

Kompleksowa rekonstrukcja filogenezy Paederinae (Coleoptera: Staphylinidae) na poziomie rodzajowym, na podstawie danych genomowych i morfologicznych

Streszczenie:

Chrząszcze, mimo że często pomijane w ogólnych dyskusjach na temat bioróżnorodności naszej planety, stanowią najbardziej zróżnicowany rząd wśród zwierząt. Wśród nich Staphylinidae, czyli rodzina kusakowatych, wyróżnia się jako największa wśród chrząszczy, licząc ponad 67 000 znanych gatunków. Przystosowane do różnych nisz ekologicznych na całym świecie, kusakowate wykazują niezwykłą różnorodność morfologiczną i ekologiczną, obejmując gatunki żyjące w wyspecjalizowanych środowiskach, takich jak gniazda mrówek, po generalistów żyjących w ściółce leśnej, odgrywając kluczową rolę w funkcjonowaniu ekosystemu.

Paederinae, podrodzina w rodzinie Staphylinidae, należy do jednej z największych grup chrząszczy, jednak jej filogeneza pozostaje słabo poznana ze względu na historyczne wyzwania taksonomiczne i ograniczone badania systematyczne. Liczne, ale niezintegrowane badania taksonomiczne i rewizje dominowały w tej tematyce aż do niedawnych postępów w technikach molekularnych, które stymulowały pojawienie się kompleksowych badań filogenetycznych opartych na DNA i tzw. total-evidence.

W niniejszej pracy poczyniono znaczące postępy w systematyce i filogenezie podrodziny Paederinae. Zidentyfikowano nowy zestaw cech morfologicznych, specyficznych dla podplemion Paederinae i zapewniających solidny sygnał filogenetyczny. Nasza analiza filogenetyczna obejmująca przedstawicieli 180 gatunków, jako pierwsza uwzględniająca dane genomowe dla Paederinae, pokazała lepsze rozwiązania na poziomie podplemion i pozwoliła nam przededefiniować ich klasyfikację. Zmiany taksonomiczne obejmują podniesienie podplemienia Sphaeronina Casey, 1905 do poziomu plemienia (Sphaeronini stat. rev.), wyznaczenie nowego podplemienia Scymbaliina subtrib. nov. i redefinicję podplemion Astenina sensu nov., Echiasterina sensu nov., Lathrobiina sensu nov., Lithocharina Casey 1905 sensu nov., Medonina sensu nov., Scopaeina sensu nov. i Stilicopsina sensu nov., wraz z nowymi składami gatunkowymi i zaktualizowanymi diagnozami. Niestandardowe sondy UCE zaprojektowane do tych badań okazały się również skuteczne w wychwytywaniu loci genomowych z suchych okazów historycznych, podkreślając znaczenie kolekcji muzealnych jako unikalnych repozytoriów danych molekularnych. Rezultaty te przyczyniają się do głębszego zrozumienia ewolucji i taksonomii Paederinae.