

N N303 612238 Wpływ izolacji muraw kserotermicznych na genetyczną strukturę populacji ryjkowca <i>Centricnemus leucogrammus</i>: implikacje konserwatorskie	
Kierownik projektu:	dr Łukasz Kajtoch (ISEZ PAN) e-mail: lukasz.kajtoch@gmail.com
Wykonawcy:	dr Daniel Kubisz (ISEZ PAN) dr hab. Wiesław Babik (Uniwersytet Jagielloński) dr hab. Mieczysław Mazur (Uniwersytet Pedagogiczny, Kraków) dr Miłosz A. Mazur (Uniwersytet Opolski) dr Krystyna Nadachowska-Brzyska (Uniwersytet Jagielloński)
Źródło finansowania:	Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego
Kwota na realizację:	290 918,35 zł
Okres realizacji:	2010-2013
Opis projektu:	<p>Siedliska kserotermiczne są pozastrefowymi analogami Eurazjatyckich stepów. Ich rozmieszczenie w Europie jest aktualnie bardzo rozproszone i ograniczone do tzw. refugium „fazy ciepłej”. Siedliska kserotermiczne są silnie zagrożone i znaczna część ich stanowisk podlega ochronie. Jednakże wiedza na temat pochodzenia, struktury populacji i ekologii gatunków kserotermicznych jest ciągle niewystarczająca. Ryjkowiec <i>Centricnemus leucogrammus</i> został wybrany jako gatunek modelowy dla stepowych zgrupowań chrząszczy z uwagi na to, że jest: silnie związany z siedliskami stepo-podobnymi, bezkrszydły, polifagiczny i szeroko rozmieszczony w odpowiednim siedlisku.</p> <p>Celem projektu było określenie stopnia izolacji genetycznej i przepływu genów między subpopulacjami ryjkowca <i>Centricnemus leucogrammus</i> w regionach o różnym stopniu fragmentacji siedlisk kserotermicznych.</p> <p>W ramach realizacji projektu zebrano próby z 18 populacji krajowych (15 z Wyżyny Małopolskiej oraz 3 z Kujaw), a także 4 populacji z Ukrainy – Podola. Następnie opracowano zestaw loci mikrosatelitarnych z użyciem sekwencjonowania nowej generacji 454, ostatecznie wybierając 16 polimorficznych loci (Kajtoch i in. 2012). Przy okazji wytypowano anonimowy sekwencyjny marker jądrowy, który wykorzystano wraz ze standardowymi markerami mitochondrialnymi i jądrowymi w analizie genetyki konserwatorskiej gatunku w skali środkowoeuropejskiej (Kajtoch 2011). Uzyskane wyniki zróżnicowania mikrosatelitarnego badanego ryjkowca pozwoliły na poznanie struktury genetycznej jego populacji w skali lokalnej i międzyregionalnej (Kajtoch i in. 2014). W obrębie populacji z Wyżyny Małopolskiej stwierdzono utrzymanie się stosunkowo wysokiej zmienności genetycznej populacji. Ponadto określono, że łączność genetyczna między populacjami zasiedlającymi Wyżynę Miechowską i Niecek Nidziańską istnieje lub istniał w niedalekiej przeszłości przepływ genów, także między tymi dwoma podregionami. Dowodem tego jest stosunkowo silna admiksja osobników z różnych populacji, które co</p>

	<p>prawda tworzą odrębne klastry genetyczne, ale znaczna frekwencja osobników wykazuje ślady pochodzenia z innych stanowisk. Podobny wzór struktury genetycznej populacji (wysoką zmienność genetyczną populacji i łączność genetyczną w skali lokalnej) zaobserwowano na zachodniej Ukrainie (Podole). Natomiast w przypadku populacji z Kujaw stwierdzono wyraźnie niższe wartości parametrów opisujących zmienność genetyczną, oraz całkowitą izolację tych populacji, nawet w skali lokalnej. Z kolei izolowana geograficznie populacja w Górach Pieprzowych nad środkową Wisłą okazała się co prawda odizolowana także genetycznie, ale zachowała wysoką zmienność genetyczną. Ponadto określono, że populacje badanego ryjkowca cechują się bardzo niską efektywną wielkością populacji rzędu 15-35 osobników w Polsce i 20-45 osobników na Ukrainie. Tak niskie efektywne wielkości populacji są prawdopodobnie efektem historii demograficznej (spadku liczebności w przeszłości) oraz aktualnej utraty i fragmentacji siedlisk. Potwierdzeniem tego okazały się analizy statystyczne, które wskazały, że efektywna wielkość populacji jest tym większa im zasiedlany płat murawy jest większy, w lepszej kondycji siedliskowej oraz chroniony (Kajtoch i in. 2014).</p> <p>Uzyskane wnioski mogą mieć duże znaczenie w planowaniu ochrony tego gatunku i całych zespołów stepowej koleopterofauny. <i>C. leucogrammus</i> mógłby być doskonałym obiektem do monitoringu stanu i łączności siedlisk kserotermicznych.</p> <p>Projekt zakończony.</p>
<p>Publikacje</p>	<p>Kajtoch Ł., Mazur M., Kubisz D., Mazur M.A., Babik W. 2014. Low effective population sizes and limited connectivity in xerothermic beetles: Implications for the conservation of an endangered habitat. <i>Animal Conservation</i> 5: 454–466.</p> <p>Kajtoch Ł., Brzyska-Nadachowska K., Babik W. 2012. Development and characterization of microsatellite loci in the <i>Centricnemus leucogrammus</i> weevil. <i>Molecular Biology Reports</i> 39: 11131-11136.</p> <p>Kajtoch Ł. 2011. Conservation genetics of xerothermic beetles in Europe: the case of <i>Centricnemus leucogrammus</i>. <i>Journal of Insect Conservation</i> 15: 787-797.</p>