

Załącznik 2.

AUTOREFERAT

DR ŁUKASZ KAJTOCH

INSTYTUT SYSTEMATYKI I EWOLUCJI ZWIERZĄT
POLSKA AKADEMIA NAUK

Kraków, 14.08.2014

1. Imię i Nazwisko

Łukasz Kajtoch

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe/ artystyczne – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej

magister

Uniwersytet Jagielloński, Wydział Biologii i Nauk o Ziemi, Kraków, 2004 r.
„Wpływ plejstocenu na specjację ryjkowców z rodzaju *Bryodemon*”
(promotor: dr Tomasz Skalski, Instytut Zoologii, UJ).

doktor

Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, 2008 r.
„Genetyczne zróżnicowanie kserotermicznych ryjkowców *Centricnemus leucogrammus* i *Polydrusus inustus* (Coleoptera: Curculionidae) w Polsce”
(promotor: dr hab. Anna Maryańska-Nadachowska, ISEZ PAN).

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych/ artystycznych.

07-12.2008 r. Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, pracownik techniczny

od 01.2009 r. Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, adiunkt

4. Wskazanie osiągnięcia* wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.):

a) tytuł osiągnięcia naukowego/artystycznego

Filogeografia, genetyka konserwatorska i ekologia molekularna chrząszczy związanych z reliktowymi i zagrożonymi siedliskami stepowymi w Europie.

b) (autor/autorzy, tytuł/tytuły publikacji, rok wydania, nazwa wydawnictwa)

7) 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. *Animal Conservation* DOI:10.1111/acv.12110. Wiley. Impact Factor=2,524, punkty Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego=35

6) KAJTOCH Ł. 2014. A DNA metabarcoding study of a polyphagous beetle dietary diversity: the utility of barcodes and sequencing techniques. *Folia Biologica (Krakow)*. 62: 223-234. DOI:10.3409/fb62_3.223. Ingenta. Impact Factor=0,478, punkty Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego=20

5) KAJTOCH Ł., Kubisz D., Gutowski J.M., Babik W. 2014. Evolutionary units of *Coraebus elatus* (Coleoptera: Buprestidae) in central and eastern Europe - implications for origin and conservation. *Insect Conservation and Diversity*. 7: 41–54. DOI: 10.1111/icad.12031. Wiley. Impact Factor=1,937, punkty Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego=35

4) KAJTOCH Ł., Kubisz D., Lachowska-Cierlik D., Mazur M.A. 2013. Conservation genetics of endangered leaf-beetle *Cheilotoma musciformis* populations in Poland. *Journal of Insect Conservation*. 17: 67–77. DOI 10.1007/s10841-012-9486-z. Springer. Impact Factor=1,801, punkty Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego=35

3) Kubisz D., KAJTOCH Ł., Mazur M.A., Lis A., Holecová M. 2012. Conservation genetics of highly isolated populations of xerothermic *Crioceris quatuordecimpunctata* (Coleoptera: Chrysomelidae). *Invertebrate Biology*. 131: 333-344. DOI: 10.1111/j.1744-7410.2012.00276.x. Wiley. Impact Factor=1,113, punkty Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego=30

2) KAJTOCH Ł., Korotyaev B., Lachowska-Cierlik D. 2012. Genetic distinctness of parthenogenetic forms of European *Polydrusus* weevils of the subgenus *Scythodrusus*. *Insect Science*, 19: 183-194. DOI: 10.1111/j.1744-7917.2011.01448.x. Wiley. Impact Factor=1,331, punkty Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego=25

1) KAJTOCH Ł. 2011. Conservation genetics of xerothermic beetles in Europe: the case of *Centricnemus leucogrammus*. *Journal of Insect Conservation*, 15: 787-797. DOI 10.1007/s10841-011-9377-8. Springer. Impact Factor=1,801, punkty Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego=32

W sześciu pracach stanowiących osiągnięcie naukowe byłem pierwszym autorem, a we wszystkich siedmiu byłem autorem korespondencyjnym. Sumaryczny Impact Factor tych publikacji wynosi 10,837, a sumaryczna punktacja MNSW wynosi 212 punktów.

c) omówienie celu naukowego/artystycznego ww. pracy/prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.

Zarys problemu badawczego

Wiedza na temat historii i współczesnego zróżnicowania genetycznego organizmów w Europie jest najpełniejsza dla gatunków stref umiarkowanych i śródziemnomorskich, głównie dla taksonów związanych ze środowiskami leśnymi i słodkowodnymi (rewizje m. in.: Taberlet i in. 1998; Hewitt 1999). W ostatnim czasie bardzo zwiększył się także zasób analogicznych informacji dla gatunków arktyczno-alpejskich i borealno-górskich (rewizja w Schneeweiss i Schönswetter 2011). Natomiast najslabiej rozpoznana jest ta problematyka dla gatunków strefy kontynentalnej zasiedlających środowiska stepowe (Varga 2010, Stewart i in. 2010). Ten stan jest po części efektem mniejszej reprezentatywności stepowych gatunków i siedlisk na zachodzie Europy, gdzie filogeografia gatunków europejskich rozwijała się najprężniej. Efektem tej dysproporcji było pomijanie lub marginalizowanie wzorca filogeograficznego gatunków kontynentalno-stepowych w pracach podsumowujących historię zmian zasięgu i aktualnego zróżnicowania flory i fauny europejskiej (Taberlet i in. 1998; Hewitt 1999, Schmitt 2007). Tymczasem filogeografia gatunków kontynentalno-stepowych prawdopodobnie jest rozbieżna z filogeografią gatunków leśnych i słodkowodnych. Pewne cechy wspólne może mieć natomiast z filogeografią taksonów arktyczno-alpejskich z uwagi na współwystępowanie tundry i stepu w plejstocenie oraz aktualny regres i izolację tych środowisk w tzw. refugiach fazy cieplej: strefie arktycznej i obszarach alpejskich, oraz strefie kontynentalnych stepów azjatycko-pontyjsko-pannońskich, iberyjskich i pozastrefowych muraw kserotermicznych w Europie środkowej.

Poza aspektem filogeograficznym, wiedza na temat zróżnicowania genetycznego może mieć też znaczenie dla ochrony gatunków i siedlisk stepowych oraz kserotermicznych. Z uwagi na regres zasięgu siedlisk stepowych wywołany zmianami klimatycznymi w holocenie (ustępowanie siedliskom leśnym, wycofanie się do południowych i wschodnich refugium) i antropogenicznymi przekształceniami (degradacja i fragmentacja stepów i pozastrefowych muraw kserotermicznych), siedliska i gatunki stepowe są w Europie silnie zagrożone (np. Janišová i in. 2011). Jednocześnie stepy i murawy kserotermiczne są jednym z najbogatszych gatunkowo i najbardziej zróżnicowanych populacyjnie ekosystemów europejskich (Dengler i in. 2014). Zastosowanie możliwości jakie dają techniki i narzędzia molekularne pozwala także na lepsze poznanie ekologii tej grupy organizmów, szczególnie zależności gatunków od innych współwystępujących organizmów, co może mieć istotne znaczenie w planowaniu ochrony ich populacji i stanowisk. Ponadto użycie genetyki konserwatorskiej do określania zróżnicowania populacji, w różnych skalach przestrzennych może zobrazować istnienie odrębnych jednostek ewolucyjnych, które powinny być traktowane oddzielnie w planowaniu ochrony i zarządzania populacjami (Ryder 1986; Moritz 1994). Niewykluczone także, że w toku takich badań niektóre jednostki ewolucyjne zostaną podniesione do rangi taksonomicznej, co może prowadzić do lepszego poznania zmienności wewnątrzgatunkowej lub nawet do wyodrębnienia nowych gatunków (Avise i in. 1987).

Stan wiedzy

Dotychczasowe badania nad filogeografią oraz genetyką populacyjną i konserwatorską gatunków stepowych i kserotermicznych w Europie były bardzo ubogie. Właściwie jedyną dobrze poznaną pod tym względem grupą zwierząt pochodzenia stepowego są gryzonie (np. Biedrzycka i Konopiński 2008, Kryštufek i in. 2009, Banaszek i in. 2011). Opracowano także genetykę populacji niektórych stepowych ptaków (np. Zink i in. 2008, Kvist i in. 2011, Martin i in. 2002) i gadów (np. Santos i in. 2008). Bezkręgowce stepowe jak dotąd były badane jedynie sporadycznie, a nieliczne przykłady dotyczą motyli (np. Przybyłowicz i in. 2013, Wahlberg i Saccheri, 2007) i szarańczaków (np. Ortego i in., 2009). Prawdopodobnie jedynym chrząszczem stepowym przebadanym genetycznie był trzyszcz *Cicindela deserticoloides* (Diogo i in., 1999), jednakże jest to gatunek słonych stepów iberyjskich. Analogiczna sytuacja występuje wśród roślin, gdzie wśród gatunków stepowych (o zasięgu środkowo-wschodnio-europejskim) filogeografię dla pojedynczych gatunków opublikowano dopiero w ostatnich latach (np. Wróblewska 2008, Hensel i in. 2010, Cieślak 2013, 2014).

Należy podkreślić, że większość z badań genetycznych owadów stepowych dotyczyła populacji zasiedlających stepy iberyjskie, a brakowało analogicznych danych dla gatunków i populacji ze stepów pontyjsko-pannońskich, a szczególnie z izolowanych populacji środkowoeuropejskich zasiedlających pozastrefowe murawy kserotermiczne.

Jeszcze słabiej poznana jest ekologia molekularna gatunków stepowych, ponieważ jak dotąd nie było publikacji wykorzystujących metody genetyczne np. do identyfikacji pokarmu lub pasożytów/symbiontów związanych z takimi gatunkami.

Powszechnym założeniem jest stosunkowo niedawne pochodzenie siedlisk stepowych w Europie Środkowej, których ekspansja miała być umożliwiona przez antropogeniczne przekształcenia środowiska (min. odlesienia, pasterstwo) trwające od neolitu, a szczególnie zintensyfikowane w ostatnich kilku wiekach (np. Dzwonko i Loster 1998, Ratyńska i Waldon 2010). Wykształcenie się muraw kserotermicznych w Europie środkowej miało umożliwić ekspansję gatunków (min. owadów) ciepło- i sucholubnych z południowej i wschodniej Europy. Jednakże taki scenariusz musiałby skutkować brakiem lub znikomym zróżnicowaniem genetycznym między populacjami z różnych rejonów Europy środkowej, a szczególnie stanowisk usytuowanych na północ od Alp i Karpat. Wyjaśnienie historii

występowania (dawna – reliktowa czy niedawna – antropogeniczna) jest nie tylko istotne ze względów poznawczych, ale ma także istotne znaczenie dla zrozumienia aktualnego stanu populacji gatunków stepowych, mechanizmów ich regresu i planowania ich ochrony.

Uzasadnienie podjęcia tematu

Jako temat przewodni badań stanowiących przedmiot dorobku habilitacyjnego („osiągnięcia naukowego”, będącego w myśl ustawy podstawą do ubiegania się o stopień doktora habilitowanego) podjęto problematykę zróżnicowania genetycznego stepowych chrząszczy (Coleoptera) i wynikających z tego implikacji dla zrozumienia przeszłości takich gatunków, zmian ich zasięgu i aktualnego stopnia izolacji/migracji między populacjami, ekologii, oraz ochrony populacji i stanowisk. Temat ten wybrano z uwagi na regres zasięgu i wymierania populacji gatunków stepowych w Polsce i innych krajach Europy środkowo-wschodniej, a przede wszystkim postępującą degradację i zanikiem siedlisk stepowych. Z tego powodu może być to ostatni czas kiedy można badać te organizmy i siedliska. W celu ochrony siedlisk i gatunków stepowych konieczne jest precyzyjne poznanie ich historii oraz aktualnego zróżnicowania i ekologii. Metody molekularne pozwalają na znalezienie odpowiedzi na wiele z tych zagadnień.

Wybór stepowych chrząszczy jako przedmiotu badań został podyktowany stosunkowo obszerną wiedzą na temat zoogeografii, systematyki, a także podstawowej biologii tej grupy owadów w Polsce i Europie środkowo-wschodniej (między innymi Mazur 2001, 2002, Mazur i Kubisz 2013). Niebagatelne znaczenie przy wyborze grupy badawczej miały sugestie i dyskusje z entomologami, szczególnie koleopterologami krakowskimi, którzy od lat badają tę ekologiczną grupę chrząszczy: dr hab. Mieczysławem Mazurem (Uniwersytet Pedagogiczny w Krakowie) i dr Danielem Kubiszem (Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN w Krakowie). Ponadto nawiązano współpracę badawczą z prof. dr hab. Jerzym M. Gutowskim (Instytut Badawczy Leśnictwa z Białegostoku), dr Miłozsem A. Mazurem (Uniwersytet Opolski), dr hab. Miladą Holecovą (Uniwersytet Komeńskiego, Słowacja) i dr Borisem Korotyaevem (Instytut Zoologiczny Rosyjskiej Akademii Nauk). Ważnym powodem podjęcia tematyki badawczej było dążenie habilitanta do wykonania cyklu badań, które poza aspektem poznawczym – naukowym, miałyby także implikacje praktyczne w postaci wytycznych i wskazówek dla ochrony populacji badanych gatunków, całych zespołów stepowej entomofauny oraz zarządzania obszarami chroniącymi siedliska stepowe w Polsce i Europie środkowo-wschodniej.

Cele

Przedstawiony cykl badawczy miał na celu zobrazowanie filogeografii i genetyki konserwatorskiej u wybranych reprezentantów stepowej koleopterofauny z Europy środkowo-wschodniej. Ponadto dla niektórych gatunków opracowano zagadnienia ekologiczne (np. rośliny żywicielskie, relacje z symbiotycznymi bakteriami), które potraktowano jako narzędzia do dodatkowego zweryfikowania struktury populacji gospodarzy. Dla poszczególnych gatunków opracowano wybrane zagadnienia, w zależności od indywidualnych potrzeb badawczych w konkretnym przypadku.

Główne hipotezy rozpatrywane w badaniach to:

Hipoteza I.1 – Populacje badanego gatunku są znacząco zróżnicowane genetycznie, a różnice te powiązane są z rozmieszczeniem geograficznym populacji i wskazują na dłuższą niż holoceniską historię ich występowania w Europie środkowo-wschodniej.

Hipoteza I.2 – W zasięgu badanych gatunków można wyróżnić odrębne linie filogenetyczne, które należy potraktować jako jednostki ewolucyjne o znaczeniu konserwatorskim lub nawet o randze taksonomicznej.

Hipoteza II.1 – Zróżnicowanie genetyczne chrząszczy stepowych w skali lokalnej jest niewielkie co wskazuje na redukcję liczebności populacji

Hipoteza II.2 – Populacje chrząszczy stepowych są w regresie min. z powodów populacyjno-demograficznych (zredukowanej zmienności genetycznej i/lub niewielkiej efektywnej wielkości populacji).

Hipoteza III.1 – Populacje wybranych gatunków w całym badanym zasięgu są zainfekowane jednolitym szczepem bakterii *Wolbachia*.

Hipoteza III.2 – Populacje badanych chrząszczy z różnych regionów występowania nie różnią się między sobą pod względem preferencji pokarmowych zidentyfikowanych na podstawie barkodingu DNA roślinnego.

Material i metody

Metodyka badawcza tematów omawianych w cyklu artykułów była zasadniczo zbieżna.

Pierwszym etapem poszczególnych projektów był wybór gatunków. Skoncentrowano badania na chrząszczach bezskrzydłych lub na gatunkach uskrzydłych o niewielkiej mobilności. Wybór ten podyktowany był założeniem, że gatunki mało mobilne powinny lepiej obrazować historię i aktualne zróżnicowanie zespołu stepowej koleopterofauny, a także pośrednio samych siedlisk stepowych (kserotermicznych). Ponadto wcześniejsze nieliczne badania stepowej entomofauny dotyczyły gatunków o większych możliwościach migracji (jak motyle i szarańczaki), celowe było więc skoncentrowanie badań na gatunkach mało mobilnych. Wybrane gatunki różniły się natomiast pod względem cech ekologicznych (np. preferencji pokarmowych) i biologicznych (np. sposobu rozrodu). Wszystkie wytypowane gatunki były ściśle związane z siedliskami stepowymi i murawami kserotermicznymi.

W efekcie konsultacji ze współpracującymi koleopterologami wytypowano kilka gatunków, z których do weryfikacji postawionych hipotez wybrano sześć, dla których wyniki badań zostały już opublikowane.

Wśród wybranych gatunków znalazły się:

- (i) *Centricnemus leucogrammus* (Germar, 1824) – ryjkowiec biseksualny, polifagiczny, stosunkowo liczny na stanowiskach, zasiedlający stopy Pontyjskie i Pannońskie oraz mający izolowane populacje w Polsce południowej i północnej,
- (ii) *Polydrusus (Scythodrusus) inustus* Germar, 1824 i *P. (S.) pilifer* Hochhuth, 1847 – ryjkowce partenogenetyczne w Eurazji poza Kaukazem, polifagiczne, liczebne, pierwszy występuje od Kaukazu po Polskę a drugi w Azji centralnej i południowej Rosji,
- (iii) *Cheilotoma musciformis* (Goeze, 1777) – stonka biseksualna, oligofagiczna (żerująca głównie na Fabaceae), zasiedlająca stopy pontyjskie i pannońsko-bałkańskie oraz mająca izolowane populacje na Wyżynach Południowopolskich,
- (iv) *Crioceris quatuordecimpunctata* (Scopoli, 1763) – stonka biseksualna, monofag *Asparagus* spp., zasiedlająca głównie stopy Pontyjskie i Pannońskie, w Polsce znany z kilku izolowanych stanowisk,
- (v) *Coraebus elatus* (Fabricius, 1787) - bogatek biseksualny, polifagiczny, mający szeroki zasięg od Bliskiego Wschodu po Półwysep Iberyjski, ale w Europie środkowej rozproszony, z jedną odmienną ekologicznie populacją znaną z mokradeł (Białoruś i NE Polska).

Badane gatunki zbierano podczas kilkudziesięciu wypraw terenowych w Polsce a także na obszarze Moraw, Słowacji, Austrii, Węgier i Ukrainy. Ponadto dla niektórych gatunków pozyskano materiał z Rosji, Białorusi, Kaukazu, Turcji, Bałkan i Francji.

Zebrany materiał posłużył do izolacji, amplifikacji i sekwencjonowania DNA dla wybranych markerów. Wykorzystywano zawsze kombinacje fragmentów genów mitochondrialnych [cytochromu B (*CytB*) i/lub fragment podjednostki I cytochromu oksydazy (*COI*), który jest barkodem zwierzęcym (Hebert i in. 2003)] oraz fragmenty genów jądrowych [wewnętrzne transkrybowane przerywniki rybosomalnego DNA (Internal Transcribed Spacers; *ITS1* i *ITS2*) oraz gen czynnika wzrostu 1-alfa (Elongation Factor 1-alfa; *EFl- α*)], które są standardowymi markerami w badaniach filogenetycznych i filogeograficznych owadów, w tym chrząszczy (Gómez-Zurita i Gallán 2005, Kubisz i in. 2012). Ponadto w niektórych przypadkach konieczne było opracowanie dodatkowych markerów – anonimowych sekwencji DNA jądrowego. W tym celu wykorzystywano zamiennie dwie techniki: klonowanie i sekwencjonowanie fragmentów DNA genomowego lub sekwencjonowanie wielkoskalowe jedną z dostępnych technik nowej generacji sekwencjonowania. Do celów badawczych nad jednym z gatunków (*C. leucogrammus*) opracowano zestaw kilkudziesięciu loci mikrosatelitarnych wykorzystując również sekwencjonowanie wielkoskalowe (Kajtoch i in. 2012a). W celu weryfikacji istnienia infekcji bakterią *Wolbachia* i późniejszej identyfikacji jej szczepów wykorzystane zostały dwa geny systemu Multilocus System Typing (Baldo i in. 2006): gen podziału komórkowego (*ftsZ*) i konserwatywnego hipotetycznego białka *hcpA*. W celu określenia składu pokarmowego niektórych gatunków wykorzystano barkody roślinne – fragmenty chloroplastowego intronu *trnL(UAA)*, który z sukcesem był już wykorzystywany w określaniu roślin żywicielskich chrząszczy (np. Jurado-Rivera i in. 2009; Nawarro i in. 2010), a także genu karboksylazy rybulozo-bifosforanowej (*rbcL*) i maturazy K (*matK*), rekomendowane jako standardowe barkody roślinne (CBOL 2009).

Sekwencje DNA (zarówno markerów chrząszczy jak i genów *Wolbachia*) zostały wykorzystane do obliczenia podstawowych miar zmienności, zobrazowania relacji filogenetycznych (konstrukcja drzew filogenetycznych genów i sieci haplotypów), określenia stopnia i datowania dywergencji oraz scharakteryzowania struktury populacji w odniesieniu do rozmieszczenia badanych populacji i identyfikacji zjawisk demograficznych. Markery mikrosatelitarne zostały wykorzystane do analiz populacyjnych min. poprzez zobrazowanie podstawowej zmienności, ustalenia struktury genetycznej populacji, wykrycia częstości i skali migracji między populacjami i określenia efektywnej wielkości populacji. Sekwencje barkodów roślinnych identyfikowano poprzez ich porównanie z bazą sekwencji dostępną w GenBanku i bazą barkodów roślin stepowych z Polski (baza opracowana przez habilitanta we współpracy min z dr W. Heise, Uniwersytet Jagielloński).

Zdecydowana większość prac laboratoryjnych wykonywana była przez habilitanta. W poszczególnych tematach współpracowano z dr hab. Wiesławem Babikiem i z dr hab. Dorotą Lachowską-Cierlik (Uniwersytet Jagielloński). **Badania będące przedmiotem habilitacji były realizowane w ramach czterech grantów**, w tym dwóch kierowanych przez habilitanta:

- „Wpływ izolacji muraw kserotermicznych na genetyczną strukturę populacji ryjkowca *Centricnemus leucogrammus*: implikacje konserwatorskie”, 2010-2013, MNiSW (N N303 612238);
 - „Chrząszcze (Curculionoidea, Chrysomeloidea) i ich rośliny żywicielskie zagrożonych siedlisk kserotermicznych: wnioskowanie o interakcjach ewolucyjnych i ekologicznych na podstawie analizy barkodów DNA”, od 2011, NCN (UMO-2011/01/B/NZ8/01491);
- oraz dwóch w których habilitant był głównym wykonawcą:

- „Struktura genetyczna środkowoeuropejskich populacji kserotermicznych chrząszczy (Coleoptera: Buprestidae, Chrysomelidae): historia kolonizacji, stopień izolacji i status taksonomiczny”, 2010-2013, MNSW (N N303 311137) (kierownik dr D. Kubisz, ISEZ PAN);
- „Partenogeneza apomiktyczna i poliploidalność u ryjkowców (Coleoptera: Curculionidae: Entiminae) w świetle badań molekularnych i cytogenetycznych”, 2010-2013, MNiSW (N N303 523238) (kierownik dr hab. D. Lachowska-Cierlik, UJ).

Sumaryczny opis uzyskanych wyników

Z uwagi na różnorodność badanych gatunków, podejmowanych problemów oraz wyników, każdą część cyklu prac omówiono odrębnie, a następnie dokonano podsumowania wyników i wniosków.

Ryjkowiec *Centricnemus leucogrammus* został potraktowany jako główny obiekt badawczy z uwagi na fakt, że jest on uważany za jeden z najbardziej reprezentatywnych gatunków stepowych w Europie środkowo-wschodniej (Mazur 2001, 2002). Badania nad tym gatunkiem zrealizowano w trzech etapowych pracach.

W pierwszej części opisano genetykę konserwatorską populacji tego gatunku w Europie środkowo-wschodniej (Kajtoch 2011). Wykorzystano 6 markerów (3 geny mitochondrialne i 3 markery jądrowe, w tym anonimowy marker). Otrzymany obraz zróżnicowania wskazał, że każda z regionalnych grup populacji jest wyraźnie odmienna genetycznie. Pewne relacje filogenetyczne wykryto między populacjami z Wyżyn Południowopolskich i z Ukrainy. Interesujące było wykrycie istotnej odmienności populacji kujawskich. Otrzymane wyniki zinterpretowano w kontekście genetyki konserwatorskiej identyfikując regionalne linie filogenetyczne jako jednostki ewolucyjne, które powinny być brane pod uwagę w planowaniu ochrony gatunku (Kajtoch 2011).

Kolejny etap badań obejmował wykorzystanie 16 loci mikrosatelitarnych spośród kilkudziesięciu loci specjalnie opracowanych i wytypowanych dla ryjkowca *C. leucogrammus* (Kajtoch i in. 2012a). W tym projekcie skoncentrowano się na analizie izolacji i migracji między populacjami w skali lokalnej, głównie na Wyżynie Małopolskiej, a także dla porównania na Kujawach i na Podolu (Kajtoch i in. 2014a). Określono, że populacje z Wyżyny Małopolskiej zachowały podobną umiarową zmienność genetyczną jak populacje ze zwartego zasięgu gatunku na ukraińskim Podolu. Wykryto także ślady niedawnej migracji między niektórymi stanowiskami (szczególnie w obrębie Wyżyny Małopolskiej). Natomiast izolowana grupa populacji z Kujaw okazała się być dużo mniej zróżnicowana genetycznie i nie stwierdzono migracji między populacjami w tym regionie. Ponadto określono, że efektywne wielkości populacji tego gatunku są bardzo niskie (w zakresie 15-45 osobników na populację). Powyższe dane zinterpretowano w kontekście łączności populacji badanego ryjkowca, co pośrednio pozwala wnioskować na temat łączności siedlisk kserotermicznych (stepowych) w badanych obszarach (Kajtoch i in. 2014a). Wyniki z tej części projektu mogą być szczególnie użyteczne dla planowania ochrony muraw kserotermicznych.

Trzecia praca dotycząca tego polifagicznego gatunku, testowała różne techniki sekwencjonowania i różne barkodów roślinnych do identyfikacji składu pokarmowego w skali populacyjnej (Kajtoch 2014). Wyniki tych badań wskazały że dieta polifagicznych chrząszczy może być znacznie niedoszacowana zarówno pod względem generalnego składu pokarmowego jak i zróżnicowania preferencji pokarmowych między populacjami. Analiza barkodów roślinnych z zastosowaniem m.in. sekwencjonowania wielkoskalowego dla

czterech grup populacji ryjkowca *C. leucogrammus* (z Wyżyny Małopolskiej, Kujaw, Moraw i Podola) wykazała, że gatunek ten żeruje łącznie na ok. 30 taksonach (gatunkach) roślin, przy czym skład pokarmowy różni się istotnie i znacznie między regionami. Praca ta ponadto potwierdziła większą użyteczność intronu trnL w badaniach ekologicznych roślin żywicielskich owadów niż genu rbcL rekomendowanego jako standardowy barkod roślinny.

Problematyka badawcza, którą poruszono w badaniu dwóch kolejnych gatunków ryjkowców pochodzenia stepowego (*Polydrusus (Scythodrusus) inustus* i *P. (S.) pilifer*) miała charakter filogenetyczno-ewolucyjny (Kajtoch i in. 2012). *P. (S.) inustus* w większości zasięgu (w Europie środkowo-wschodniej) reprezentowany jest wyłącznie przez formę partenogenetyczną, ale znane są jego populacje biseksualne na Kaukazie i w Turcji. W tym rejonie występują też populacje biseksualne siostrzanego taksonu *P. (S.) pilifer*, którego forma partenogenetyczna rozprzestrzeniła się w Azji centralnej i na południu Rosji. Badania miały zweryfikować hipotezę postawioną we wcześniejszej publikacji (Kajtoch i Lachowska-Cierlik 2009), że do powstania partenogenezy doszło na drodze hybrydyzacji między tymi gatunkami. Jednakże analiza genów mitochondrialnych i jądrowych zaprzeczyła takiemu procesowi. Niewielka zmienność genetyczna *P. (S.) inustus* (także endosymbiotycznej bakterii *Wolbachia* którą jest zainfekowany) wskazała na prawdopodobną niedawną ekspansję formy partenogenetycznej w Europie.

Kolejna praca dotyczyła rzadkiego i zagrożonego w Polsce gatunku (wymienianego w Polskiej Czerwonej Księdze Zwierząt) – stonki *Cheilotoma musciformis*. Praca ta miała na celu określenie stopnia izolacji i odrębności populacji z izolowanego obszaru występowania na Wyżynie Małopolskiej (Kajtoch i in. 2013). Zarówno analiza DNA mitochondrialnego jak i jądrowego udowodniła, że populacje polskie są wyraźnie odrębne genetycznie od najbliższych geograficznie populacji słowackich i ukraińskich. Stopień dywergencji był najwyższy (ok. 2%) spośród wszystkich przebadanych gatunków chrząszczy stepowych i pozwolił na wyznaczenie polskiej populacji jako jednostki odrębnej ewolucyjnie oraz wysunięcie hipotezy, że jest to podgatunek endemiczny dla Polski. Jednocześnie stwierdzono prawie zupełny brak zmienności genetycznej w skali populacji z Polski południowej, co wraz z obserwowanym zanikiem stanowisk mocno wskazuje na aktualną redukcję liczebności. Stwarza to poważne zagrożenie dla istnienia tego gatunku w Polsce. Spotęgowane może być to zależnością od jednej rośliny żywicielskiej – sparcety *Onobrychis* spp. w Polsce, co potwierdzono poprzez barkoding chloroplastowego DNA.

Rozmieszczenie i problematyka badawcza kolejnego obiektu badań - stonki *Crioceris quatuordecimpunctata*, były podobne jak dla poprzedniego gatunku. *C. quatuordecimpunctata* nie jest tak rzadka i ma więcej stanowisk. W Polsce znana jest jednak aktualnie jedynie z trzech rejonów: Wyżyny Małopolskiej, Kujaw i dolnej Odry. Próby z tych trzech rejonów występowania, a także Słowacji i Ukrainy dowiodły, że gatunek ten jest zróżnicowany genetycznie w DNA mitochondrialnym, natomiast marker jądrowy okazał się monomorficzny dla populacji polskich (Kubisz i in. 2012a). Dywergencja między kładami mitochondrialnymi była niewielka (na tle wcześniejszych badań filogenetycznych na rodzaju *Crioceris*, Kubisz i in. 2012b), ale wystarczająca by określić każdą z regionalnych grup populacji jako jednostkę istotną ewolucyjnie. Ponadto wykazano brak zróżnicowania genetycznego w obrębie populacji, co wskazuje na redukcję liczebności. Międzyregionalne zróżnicowanie genetyczne populacji *C. quatuordecimpunctata* oraz monomorfizm wewnątrzpopulacyjny zostały dodatkowo potwierdzone badaniami polimorfizmu szczepów *Wolbachia*. Wykorzystując barkoding DNA chloroplastowego udowodniono, że jest to wyłączny monofag dzikich szparagów *Asparagus* spp.

Ostatni wątek badawczy dotyczył genetyki bogatka *Coraebus elatus*, który jest jednym z nielicznych bogatków związanych z siedliskami stepowymi i suchymi łąkami górskimi. Znana jest także jedna odmienna ekologicznie populacja z Białorusi i północno-wschodniej Polski, gdzie gatunek ten występuje na mokradłach. W szerokim zasięgu tego chrząszcza, poza podgatunkiem nominatywnym z Europy, opisano *C. e. repletus* z Bliskiego Wschodu. Badania podjęte na tym gatunku miały na celu weryfikację odrębności podgatunków, populacji z mokradeł, a także określenie czy w zasięgu gatunku obecne są inne jednostki filogenetyczne. Bogate próby pozyskane z centralnej i wschodniej części zasięgu bogatka, pozwoliły na precyzyjne opisanie filogeografii tego chrząszcza (Kajtoch i in. 2014b). W badaniach posłużono się markerem mitochondrialnym i specjalnie opracowanym anonimowym markerem jądrowym. Wyniki z obu markerów potwierdziły odmienność populacji kaukaskich, reprezentujących podgatunek *C. e. repletus*, ale także wskazały na analogiczną odrębność populacji krymskich, bałkańskich, środkowoeuropejskich i prawdopodobnie zachodnioeuropejskich. Ponadto zidentyfikowano odrębną linię filogenetyczną ograniczoną wyłącznie do terenu Kujaw. Wyciągnięto wniosek, że *C. elatus* składa się z kompleksu podgatunków lub nawet gatunków, co jednak wymaga jeszcze potwierdzenia w analizach polimorfizmu morfologicznego. Jednocześnie z uwagi na rzadkość tego gatunku w Europie środkowej wykorzystano wnioski do wyodrębnienia jednostek istotnych ewolucyjnie do celów konserwatorskich (Kajtoch i in. 2014b).

Najważniejsze wnioski i osiągnięcia oraz omówienie możliwości ich wykorzystania

Badania scharakteryzowane powyżej pozwoliły na weryfikację postawionych hipotez i opracowanie szeregu zgeneralizowanych stwierdzeń na temat filogeografii, genetyki populacyjnej i konserwatorskiej oraz ekologii molekularnej stepowej koleopterofauny.

Zbieżność wyników większości badań gatunkowych pozwala na stwierdzenie, że gatunki stepowe (przynajmniej stepowe chrząszcze) występowały i różnicowały się na terenie Europy środkowo-wschodniej od dłuższego czasu (**hipoteza I.1**). Gatunki te były prawdopodobnie szerzej rozmieszczone i pospolitsze w okresie zlodowaceń, kiedy to znaczne obszary Europy pokrywało środowisko stepo-tundry (Nehring 1890), niespotykane prawie obecnie na Ziemi poza Kamczatką i Alaską (Yurtsev 1982, Lloyd i in. 1994). Niedawne badania wykazały, że stepowa koleopterofauna jest lokalnie obecna w tundrze Beringii (Berman i in. 2011), co dodatkowo potwierdza, że także w plejstocenie gatunki stepowe mogły występować w pozornie niesprzyjających warunkach. Gatunki stepowe (zarówno bezkręgowce jak i rośliny) wymagają jedynie krótkiego 2-3 miesięcznego okresu sprzyjających warunków do zamknięcia cykli rozrodczych, są także wybitnie tolerancyjne na różnice temperatur i deficyt wody. Wniosek, że koleopterofauna stepowa ma długą historię występowania w Europie środkowej, w tym w Polsce wskazuje, że także siedliska stepowe musiały istnieć na tym obszarze od dawna (podkreślając fakt, że wykonane badania dotyczyły gatunków mało mobilnych i wybitnie stenotopowych). Twierdzenie takie stoi w sprzeczności z postulatami na temat niedawnego i antropogenicznego pochodzenia muraw kserotermicznych w Polsce (np. Dzwonko i Loster 1998, Ratyńska i Waldon 2010), jest jednak zgodne z najnowszymi wynikami badań genetycznych nad stepowymi roślinami (np. Cieślak 2013, 2014). Pewnym odstępstwem od scharakteryzowanego wzorca filogeograficznego jest genetyka populacji partenogenetycznej formy ryjkowca *P. (S.) inustus*, która rozprzestrzeniła się w Europie środkowo-wschodniej najprawdopodobniej dopiero w holocenie. Ekspansja tego gatunku mogła zachodzić stosunkowo szybko pomimo jego nielotności z uwagi na partenogenetyczny sposób rozrodu, który ułatwia zasiedlanie nowych obszarów.

Wysoki poziom zróżnicowania populacji większości stepowych chrząszczy i umiarkowana lub duża dywergencja między ich liniami filogenetycznymi pozwala na wyróżnianie w zasięgach badanych gatunków jednostek ewolucyjnych, spośród których część może mieć rangę taksonomiczną (odrębne podgatunki bądź gatunki) (**hipoteza I.2**). Jednostki takie mają także istotne znaczenie dla planowania ochrony, zarządzania populacjami i stanowiskami gatunków stepowych ponieważ najczęściej każda regionalna grupa populacji powinna być zarządzana i chroniona indywidualnie. Zróżnicowanie populacji może być także problemem w przypadku planów reintrodukcji lub zasilania populacji z uwagi na ryzyko depresji outbredowej w przypadku wymieszania osobników należących do różnych kładów.

Kolejnym istotnym wnioskiem z przeprowadzonych badań jest niewielkie zróżnicowanie genetyczne w obrębie populacji lub wręcz brak zmienności wewnątrzpopulacyjnej (przynajmniej w wykorzystywanych markerach) (**hipoteza II.1**). Także wykryte bardzo niskie efektywne wielkości populacji u *C. leucogrammus* są ciekawym odkryciem. Wnioski te także mogą mieć istotne implikacje konserwatorskie, ponieważ wskazują na zmniejszenie liczebności populacji chrząszczy stepowych w Europie środkowo-wschodniej. Odkrycie to, wraz z danymi na temat regresu zasięgu gatunków stepowych i wymierania lokalnych populacji wskazuje, że zagrożenia dla stepowej entomofauny wynikają nie tylko z zaniku i degradacji siedlisk, ale także z przyczyn populacyjno-demograficznych (**hipoteza II.2**).

Efektem przeprowadzonych badań jest też zebranie danych na temat wybranych aspektów ekologii badanych gatunków. Wykazano, że możliwe jest wykorzystywanie obecności infekcji bakterią *Wolbachia* do pomocniczego wnioskowania na temat filogeografii badanych gatunków i populacji (**hipoteza III.1**). Potwierdzono także, że możliwe jest określanie składu pokarmowego na podstawie barkodingu chloroplastowego DNA wyizolowanego z ciał (przewodów pokarmowych) chrząszczy, zarówno osobniczo jak i na poziomie populacyjnym (co jest efektywniejsze i mniej kosztowne). Dowiedziono, że niektóre populacje mogą preferować różne gatunki roślin lub, że skład pokarmowy różni się między regionami (**hipoteza III.2**), co jest nowatorskim aspektem podjętego projektu, ponieważ dotąd nie prowadzono tak szczegółowych badań na owadach. Ponadto, zidentyfikowanie lub potwierdzenie roślin żywicielskich dla gatunków mono- i oligofagicznych może mieć znaczenie praktyczne w ochronie. Jako przykład można podać zależność krajowej populacji stonki *C. musciformis* od sparcety (*Onobrychis* spp.), która jest także chętnie zgryzana przez owce i kozy wykorzystywane do czynnej ochrony muraw w Polsce i w Europie. Niekontrolowane wypasanie owiec i kóz na murawach może więc przyczyniać się do zmniejszenia zasobów pokarmowych rzadkich gatunków owadów lub nawet do eliminacji ich populacji.

Powyższe wnioski konserwatorskie przedstawiono pracownikom krajowych służb ochrony przyrody, przyrodnikom z organizacji pozarządowych zaangażowanym w ochronę muraw kserotermicznych w Polsce oraz członkom międzynarodowej organizacji European Dry Grasslands Group na kilku konferencjach krajowych i jednej konferencji międzynarodowej. Ponadto habilitant uważa, że celowe byłoby wykorzystanie informacji i wniosków z powyższych badań w krajowym i międzynarodowym planowaniu ochrony siedlisk stepowych oraz gatunków z nimi związanych. Wnioski te posłużyły już do wskazania zabiegów ochronnych do planów zadań ochronnych wykonywanych dla trzech ostoi Natura 2000 w Niece Nidziańskiej. Możliwe byłoby także wykorzystanie danych na temat zmienności i przepływu genów między populacjami wybranych gatunków (np. ryjkowca *C. leucogrammus*) do pośredniego monitoringu jakości stanowisk kserotermicznych i stopnia izolacji płatów siedlisk kserotermicznych. Ponadto zespół autorski publikacji dotyczącej *Cheilotoma musciformis*, gatunku wykazanego w Polskiej Czerwonej Księdze Zwierząt, (Ścibior 2004) podczas ostatniej (w 2012 r.) nowelizacji rozporządzenia do ustawy o

ochronie przyrody, złożył wniosek o ochronę gatunkową tej stonki w Polsce. Jednakże gatunek ten, bez podania merytorycznego uzasadnienia, nie został włączony do listy gatunków chronionych.

5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo – badawczych (artystycznych).

Moje zainteresowania przyrodą rozwijałem podczas studiów biologicznych na Wydziale Biologii i Nauk o Środowisku UJ w Krakowie (1999-2004). W tamtym czasie skupiłem się głównie na ornitologii. Pierwsze kroki w badaniach przyrodniczych realizowałem działając w Kole Przyrodników Studentów UJ, czego efektem było kilka moich pierwszych publikacji faunistycznych w czasopiśmie o zasięgu krajowym. Na pracę magisterską zdecydowałem się wybrać zagadnienia związane z zastosowaniem technik molekularnych w badaniach relacji filogenetycznych i populacyjnych, a obiektem moich badań zostały owady – chrząszcze. W 2004 r. obroniłem pracę magisterską pt. „Wpływ plejstocenu na specjację ryjkowców z rodzaju *Bryodemon*” w Zakładzie Entomologii Instytutu Zoologii UJ pod kierunkiem dr Tomasza Skalskiego. Na ostatnim roku studiów (2004) odbyłem także trzymiesięczny staż badawczy w Holandii na Uniwersytecie w Nijmegen, gdzie brałem udział w projekcie dotyczącym ekspresji genów u *Plasmodium falciparum*. W 2004 r. rozpocząłem badania do pracy doktorskiej jako uczestnik Międzynarodowego Studium Doktoranckiego PAN w Krakowie, w Instytucie Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN. W trakcie studiów doktoranckich realizowałem zarówno badania do pracy doktorskiej, uczestniczyłem w pracach badawczych z zakresu genetyki gatunków i populacji owadów realizowanych w ramach projektów pracowników naukowych jednostki macierzystej (prof. dr hab. A. Maryańskiej-Nadachowskiej i dr hab. D. Lachowskiej-Cierlik) oraz we współpracy z dr hab. M. Mazurem z Uniwersytetu Pedagogicznego w Krakowie, a także prowadziłem własne badania faunistyczne i ekologiczne ptaków. Efektem prowadzonych badań były kolejne publikacje własne lub współautorskie (11 publikacji) oraz prezentacje wyników badań na konferencjach. W 2008 r. w Zakładzie Zoologii Doświadczalnej ISEZ PAN skończyłem i obroniłem pracę doktorską pt. „Genetyczne zróżnicowanie kserotermicznych ryjkowców *Centricnemus leucogrammus* i *Polydrusus inustus* (Coleoptera: Curculionidae) w Polsce” pod kierunkiem dr hab. Anny Maryańskiej-Nadachowskiej. Badania te były ograniczone głównie do problematyki pochodzenia populacji (szlaków migracji) tych gatunków w wąskim ich zasięgu (opublikowane w pracy Kajtoch i in. 2009). Stały się one preludem do moich zainteresowań filogeografią kserotermicznych chrząszczy w Eurazji. Temat ten rozwinąłem później o różne aspekty genetyki populacyjnej i konserwatorskiej oraz ekologii molekularnej wybranych gatunków stepowych chrząszczy w Europie środkowej i wschodniej. Pod koniec studiów doktoranckich zostałem zatrudniony w macierzystej jednostce na stanowisku technicznym jako kierownik laboratorium molekularnego.

Po ukończeniu doktoratu zostałem przeniesiony na stanowisko adiunkta w ISEZ PAN (2009 r.). Dzięki uzyskaniu funduszy z kilku projektów badawczych MNiSW i NCN (spośród których trzy dotyczyły bezpośrednio różnych aspektów genetyki stepowych chrząszczy, w tym dwóch projektów kierowanych przeze mnie), możliwe było podjęcie przeze mnie szeroko zakrojonych badań nad filogenetyką, filogeografią, genetyką populacyjną i konserwatorską oraz ekologią molekularną wybranych grup owadów. Równolegle, we współpracy z naukowcami z różnych krajowych i zagranicznych jednostek naukowych, prowadziłem badania nad ekologią i biologią konserwatorską wybranych gatunków ptaków. Efektem badań realizowanych po doktoracie była publikacja szeregu artykułów naukowych, w większości w czasopiśmie międzynarodowych indeksowanych w Journal Citation Reports (26 publikacji).

Ponadto prezentowałem wyniki badań na kilku konferencjach międzynarodowych i krajowych.

Moja działalność badawcza od samego początku kariery naukowej realizowana jest dwutorowo. Zasadniczy wątek badawczy, który prowadzę związany jest z ewolucją i ekologią molekularną oraz genetyką konserwatorską owadów. Drugi wątek badawczy dotyczy faunistyki, ekologii i biologii konserwatorskiej ptaków.

Poniżej charakteryzuję tematy badawcze jakie podejmowałem po uzyskaniu stopnia doktora.

Tematy z zakresu ewolucji i ekologii molekularnej oraz genetyki konserwatorskiej owadów

Filogeografia stepowych bezkręgowców – kontynuacja

Aktualnie w fazie początkowej realizacji jest kontynuacja badań nad filogeografią i genetyką konserwatorską innych gatunków stepowych bezkręgowców. Celem kontynuacji tematyki, którą szerzej omawiałem w opisie dorobku habilitacyjnego, jest weryfikacja hipotezy, że zaobserwowany wzorzec filogeograficzny u chrząszczy jest wspólny dla całego zespołu stepowych bezkręgowców. Wybrane gatunki bezkręgowców zostaną poddane analogicznym badaniom jak te wykonane na stepowych chrząszczach, celem sprawdzenia, czy wysoka odmienność populacji między regionami, a jednocześnie niskie zróżnicowane w skali lokalnej są wspólnymi cechami dla całego zespołu kserotermicznych bezkręgowców. Pozwoli to dodatkowo zweryfikować hipotezę, że fauna stepowa ma długą historię występowania w Europie środkowo-wschodniej, a aktualnie jest w regresie czego efektem jest min. niskie zróżnicowanie wewnątrz-populacyjne. Rozpocząłem wstępne testowanie zróżnicowania genetycznego populacji stepowego ślimaka *Cepaea vindobonensis* we współpracy min. z zagranicznymi specjalistami (dr Z. Fehér z Węgier, Prof. A. Davison z Wielkiej Brytanii i dr S. Kramarenko z Ukrainy). Ponadto rozpoczęte są badania nad zmiennością genetyczną sucholubnych stoniek *Cryptocephalus bameuli* i *C. flavipes* min. we współpracy z dr M. Montagna z Włoch.

Rośliny żywicielskie stepowej koleopterofauny

Temat ten jest rozwinięciem dotychczasowych przyczynkowych studiów nad wybranymi gatunkami chrząszczy (Kubisz i in. 2012a., Kajtoch i in. 2013, Kajtoch 2014), a docelowo ma doprowadzić do poznania składu pokarmowego większości gatunków kserotermicznych ryjkowców i stoniek z Polski i pośrednio do określenia relacji ewolucyjnych i ekologicznych między chrząszczami a roślinami żywicielskimi oraz przedstawienia implikacji dla ochrony kserotermicznych zespołów. Badania te są realizowane w ramach grantu NCN, którego jestem kierownikiem („Chrząszcze (Curculionoidea, Chrysomeloidea) i ich rośliny żywicielskie zagrożonych siedlisk kserotermicznych: wnioskowanie o interakcjach ewolucyjnych i ekologicznych na podstawie analizy barkodów DNA”, UMO-2011/01/B/NZ8/01491). Grant realizowany jest w zespole z dr D. Kubiszem (ISEZ PAN), dr hab. W. Babikiem (UJ), dr M.A. Mazurem (Uniwersytet Opolski) i dr W. Heise (UJ).

Ewolucja molekularna i genetyka populacyjna pluskwiaków (Hemiptera)

Jest to zbiór tematów badawczych dotyczących poznania mechanizmów specjacji, rewizji taksonomicznych, filogenezy i genetyki populacyjnej wybranych grup pluskwiaków.

Jeden z tematów dotyczy poznania genetyki populacyjnej i hybrydyzacji gatunków pluskwiaków z rodzaju *Philaenus* ze szczególnym udziałem badań na *P. spumarius*. Badania te realizowane były w ramach dwóch grantów MNiSW, którymi kierowała prof. dr hab. A. Maryańska-Nadachowska, a w których byłam odpowiednio wykonawcą technicznym i głównym wykonawcą („Genetyczne pokrewieństwa pomiędzy europejskimi gatunkami z rodzaju *Philaenus* (Aphrophoridae, Auchenorrhyncha, Hemiptera”, N303 017 31/0639 i Filogeografia pienika ślinianki *Philaenus spumarius* (Hemiptera, Auchenorrhyncha, Aphrophoridae)”, N N303 579839). Efektem tych badań jak dotąd było opracowanie filogenezy rodzaju *Philaenus* (Maryańska-Nadachowska i in. 2008, 2010), filogeografii *P. spumarius* (Maryańska-Nadachowska i in. 2012) oraz odkrycie zjawiska hybrydyzacji wewnątrzgatunkowej u *P. spumarius*, jako części rozprawy doktorskiej mgr. A. Lis (Lis i in., w druku), której jestem promotorem pomocniczym. Aktualnie badania te rozszerzane są na populacje azjatyckie, gdzie nowe gatunki zostały niedawno odkryte (współpraca z E. Sanaie z Iranu).

Drugi temat, realizowany min. w ramach grantu NCN kierowanego przez dr hab. K. Wieczorek z Uniwersytetu Śląskiego, w którym jestem głównym wykonawcą („Filogeneza i ewolucja mszyc z podrodzin Chaitophorinae i Drepanosiphinae (Insecta, Hemiptera, Aphididae) na podstawie analiz molekularnych i morfologicznych”, UMO-2011/01/B/NZ8/00157), obejmuje filogenezę mszyc Chaitophorinae i Drepanosiphinae. Wstępem do tych badań jest jedna publikacja (Wieczorek i Kajtoch 2012). Powiązany temat badawczy w którym biorę udział jako promotor pomocniczy mgr. M. Kanturskiego (Uniwersytet Śląski), dotyczy filogenezy i taksonomii mszyc z rodzaju *Eulachnus*.

Ostatni wątek badawczy dotyczy opracowania filogenezy pluskwiaków z rodzaju *Eupteryx*. Są to badania realizowane we współpracy z naukowcami z Włoch (dr A. Guglielmino) i Niemiec (dr Ch. Bückle), a ich efektem jest jedna publikacja (Guglielmino i in. 2014), w której opisano dwa nowe gatunki w rodzaju.

Cytogenetyka, partenogeneza, poliploidalność i infekcja bakterią *Wolbachia* u ryjkowców

Jest to zbiór tematów dotyczących wyjaśnienia mechanizmów powstawania form partenogenetycznych i poliploidalnych u ryjkowców, oraz weryfikacją wpływu *Wolbachia* na m.in. indukcję partenogenezy. Ponadto miałem niewielki udział w projektach dotyczących poznania kariotypów ryjkowców, szczególnie form poliploidalnych. Badania te realizowane były w ramach dwóch grantów (KBN i MNiSW) kierowanych przez dr hab. D. Lachowską-Cierlik (UJ), w których byłam odpowiednio wykonawcą technicznym i głównym wykonawcą („Cytogenetyczne różnice pomiędzy partenogenetycznymi i biseksualnymi gatunkami Brachyderini i Strophosomini (Coleoptera, Curculionidae)”, 3 PO4C 085 i „Partenogeneza apomiktyczna i poliploidalność u ryjkowców (Coleoptera: Curculionidae: Entiminae) w świetle badań molekularnych i cytogenetycznych”, N N303 523238). W badaniach tych współpracowałam min z dr B. Korotyaevem z Rosji i dr hab. M. Holecovą ze Słowacji. Efektem tych badań były jak dotąd dwie publikacje omawiające cytogenetykę wybranych ryjkowców (Lachowska-Cierlik i in. 2006, Rożek i in. 2009), specjację form partenogenetycznych ryjkowców (Kajtoch i in. 2010) oraz infekcję ryjkowców przez bakterię *Wolbachia* (Lachowska-Cierlik i in. 2010). Aktualnie rozpocząłem nowy grant NCN (Sonata6) pt. Interakcje między chrząszczami a endosymbiotyczną bakterią *Wolbachia*: znaczenie niszy ekologicznej (UMO-2013/11/D/NZ8/00583).

Tematy z zakresu ekologii i biologii konserwatorskiej ptaków.

Genetyka populacji dzięciołów

Tematykę tą zapoczątkowałem po nawiązaniu kontaktu z dr. A. McDevitt z Irlandii, a następnie kontynuowałem we współpracy m.in. z dr. J. Michalcukiem (Uniwersytet Rzeszowski) i dr hab. T. M. Mazgajskim (Muzeum i Instytut Zoologii PAN). W efekcie prowadzonych badań powstały dwie publikacje, jedna omawiająca pochodzenie dzięciołów dużych *Dendrocopos major* w Irlandii (McDevitt i in. 2011) oraz druga na temat możliwości genetycznej identyfikacji dzięciołów dużych i białoszyich *D. syriacus* oraz ich hybryd (Michalczuk i in. 2014).

Ekologia przestrzenna ptaków leśnych i górskich

Jest to cykl prac omawiający wpływ fragmentacji lasu, jakości siedlisk leśnych oraz formy gospodarowania lasem w rejonach górskich na rozmieszczenie wybranych rzadkich gatunków ptaków. Jak dotąd badaniami objąłem karpackie populacje: puszczyka uralskiego *Strix uralensis* (Bylicka i in. 2010), jarzątka *Tetrastes bonasia* (Kajtoch i in. 2012) oraz dzięciołów: białogrzbietego *Dendrocopos leucotos* i trójpalczastego *Picoides tridactylus* (Kajtoch i in. 2013). W badaniach tych poza aspektem poznawczym precyzującym wymagania siedliskowe i przestrzenne rzadkich gatunków ptaków leśnych-górskich, istotny jest także aspekt praktyczny, umożliwiający wykorzystanie wyników badań w planowaniu ochrony tych gatunków. Badania te realizowałem we współpracy z naukowcami z Polski (min. z dr M. Bylicką (Instytut Ochrony Przyrody PAN), dr M. Żmihorskim (MiIZ PAN), dr hab. Z. Bonczarem (Uniwersytet Rolniczy w Krakowie)). Aktualnie część z tych badań realizowana jest w ramach grantu „Iuventus” pt. Segregacja przestrzenna i siedliskowa puszczyka uralskiego i puszczyka w pofragmentowanym krajobrazie leśnym (9007/IP1/2014/72).

Biologia konserwatorska ptaków nadrzecznych

Badania mające na celu określenie jaki wpływ mają naturalne zmiany reżimu wodnego (min. powódzie) oraz hydrotechniczne przekształcenia koryt rzecznych (regulacje, pozyskanie surowców z koryt rzecznych) na awifaunę rzek podgórskich. Dotychczas opublikowałem dwie prace: omówienie wpływu naturalnych powodzi na renaturalizację siedlisk koryt rzecznych i w efekcie na zwiększenie różnorodności ptaków (Kajtoch i Figarski 2013) oraz weryfikację użyteczności nurogęsi *Mergus merganser* jako bioindykatorów w dolinach podgórskich (Kajtoch i in., 2014). Kolejna praca nt. wpływu regulacji na awifaunę koryt rzecznych jest aktualnie w korekcie po recenzji. Podobnie jak temat poprzedni, badania te są wykonywane min. w celach konserwatorskich. Badania te były wykonywane m.in. wraz z mgr inż. T. Figarskim, aktualnym doktorantem ISEZ PAN, którego jestem opiekunem pomocniczym.

Faunistyka i problematyka ochrony zwierząt w Karpatach

Jest to przyczynkowy cykl prac na temat występowania, zagrożeń i wymagań ochronnych zwierząt, głównie ptaków, w siedliskach leśnych, górskich i nadrzecznych Karpat Zachodnich. Badania te realizowano na dwóch płaszczyznach. Część badań dotyczyła poznania składu gatunkowego, liczebności i rozmieszczenia wybranych gatunków ptaków leśnych, górskich i nadrzecznych w wybranych rejonach w południowej Polsce (głównie w Beskidzie Wyspowym, Pogórzu Zachodniokarpaccim i w dorzeczu Raby). Druga grupa badań skoncentrowana była na określeniu występowania, zagrożeń i wymagań ochronnych

wybranych gatunków i grup ptaków, w tym sów, szponiastych, dzięciołów, kuraków leśnych, ptaków nadrzecznych i gatunków górskich. Szczególnym obiektem badań było monitorowanie i opisanie ekspansji nurogeśi w Karpatach. Powyższe badania zostały opublikowane w cyklu 21 prac (Kajtoch 2002, 2006, 2007, 2008, 2009a,b, 2010a,b, 2011, 2012, Kajtoch i in. 2008, 2010, 2011, 2012, Kajtoch i Piestrzyńska-Kajtoch 2005a,b, 2006, 2008, Wilk i in. 2009, Matysek i Kajtoch 2010).

Podsumowanie dotychczasowego dorobku i działalności naukowej (szczegółowe zestawienie i opis dorobku zawarte są w załączniku nr 3)

Moja działalność badawcza od samego początku kariery naukowej realizowana jest dwutorowo. Zasadniczy wątek badawczy, który prowadzę związany jest z zastosowaniem technik molekularnych w badaniach nad relacjami filogenetycznymi organizmów i populacji. W szczególności badania te dotyczą użycia informacji jakie niesie DNA do określania stopnia pokrewieństwa filogenetycznego między gatunkami owadów oraz weryfikacji statusu taksonomicznego badanych gatunków owadów lub identyfikacji nowych jednostek ewolucyjnych, do określania stopnia zmienności i zróżnicowania populacji wybranych gatunków oraz do analizy zależności ekologicznych między organizmami (głównie identyfikacji roślin żywicielskich i relacji z symbiotycznymi bakteriami). Badania te realizowałem jak dotąd dzięki finansowaniu z pięciu grantów MNiSW i trzech grantów NCN, spośród których kierowałem dwoma projektami (jeden grant MNiSW i jeden NCN). Drugi wątek badawczy dotyczy analizy zależności siedliskowych i przestrzennych oraz form użytkowania środowiska przez człowieka na występowanie wybranych gatunków ptaków, głównie gatunków rzadkich i zagrożonych, związanych z siedliskami leśnymi, górskimi i nadrzeczными. Badania te realizuję głównie ze środków statutowych ISEZ PAN, jednego grantu MNiSW i w ramach własnych ambicji badawczych.

Mój dotychczasowy dorobek badawczy obejmuje **48 publikacji** recenzowanych (nie licząc doniesień konferencyjnych i publikacji o charakterze popularnonaukowym oraz raportów środowiskowych). Ponad połowa prac (**26**) to artykuły opublikowane w **czasopismach indeksowanych w bazie JCR**, w tym ważnych dla reprezentowanych dziedzin periodykach, takich jak *Animal Conservation*, *Ecological Indicators*, *Systematic Entomology*, *Journal of Insect Conservation*, *Journal of Ornithology*, *Acta Ornithologica* i in. Moje dotychczas opublikowane prace indeksowane w bazie Web of Knowledge **cytowane były 68 razy**, a mój indeks **Hirsha (wg. Web of Science) wynosi 5** (stan na 14.08.2014). Dla czasopism w których ukazały się moje artykuły sumaryczny **Impact Factor** (zgodny z rokiem opublikowania) wynosi **40,887 (38,622 dla prac opublikowanych po doktoracie)**. Sumaryczna liczba **punktów MNiSW** za publikacje naukowe wynosi dla moich artykułów (zgodnie z rokiem wydania) **828** (w tym **753 punkty** za publikacje w czasopismach indeksowanych w JCR).

Jestem redaktorem jednej pozycji książkowej omawiającej wytyczne dla ochrony siedlisk ptaków w sieci Natura 2000 opracowanej na zlecenie Generalnej Dyrekcji Ochrony Środowiska (Zawadzka i in. 2013, wraz z moim autorstwem 9 rozdziałów), oraz dodatkowo jestem autorem rozdziałów w dwóch książkach (Grzegorzcyk 2007; Wilk i in. 2010).

Badania prezentowałem samodzielnie lub we współautorstwie na 14 konferencjach tematycznych (8 międzynarodowych i 6 krajowych, nie licząc lokalnych konferencji i zjazdów) w formie 9 referatów i 9 posterów. Byłem członkiem komitetu organizacyjnego VII Sympozjum Polskiego Towarzystwa Taksonomicznego (2006 r.).

W 2013 r. wraz ze współpracownikiem dr D. Kubiszem (ISEZ PAN) otrzymałem wyróżnienie Wydziału II Nauk Biologicznych i Rolniczych Polskiej Akademii Nauk za cykl

artykułów pt. "Genetyka konserwatorska chrząszczy zasiedlających reliktywne biotopy kserotermiczne".

Z uwagi na pracę w jednostce naukowej Polskiej Akademii Nauk moja działalność dydaktyczna była ograniczona. W 2007 wygłosiłem wykład na Akademii Ochrony Przyrody w Instytucie Ochrony Przyrody PAN w Krakowie, a od 2013 r. prowadzę wykłady w ramach zajęć dla doktorantów Międzynarodowego Studium Doktoranckiego PAN w Krakowie. Aktualnie jestem opiekunem pomocniczym jednego doktoranta oraz promotorem pomocniczym doktorantki w ramach Międzynarodowego Studium Doktoranckiego PAN w Krakowie. W 2014 r. zostałem także promotorem pomocniczym jednego doktoranta na Uniwersytecie Śląskim.


W 2009 r. byłem na krótkiej wizycie naukowej w Molecular Biology Institute Spanish National Research Council (CSIC) w Barcelonie w Hiszpanii, a w latach 2007, 2011 i 2012 wizytowałem Muzeum Przyrodnicze Ukraińskiej Akademii Nauk we Lwowie na Ukrainie.

Recenzowałem jak dotąd 23 publikacje dla 15 czasopism (min. *Acta Ornithologica*, *Biological Journal of Linnean Society*, *Bird Study*, *Ecological Indicators*, *Journal of Biogeography*, *Journal of Insect Conservation*, *Journal of Pest Science*, *Molecular Biology Reports*, *Systematic & Diversity*, *Conservation Genetics*). Od 2014 r. jestem redaktorem (Review Editor) czasopisma *Frontiers in Ecology and Evolution* oraz od 2014 r. jestem członkiem rady redakcyjnej czasopisma *Polish Journal of Ecology*.

Działam także aktywnie na rzecz ochrony przyrody w Polsce (min. jako członek Ogólnopolskiego Towarzystwa Ochrony Ptaków). Staram się by część z moich badań, tych skoncentrowanych na rzadkich gatunkach kserotermicznych owadów oraz na rzadkich ptakach górskich i nadrzecznych, skutkowała wnioskami mogącymi służyć w planowaniu ochrony populacji tych gatunków i w zarządzaniu ich siedliskami. Byłem głównym pomysłodawcą i autorem projektów dla utworzonego w 2010 r. rezerwatu faunistycznego („Mogielica”), jednej ostoi siedliskowej w sieci Natura 2000 („Tarnawka” PLH120089) i jednej ostoi ptaków o znaczeniu międzynarodowym („Beskid Wyspowy”). Uczestniczyłem także w pracach zespołów eksperckich powoływanych przy Generalnej Dyrekcji Ochrony Środowiska, Regionalnej Dyrekcji Ochrony Środowiska w Krakowie, Regionalnej Dyrekcji Lasów Państwowych w Krakowie, a także organizacji pozarządowych (OTOP, WWF). Opiniowałem szereg działań w zakresie ochrony przyrody w Województwie Małopolskim. Koordynuję krajowy Monitoring Rzadkich Dzieciołów w ramach Państwowego Monitoringu Środowiska (OTOP, Główny Inspektorat Ochrony Środowiska). Wyniki badań ornitologicznych umożliwiły mi opracowanie wytycznych do monitoringu siedlisk wybranych gatunków ptaków w sieci Natura 2000 (Zawadzka i in. 2013). Natomiast wnioski z badań nad genetyką stepowych chrząszczy prezentowałem na forum międzynarodowej konferencji organizacji European Dry Grasslands Group, na dwóch konferencjach lokalnych o tematyce czynnej ochrony muraw w Polsce, oraz wykorzystałem w opiniowaniu planów i działań ochronnych na murawach kserotermicznych w Polsce południowej.

Krowiec 19.08.2014

Miejsce i data



Podpis habilitanta

Literatura cytowana:

Prace autorskie dostępne są w załączniku 10.

- Avise J.C., Arnold J., Ball R.M., Bermingham E., Lamb T., Neigel J.E., Reeb C.A., Saunders N.C. (1987) Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics* 18: 489–522.
- Baldo L, Hotopp J, Jolley K, Bordenstein S, Biber S, et al. (2006) Multilocus sequence typing system for endosymbiont *Wolbachia pipiensis*. *Appl. Environ. Microbiol.* 72: 7098–7110.
- Banaszek A., Jadwiszczak K.A., Ziomek J. (2011) Genetic variability and differentiation in the Polish common hamster (*Cricetus cricetus* L.): Genetic consequences of agricultural habitat fragmentation. *Mammalian Biology* 76: 665–671.
- Berman D, Arcady Alfimov A, Kuzmina S (2011) Invertebrates of the relict steppe ecosystems of Beringia, and the reconstruction of Pleistocene landscapes. *Quat Sci Rev* 30: 200–2219
- Biedrzycka A., Konopiński M.K. (2008) Genetic variability and the effect of habitat fragmentation in spotted suslik *Spermophilus suslicus* populations from two different regions. *Conservation Genetics* 9:1211–1221
- Cieślak E. (2013) Variation and genetic structure of *Serratula lycopifolia* populations (Vill.) Kern. (Asteraceae) in Poland and adjacent regions. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae* 82: 67–75.
- Cieślak E. (2014) Phylogeography of Pontic-Pannonian species in Central Europe. *Polish Botanical Studies*. 30, pp.53.
- Dengler J., Janišová M., Török P., Wellstein C. (2014) Biodiversity of Palaearctic grasslands: a synthesis *Agriculture, Ecosystems and Environment* 182: 1–14
- Diogo A.C., Vogler A.P., Gimenez A., Gallego D., Galian D.J. (1999) Conservation genetics of *Cicindela deserticoloides*, an endangered tiger beetle endemic to southeastern Spain. *Journal of Insect Conservation* 3: 117–123.
- Dzwonko Z, Loster S (1998) Dynamics of species richness and composition in a limestone grassland restored after tree cutting. *Journal of Vegetation Science* 9:387–394
- Frankham R., Ballou J.D., Briscoe D.A. (2002) *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge, England.
- Haig, S.M. (1998) Molecular contributions to conservation: molecular techniques in ecology. *Ecology* 79: 413–425.
- Haig S.M. (1998) Molecular contributions to conservation: molecular techniques in ecology. *Ecology* 79: 413–425
- Hartl G.B., Suchentrunk F., Nadlinger K., Willing R. (1993) An integrative analysis of genetic differentiation in the brown hare *Lepus europaeus* based on morphology, allozymes, and mitochondrial DNA. *Acta Theriologica* 38 (Suppl 2):33–57
- Hebert P.D.N., Ratnasingham S. & deWaard J.R. (2003) Barcoding animal life: cytochrome oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proc. R. Soc. B: Biol. Sci.* 270: 96–99.
- Hensen, I., Kilian, C., Wagner, V., Durka, W., Pusch, J., Wesche K. (2010) Low genetic variability and strong differentiation among isolated populations of the rare steppe grass *Stipa capillata* L. in central Europe. - *Plant Biology* 12: 526–536.
- Hewitt G.M. (1999) Post-glacial re-colonization of European biota. *Biological Journal of Linnean Society* 68: 87–112.
- Janišová M., Bartha S., Kiehl K., Dengler J. (2011). Advances in the conservation of dry grasslands: Introduction to contributions from the seventh European Dry Grassland Meeting, *Plant Biosystematics* 145: 507–513.
- Jurado-Rivera J.A., Vogler A.P., Reid C.A.M., Petitpierre E. & Gómez-Zurita J. (2009) DNA barcoding insect–hostplant associations. *Proc. R. Soc. B: Biol. Sci.* 276: 639–648.
- Kryštufek B., Bryja J., Bužan E.V. (2009) Mitochondrial phylogeography of the European ground squirrel, *Spermophilus citellus*, yields evidence on refugia for steppic taxa in the southern Balkans, *Heredity* 103: 129–135.
- Kvist L., Girald D., Valera F., Hoi H., Kristin A., Darchiashvili G, Lovaszi P. (2011) Population decline is accompanied with loss of genetic diversity in the Lesser Grey Shrike *Lanius minor*. *Ibis* 153: 98–109.
- Lloyd AH, Armbruster WS, Edwards ME (1994) Ecology of a steppe-tundra gradient in interior Alaska. *Journal of Vegetation Science* 5: 897–912

- Martín C.A., Alonso J.C., Alonso J., Pitra C., Lieckfeldt, D. (2002) Great bustard population structure in central Spain: concordant results from genetic analysis and dispersal study. *Proceedings of the Royal Society London, Series B, Biological Sciences* 269: 119–125
- Mazur M. (2001). Xerothermic weevils of Poland (Curculionoidea: Nemonychidae, Attelabidae, Apionidae, Curculionidae). *Zoogeographic studies. Monografie Fauny Polski*. 22, 1-378. (in Polish)
- Mazur M. (2002). The distribution and ecology of weevils (Coleoptera: Nemonychidae, Attelabidae, Apionidae, Curculionidae) in western Ukraine. *Acta zool. cracov.* 45: 213-244.
- Mazur M., Kubisz D. (2013) Rozmieszczenie i migracje kserotermicznych chrząszczy (Coleoptera) w dolinie Wisły. 26: 1-250.
- Moritz C. (1994) Defining “Evolutionarily Significant Units” for conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 9: 373–375.
- Navarro S.P., Jurado-Rivera J.A., Gomez-Zurita J., Lyal C.H.C. & Vogler A.P. (2010) DNA profiling of host-herbivore interactions in tropical forests. *Ecol. Entomol.* 35: 18–32.
- Nehring A. (1890) *Ueber Tundren und Steppen der Jetzt-und Vorzeit*, F. Dümmler, Berlin, Germany.
- Ortego J., Bonal R., Cordero P.J., Aparicio J.M. (2009) Phylogeography of the Iberian populations of *Mioscirtus wagneri* (Orthoptera: Acrididae), a specialized grasshopper inhabiting highly fragmented hypersaline environments. *Biological Journal of the Linnean Society* 97: 623–633.
- Przybyłowicz L., Lukhtanov V., Lachowska-Cierlik D. (2014) Towards the understanding of the origin of the Polish remote population of *Polyommatus (Agrodiaetus) ripartii* (Lepidoptera: Lycaenidae) based on karyology and molecular phylogeny. *Journal of Zoological Systematics & Evolutionary Research* 52: 44-51
- Ratyńska H, Waldon B (eds) (2010) *Ciepłolubne murawy w Polsce – stan zachowania i perspektywy ochrony*. Wyd. Uniwersytetu Kazimierza Wielkiego, Bydgoszcz
- Ryder O.A. (1986) Species conservation and systematics: the dilemma of the subspecies. *Trends in Ecology and Evolution* 1: 9–10.
- Santos X., Roca J., Pleguezuelos J.M., Donaire D., Carranza S. (2008) Biogeography and evolution of the Smooth snake *Coronella austriaca* (Serpentes: Colubridae) in the Iberian Peninsula: evidence for Messinian refuges and Pleistocene range expansions. *Amphibia-Reptilia* 29: 35–47.
- Sarasola-Puente V., Madeira M.J., Gosá A., Lizana M., Gómez-Moliner B. (2012) Population structure and genetic diversity of *Rana dalmatina* in the Iberian Peninsula. *Conservation Genetics* 13:197-209
- Schmitt T. (2007) Molecular biogeography of Europe: pleistocene cycles and postglacial trends. *Frontiers in Zoology* 4: 1–13
- Schneeweiss G.M. & Schönswetter P. (2011) A re-appraisal of nunata k survival in arctic-alpine phylogeography. *Molecular Ecology*, 20: 190–192
- Stewart J.R., Lister A.M. (2001) Cryptic northern refugia and the origins of the modern biota. *Trends in Ecology and Evolution* 16: 608–613.
- Stewart J.R., Lister A.M., Barnes I., Dalen L. (2010) Refugia revisited: individualistic responses of species in space and time. *Proceedings of the Royal Society B: Biological sciences* 277: 661–671
- Ścibior R. (2004) *Cheilotoma musciformis* (Goeze, 1777). [w:] Głowaciński Z., Nowacki J. (red) *Polska Czerwona Księga Zwierząt. Bezkręgowce*. IOP PAN, ss. 156-157
- Taberlet P., Fumagalli L., Wust-Saucy A.-G., Cossons J.-F. (1998) Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology* 7: 453–464.
- Varga Z. (2010): Extra-Mediterranean refugia, post-glacial vegetation history and area dynamics in Eastern Central Europe. – In: Habel, J. & Assmann, Th. (eds.): *Relict species: Phylogeography and Conservation Biology*. Springer-Verlag, pp. 57-87.
- Willis K.J., van Andel T.A. (2004) Trees or no trees? The environments of central and eastern Europe during the Last Glaciation. *Quaternary Science Reviews* 23: 2369–2387.
- Wróblewska A (2008) From the center to the margins of geographical range: molecular history of steppe plant *Iris aphylla* L. in Europe. *Plant Systematics & Evolution* 272:49–65
- Yurtsev BA (1982) Relics of the xerophyte vegetation of Beringia in northeastern Asia. In: Hopkins DM, Matthews Jr. JV, Schweger CE, Young SB (eds) *Paleoecology of Beringia*. Academic Press, New York, p 157-177
- Zink R., Pavlova A., Drovetski S., Rohwer S. (2008) Mitochondrial phylogeographies of five widespread Eurasian bird species. *Journal of Ornithology* 149: 399-413