

| | |
|---------------------|--|
| Numer projektu | UMO-2021/43/B/NZ9/00991 |
| Tytuł projektu | Genetyka populacyjna zespołów chrząszczy saproksylicznych w lasach chronionych i gospodarczych |
| Wykonawcy w ISEZ | prof. dr hab. Łukasz Kajtoch, dr Nermeen Amer, mgr Rama Sarvani Krovi |
| Źródło finansowania | Narodowe Centrum Nauki (OPUS) |
| Podmioty wykonujące | Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Instytut Zootechniki PIB, Instytut Badawczy Leśnictwa, Uniwersytet Wrocławski |
| Kwota na realizację | 1 999 645 PLN |
| Okres realizacji | 2022-2026 |
| Opis projektu |  <p>Zachowanie bioróżnorodności jest jednym z najważniejszych problemów współczesności, wynikającym z utraty siedlisk i zmian klimatu. Lasy są szczególnie narażone na działalność człowieka, z uwagi na ich rolę w produkcji drewna. Jednocześnie drewno jest mikrosiedliskiem, w którym żyją liczne organizmy zwane saproksylicznymi. Bakterie, grzyby i bezkręgowce odpowiadają za rozkład drewna i uwalnianie mikroelementów do gleby, zamykając w ten sposób obieg materii w lasach. Wiele organizmów saproksylicznych zależy od martwego drewna, podczas gdy inne wykorzystują drewno żywych drzew. Dostępność, jakość i ilość martwego drewna w wielu lasach jest poważnie ograniczona z powodu wymagań produkcji drewna w ramach prowadzonej gospodarki leśnej. Zmusza to wiele gatunków do zasiedlania tylko pozostałości lasów naturalnych (głównie na obszarach chronionych). Dla wielu rzadkich gatunków żyjących w drewnie może to być ostatnia okazja do tego typu badań. Inne organizmy saproksyliczne korzystają z gospodarki leśnej, a niektóre z nich mogą być nawet szkodliwe dla leśnictwa, zwłaszcza podczas masowych pojawów. Dla właściwej ochrony rzadkich i zagrożonych taksonów oraz efektywnego zarządzania gatunkami masowymi (tzw. szkodnikami) konieczne jest zrozumienie, co decyduje o żywotności i strukturze ich populacji. Dzięki opracowaniu nowoczesnych technik sekwencjonowania i genotypowania DNA możliwe jest obecnie szczegółowe badanie polimorfizmu genetycznego w celu zrozumienia czynników i procesów mikroewolucyjnych, które kształtują strukturę populacji. Dodanie cech środowiskowych do danych genetycznych (poprzez genetykę krajobrazu) umożliwi znalezienie odpowiedzi na pytanie, które cechy środowiska (np. dostępność i łączność starych lasów, ilość i jakość martwego drewna itp.) determinują polimorfizm genetyczny populacji saproksylicznych chrząszczy.</p> <p>W tym projekcie proponujemy wykorzystanie gatunków chrząszczy saproksylicznych, zarówno relikwów lasów puszczańskich, jak i taksonów pospolitych (w tym o masowych pojawach), o różnych cechach gatunkowych (takich jak relacje filogenetyczne i troficzne, specjalizacja siedliskowa i pokarmowa) w celu znalezienia odpowiedzi na następujące pytania. Najpierw zastanowimy się, jak polimorfizm genetyczny populacji chrząszczy saproksylicznych zmienia się w lasach o różnej jakości siedlisk i ilości mikrosiedlisk. Po drugie, chcemy wiedzieć, w jaki sposób czas trwania ochrony pozwala na zachowanie wysokiej zmienności genetycznej populacji chrząszczy saproksylicznych. Dzięki trzeciemu pytaniu dowiemy się, jak przestrzenne rozmieszczenie odpowiednich płatów determinuje dynamikę meta-populacji chrząszczy saproksylicznych. Następnie sprawdzimy, jak odległość do ostoi w starodrzewach zmniejsza polimorfizm genetyczny populacji chrząszczy saproksylicznych. Na koniec planujemy zbadać, w jaki jest wpływ cech takich jak specjalizacja, liczebność i filogeneza, na genetykę populacji chrząszczy saproksylicznych.</p> <p>Planujemy zebrać wybrane gatunki saproksylicznych chrząszczy z wielu stanowisk w starodrzewach, lasach chronionych i użytkowanych gospodarczo. Pobieranie próbek skoncentruje się na polskich lasach, ponieważ w tym kraju wciąż istnieją lasy puszczańskie, znane jako ostoje relikwowych gatunków chrząszczy związanych z martwym drewnem. Zgromadzone chrząszcze zostaną poddane genotypowaniu przy użyciu technologii sekwencjonowania nowej generacji i nowoczesnej bioinformatyki, co pozwoli na opis polimorfizmu molekularnego. Następnie powiążemy dane genetyczne z informacjami o warunkach środowiskowych w miejscach pobrania prób oraz z cechami gatunków.</p> <p>Wyniki proponowanego projektu będą o szerokim znaczeniu dla dziedzin genetyki krajobrazu, ekologii molekularnej lub ochrony różnorodności biologicznej, a także dla dziedzin specyficznych, takich jak entomologia i leśnictwo. Liczymy, że informacje na temat czynników środowiskowych i cech gatunkowych wpływających na polimorfizm genetyczny populacji saproksylicznych chrząszczy pobudzą naukowców do nowych pomysłów badawczych. Obszerny zbiór próbek tkanek i DNA oraz dane sekwencyjne wygenerowane w ramach projektu posłużą jako cenne źródło dla międzynarodowej społeczności badawczej w dziedzinie biologii i leśnictwa. Wiele organizmów saproksylicznych przeżywa poważny kryzys bioróżnorodności, podczas gdy inne powodują poważne problemy w leśnictwie. Aby rozwiązać powyższe problemy badawcze, udostępniemy nasze wyniki również służbom i organizacjom zajmującym się ochroną przyrody oraz administracji leśnej. Spodziewamy się, że ten projekt umożliwi odpowiednie planowanie ochrony zagrożonych taksonów i skuteczne zarządzanie gatunkami o masowych pojawach.</p> |

Publikacje:

Amer N.A., Krovi R.S., Wierzbicka A., Plewa R., Kadej M., Jaworski T., Smolis A., Oleksa A., Szmatoła T., Oczkowicz M., Kajtoch Ł. (preprint) Geography and forest naturalness as drivers of genetic diversity in saproxylic beetles. biorxiv <https://www.biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2025.11.29.691121>

Krovi R.S., Amer N.R., Oczkowicz M., Kajtoch Ł. 2025. Meta-analysis of spatial genetic patterns among European saproxylic beetles. *Biodiversity and Conservation*. 34: 1–27
<https://doi.org/10.1007/s10531-024-02940-8>

Kolasa M., Krovi R.S., Plewa R., Jaworski T., Kadej M., Smolis A., Gutowski J.M., Sućko K., Ruta R., Olbrycht T., Saluk S., Oczkowicz M., Kajtoch Ł. 2025. Host trees partially explain the complex bacterial communities of two threatened saproxylic beetles. *Insect Molecular Biology*. 34: 311-321
<https://doi.org/10.1111/imb.12973>