

Numer projektu	2021/43/B/NZ9/00991
Tytuł projektu	Genetyka populacyjna zespołów chrząszczy saproksylicznych w lasach chronionych i gospodarczych
Kierownik projektu	dr hab. Łukasz Kajtoch
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>