

**XI Konferencja Dipterologiczna Polskiego Towarzystwa Entomologicznego**  
**„Biologia i systematyka muchówek”**

oraz

**XXXVII Zjazd Sekcji Dipterologicznej Polskiego Towarzystwa**  
**Entomologicznego**



**Sponsorzy konferencji:**

**Biuro Gospodarcze i Kulturalne Tajpej**

**Toruń-Przysiek, 20–22 kwietnia 2018 r.**



**Taksonomia integratywna w badaniach różnorodności Chironomidae (Diptera) Jeziora Szkoderskiego i jego misy źródłiskowej**

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

Rodzina Chironomidae sprawia wiele problemów podczas klasycznej identyfikacji taksonomicznej. Metody genetyki molekularnej (zróżnicowania sekwencji kodujących oksydazę cytochromową I – COI) mogą w znacznym stopniu pomóc w rozwiązywaniu problemów taksonomicznych. Metody identyfikacji gatunków przy użyciu krótkich odcinków DNA przyniosły wiele nowych możliwości dla nauk o życiu. Region genu, który jest używany do oznaczania konkretnych gatunków okazuje się bardzo skuteczny. Materiał DNA jest pozyskiwany z tkanek organizmu a następnie izolowany i replikowany podczas Reakcji Łańcuchowej Polimerazy (PCR). Końcowym etapem jest sekwencjonowanie uzyskanych odcinków gdzie każda część zapisana jest jako sekwencja liter CATG przypisanych do każdej z czterech zasad kwasu nukleinowego.

Za każdym razem kiedy uzyskiwana jest sekwencja przypisana do konkretnego gatunku zapisywana jest w internetowej bazie danych projektu. Tworzy się wtedy biblioteka odcinków referencyjnych, która może być użyta przez każdą osobę na świecie do identyfikacji nieznanych osobników. Baza jest w pełni przeszukiwalnym repozytorium barkodów, informacji o osobnikach, zdjęć a także sekwencji i plików dodatkowych. Pozwala ona stworzyć mechanizm identyfikacji organizmów bazując o aktualną bibliotekę barkodów i pozwala monitorować ich liczbę oraz rozmieszczenie gatunków. Zaletą stosowania krótkich odcinków jest czas ich przygotowania i cena.