

Summary

In the present thesis, using midges (Diptera Chironomidae) as flagship taxa of freshwater ecology, I am focusing on the interesting research model represented by the Skadar Lake system. It is a well-known hot-spot of freshwater biodiversity consisting of the geologically young lake Skadar (originated ca. 1200 years BP) and by its ancient system of springs (originated in the Pliocene). The main aim of my thesis was to reveal and compare the morphological and molecular species diversity of non-biting midges (Diptera, Chironomidae) inhabiting Skadar Lake and its spring system. Using a taxonomy-based approach for adult males and pupal exuviae, I identified 164 Chironomidae taxa providing the first insight into species diversity into the Skadar Lake basin. Results presented in thesis extending the existing checklist with 152 taxa newly found in the Skadar Lake basin. DNA barcoding of larvae and mature males revealed a total of 168 Operational Taxonomic Units which is a higher result than the number of morphotypes obtained during morphological identification. Pursuing the main aim, I additionally investigated the composition and distribution of chironomid assemblages in the Skadar Lake basin, associated with physical-chemical conditions at the collection sites. I compared them with other central and southern European lakes. The obtained results suggest that shallow, coastal parts of the lake covered with macrophytes are inhabited by a higher number of species. A comparison of species checklists from 13 other well-studied European lakes resulted that Lake Constance (Switzerland/Germany/Austria) is the richest in species number, followed by the Skadar Lake.

As a second aim, I developed and evaluated the first reference barcode library for Chironomidae from Skadar Lake basin. Moreover, using an expanded reference library and records deposited in Barcode of Life Database, I estimated DNA barcoding efficiency for the European Chironomidae. My study provides COI barcodes for 770 Chironomidae individuals assigned, based on morphology, to 75 species collected in the Skadar Lake basin (all records from this area are new for online repositories) and confirms the usefulness of DNA barcoding for the identification of non-biting midges.

My third aim was to explore chironomid species distribution patterns in Europe using universal Barcode Index Number (BIN) with a discussion of problematic species groups, both for traditional taxonomy and DNA barcoding. The results of my PhD thesis provide the first insight into the

P. Gedawski

factual chironomid species diversity of the Lake Skadar basin, in comparison with chironomid fauna at the European scale. The results fill a significant gap in knowledge of biodiversity in the Balkan region. Based on the results of Chironomidae fauna investigation, I can conclude that the Skadar Lake basin is now well sampled and such a high representation of species from various sampling sites provides reliable estimation of the local chironomid fauna. Based on obtained results it is hard to predict the origin of the chironomids inhabiting the Skadar Lake basin based on the sequences uploaded so far to BOLD and on their known geographic distribution. The still insufficient number of sequences is distributed between the well-studied European regions and Skadar Lake basin. Additionally, the Skadar Lake basin could be recognized as a hot-spot of freshwater biodiversity but without species-level endemism.

Piotr Gadałski

Streszczenie

Celem rozprawy jest odpowiedź na pytania dotyczące różnorodności i pochodzenia fauny muchówek z rodziny ochotkowatych (Diptera Chironomidae) Jeziora Szkoderskiego - unikatowego słodkowodnego układu modelowego na Półwyspie Bałkańskim. Jezioro Szkoderskie jest określane, jako „hot-spot” bioróżnorodności. Na kompleks ten składa się powstałe około 1200 lat temu jezioro oraz system geologicznie starych, plioceńskich źródeł. Głównym celem mojej rozprawy jest odkrycie i porównanie różnorodności gatunkowej ochotkowatych zamieszkujących Jezioro Szkoderskie oraz system jego źródeł na poziomie zarówno morfologicznym jak i molekularnym. W oparciu o identyfikację taksonomiczną dorosłych samców oraz wylinek poczwarkowych, zidentyfikowałem 164 taksony Chironomidae. Wyniki przedstawione w mojej rozprawie doktorskiej rozszerzają istniejącą listę gatunków o 152 taksony nowo odkryte w basenie Jeziora Szkoderskiego. Skutkuje to pierwszym, tak dokładnym zbadaniem składu gatunkowego unikalnych siedlisk niemal zupełnie niezbadanego akwenu, jakim jest Jezioro Szkoderskie. Dzięki zastosowaniu metod molekularnych, takich jak barkoding DNA wykazałem 168 operacyjnych jednostek taksonomicznych (OTU), co jest wynikiem wyższym niż liczba morfotypów uzyskanych podczas identyfikacji taksonomicznej dojrzałych samców i wylinek poczwarkowych. Dodatkowo, realizując główny cel, zbadalem wpływ czynników fizyko-chemicznych na skład i rozmieszczenie zbiorowisk Chironomidae w basenie Jeziora Szkoderskiego. Otrzymane wyniki wskazują, że płytkie, przybrzeżne części jeziora porośnięte makrofitami charakteryzują się wyższą różnorodność gatunkową. Następnie porównałem poziom różnorodności gatunkowej ochotkowatych badanego jeziora z innymi jeziorami Europy Środkowej i Południowej. Porównanie przeprowadzone w oparciu o listy gatunków 13 dobrze zbadanych europejskich jezior wykazało, że Jezioro Bodeńskie (Szwajcaria/Niemcy/Austria) jest najbardziej różnorodnym pod względem liczby gatunków ochotkowatych zbiornikiem wodnym, a zaraz po nim badane przeze mnie Jezioro Szkoderskie.

Podczas realizacji drugiego celu opracowałem pierwszą bibliotekę referencyjną barkodów DNA dla Chironomidae z basenu Jeziora Szkoderskiego. Ponadto, korzystając z opracowanej biblioteki referencyjnej oraz danych zdeponowanych w bazie Barcode of Life (BOLD), oszacowałem wydajność barkodingu DNA dla europejskich Chironomidae na poziomie rodziny, jak i podrodziny. Wynikiem jest baza 770 sekwencji COI reprezentowanych przez 75 gatunków

P. Gadowski

zidentyfikowanych w oparciu o cechy morfologiczne. Wszystkie sekwencje pochodzące z tego obszaru są nowe dla repozytoriów online i potwierdzają użyteczność tej metody do identyfikacji ochotkowatych.

Moim trzecim celem było zbadanie wzorców rozmieszczenia Chironomidae w Europie w oparciu o uniwersalny numer BIN (Barcode Index Number) oraz dyskusja problematycznych grup gatunków, zarówno w przypadku tradycyjnej taksonomii, jak i danych molekularnych. Wyniki mojej pracy doktorskiej dają pierwszy wgląd w faktyczną różnorodność gatunkową Chironomidae basenu Jeziora Szkoderskiego i jej porównanie z fauną Chironomidae w skali europejskiej. Uzyskane w ten sposób wyniki z pewnością odkrywają braki w wiedzy o różnorodności biologicznej Półwyspu Bałkańskiego. Na podstawie wyników badania fauny Chironomidae można stwierdzić, że basen Jeziora Szkoderskiego jest obecnie dobrze zbadany, i tak wysoka reprezentacja gatunków z różnych miejsc poboru prób zapewnia wiarygodne oszacowanie lokalnej fauny ochotkowatych. Bazując na uzyskanych wynikach trudno jest jednak przewidzieć pochodzenie fauny Chironomidae basenu Jeziora Szkoderskiego w oparciu o sekwencje zdeponowane w bazie BOLD oraz na podstawie ich rozmieszczenia geograficznego. Liczba sekwencji rozpowszechniona między dobrze zbadanymi regionami europejskimi i basenem Jeziora Szkoderskiego jest wciąż niewystarczająca. Ponadto, można stwierdzić, że Jezioro Szkoderskie wraz z jego systemem źródeł jest hot-spotem słodkowodnej różnorodności biologicznej, ale bez endemizmu na poziomie gatunków.

Piotr Gadawski