyczące systematyki chrząszczy są nadal nieliczne, zaś dostępna metodyka wciąż wymaga testowania.

Niniejszy projekt ma na celu rekonstrukcję powiązań filogenetycznych w obrębie chrząszczy reprezentujących plemię *Platynotini* należące do rodziny *Tenebrionidae* (Coleoptera). Obecnie do tej grupy zaliczanych jest około 600 gatunków sklasyfikowanych w 75 rodzajach. Cel projektu zostanie zrealizowany głównie poprzez zastosowanie technik sekwencjonowania nowej generacji do odczytania DNA pochodzącego z okazów muzealnych. Metoda ta została wybrana jako najbardziej efektywna w stosunku do kosztów, ze względu na trudności z odławianiem chrząszczy reprezentujących *Platynotini*, podyktowane czynnikami geograficznymi (grupa szeroko rozmieszczona), politycznymi (gatunki występujące na terenach niedostępnych, np. objętych wojną), środowiskowymi (degradacja siedlisk) oraz biologicznymi (różnice fenologiczne blisko spokrewnionych gatunków). Na podstawie uzyskanej filogenezy zostanie podjęta analiza poniżej opisanych szczegółowych problemów ewolucyjnych i biogeograficznych.

Reprezentanci wybranego do analizy plemienia występują dysjunkcyjnie w Afryce Subsaharyjskiej, Północnej i Południowej Ameryce oraz na obszarze Indomalajskim. Żaden ze znanych gatunków czy rodzajów nie został wykazany z więcej niż jednego z tych regionów. Biorąc pod uwagę, że większość gatunków należących do *Platynotini* jest pozbawiona zdolności lotu, tworzy to interesujący obraz biogeograficzny, który umieszczony w kontekście filogenetycznym dostarczy unikatowych danych odnośnie historii naszej planety. Ponadto, u kilku grup przedstawicieli badanego plemienia zaobserwowane zostało zjawisko jajożyworodności. Ten typ rozmnażania, w którym jaja przetrzymywane są w organizmie matki do czasu wylęgnięcia się larw, jest często traktowany jako preadaptacja do żyworodności. Ze względu, że jajożyworodność jest niezwykle rzadko spotykana w obrębie chrząszczy, uzyskana filogeneza plemienia umożliwi analizę unikatowych danych, na podstawie których będzie możliwe zdefiniowanie morfologicznych i biologicznych czynników warunkujących ewolucję tego sposobu rozmnażania.

W celu zbadania ograniczeń sekwencjonowania muzealnego jako metody filogenetycznej, w projekcie zostały przedstawione dodatkowe problemy ewolucyjne dotyczące różnych szczebli klasyfikacyjnych w obrębie *Platynotini*. Poza wkładem w rozwój metodologii, realizacja tych projektów przyczyni się do pełniejszego poznania powiązań filogenetycznych w obrębie badanego plemienia.

Ze względu, na brak bezpośredniej korelacji między jakością uzyskanego DNA a czasem, który upłynął od odłowienia danego okazu, określenie potencjału filogenetycznego danej kolekcji jest niemożliwe bez przeprowadzenia odpowiednich analiz. Dotychczas nie podjęto takich prób dla historycznych kolekcji entomologicznych zdeponowanych w polskich muzeach. Realizacja niniejszego projektu będzie oparta głównie o analizę okazów przechowywanych w zbiorach Muzeum i Instytutu Zoologii PAN pochodzących z kolekcji utworzonych przez wybitnych entomologów o randze światowej, t.j. Hans Gebien (1874–1947), Witold Eichler (1874–1960), Szymon Tenenbaum (1892–1941), Carl Koch (1904–1970), Zoltán Kaszab (1915–1986), oraz Sebastian Endrödy-Younga (1934–1999). Wymienieni badacze gromadzili materiały reprezentujące wiele rodzin chrząszczy występujących na różnych kontynentach, stąd wyniki niniejszej analizy będą mogły być wykorzystane w przyszłości do realizacji innych projektów filogenetycznych. Ponadto, ze względu na szczególną historyczną wartość kolekcji Szymona Tenenbauma (np. Film “Azyl”), wyniki projektu mogą wzbudzić zainteresowanie międzynarodowej opinii publicznej.

Cele naukowe prowadzonych badań będą realizowane z uwzględnieniem działalności edukacyjnej. W projekcie zostanie zatrudniony doktorant, którego zaangażowanie obejmujące wszystkie planowane aspekty badawcze umożliwi mu uzyskanie wiedzy i umiejętności pozwalających na prowadzenie samodzielnych badań w zakresie taksonomii, filogenezy i biogeografii.