

<b>UMO-2011/01/B/NZ8/01491</b> <b>Chrząszcze (Curculionoidea, Chrysomeloidea) i ich rośliny żywicielskie zagrożonych siedlisk kserotermicznych: wnioskowanie o interakcjach ewolucyjnych i ekologicznych na podstawie analizy barkodów DNA</b>	
<b>Kierownik projektu:</b>	<b>dr hab. Łukasz Kajtoch (ISEZ PAN)</b> e-mail: <a href="mailto:lukasz.kajtoch@gmail.com">lukasz.kajtoch@gmail.com</a>
<b>Wykonawcy:</b>	<b>dr Daniel Kubisz (ISEZ PAN)</b> <b>dr hab. Wiesław Babik (Uniwersytet Jagielloński)</b> <b>dr Miłosz A. Mazur (Uniwersytet Opolski)</b> <b>dr Waldemar Heise (Uniwersytet Jagielloński)</b>
<b>Współpracownicy:</b>	dr hab. Dorota Lachowska-Cierlik (Uniwersytet Jagielloński) dr hab. Milada Holecová (Uniwersytet Komeńskiego, Słowacja) dr Matteo Montagna (Università degli Studi di Milano, Włochy) mgr Giulia Magoga (Università degli Studi di Milano, Włochy) dr Radosław Ścibior (Uniwersytet Nauk Przyrodniczych w Lublinie) mgr Agata Lis (ISEZ PAN)
<b>Źródło finansowania:</b>	Narodowe Centrum Nauki (Opus 1)
<b>Kwota na realizację:</b>	347 140 zł
<b>Okres realizacji:</b>	2011-2015
<b>Opis projektu:</b>	<p>Siedliska kserotermiczne (fitocenozy Festuco-Brometea) w Europie Środkowej skupiają bogate gatunkowo zespoły roślin i chrząszczy, w tym wiele rzadkich, zagrożonych i wymierających gatunków, ale jednocześnie są silnie zagrożone w efekcie przemian naturalnych (pozastrefowe występowanie) i antropogenicznych (zmiany użytkowania i izolacja płatów). Pomimo względnie szerokiej wiedzy na temat rozmieszczenia i biologii kserotermicznych gatunków, wiele aspektów ich ewolucji i ekologii zespołów jest słabo poznanych. Fakt ten silnie ogranicza możliwości ich ochrony.</p> <p>Głównymi celami omawianego projektu było utworzenie bazy barkodów oraz opisanie i zrozumienie zależności ekologicznych między roślinożernymi chrząszczami i ich roślinami żywicielskimi z zagrożonych siedlisk kserotermicznych.</p> <p>Zebrano próby z większości kserotermicznych roślin znanych w Polsce (ponad 150 gatunków) i więcej niż połowy kserotermicznych chrząszczy (59 gatunków ryjkowców i 55 stonek). Baza barkodów została opracowana dla około 85% zebranych gatunków roślin i zawiera sekwencje trzech markerów: genów rbcL i matK oraz intronu trnL (Heise i in. 2015). Chrząszcze były barkodowane z użyciem 5' końca genu COI, szeroko wykorzystywanego w badaniach taksonomicznych, filogenetycznych i ekologicznych tej grupy owadów. W drugim etapie, sekwencje wybranych barkodów (rbcL i trnL) otrzymano z DNA wyizolowanego z ciał chrząszczy. Wykorzystano dwie technologie sekwencjonowania: tradycyjną Sangera dla nie-polifagicznych chrząszczy (mono- i oligofagów) oraz nowej generacji</p>

	<p>(Illumina) dla gatunków polifagicznych. Rośliny żywicielskie zostały zidentyfikowane dla 67% nie-polifagów i wszystkich polifagów. Analizy wszystkich danych ujawniły obecność 224 powiązań między chrząszczami a roślinami (117 dla stonk i 107 dla ryjkowców). Stwierdzono, że ogólna kompozycja diety między gatunkami polifagicznymi i nie-polifagicznymi oraz między nie-polifagicznymi stonkami i ryjkowcami była istotnie różna, natomiast polifagi z obu rodzin wykorzystywały podobne gatunki roślin w zbliżonych proporcjach. Ponadto, w pewnych rodzajach chrząszczy gatunki wykazywały preferencje do tych samych lub pokrewnych roślin co wskazuje na odziedziczenie tej cechy po przodkach, natomiast w innych rodzajach chrząszcze wykorzystywały różne rośliny redukując tym samym współzawodnictwo i/lub dostosowując się do różnych chemicznych mechanizmów obronnych roślin przed owadami (Kajtoch i in. 2015). Dla niektórych wybranych chrząszczy wykazano różnice w diecie między populacjami z różnych regionów występowania (Kubisz i in. 2012, Kajtoch i in. 2013, Kajtoch 2014). Ponadto dowiedziono, że chrząszcze zbierane podczas złych warunków pogodowych (susza lub opady z zimnem) głodują, co znacznie obniża efektywność barkodingu roślin żywicielskich (Kajtoch i Mazur 2015).</p> <p>Projekt badawczy istotnie poszerzył wiedzę na temat relacji troficznych między chrząszczami a roślinami. Projekt dostarczył także bazy barkodów dla kserotermicznych roślin i chrząszczy, co może być użyteczne w różnych działaniach dotyczących bioróżnorodności, biologii konserwatorskiej i ekologii tych grup organizmów. Ponadto, identyfikacja roślin żywicielskich może być kluczowa w planowaniu akcji konserwatorskich, w tym aktywnego i efektywnego zarządzania murawami kserotermicznymi oraz przy reintrodukcji i translokacji rzadkich i zagrożonych chrząszczy.</p> <p>Projekt zakończony.</p>
<p><b>Publikacje</b></p>	<p><a href="#">Kajtoch Ł., Kubisz D., Heise W., Mazur M.A., Babik W. 2015. Plant – herbivorous beetle networks: Molecular characterization of trophic ecology within a threatened steppe environment. <i>Molecular Ecology</i>. 24: 4023–4038.</a></p> <p><a href="#">Kajtoch Ł., Mazur M.A. 2015. The impact of environmental conditions on efficiency of host plant DNA barcoding for polyphagous beetles. <i>Environmental Entomology</i>. 44: 325-329</a></p> <p><a href="#">Heise W., Babik W., Kubisz D., Kajtoch Ł. 2015. A three-marker DNA barcoding approach for ecological studies of xerothermic plants and herbivorous insects from central Europe. <i>Botanical Journal of the Linnean Society</i>. 177: 576–592</a></p> <p><a href="#">Kajtoch Ł. 2014. A DNA metabarcoding study of a polyphagous beetle dietary diversity: the utility of barcodes and sequencing techniques. <i>Folia Biologica (Krakow)</i> 62: 223-234.</a></p> <p><a href="#">Kajtoch Ł., Kubisz D., Lachowska-Cierlik D., Mazur M.A. 2013. Conservation genetics of endangered leaf-beetle <i>Cheilotoma musciformis</i> populations in Poland. <i>Journal of Insect Conservation</i> 17: 67–77.</a></p>

	<p><a href="#"><u>Kubisz D., Kajtoch Ł., Mazur M.A., Lis A., Holecová M. 2012. Conservation genetics of highly isolated populations of xerothermic <i>Crioceris quatuordecimpunctata</i> (Coleoptera: Chrysomelidae). Invertebrate Biology 131: 333-344.</u></a></p>
--	--