



Toruń, 08/09/2025

city, date

Full name of doctoral student: **Drashti Ramesh Parmar**

DOCTORAL DISSERTATION ABSTRACT

Scientific discipline: **Biological Sciences**

Title of the doctoral dissertation: **Reconstructing Evolutionary Histories of Calliphoridae (Diptera: Cyclorrhapha: Oestroidea) at Different Taxonomic Levels Using Phylogenomic Methods**

Title in polish: **Rekonstrukcja historii ewolucji Calliphoridae (Diptera: Cyclorrhapha: Oestroidea) na różnych poziomach taksonomicznych z wykorzystaniem metod filogenomicznych**

Doctoral dissertation abstract:

Plujkowate (Diptera: Calliphoridae) są zróżnicowaną i kosmopolityczną rodziną owadów, obejmującą około 2075 gatunków zgrupowanych w 154 rodzajach. Stanowią one aż 9% różnorodności muchówek z grupy Calypttrata i 1,3% wszystkich znanych Diptera. Pomimo istotnego znaczenia ekologicznego, medycznego, weterynaryjnego i ekonomicznego jako organizmów rozkładających, zapylających, pasożytniczych i przenoszących choroby, różnorodność plujkowatych pozostaje niedoszacowana, czemu towarzyszy słabe poznanie zasobów genomowych. Genomy Calliphoridae sekwencjonowano jedynie dla 1,6% gatunków, co odstaje stanu poznania dla wielu rodzin muchówek, takich jak komarowate (Culicidae, 4%) czy muchy tse-tse (Glossinidae, ~26%). Te braki ograniczają możliwość zrozumienia historii ewolucyjnej grupy, wyjaśnienia występujących tu adaptacji ekologicznych czy roli tych muchówek w transmisji chorobotwórczych patogenów. Przedstawiona dysertacja jest syntezą wieloaspektowych badań genomowych, filogenetycznych i taksonomicznych, mających na celu uzupełnienie istotnych luk w wiedzy na temat najważniejszych podrodzin plujkowatych. Wykorzystując obszerne zestawy danych mitochondrialnych rozwiązano niejasności systematyczne, prześledzono

wzorce biogeograficzne i ewolucyjne w kluczowych liniach rozwojowych Calliphoridae, ze szczególnym uwzględnieniem podrodzin Calliphorinae i Luciliinae.

Przegląd dostępnych zasobów genomowych dla Calliphoridae w publicznych bazach danych ujawnia wyraźne tendencje do skupiania się przez badaczy na gatunkach o znaczeniu medycznym, weterynaryjnym i sądowym. Pozostałe grupy – często o różnicowanych i niezwykle interesujących strategiach życiowych, obejmujących m.in. różne formy pasożytnictwa – pozostają często pomijane. Wskazuje to na pilną potrzebę rozszerzenia pozyskiwania danych genomowych na bardziej reprezentatywny zakres taksonów. Pomimo dostępności danych dla wielu kluczowych gatunków o znaczeniu medycznym, weterynaryjnym czy sądowym, podrodziny Calliphorinae i Luciliinae nadal dotyka niestabilność obowiązującej systematyki, nierównomierne próbkowanie ważnych rodzajów oraz brak danych genomowych nawet dla pospolitych i szeroko rozpowszechnionych gatunków. Ogranicza to możliwość otrzymywania wysokowspartych filogenez a co za tym idzie wnioskowania na temat biogeografii czy ewolucji cech tych owadów (Parmar i in., 2025a).

W odpowiedzi na przedstawione powyżej problemy, przeprowadzono analizy genomów mitochondrialnych dla najszerszego dotychczas zestawu gatunków z podrodzin Calliphorinae i Luciliinae. Jednym z zadań była analiza porównawcza genomów mitochondrialnych 78 gatunków plujkowatych, w tym 63 reprezentujących podrodzinę Calliphorinae. Analiza ta ujawniła znaczne zróżnicowanie strukturalne i funkcjonalne mitogenomu poszczególnych gatunków, takie jak rearanżacja genów (np. u *Calliphora varifrons* Malloch) oraz silnie zmienne proporcje składu zasad azotowych. Przeprowadzone rekonstrukcje filogenetyczne na bazie tego materiału zdecydowanie wspierają monofiletyczny charakter Calliphoridae. Przede wszystkim rozwiązują także dyskutowane od dłuższego czasu relacje pomiędzy licznymi podrodzinami plujkowatych. Ważnym rezultatem jest wykazana polifiletyczność niektórych dużych rodzajów Calliphorinae (np. *Calliphora* Robineau-Desvoidy i *Onesia* Robineau-Desvoidy), wskazująca na pilną potrzebę rewizji taksonomicznych (Parmar i in. 2025b).

Szczególne zainteresowanie badaczy z różnych dziedzin takich entomologia medyczna i weterynaryjna czy entomologia sądowa budzi bogaty w gatunki rodzaj *Calliphora* Robineau-Desvoidy. Dzięki prowadzonym badaniom rozszerzono bazę referencyjną sekwencji barkodowych COI dla palearktycznych i afrotropikalnych gatunków tego rodzaju, dodając do ogólnie dostępnym baz danych 33 nowe sekwencje. Wykorzystując te dane przetestowano delimitację granic gatunkowych dla włączonych do analizy taksonów. Stosując metody taksonomii integratywnej opisano dwa nowe gatunki *Calliphora* z obszarów górskich Etiopii (*Calliphora teraramma* oraz *Calliphora mesay*), co jest informacją sensacyjną wobec wcześniejszej obecności jedynie jednego gatunku z tego rodzaju w Regionie Afrotropikalnym. Wyniki te podkreślają przydatność narzędzi molekularnych w ujawnianiu kryptycznej różnorodności oraz stanowią istotny wkład w wiedzę o różnorodności plujkowatych w Regionie Afrotropikalnym (Parmar i in., 2025c).

Wykorzystując najbogatszy jak dotąd zestaw danych mitogenomowych dla podrodziny Luciliinae (32 gatunki), zrekonstruowano relacje filogenetyczne tych muchówek. Uzyskane drzewo filogenetyczne pozwoliło prześledzić historię ewolucyjną Luciliinae, określić czas dywergencji głównych



linii ewolucyjnych i wskazać cechy ancestralne w bionomii. Analiza genomu mitochondrialnego Luciliinae, grupy o niezwyklej plastyczności troficznej, wykazała zaskakujący konserwatyzm mitogenomu. Uzyskano wyniki wskazujące na parafiletyczny charakter globalnie rozprzestrzenionego rodzaju *Lucilia* Robineau-Desvoidy. Przy uzyskanej topologii drzewa filogenetycznego, wewnątrz tego rodzaju pozostają zagnieżdżone wszystkie gatunki pozostałych włączonych do analizy rodzajów: *Blepharicnema* Macquart (1 gat.), *Hemipyrellia* Townsend (2 gat.), *Hypopygiopsis* Townsend (4 gat.). Wynik ten podważa obecnie funkcjonującą klasyfikację i wskazuje na pilną potrzebę rewizji taksonomicznej. Datowanie dywergencji głównych linii ewolucyjnych wskazuje, że rozejścia na poziomie podrodzin miały miejsce w oligocenie–miocenie, a dalsza radiacja Luciliinae była prawdopodobnie związana ze zmianami klimatycznymi i nowymi niszami ekologicznymi powstałymi dzięki ekspansji roślinności trawiastej i związanej z tym środowiskiem teriofauny. Region afrotropikalny prawdopodobnie stanowił część zasięgu rodowego Luciliinae (~15–20 Ma), a późniejsza dywersyfikacja jego siostrzanej linii dała początek wszystkim pozostałym Luciliinae w innych regionach geograficznych. W czasie ewolucji Luciliinae wielokrotnie i niezależnie dochodziło do powstania pasożytnictwa. Rekonstrukcje ancestralnej strategii życiowej wskazują na saprofagia jako strategię ancestralną, natomiast pasożytnictwo obligatoryjne wyewoluowało konwergentnie w późnym pliocenie (Parmar i in. 2025d, wysłane).

Podsumowując, przedstawiona dysertacja znacząco poszerza wiedzę na temat filogenezy, systematyki, ewolucji i biogeografii plujkowatych. Z znaczący sposób wypełnia także lukę w wiedzy na temat zmienności genomu mitochondrialnego Calliphoridae. Uzyskane rekonstrukcje filogenetyczne będą stanowić dobrą podstawę dla przyszłych badań nad ewolucją cech i niezbędnych rewizji taksonomicznych. Wzbogacone poprzez wkład niniejszej dysertacji biblioteki barkodowe znacząco ułatwią identyfikację gatunkową materiału w praktyce i badaniach z zakresu entomologii medycznej, weterynaryjnej czy sądowej. Przedstawione badania dostarczają także danych dla modeli śledzących potencjalne zmiany zasięgów gatunków pasożytniczych, powodowane zmianami klimatu. Praca ta podkreśla znaczenie badań podstawowych tej globalnie istotnej rodziny muchówek dla zagadnień praktycznych związanych z ochroną bioróżnorodności czy zdrowiem publicznym.

.....
doctoral student's signature