

AUTOREFERAT

Dr Beata Grzywacz
Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt
Polskiej Akademii Nauk

Kraków 2018

1. Imię i Nazwisko: Beata Grzywacz**2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania:**

- 20.11.2009 r.** **Doktor nauk biologicznych**
Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt
Polskiej Akademii Nauk w Krakowie
Promotor: prof. dr hab. Elżbieta Warchałowska-Śliwa
“Filogeneza pasikoników z rodzaju *Isophya* (Orthoptera, Tettigoniidae) w oparciu o dane molekularne”
- 20.05.2004 r.** **Magister biologii**
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska
Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach
Promotor: prof. dr hab. Waław Wojciechowski
“Zmienność morfologiczna *Ceratophyllus hirundinis* (Curtis, 1826)”

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych:

- listopad 2015 r. - październik 2017 r.** **stażystka (postdoc)**, Faculty of Agriculture,
University of the Ryukyus, Okinawa, Japonia
- grudzień 2009 r. - nadal** **adiunkt**, Instytut Systematyki i Ewolucji
Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, Kraków
- maj 2008 r. - listopad 2009 r.** **specjalista biolog**, Instytut Systematyki
i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk,
Kraków

4. Osiągnięcie będące podstawą ubiegania się o stopień doktora habilitowanego.

Jako osiągnięcie wynikające 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.) wskazuję cykl sześciu publikacji oryginalnych na temat:

a) tytuł osiągnięcia naukowego:

„Znaczenie zróżnicowania genetycznego w badaniach filogenetycznych i systematycznych palearktycznych pasikoników (Orthoptera, Phaneropterinae)”

b) publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego:

- 1) **Grzywacz B.**, Maryńska-Nadachowska A., Chobanov D.P., Karamysheva T., Warchałowska-Śliwa E. 2011. Comparative analysis of the location of rDNA in the Palearctic bushcricket genus *Isophya* (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae). *European Journal of Entomology* 108: 509-517.
[IF_{5-letni} = **1,118**; IF₂₀₁₁ = **1,061**; pkt MNiSW = **25**]
- 2) Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Maryńska-Nadachowska A., Karamysheva T., Heller K.-G., Lehmann A.W., Lehmann G.U.C., Chobanov D.P. 2013. Molecular and classical chromosomal techniques reveal diversity in bushcricket genera of Barbitistini (Orthoptera). *Genome* 56(11): 667-676.
[IF_{5-letni} = **1,991**; IF₂₀₁₃ = **1,668**; pkt MNiSW = **20**]
- 3) **Grzywacz B.**, Heller K.-G., Lehmann A.W., Warchałowska-Śliwa E., Lehmann G.U.C. 2014a. Chromosomal diversification in the flightless Western Mediterranean bushcricket genus *Odontura* (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae) inferred from molecular data. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* 52(2): 109-118.
[IF_{5-letni} = **1,930**; IF₂₀₁₄ = **1,677**; pkt MNiSW = **30**]
- 4) **Grzywacz B.**, Chobanov D.P., Maryńska-Nadachowska A., Karamysheva T.V., Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E. 2014b. A comparative study of genome organization and inferences for the systematics of two large bushcricket genera of the tribe Barbitistini (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae). *BMC Evolutionary Biology* 14: 48.
[IF_{5-letni} = **3,628**; IF₂₀₁₄ = **3,368**; pkt MNiSW = **30**]
- 5) Chobanov D.P., Kaya S., **Grzywacz B.**, Warchałowska-Śliwa E., Çiplak B. 2017. The Anatolio-Balkan phylogeographic fault: a snapshot from the genus *Isophya* (Orthoptera, Tettigoniidae). *Zoologica Scripta* 46: 165-179.
[IF_{5-letni} = **2,902**; IF_{2016/2017} = **2,837**; pkt MNiSW = **35**]
- 6) **Grzywacz B.**, Lehmann A.W., Chobanov D.P., Lehmann G.U.C. 2018. Multiple origin of flightlessness in Phaneropterinae bushcrickets and redefinition of the tribus Odonturini (Orthoptera: Tettigonioidea: Phaneropteridae). *Organisms Diversity & Evolution*. DOI 10.1007/s13127-018-0370-x.
[IF_{5-letni} = **3,632**; IF_{2016/2017} = **2,313**; pkt MNiSW = **40**]

Sumaryczny Impact Factor 5-letni dla wskazanego osiągnięcia: **15,201**

Sumaryczny Impact Factor według roku publikacji: **12,924**

Sumaryczna liczba punktów MNiSW: **180**

Oświadczenia wszystkich współautorów, określające indywidualny wkład każdego z nich w przygotowanie prac stanowiących powyższe osiągnięcie naukowe znajdują się w załączniku nr 5.

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

Zróżnicowanie genetyczne jest definiowane poprzez zmienność nukleotydów, genów, chromosomów lub całych genomów oraz jest szeroko stosowane we współczesnych badaniach filogenetycznych i systematycznych organizmów żywych, na równi z danymi morfologicznymi. Polimorfizm genetyczny zależy od wielu czynników między innymi od: migracji, dryfu genetycznego, doboru naturalnego, dywergencji, rekombinacji genetycznej, przestrzennej struktury środowisk i różnych typów izolacji (Avisé 2004). Poszczególne fragmenty genomowego DNA różnią się tempem mutacji, co wpływa na ich zmienność. Badania genetyczne przydatne w filogenezie można podzielić na: (i) cytogenetyczne, które opisują chromosomy i ich aberracje w genomie oraz (ii) molekularne, które analizują zmienność sekwencji nukleotydowej DNA.

Analizy cytogenetyczne mogą być stosowane jako wstępny etap badań, ponieważ nie wymagają skomplikowanych procedur laboratoryjnych, ale mogą pośrednio przyczynić się do poznania zróżnicowania genetycznego organizmów (Noor i in. 2001; Rieseberg 2001; Navarro i Barton 2003). Metody cytogenetyczne pozwalają na wykrycie (i) rearanżacji chromosomowych, które powodują zmianę liczby i/lub struktury chromosomu, np. fuzje Robertsona, inwersje oraz (ii) polimorfizmu wewnątrz chromosomów przy stabilnej ich liczbie. Stopień zróżnicowania chromosomów u gatunków w różnym stopniu kształtują procesy biologiczne typu allopatria, sympatria, specjacja skokowa (nagła), hybrydyzacja (niestabilność mejozytyczna i mitotyczna), kolonizacja (efekt założyciela), fragmentacja środowisk (np. Dion-Côté i in. 2017). Wyniki badań cytogenetycznych pozwalają na (i) wyznaczenie synapomorfii i grupy monofiletycznej, (ii) interpretację ewolucji gatunków oraz (iii) wyjaśnienie znaczenia reorganizacji chromosomów w świetle introgresji i specjacji (Navarro i Barton 2003; Brown i O'Neill 2010; Faria i Navarro 2010). Analizy cytogenetyczne (np. zróżnicowanie rozmieszczenia i ilości heterochromatyny) dostarczają informacji na temat zmienności wewnątrzgatunkowej (Britton-Davidian i in. 2012), która

powiązana może być z izolacją rozrodczą podczas specjacji (Cutter 2012). Bezpośrednie poznanie genomu poprzez mapowanie genów w ramach tzw. mapy fizycznej, którą tworzy zbiór danych na temat zróżnicowania i lokalizacji loci genów w chromosomach gatunku jest przydatne w badaniach filogenetycznych i systematycznych. Techniki cytogenetyczne można podzielić na klasyczne [barwienie heterochromatyny konstytutywnej (prążki C), identyfikacja miejsc bogatych w kumulacje par AT i GC przy zastosowaniu barwienia fluorochromami (4-6-diamidino-2-phenylindole - DAPI i chromomycyna A₃ - CMA₃), detekcja regionów organizatora jąderkowego (Ag-NOR)] i molekularne [fluorescencyjna hybrydyzacja *in situ* (FISH)].

Kolejnym typem badań jest analiza zróżnicowania fragmentów DNA, która umożliwia rekonstrukcję procesów specjacji i filogenezy oraz identyfikację taksonomiczną gatunków. Podstawą badań molekularnych jest ocena stopnia polimorfizmu homologicznych sekwencji DNA.

Najliczniejszą grupą zwierząt są owady, u których dokonano wielu interesujących odkryć dotyczących mechanizmów ewolucji i specjacji oraz systemów rozrodczych (np. Kawakami i in. 2011; Shuker i in. 2005). Wśród nich wyróżniają się owady prostoskrzydłe, które posiadają duże genomy (gigantyzm genomowy) z licznymi niefunkcjonalnymi kopiami genów, nazywanymi pseudogenami (np. Benasson i in. 2001; Hanrahan i Johnston 2011). Dodatkowo Orthoptera charakteryzują się między innymi adaptacjami do skrajnie suchych środowisk oraz bardzo rozbudowaną wokalizacją (emitują charakterystyczne dla gatunku dźwięki godowe). W obrębie tego rzędu bardzo zróżnicowaną rodziną są pasikonikowate (Tettigoniidae KRAUSS, 1902), do których należy podrodzina długoskrzydłakowych (Phaneropterinae BURMEISTER, 1838). Do Phaneropterinae zalicza się około 2500 gatunków występujących na całym świecie z wyjątkiem Antarktydy, z centrum dywersyfikacji w strefach tropikalnej i subtropikalnej (Cigliano i in. 2018), oraz wyróżniających się dużym zróżnicowaniem morfologicznym w porównaniu z innymi przedstawicielami pasikoników (Mugleston i in. 2013). Do tej pory zarówno mechanizm powstawania kompleksów faunistycznych jak i sama specjacja tych owadów są słabo poznane. Systematyka Phaneropterinae nadal nie została ujednoczona, a zdania naukowców na temat filogenezy są podzielone (Bey-Bienko 1954; Harz 1969; Gorochoy 1995; Heller 1998; Heller i in. 2014; Cigliano i in. 2018). Pierwszy przegląd systematyczny Phaneropterinae został opublikowany ponad 100 lat temu. Brunner von Wattenwyl (1891) przeprowadził rewizję tej podrodziny,

wyodrębnił wszystkie gatunki o zredukowanych skrzydłach zaliczając je do Odonturae, obecnie znanych jako Barbitistini (Jacobson 1905). Bey-Bienko (1954) w obrębie Phaneropterinae wydzielił osiem plemion m.in. Barbitistini (= Odonturini). Z kolei Harz (1969) nie wyróżnił plemion, a pozostawił jedynie rodzaje. Natomiast Gorochov (1995) podzielił przedstawicieli Phaneropterinae (*sensu* Bey-Bienko) na dwie grupy nadając im rangę podrodzin Phaneropterinae i Odonturinae.

Pasikoniki należące do Phaneropterinae (Cigliano i in. 2018) są zwykle uskrzydłone i posiadają zdolność latania. Jednak w zachodniej Palearktyce większość z nich ma zredukowane skrzydła i utraciła możliwość latania (Bey-Bienko 1965; Harz 1969). Wtórna utrata skrzydeł (brachypteryzm) u owadów jest powszechna, mimo że posiadanie skrzydeł i umiejętność latania to wspólna cecha wyższych owadów. Redukcja skrzydeł prawdopodobnie zachodziła wiele razy u Phaneropterinae (Naskrecki i Bazelet 2011). Pomimo ponad 100 lat badań systematyka tej podrodziny dalej jest niejasna, co utrudnia analizę ewolucyjnych wzorców brachypteryzmu. Około 400 gatunków Phaneropterinae, które utraciły zdolność latania zostało zaklasyfikowanych do plemion Brabitistini JACOBSON, 1905 i Odonturini BRUNNER VON WATTENWYL, 1878 (Cigliano i in. 2018). Formy krótkoskrzydłe występują w kilku ograniczonych regionach świata i wszystkie przejawiają uderzające podobieństwo morfologiczne. Barbitistini obejmuje ponad 300 endemicznych gatunków występujących głównie we wschodnim rejonie obszaru śródziemnomorskiego oraz regionie Pontyjskim. Z kolei przedstawiciele Odonturini znajdują się w zachodniej części śródziemnomorza, Afryce Wschodniej i Południowej oraz Ameryce Centralnej i Południowej.

Barbitistini charakteryzują się stabilną liczbą chromosomów ($2n♂ = 31$), z wyjątkiem trzech gatunków *Leptophyes* FIEBER, 1853 ($2n♂ = 29$) oraz modalnym, charakterystycznym dla tej grupy owadów typem determinacji płci $X0♂/XX♀$ (Warchałowska-Śliwa 1998). W obrębie plemienia wyróżniono grupę wysoko wyspecjalizowanych taksonów, które należą do rodzajów: *Ancistrura* UVAROV, 1921, *Barbitistes* CHARPENTIER, 1825, *Isophya* BRUNNER VON WATTENWYL, 1878, *Metaplastes* RAMME, 1939, *Parapoecilimon* KARABAG, 1975, *Phonochorion* UVAROV, 1916, *Poecilimon* FISCHER, 1853 i *Polysarcus* FIEBER, 1853. Natomiast pasikoniki o długich nogach np. *Leptophyes* i *Andreiniimon* CAPRA, 1937 różnią się od typowych Barbitistini. Wśród rodzajów najliczniejszych w taksony, tj. *Isophya* i *Poecilimon* występują gatunki bardzo podobne do siebie pod względem morfologicznym, a ich pozycja taksonomiczna wymaga dokładnego rozpoznania. W rodzaju *Isophya*

wyróżniono wiele gatunków bliźniaczych, co stanowi interesujący obiekt badań nad specją i pokrewieństwem gatunków kryptycznych.

Odonturini są bardzo słabo poznaną grupą owadów, co wynika także z ich niewielkiego zróżnicowania morfologicznego i niewielu danych genetycznych. Rodzaj *Odontura* RAMBUR, 1838 obejmuje 17 taksonów rozmieszczonych w strefie śródziemnomorskiej oraz Afryce Północnej. W obrębie *Odontura* zachodziła intensywna ewolucja związana ze zróżnicowaniem zarówno liczby chromosomów ($2n_{\text{♂}} = 27-31$) jak i typu determinacji płci (X0, neo-XY, neo- X_1X_2Y). Impulsem do poszerzenia badań tego plemienia o dodatkowe metody genetyczne, były wyniki wcześniejszych analiz, które wykazały że kariotypy *Odontura* różnią się znacznie od palearktycznych przedstawicieli Barbitistini (Warchałowska i in. 2011).

Pierwsze badania genetyczne Phaneropterinae opierały się na klasycznych analizach cytogenetycznych, dzięki którym poznano kariotypy ponad 150 gatunków i podgatunków (m.in. Alicata i in. 1974; Ferreira 1969, 1976, 1977; Ferreira i Mesa 2007; Messina i in. 1975; Warchałowska-Śliwa 1998; Warchałowska-Śliwa i Maryńska-Nadachowska 1992; Warchałowska-Śliwa i Bugrov 1998; Warchałowska-Śliwa i Heller 1998; Warchałowska-Śliwa i in. 1995, 1996, 2000, 2008, 2009). Wśród pasikoników występują gatunki, które wyróżniają się odmienną od modalnej/ancestralnej liczbą chromosomów i charakteryzują się rzadko obserwowaną zmiennością kariotypów u prostoskrzydłych. W ostatnich latach podjęto próbę uzupełnienia stanu wiedzy o zróżnicowaniu genetycznym i pokrewieństwie wewnątrz podrodziny Phaneropterinae poprzez wprowadzenie dodatkowych metod genetycznych, fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH) i sekwencjonowania DNA (Grzywacz i in. 2011, 2014a,b, 2018; Warchałowska-Śliwa i in. 2013; Chobanov i in. 2017).

Analizy cytogenetyczne owadów prostoskrzydłych były przedmiotem wieloletnich badań prowadzonych w Zakładzie Bioróżnorodności Molekularnej (dawna nazwa Zakład Zoologii Doświadczalnej) Instytutu Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk (ISEZ PAN). Moje zainteresowanie metodami genetycznymi sięgają studiów doktoranckich kiedy to zafascynowały mnie owady z tej grupy. Zapoczątkowane podczas doktoratu badania filogenetyczne rodzaju *Isophya* (Phaneropterinae) kontynuowałam także po uzyskaniu stopnia doktora nauk biologicznych. Owady z podrodziny Phaneropterinae były stosunkowo słabo poznane: wątpliwości budziły powszechnie uznawane relacje pokrewieństwa zwłaszcza w obrębie Barbitistini i Odonturini, które ustalone często były tylko na podstawie cech

morfologicznych. Moja praca koncentruje się głównie wokół zagadnień dotyczących zróżnicowania genetycznego u owadów. Publikacje składające się na osiągnięcie habilitacyjne prezentują pierwsze badania z wykorzystaniem techniki FISH i sekwencjonowania kilku fragmentów DNA u wybranych rodzajów należących do Phaneropterinae (np. *Isophya* i *Odontura*). Wskazałam na możliwość wykorzystania niektórych cech genetycznych do analizy i identyfikacji wybranych taksonów Phaneropterinae. Zastosowanie powyższych narzędzi pozwala na poszerzenie wiedzy na temat genomów poszczególnych gatunków i zmian obserwowanych w ich obrębie, a także szersze podejście do zagadnień systematyki i taksonomii, szczególnie w grupie pasikoników o małej zmienności morfologicznej. W związku z tym tematem przewodnim badań stanowiących przedmiot dorobku habilitacyjnego jest zróżnicowanie genetyczne wybranych palearktycznych pasikoników z plemion Barbitistini i Odonturini na tle innych przedstawicieli Phaneropterinae.

Cykl sześciu publikacji stanowiący osiągnięcie habilitacyjne, powstał przy współpracy międzynarodowego zespołu naukowców, który stanowią wzajemnie uzupełniający się specjaliści: prof. Dragan Chobanov (Institute of Biodiversity and Ecosystem Research, Bulgarian Academy of Sciences) z Bułgarii – specjalista od systematyki i bioakustyki; dr Klaus-Gerhard Heller, dr Arne Lehmann i prof. Gerlind Lehmann (Humboldt University Berlin) z Niemiec – specjaliści od systematyki i bioakustyki; prof. Elżbieta Warchałowska-Śliwa (ISEZ PAN) i prof. Anna Maryńska-Nadachowska (ISEZ PAN) z Polski – specjalistki od cytogenetyki; dr Tatyana Karamysheva (Institute of Cytology and Genetics of the Siberian Branch, Russian Academy of Sciences) z Rosji – cytogenetyk; prof. Battal Çiplak (Akdeniz University) z Turcji – systematyk i genetyk. Nasz zespół od wielu lat zajmuje się badaniami pokrewieństwa u owadów prostoskrzydłych na poziomie molekularnym, cytogenetycznym, morfologicznym i bioakustycznym. Wyniki naszych analiz są lub zostaną wykorzystane do rewizji kilku grup owadów. Moja długoletnia współpraca z tym zespołem potwierdzona jest licznymi publikacjami w czasopismach z bazy Journal Citation Reports.

Celem publikacji przedstawionych jako osiągnięcie naukowe było: (i) poznanie struktury genetycznej wybranych gatunków pasikoników należących do podrodziny Phaneropterinae za pomocą różnych markerów genetycznych; (ii) wykazanie, że plemię Barbitistini jest odrębne genetycznie od plemienia Odonturini; (iii) wyznaczenie poziomu zmienności genetycznej w rodzajach *Isophya* i *Poecilimon*.

Materiał wykorzystany w badaniach pochodził z Bałkanów (Bułgaria i Rumunia), Półwyspu Iberyjskiego (Portugalia i Hiszpania) i innych regionów Europy (Grecja, Macedonia, Niemcy, Polska, Serbia, europejska część Turcji, Włochy). Zebrany materiał posłużył do izolacji, amplifikacji i sekwencjonowania DNA. Na wybór genów wpływ miały dostępne dane literaturowe dla owadów prostoskrzydłych. Wyselekcjonowane przeze mnie geny określały polimorfizm genetyczny u Orthoptera oraz były przydatne w testowanie hipotez filogenetycznych i stosowane w licznych badaniach tej grupy owadów (np. Ullrich i in. 2010; Mugleston i in. 2013; Zhang i in. 2013; Song i in. 2015). Moje badania skupiały się także na poszukiwaniu najlepszych markerów do analizy zróżnicowania molekularnego Phaneropterinae. Wykorzystano fragmenty genów mitochondrialnych [np. podjednostkę I oksydazy cytochromowej c (COI), dehydrogenazę NADH (geny ND1 lub ND2)] i/lub fragmenty genów jądrowych [histon 3 (H3) i małą podjednostkę RNA (18S)] oraz niekodujące fragmenty ITS1 i ITS2. Uzyskane sekwencje DNA użyto do rekonstrukcji drzew filogenetycznych. Analiza topologii dendrogramów pozwoliła wyznaczyć stopień zróżnicowania badanych gatunków oraz pokrewieństwo między nimi. Ponadto użyto metody fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH), która polega na identyfikacji określonej sekwencji w chromosomach w badanym materiale przy użyciu swoistej sondy oligonukleotydowej znakowanej fluorescencyjnie. W prezentowanych pracach zastosowano sondę na bazie sekwencji kodujących rybosomalne RNA (gen 18S) i niekodujących telomerowych (tDNA). Zastosowałam w badaniach różne markery genetyczne (molekularne i cytogenetyczne) aby zweryfikować istniejący stan wiedzy na temat Orthoptera oraz uzupełnić go o nowe elementy. Zdecydowana większość prac laboratoryjnych i części ogólnych koncepcji badań naukowych wykonana została przez habilitantkę.

Omówienie uzyskanych wyników

Pierwszy etap badań (**Grzywacz i in. 2011**) obejmował mapowanie cytogenetyczne rodzaju *Isophya*, który był kontynuacją analiz prowadzonych podczas doktoratu. Wcześniejsze badania wykazały pewną niezgodność pomiędzy lokalizacją sygnałów NOR i rDNA. Nie można było jednoznacznie określić czy uzyskane wyniki nie są artefaktem związanym z przestrzennym lub czasowym zróżnicowaniem lokalizacji sygnałów rDNA.

Wykryto dwa (rzadko jeden) do pięciu sygnałów rDNA na autosomach i sporadycznie na chromosomie płciowym (X). W większości gatunków *Isophya* sygnał rDNA występował blisko centromeru z wyjątkiem *I. rectipennis* BRUNNER VON WATTENWYL, 1878, w którym sygnał położony był dystalnie. Prawdopodobnie u tego gatunku doszło do niewielkiego przegrupowania na dwóch parach długich chromosomów w wyniku paracentromerycznej inwersji, która zmieniła pozycję loci genu rDNA. W niektórych gatunkach sygnał rDNA znajdował się na długiej lub krótkiej parze autosomów, a jego wielkość różniła się pomiędzy homologicznymi ramionami. Wyodrębniono trzy specyficzne grupy w oparciu o zróżnicowanie liczby i lokalizacji sygnałów rDNA. Taksony należące do I grupy zwykle charakteryzowały się sygnałami rDNA obserwowanymi na dwóch długich biwalentach podczas diplotenu/diakinezy (czyli dwóch parach chromosomów w podziałach mitotycznych). W niektórych populacjach lub osobnikach *I. bureschi* PESHEV, 1959 wykryto sygnał rDNA na jednym biwalencie. W grupie II sygnały występowały na długiej i krótkiej parze chromosomów zawsze blisko centromeru. Grupa III posiadała sygnał na trzech lub czterech biwalentach blisko centromeru, wyjątkowo u *I. rhodopensis* RAMME, 1951 i *I. rhodopensis/leonorae* na trzech do pięciu lub dwóch do pięciu. Występowanie sygnału rDNA na długiej parze chromosomów u wszystkich gatunków *Isophya* jest prawdopodobnie cechą plezjomorficzną. Lokalizacja sygnału rDNA wykazała korelację położenia z opisanym heterochromatynowym prążkiem C na tych samych parach chromosomów. Gatunki *Isophya* wykazują niezwykle wysoką liczbę regionów organizatora jąderka na chromosomach w porównaniu z innymi analizowanymi do tej pory przedstawicielami rodziny pasikonikowatych. Wzorzec NOR z wyraźnie zaznaczonym wzrostem liczby badanych regionów na autosomach i/lub zróżnicowaniem rozmieszczenia tych regionów na chromosomach u kilku gatunków *Isophya* jest wynikiem nieznanymi rearanżacji chromosomowych. Polimorfizm lokalizacji sygnałów rDNA i regionów NOR mogą wyjaśnić różne mechanizmy, np. translokacje, inwersje lub transpozycje powtórzeń rDNA do nowych lokalizacji. W większości przypadków sygnały FISH pokrywały się z lokalizacją organizatora jąderka (NOR). Sygnały telomerowego DNA wykazały zróżnicowanie u większości gatunków. Nie wszystkie sygnały rDNA wykryte przy użyciu metody FISH są aktywne podczas mejozy, a lokalizacja regionów NOR jest tylko częściowo zgodna z wcześniejszymi wynikami (Warchałowska i in. 2008). **Wskazano, że zróżnicowanie liczby i lokalizacji**

sygnałów rDNA i NOR w stabilnym kariotypie tego rodzaju może zostać wykorzystane w rozważaniach filogenetycznych i stać się uzupełnieniem współczesnej systematyki.

W drugiej pracy (Grzywacz i in. 2014b) kontynuowano badania nad *Isophya* oraz dodatkowo włączono *Poecilimon* FISCHER, 1853. Obydwa rodzaje należą do plemienia Barbitistini i stanowią prawdopodobnie jedną z najbardziej skomplikowanych taksonomicznie grup palearktycznych przedstawicieli rodziny pasikonikowatych. Zbadano 40 taksonów *Isophya* (włączając dla porównania 21 gatunków/podgatunków wcześniej analizowanych w omówionej wyżej pracy Grzywacz i in. 2011) i 39 gatunków/podgatunków *Poecilimon*. Wykorzystano metody cytogenetyki klasycznej (prążki C, fluorochromy, NOR) oraz molekularnej (FISH z sondą 18S rDNA i tDNA). Stwierdzono tendencje do zmiany morfologii chromosomu płciowego z akrocentrycznego - jednoramiennego (typowego dla większości przedstawicieli tego plemienia) w subacro- lub submetacentryczny - dwuramienny u *Isophya* oraz zróżnicowanie ilości i lokalizacji sygnałów 18S rDNA pomiędzy rodzajami. Analizowane gatunki w obrębie rodzajów w oparciu o lokalizację sygnałów rDNA w chromosomach utworzyły grupy, które częściowo pokryły się z grupowaniem na podstawie cech morfologicznych (potwierdzenie wcześniejszych wyników). U gatunków *Poecilimon* sygnał rDNA zlokalizowano na jednej (50% analizowanych gatunków), dwóch (45% analizowanych gatunków) lub czterech (5% analizowanych gatunków) parach chromosomów. Natomiast u *Isophya* potwierdzono obecność sygnałów rDNA na dwóch do pięciu parach chromosomów. Lokalizacja sygnału rDNA na jednej lub dwóch parach chromosomów u większości gatunków rodzaju *Isophya* i *Poecilimon* utrudnia identyfikację ich przodków (gatunków ancestralnych). Stwierdzono występowanie większej liczby powtarzalnych sekwencji DNA w obrębie większości par chromosomów *Poecilimon* niż pokazywały wzory prążków heterochromatyny u *Isophya*. Wszystkie analizowane gatunki posiadały ancestralną dla Tettigoniidae diploidalną liczbę chromosomów ($2n^{\text{♂}} = 31$, $2n^{\text{♀}} = 32$), dlatego zróżnicowanie liczby i lokalizacji sygnałów rDNA jest prawdopodobnie wynikiem transpozycji z udziałem ruchomych elementów lub rekombinacji ektopowej. W obydwu rodzajach sygnały rDNA zwykle zlokalizowane zostały w paracentromerycznym regionie autosomów, rzadziej na chromosomie płciowym. Wyniki prezentują zgodność pomiędzy lokalizacją rDNA oraz NOR i bogatymi w GC regionami heterochromatyny, co wskazuje na obecność wielu powtarzających się sekwencji DNA. Niektóre gatunki należące do obydwu rodzajów charakteryzowały się zróżnicowaniem intensywności sygnałów rDNA na

homologicznych chromosomach kilku par autosomów, a także heteromorfizmem we wzorze prążkowym heterochromatyny. Taki polimorfizm może być wynikiem działania różnych mechanizmów, np. duplikacji tandemowej genów rybosomalnych, nierównego crossing-over podczas mejozy, translokacji lub homologicznych rekombinacji. ***Isophya* posiada bardziej skomplikowany wzór rozmieszczenia sygnałów rDNA i heterochromatyny niż *Poecilimon*.** Sygnały rDNA zlokalizowane na dwóch parach chromosomów u większości taksonów są charakterystyczne dla prymitywnych linii ewolucyjnych, np. *I. hospodar* (SAUSSURE, 1898), *I. straubei* (FIEBER, 1853) i *I. rectipennis*. Z kolei sygnały rDNA na trzech do pięciu par chromosomów wykryto u taksonów, które powstały niedawno i/lub w populacjach, w których prawdopodobnie doszło do zjawiska hybrydyzacji przez wtórny ich kontakt. Drugi opisany przypadek dotyczy grupy gatunków *I. modesta* (FRIVALDSZKY, 1868), szczególnie kompleksu *I. rhodopensis*, reprezentującego kilka podgatunków występujących na dużym obszarze wtórnego kontaktu pomiędzy wcześniej izolowanymi populacjami. Obserwowane zróżnicowanie liczby sygnałów rDNA pomiędzy populacjami połączone jest prawdopodobnie z trwającą specjacją i hybrydyzacją w strefach wtórnego kontaktu. Transpozycje i rekombinacje lub alternatywnie okazjonalna utrata sygnałów rDNA mogła występować często w różnych liniach ewolucyjnych *Isophya* i rzadko u *Poecilimon*. Uzyskane wyniki analizowano w połączeniu z danymi systematycznymi i filogenetycznymi. **Potwierdzono użyteczność mapowania rDNA i rozmieszczenia heterochromatyny jako dodatkowych markerów dla lepszego zrozumienia pokrewieństw i mechanizmów specjacji w obrębie Barbitistini.**

W związku z wykrytym zróżnicowaniem genetycznym na poziomie cytogenetycznym w rodzaju *Isophya* istotne było włączenie badań molekularnych w celu weryfikacji uzyskanych wyników. W trzeciej pracy (Chobanov i in. 2017) testowano zmienność genetyczną *Isophya* na poziomie gatunku/podgatunku przy użyciu markerów DNA. W przeszłości przedstawiciele morfologiczno-akustycznych grup gatunków *Isophya* występowali po obu stronach cieśnin Dardanele i Bosfor. Przetestowano jak procesy geologiczne zachodzące w obydwu cieśninach wpłynęły na ewolucję, specjację i filogeografię tego rodzaju. Zbadano 21 taksonów rozpoznanych w oparciu o cechy morfologiczne i/lub bioakustyczne. Jako grupę zewnętrzną do badań włączono pięć gatunków należących do dwóch innych rodzajów (*Poecilimon*, *Leptophyes*) blisko spokrewnionych z *Isophya*. Analizy filogenetyczne przeprowadzono w oparciu o dwa zestawy danych. Pierwsza grupa

obejmowała sekwencje genów mtDNA (COI, ND2), a druga sekwencje ITS1 i ITS2. Wcześniejsze badania morfologiczne i bioakustyczne sugerowały, że skomplikowana ewolucja *Isophya* może być powiązana z ewolucją morfo-akustyczną kilku odrębnych linii w korelacji z położeniem geograficznym (Chobanov i in. 2013). Wyniki analiz molekularnych nie potwierdziły tej hipotezy, ani koncepcji wyróżnionych wcześniej grup morfologicznych. **Uzyskane rezultaty badań sugerują różny przebieg ewolucji dla markerów mitochondrialnych i jądrowych.** Analiza fragmentów mtDNA potwierdziła monofiletyczność dwóch grup morfologicznych *I. straubei* i *I. zernovi* MIRAM, 1938, ale nie pozostałych *I. modesta*, *I. speciosa* (FRIVALDSZKY, 1868), *I. rectipennis*. Podobne rozbieżności wykryto w przypadku rDNA. Datowane drzewo filogenetyczne umożliwiło odtworzenie historii ewolucyjnej badanego rodzaju. **Radiacja rodzaju miała miejsce ok. 8,28 milionów lat temu.** Datowanie molekularne umożliwiło identyfikację trzech głównych i znaczących epizodów geologicznych w ewolucji *Isophya*: (i) pierwsze zdarzenie (między 7,32 do 5,84 milionów lat temu) powiązane było z kryzysem masyńskim, podczas którego na skutek ocieplenia klimatu Morze Śródziemne prawie całkowicie wyschło, a także z występowaniem lądowego mostu między Anatolią i Bałkanami, który istniał do późnego pliocenu; (ii) drugi epizod (między 2,56 do 2,18 milionów lat temu) miał miejsce na początku plejstocenu w czasie, kiedy Morze Śródziemne i Morze Czarne były ponownie połączone; (iii) ostatni epizod (między 1 do 0,34 milionów lat temu) miał miejsce u schyłku środkowego plejstocenu, gdy występowały oscylacje temperatury i zlodowacenia oraz kiedy zniknęła cieśnina Sakarya-Karasu oddzielająca Anatolię od Bałkanów.

Główną przyczyną specjacji rodzaju *Isophya* na terenach Anatolii i Bałkanów były prawdopodobnie epizody powiązane z tworzeniem lądowych mostów lub cieśnin łączących morza. Okres połączenia lądów sprzyjał rozprzestrzenianiu się gatunków, natomiast okres izolacji lądów prowadził do dywergencji izolowanych populacji. Od momentu pojawienia się wspólnego przodka podczas Tortonu (miocen, kenozoik), obserwowano trzy fazy związane z pojawieniem się i zanikaniem bariery w postaci cieśnin. Wymiana osobników pomiędzy częściowo zróżnicowanymi populacjami mogła doprowadzić do powstania strefy hybrydyzacji, wąskiego gardła lub demograficznej ekspansji populacji. Spośród wszystkich przebadanych taksonów, obecnie żaden nie występuje po obydwu stronach cieśniny. **Uzyskane wyniki potwierdziły istotne znaczenie systemu cieśnin łączących Morze Czarne i Morze Śródziemne, jako barier dla wymiany genów między Anatolią**

a Bałkanami. Linie filogenetyczne gatunków zostały oddzielone przez system cieśnin prawdopodobnie co najmniej pół miliona lat temu. Ta hipoteza znajduje potwierdzenie w badaniach różnych zwierząt: pasikoników (Kaya i in. 2013; Çiplak i in. 2015), świerszczy (Allegrucci i in. 2011), traszek (Wielstra i in. 2013), jaszczurek (Ahmadzadeh i in. 2013) i wiewiórek (Gündüz i in. 2007). Wspólna historia tektoniczna Anatolii i Bałkanów jest odzwierciedlona w historii ewolucyjnej ich lądowej fauny. Cieśniny tureckie odegrały główną rolę w tej współzależności i są głównym czynnikiem do zapewnienia kolejnej ścieżki i bariery dla lądowych organizmów. Przeprowadzone badania udowodniły, że rodzaj *Isophya* jest interesującym modelem w analizach filogeograficznych obszaru Anatolii i Bałkanów oraz dostarczyły podstaw dla przyszłych badań/hipotez opartych na dokładnych danych dotyczących ewolucyjnych wzorców fauny w tym szybko rozwijającym się obszarze tektonicznym.

Problematyka, którą poruszono w trzech przedstawionych wyżej publikacjach naukowych (Grzywacz i in. 2011, 2014b; Chobanov i in. 2017) była impulsem do zbadania zmienności genetycznej w obrębie plemienia, do którego należą rodzaje *Isophya* i *Poecilimon* oraz innych przedstawicieli Phaneropterinae. Dlatego następny etap badań obejmował analizę pokrewieństw pomiędzy gatunkami pasikoników należącymi do plemion Barbitistini i Odonturini.

W pracy Warchałowska-Śliwa i in. (2013) przeprowadzono fizyczne mapowanie chromosomów 17 gatunków należących do ośmiu rodzajów Barbitistini przy użyciu klasycznych (prażki C, fluorochromy i NOR) i molekularnych (FISH: rDNA i tDNA) metod cytogenetycznych. Lokalizacja regionów NOR i sygnałów rDNA wykazała zgodność w kariotypach Barbitistini. Zmapowane sekwencje 18S rDNA na pojedynczym biwalencie wydają się być typową cytogenetyczną cechą dla przedstawicieli trzech rodzajów należących do tego plemienia. W rodzaju *Leptophyes* zlokalizowano jeden sygnał rDNA u gatunków o różnej liczbie chromosomów. Potwierdzono bliskie pokrewieństwo *L. albovittata* (KOLLAR, 1833) i *L. boscii* FIEBER, 1853 w oparciu o detekcję sygnału sondy rDNA w paracentromerycznym regionie średniej wielkości chromosomu u obydwu gatunków podobnych do siebie pod względem cech morfologicznych i bioakustycznych. W dwóch gatunkach rodzaju *Metaplastes* i *Parapoecilimon antalyaensis* KARABAG, 1975 (reprezentującym monotypowy rodzaj, blisko spokrewniony z *Poecilimon*) zlokalizowano loci rDNA odpowiednio na długim lub krótkim chromosomie. Obecność pojedynczego sygnału

FISH obserwowanego w paracentromerycznym regionie na autosomach, bardzo rzadko na chromosomie płciowym występuje również u innych przedstawicieli Phaneropterinae, które różniły się liczbą chromosomów, np. europejskie gatunki *Odontura* ($2n^{\sigma} = 27-31$; Warchałowska-Śliwa i in. 2011), ale także Saginae i Bradyporinae ($2n^{\sigma} = 23, 27, 29$; Warchałowska-Śliwa i in. 2009, 2013). Dodatkowo detekcja jednego regionu NOR (na jednej parze chromosomów/biwalencji) jest prawdopodobnie typową cechą cytogenetyczną powiązaną z ancestralną liczbą chromosomów u reprezentantów podrodziny Tettigoniinae (Warchałowska-Śliwa i in. 2005). Dwa sygnały rDNA wykryto na różnych parach chromosomów w regionach paracentromerycznych lub dystalnych u gatunków należących do monotypowych rodzajów *Ancistrura* i *Andreiniimon*. Natomiast u *Phonochorion* i *Polysarcus* (wewnątrzgatunkowy polimorfizm) zlokalizowano odpowiednio trzy do czterech lub trzy do pięciu sygnałów rDNA. W *Barbitistes* stwierdzono różnice na poziomie wewnątrz- i międzygatunkowym włączając liczbę (od jednego do czterech) i/lub lokalizację (region paracentromeryczny lub dystalny) sygnałów rDNA. W oparciu o wysoki genetyczny polimorfizm stwierdzono, że w tej grupie gatunków trwa nadal proces strukturalnej stabilizacji podczas specjacji.

Zaobserwowano zróżnicowanie liczby i lokalizacji sygnałów rDNA zarówno wewnątrz gatunków jak i między gatunkami w plemienu Barbitistini. Zmienność ta może być spowodowana różnymi mechanizmami takim jak strukturalne rearanżacje chromosomów, rekombinacje, translokacje lub inwersje i transpozycje niektórych sekwencji rDNA w tym samym lub na różnych chromosomach. Niektóre przegrupowania, np. translokacje lub inwersje prawdopodobnie spowodowały zmianę w lokalizacji rDNA z paracentromerycznej na dystalną w autosomach oraz w chromosomie płciowym (X) u wybranych gatunków. Sygnały telomerowego DNA potwierdziły wcześniejsze wyniki uzyskane dla kilku innych Orthoptera. W niektórych przypadkach wykryto różnice w intensywności sygnału tDNA między gatunkami, co może świadczyć o obecności różnej liczby powtórzeń telomerowych. Podobne różnice zostały opisane we wcześniejszej pracy dotyczącej *Isophya* (Grzywacz i in. 2011). Stwierdzono również brak sygnałów w niektórych chromosomach, który może być przyczyną małej liczby kopii telomerowych powtórzeń. **Przeprowadzone badania po raz pierwszy wykazały znaczny polimorfizm w obrębie heterochromatyny u niektórych gatunków Barbitistini. W porównaniu z wcześniej opublikowanymi danymi zaobserwowano inny typ chromosomów dodatkowych**

w kariotypie (chromosom B), jednak w chwili obecnej nie można wyjaśnić ich pochodzenia. Wykazano, że rozkład rDNA/NOR i skład heterochromatyny chromosomu są dobrymi markerami cytogenetycznymi do rozróżniania gatunków i linii filogenetycznych oraz wyjaśnienia zróżnicowania genomowego i ewolucji plemienia *Barbitistini*.

W następnej pracy (Grzywacz i in. 2014a) zaprezentowano wyniki badań genetycznych i bioakustycznych pięciu taksonów *Odontura* z Półwyspu Iberyjskiego i Sycylii oraz tropikalnego gatunku *Cohnia andeana* (HEBARD, 1924) z Ekwadoru. W celu wyjaśnienia relacji pokrewieństwa między gatunkami *Odontura* i ich pozycji taksonomicznej przeprowadziłam sekwencjonowanie dwóch genów mitochondrialnych (COI, ND1) oraz ITS2. Taksony należące do *Odontura* porównano z innymi przedstawicielami europejskich Phaneropterinae. Włączono również analizy bioakustyczne: komunikacja głosowa stanowi istotną cechę diagnostyczną w badaniach tej podrodziny. **Wyniki badań potwierdziły monofiletyczność rodzaju *Odontura* i status zróżnicowanych morfologicznie podrodzajów *Odontura* RAMBUR, 1838 i *Odonturella* BOLÍVAR, 1900.** Wzór dźwięków wydawanych przez samców *Odontura* był bardziej złożony niż u gatunków *Odonturella*. Ten podział jest skorelowany z biogeografią, ponieważ przedstawiciele *Odonturella* występują na Półwyspie Iberyjskim, a *Odontura* w regionie zachodnio śródziemnomorskim. Zróżnicowanie cytogenetyczne wykryte wśród niektórych sycylijskich gatunków *Odontura stenoxypa* (FIEBER, 1853) (Alicata i in. 1974) doprowadziło do wyodrębnienia drugiego gatunku *O. arcuata* MESSINA, 1981. Jednak dystans genetyczny pomiędzy *O. stenoxypa* i *O. arcuata* był znacznie niższy niż heterogeniczność pomiędzy osobnikami innych taksonów *Odontura*. Obydwa gatunki charakteryzowały się takim samym systemem komunikacji dźwiękowej. Zaobserwowano, że samica mogła kopulować z samcami obydwu gatunków, ponieważ nie wykryto barier akustycznych zapobiegających hybrydyzacji. Samiec *O. stenoxypa* mógł „zaplemnić” samicę *O. arcuata*, ponieważ ich zaloty godowe nie różnią się znacząco w obrębie taksonów. W związku z ich identyczną morfologią, podobnymi cechami bioakustycznymi i brakiem barier przy krzyżowaniu **po raz pierwszy zaproponowano, że obydwa taksony powinny być traktowane jako podgatunki *Odontura (Odontura) stenoxypa stenoxypa* (FIEBER, 1853) i *O. (O.) s. arcuata* MESSINA, 1981.** Nie wykryto bliskiego pokrewieństwa *Odontura* z europejskimi przedstawicielami Phaneropterinae o długich skrzydłach (np. *Acrometopa* FIEBER, 1853, *Phaneroptera* SERVILLE, 1831 i *Tylopsis*

FIEBER, 1853). W odniesieniu do wszystkich innych Phaneropterinae *Odontura* może pochodzić od nieznanego dotąd przodka, prawdopodobnie wywodzącego się z Afryki. Przeprowadzone analizy są pierwszym etapem badań wyjaśniających filogenezę Phaneropterinae, włączając w to interpretację ewolucji chromosomów.

W ostatniej publikacji (**Grzywacz i in. 2018**) przedstawiono wyniki badań genetycznych przeprowadzonych dla 42 gatunków o krótkich skrzydłach i wszystkich europejskich przedstawicieli o długich skrzydłach z podrodziny Phaneropterinae. Wykorzystano trzy markery DNA: histon 3 (H3), małą podjednostkę RNA (18S) i niekodujący fragment ITS2. Analiza powiązań filogenetycznych w plemienu Odonturini wykazała molekularne podstawy do wyróżnienia dwóch wyraźnie odmiennych genetycznie linii w obrębie pasikoników z krótkimi skrzydłami. Redukcja skrzydeł u gatunków należących do *Odontura* i *Cohnia* BUZZETTI, FONTANA & CAROTTI, 2010 prawdopodobnie ewoluowała niezależnie, ponieważ obydwie rodzaje występują na różnych kontynentach. **Efektom przeprowadzonych przeze mnie badań molekularnych Odonturini jest propozycja nowego podziału taksonomicznego.** W oparciu o uzyskane wyniki stwierdzono konieczność ograniczenia Odonturini do przedstawicieli *Odontura* występujących w zachodniej Palearktyce. Natomiast pozostałe rodzaje krótkoskrzydłych owadów z Ameryki, Afryki i Papui-Nowej Gwinei wyłączone z plemienia i wskazano jako *incertae sedis*, dopóki ich pozycja filogenetyczna nie zostanie wyjaśniona. Najbliżsi krewni Odonturini są nadal nieznanymi, prawdopodobnie trzeba ich szukać wśród gatunków afrykańskich. **Taksony należące do Barbitistini tworzą grupę monofiletyczną.** Podobnie jak w przypadku Odonturini, najbliżsi krewni Barbitistini nie są znani; prawdopodobnie pochodzą od pasikoników o długich skrzydłach, które występowały w refugium we wschodniej części Morza Śródziemnego.

Pełny rozwój skrzydeł to cecha plezjomorficzna u Phaneropterinae. Europejskie gatunki o długich skrzydłach nie są blisko spokrewnione ze sobą, co jest zgodne z tradycyjnym systemem taksonomicznym, w którym *Acrometopa*, *Ducetia* STAL, 1874, *Phanoptera* i *Tylopsis* należą do różnych plemion (Cigliano i in. 2018). Prawdopodobnie żaden z rodzajów obejmujących długoskrzydłe formy pasikoników w regionie Morza Śródziemnego nie jest blisko spokrewniony z krótkoskrzydłymi owadami Odonturini lub/i Barbitistini.

Otrzymane wyniki wskazały, że redukcja skrzydeł i utrata zdolności do lotu u gatunków należących do Phaneropterinae nastąpiła prawdopodobnie wielokrotnie. Zgodnie z dotychczasowymi wynikami badań brachypteryzm występuje u pasikoników żyjących głównie w górach, a jego potencjalną przyczyną jest oszczędzanie energii przy niższych temperaturach lub unikanie rozproszenia na duże odległości (mniejsza możliwość do kolonizacji nowych siedlisk w porównaniu z płaskim terenem). Prawdopodobnie wspólny przodek Barbitistini ewoluował w środkowym miocenie, który charakteryzował się globalnym spadkiem temperatur i suchym klimatem. Utrata zdolności do lotu może być także związana z koniecznością unikania utraty wody (**Chobanov i in. 2017**). Różnorodność Barbitistini jest przykładem szybkiej specjacji ograniczonej czasem. Można wnioskować, że owady krótkoskrzydłe należące do Barbitistini i Odonturini nie tworzą jednej grupy na całym świecie, a raczej rozwijały się niezależnie na różnych kontynentach. W strefie umiarkowanej zachodniej Palearktyki utrata umiejętności latania ewoluowała dwukrotnie: (i) w pierwszej grupie krótkoskrzydłych pasikoników, Barbitistini, specjacja pozwoliła na powstanie imponującej liczby gatunków głównie allo- i parapatrycznie rozmieszczonych w południowo-wschodniej Europie, Anatolii i na Środkowym Wschodzie; (ii) w drugiej grupie, Odonturini, występuje ograniczona liczba gatunków w południowo-zachodniej Europie i północnej Afryce. Planowana jest kontynuacja badań afrykańskich gatunków Phaneropterinae w celu wyjaśnienia wzajemnych relacji pokrewieństw wewnątrz plemienia Odonturini.

Najważniejsze osiągnięcia poznawcze zaprezentowanych badań jako osiągnięcie naukowe:

I. Ogólne wyniki

- Po raz pierwszy przeprowadziłam badania molekularno-cytogenetyczne i analizy filogenetyczne oparte o sekwencje DNA dla wybranych gatunków/rodzajów pasikoników z plemion Barbitistini i Odonturini;
- opublikowałam w bazie GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov) 571 sekwencji genów COI, ND1, ND2, 18S i H3 oraz ITS1 i ITS2 dla 129 gatunków pasikoników z 18 rodzajów;

- dzięki wykonanym przeze mnie analizom wykazałam, że najbardziej przydatnymi markerami do badań zróżnicowania genetycznego Phaneropterinae są geny COI i ND oraz fragmenty ITS;
- badania przeprowadzone za pomocą technik cytogenetycznych umożliwiły mi wstępną ocenę polimorfizmu genetycznego u owadów z podrodziny Phaneropterinae;
- wyniki analiz sugerują, że markery cytogenetyczne i molekularno-cytogenetyczne mogą stanowić uzupełnienie badań molekularnych DNA;
- poznanie polimorfizmu genetycznego przy użyciu cytogenetycznych i molekularnych markerów może stanowić podstawę badań filogenetycznych i taksonomicznych dla Phaneropterinae, ale także innych owadów. Analizy tego typu są ważnym uzupełnieniem danych uzyskanych klasycznymi metodami w oparciu o cechy morfologiczne, bioakustyczne i inne;
- zmienność genetyczna może być analizowana przy użyciu tylko technik cytogenetycznych lub molekularnych. Jednak w celu weryfikacji hipotez filogenetycznych i jednostek systematycznych wskazuję na użyteczność stosowania kombinacji markerów cytogenetycznych i molekularnych;
- prowadzone przeze mnie badania wzbogaciły dostępną wiedzę dotyczącą genetyki pasikoników, ale także innych owadów.

II. Podrodzina Phaneropterinae

- Wykazałam obecność wysokiego polimorfizmu genetycznego w obrębie wszystkich analizowanych taksonów;
- na podstawie analiz DNA ustaliłam, że utrata zdolności do lotu u wybranych przedstawicieli podrodziny występowała prawdopodobnie wielokrotnie w różnym czasie i niezależnie na różnych kontynentach.

III. Plemiona Barbitistini i Odonturini

- Potwierdzono mocny status taksonomiczny obu plemion;
- stwierdzono monofiletyzm plemienia Barbitistini i rodzaju *Odontura*.

IV. Rodzaj *Isophya*

- Określono historyczne znaczenie cieśnin Dardanele i Bosfor jako bariery dla przepływu genów między Anatolią, a Bałkanami. Prawdopodobnie taksony *Isophya* zostały oddzielone przez cieśniny co najmniej pół miliona lat temu.

V. Rodzaj *Odontura*

- Potwierdzono status taksonomiczny podrodzajów *Odontura* i *Odonturella*;
- określono status podgatunkowy bardzo podobnych morfologicznie i bioakustycznie dwóch taksonów tego rodzaju;
- zaproponowano, włączenie do *Odonturini* tylko przedstawicieli *Odontura* z zachodniej Palearktyki. Pozostałe rodzaje krótkoskrzydłych owadów z Ameryki, Afryki i Papui-Nowej Gwinei wskazano jako *incertae sedis*, dopóki ich status taksonomiczny nie zostanie wyjaśniony.

Uzyskane wyniki stanowią istotny wkład do wiedzy na temat systematyki i filogenezy oraz stanowią bazę do dalszych badań wyjaśniających relacje pokrewieństwa, a także ewolucję i specjację w tej zróżnicowanej genetycznie grupie owadów prostoskrzydłych.

Piśmiennictwo:

- Ahmadzadeh F., Flecks M., Roedder D., Böhme W., Ilgaz Ç., Harris D.J., Engler J.O., Üzümlü N., Carretero M.A. 2013. Multiple dispersal out of Anatolia: biogeography and evolution of oriental green lizards. *Biological Journal of the Linnean Society* 110: 398-408.
- Allegrucci G., Trucchi E., Sbordoni V. 2011. Tempo and mode of species diversification in *Dolichopoda cave* crickets (Orthoptera, Rhabdophoridae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 60: 108-121.
- Alicata P., Messina A., Oliveri S. 1974. Determinismo cromosomico del sesso in *Odontura stenoxipha* (Orth., Phaneropteridae): un nuovo caso di neo-XY. *Animalia* 1: 109-122.
- Avise J.C. 2004. *Molecular markers, natural history, and evolution*. 2nd Edition. Sinauer Press, Sunderland, MA.
- Benasson D., Petrov D.A., Zhang D.X., Hartl D.L., Hewitt G.M. 2001. Genomic gigantism: loss in slow in mountain grasshoppers. *Molecular Biology and Evolution* 18: 246-263.
- Bey-Bienko G.Ya. 1954. Orthoptera. Vol. II, Sect. 2. Leaf bush-crickets (Phaneropterinae). New Series 59. Fauna of the USSR. Zoological Institute of the Academy of Sciences of the USSR, pp. 385.
- Bey-Bienko G.Ya. 1965. Orthoptera Vol. II No. 2 Tettigonioida Phaneropterinae. Fauna of the USSR. Zoological Institute of the Academy of Sciences of the USSR, pp. 1-381.
- Britton-Davidian J., Cazaux B., Catalan J. 2012. Chromosomal dynamics of nucleolar organizer regions (NORs) in the house mouse: microevolutionary insights. *Heredity* 108: 68-74.
- Brown J.D., O'Neill R.J. 2010. Chromosomes, conflict, and epigenetics: chromosomal speciation revisited. *Annual Review of Genomic and Human Genetics* 11: 291-316.

- Brunner von Wattenwyl C. 1891. Additamenta zur Monographie der Phaneropteriden.
- Cigliano M.M., Braun H., Eades D.C., Otte D. 2018. Orthoptera Species File. Version 5.0/5.0. [accessed 12.02.2018]. <<http://Orthoptera.SpeciesFile.org>>.
- Çıplak B., Kaya S., Boztepe Z., Gunduz I. 2015. Mountainous genus *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae): Autochthonous survival in refugial habitats across several glacial ages via vertical range shifts. *Zoologica Scripta* 44: 534-549.
- Chobanov D.P., Grzywacz B., Iorgu I.Ş., Çıplak B., Ilieva M.B., Warchałowska-Śliwa E. 2013. Review of the Balkan *Isophya* (Orthoptera: Phaneropteridae) with particular emphasis on the *Isophya modesta* group and remarks on the systematics of the genus based on morphological and acoustic data. *Zootaxa* 3658: 1-81, Monograph.
- Cutter A.D. 2012. The polymorphic prelude to Bateson-Dobzhansky-Muller incompatibilities. *Trends in Ecology & Evolution* 27: 209-218.
- Dion-Côté A.-M., Symonová R., Lamaze F.C., Pelikánová S., Ráb P., Bernatchez L.B. 2017. Standing chromosomal variation in Lake Whitefish species pairs: the role of historical contingency and relevance for speciation. *Molecular Ecology* 26: 178-192.
- Faria R., Navarro A. 2010. Chromosomal speciation revisited: rearranging theory with pieces of evidence. *Trends in Ecology & Evolution* 25: 660-669.
- Ferreira A. 1969. Chromosome survey of some Australian tettigoniids (Orthoptera - Tettigonioidae): two species with neo-XY sex determining mechanism. *Cytologia* 34: 511-522.
- Ferreira A. 1976. Cytology of Brazilian Phaneropteridae (Orthoptera – Tettigonioidae): a species with neo XY sex determining mechanism. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 18: 79-84.
- Ferreira A. 1977. Cytology of Neotropical Phaneropteridae (Orthoptera - Tettigonioidae). *Genetica* 47: 81-87.
- Ferreira A., Mesa A. 2007. Cytogenetics studies in thirteen Brazilian species of Phaneropterinae (Orthoptera: Tettigonioidae: Tettigoniidae): main evolutive trends based on their karyological traits. *Neotropical Entomology* 36: 503-509.
- Gorochov A. 1995. System and Evolution of the Suborder Ensifera (Orthoptera). Part II. Proceedings of the Zoological Institute. Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, pp. 223.
- Gündüz I., Jaarola M., Tez C., Yeniuyurt C., Polly P.D., Searle J.B. 2007. Multigenic and morphometric differentiation of ground squirrels (*Spermophilus*, Sciuridae, Rodentia) in Turkey. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 43: 916-935.
- Hanrahan S.J., Johnston J.S. 2011. New genome size estimates of 134 species of arthropods. *Chromosome Research* 19: 809-23.
- Harz K. 1969. Die Orthopteren Europas I. Series Entomologica. W. Junk, The Hague, Netherland.
- Heller K.-G. 1998. Geld oder Leben - die unterschiedlichen Kosten des Gesangs bei Laubheuschrecken. *Jahrbuch der Akademie der Wissenschaften Göttingen* 1997: 132-152.
- Heller K.-G., Hemp C., Liu C., Volleth M. 2014. Taxonomic, bioacoustic and faunistic data on a collection of Tettigonioidae from Eastern Congo (Insecta: Orthoptera). *Zootaxa* 3785: 343-376.
- Jacobson G.G. 1905. Orthoptera. In: Jacobson G.G., Bianchi V.L. (Eds): Orthopteroid and Pseudoneuropteroid Insects of Russian Empire and Adjacent Countries. Devriena, St. Petersburg, pp. 29-466.
- Kawakami T., Butlin R.K., Cooper J.B. 2011. Chromosomal speciation revisited: modes of diversification in Australian morabine grasshoppers (*Vandiemena*, *vitatica* species group). *Insects* 2: 49-61.
- Kaya S., Boztepe Z., Çıplak B. 2013. Phylogeography of *Troglophilus* (Orthoptera: Troglophilinae) based on Anatolian members of the genus: radiation of an old lineage following the Messinian. *Biological Journal of the Linnean Society* 108: 335-348.
- Messina A., Ippolito S., Lombardo F. 1975. Cariologia di alcune specie Europee di Phaneropterinae (Insecta, Orthoptera). *Animalia* 2: 215-224.
- Mugleston J.D., Song H., Whiting M.F. 2013. A century of parafly: a molecular phylogeny of katydids (Orthoptera: Tettigoniidae) supports multiple origins of leaf-like wings. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 69: 1120-1134.
- Navarro A., Barton N.H. 2003. Accumulating postzygote isolation genes in parapatry: a new twist on chromosomal speciation. *Evolution* 57: 447-459.
- Naskrecki P., Bazelet C.S. 2011. A revision of the South African katydid genus *Austrodontura* Fontana & Buzzetti (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae). *Zootaxa* 2873: 51-59.
- Noor M.A.F., Grams K.L., Bertucci L.A., Reiland J. 2001. Chromosomal inversions and the reproductive isolation of species. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 98: 12084-12088.

- Rieseberg L.H. 2001. Chromosomal rearrangements and speciation. *Trends in Ecology & Evolution* 16: 351-358.
- Shuker D.M., King T.M., Bella J.L., Butlin R.K. 2005. *Insect Evolutionary Ecology*. (eds M.D.E. Fellowes, G.J. Holloway, J. Rolff), Royal Entomological Society.
- Song H., Amédégno C., Cigliano M.M., Desutter-Grandcolas L., Heads S.W., Huang Y., Otte D., Whiting M.F. 2015. 300 million years of diversification: elucidating the patterns of orthopteran evolution based on comprehensive taxon and gene sampling. *Cladistics* 31: 621-651.
- Ullrich B., Reinhold K., Niehuis O., Misof B. 2010. Secondary structure and phylogenetic analysis of the internal transcribed spacers 1 and 2 of bush crickets (Orthoptera: Tettigoniidae: Barbitistini). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* 48: 219-228.
- Warchałowska-Śliwa E. 1998. Karyotype characteristics of katydid orthopterans (Ensifera, Tettigoniidae) and remarks on their evolution at different taxonomic levels. *Folia Biologica (Kraków)* 46: 143-176.
- Warchałowska-Śliwa E., Bugrov A.G. 1998. Karyotypes and C-banding patterns of some Phaneropterinae katydids (Orthoptera, Tettigoniodea) with special attention to a post-reductional division of the neo-X and the neo-Y sex chromosomes in *Isophya hemiptera*. *Folia Biologica (Kraków)* 46: 47-54.
- Warchałowska-Śliwa E., Heller K.-G. 1998. C-banding patterns of some species of Phaneropterinae (Orthoptera, Tettigoniidae) of Europe. *Folia Biologica (Kraków)* 46: 177-181.
- Warchałowska-Śliwa E., Maryńska-Nadachowska A. 1992. Karyotypes, C-bands, NORs location in spermatogenesis of *Isophya brevipennis* Brunner (Orthoptera: Phaneropteridae). *Caryologia* 45: 83-89.
- Warchałowska-Śliwa E., Bugrov A.G., Maryńska-Nadachowska A. 1995. Karyotypes of three species of the genera *Poecilimon* Fisch. and *Isophya* Br.-W. (Orthoptera, Tettigoniodea, Phaneropterinae) from the North Caucasus. *Caryologia* 48: 27-34.
- Warchałowska-Śliwa E., Bugrov A.G., Maryńska-Nadachowska A. 1996. Karyotypes and C-banding patterns of some species of Phaneropterinae (Orthoptera, Tettigoniodea). *Folia Biologica (Kraków)* 44: 5-10.
- Warchałowska-Śliwa E., Heller K.-G., Maryńska-Nadachowska A., Lehmann A.W. 2000. Chromosome evolution in the genus *Poecilimon* (Orthoptera, Tettigoniodea, Phaneropteridae). *Folia Biologica (Kraków)* 48: 127-136.
- Warchałowska-Śliwa E., Heller K.-G., Maryńska-Nadachowska A. 2005. Cytogenetic variability of European Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae): Karyotypes, C- and Ag-NOR-banding. *Folia Biologica (Kraków)* 53: 161-171.
- Warchałowska-Śliwa E., Chobanov D., Grzywacz B., Maryńska-Nadachowska A. 2008. Taxonomy of the genus *Isophya* (Orthoptera, Phaneropteridae, Barbitistinae): Comparison of karyological and morphological data. *Folia Biologica (Kraków)* 56: 227-241.
- Warchałowska-Śliwa E., Grzywacz B., Maryńska-Nadachowska A., Karamysheva T.V., Rubtsov N.B., Chobanov D.P. 2009. Chromosomal differentiation among bisexual European species of *Saga* Charp. (Orthoptera, Tettigoniidae, Saginae) detected by both classical and molecular methods. *European Journal of Entomology* 106: 1-9.
- Warchałowska-Śliwa E., Maryńska-Nadachowska A., Grzywacz B., Karamysheva T., Lehmann A.W., Lehmann G.U.C., Heller K.-G. 2011. Changes in the numbers of chromosomes and sex determination system in bushcrickets of the genus *Odontura* (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae). *European Journal of Entomology* 108: 183-195.
- Warchałowska-Śliwa E., Grzywacz B., Maryńska-Nadachowska A., Karamysheva T.V., Chobanov D.P., Heller K.-G. 2013. Cytogenetic variability among Bradyporinae species (Orthoptera: Tettigoniidae). *European Journal of Entomology* 110(1): 1-12.
- Wielstra B., Baird A.B., Arntzen J.W. 2013. A multimarker phylogeography of crested newts (*Triturus cristatus* superspecies) reveals cryptic species. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 67: 167-175.
- Zhang H.-L., Huang Y., Lin L.-L., Wang X.-Y., Zheng Z.-M. 2013. The phylogeny of the Orthoptera (Insecta) as deduced from mitogenomic gene sequences. *Zoological Studies* 52: 37.

5. Omówienie działalności naukowej i pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych.

5.1 Omówienie pracy naukowej.

Jestem absolwentką Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach. Studia odegrały ważną rolę w rozwoju i kształtowaniu moich zainteresowań entomologią. Byłam założycielem i pierwszą przewodniczącą Studenckiego Naukowego Koła Zoologów działającego w Katedrze Zoologii. Pracę magisterską, zatytułowaną: „Zmienność morfologiczna *Ceratophyllus hirundinis* (Curtis, 1826)” realizowałam pod kierunkiem prof. dr hab. Wacława Wojciechowskiego, a następnie w 2004 roku obroniłam w Katedrze Zoologii Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska UŚ. Wyniki zawarte w pracy magisterskiej zostały opublikowane jako oryginalna publikacja **Grzywacz i in. (2004-2005)**.

Po ukończeniu studiów, dalszą karierę naukową, którą kontynuuję do tej pory związałam z Instytutem Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk (ISEZ PAN) w Krakowie. W 2004 roku rozpoczęłam badania związane z realizacją pracy doktorskiej pod kierunkiem prof. dr hab. Elżbiety Warchałowskiej-Śliwy. Dotyczyły one zróżnicowania genetycznego owadów prostoskrzydłych należących do *Isophya*. Wstępne wyniki zostały opublikowane w dwóch oryginalnych pracach: (i) **Grzywacz i Warchałowska-Śliwa (2008)** oraz (ii) **Warchałowska-Śliwa i in. (2008)**. Realizowany w ramach pracy doktorskiej projekt został zgłoszony do Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz zakwalifikowany do realizacji jako grant promotorski (nr N 303 2409 33). Głównym celem moich badań była rekonstrukcja pokrewieństwa w obrębie pasikoników *Isophya* w oparciu o dane molekularne i molekularno-cytogenetyczne. Najważniejsze wyniki badań genetycznych to: (i) wykazanie wysokiego stopnia zróżnicowania genetycznego w obrębie gatunków, a także populacji niektórych taksonów *Isophya*; (ii) stwierdzenie, że *Isophya* tworzy grupę monofiletyczną w obrębie podrodziny; (iii) częściowe potwierdzenie podziału gatunków/podgatunków na poszczególne grupy i kompleksy wydzielone na podstawie analiz morfologicznych. Warto podkreślić, że były to pierwsze analizy DNA i FISH rodzaju *Isophya*.

Równolegle, prowadząc analizy zmienności genetycznej *Isophya* zaangażowana byłam w badania z zakresu genetyki populacyjnej szarańczaka *Podisma sapporensis* SHIRAKI, 1910, których wyniki opublikowano w pracy **Kowalczyk i in. (2008)**. Dodatkowo

prowadziłam analizy polimorfizmu genetycznego u wybranych gatunków *Poecilimon*, blisko spokrewnionego z *Isophya*. Projekt, którego byłam kierownikiem uzyskał finansowanie z funduszy The Orthopterists' Society w ramach międzynarodowego programu „Small Grants Program”.

W 2009 roku w ISEZ PAN obroniłam pracę doktorską pod tytułem: „Filogeneza pasikoników z rodzaju *Isophya* (Orthoptera: Tettigoniidae) w oparciu o dane molekularne”. Wyniki badań zawarte w rozprawie doktorskiej zostały opublikowane w pracy oryginalnej **Grzywacz-Gibała i in. (2010)**.

Po obronie rozprawy doktorskiej rozpoczęłam pracę na stanowisku adiunkta w ISEZ PAN. Główny nurt moich badań dotyczy genetyki owadów prostoskrzydłych, ze szczególnym uwzględnieniem przedstawicieli rodziny pasikonikowatych, który mogłam realizować dzięki uzyskaniu finansowania w ramach dwóch projektów Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz Narodowego Centrum Nauki w latach 2010-2015. Byłam kierownikiem jednego z nich (2011/01/B/NZ8/01467), natomiast w drugim pełniłam funkcję głównego wykonawcy (N 303 6117 38). W listopadzie 2015 roku z sukcesem aplikowałam o staż naukowy w ramach programu ogłoszonego przez Japońskie Towarzystwo Popierania Nauki (ang. Japan Society for the Promotion of Science, JSPS). Wyjechałam do Japonii na dwuletnie stypendium naukowe, które realizowałam na Wydziale Rolniczym Uniwersytetu Ryukyus, pod kierunkiem prof. Harukiego Tatsuta. Podczas stażu udoskonaliłam i rozbudowałam warsztat badawczy o nowe umiejętności z zakresu analiz genomu z wykorzystaniem narzędzi biologii molekularnej (np. klonowanie DNA, genotypowanie mikrosatelitów, a także obsługa sekwenatora) oraz zorganizowałam samodzielnie zaplecze laboratoryjne do analiz molekularno-cytogenetycznych przy użyciu metody FISH.

Efektom badań realizowanych po doktoracie była publikacja 25 artykułów naukowych w czasopismach indeksowanych w Journal Citation Reports. Poniżej prezentuję opis osiągnięć naukowo-badawczych w poszczególnych tematach mojej działalności naukowej, wykaz omawianych publikacji, a także ilościowe zestawienie dorobku.

I. Taksonomia i różnicowanie genetyczne pasikoników należących do podrodziny Phaneropterinae

Istotnym wątkiem mojej pracy naukowej była kontynuacja badań nad wybranymi taksonami podrodziny Phaneropterinae. Jeden z tematów dotyczył poznania kariotypu gatunków *Odontura*. Przeprowadzono badania z wykorzystaniem markerów cytogenetycznych. Stwierdzono znaczne różnicowanie liczby chromosomów i typu determinacji płci u Odonturini w porównaniu z innymi palearktycznymi pasikonikami należącymi do Barbitistini. Wykryte wzorce różnorodności genetycznej sugerują, że rodzaj ten przeszedł intensywną radiację (**Warchałowska i in. 2011**).

Drugi temat obejmował rewizję *Isophya*, ze szczególnym uwzględnieniem grupy *Isophya modesta* w oparciu o cechy morfologiczne i bioakustyczne. Uzyskane wyniki zostały porównane z opublikowanymi wcześniej danymi morfologicznymi, bioakustycznymi i cytogenetycznymi, w celu wyjaśnienia układu taksonomicznego i ewolucji tej intrygującej grupy bałkańskich pasikoników. Efektem badań była zmiana statusu taksonomicznego dwóch gatunków oraz synonimizacja pięciu taksonów (**Chobanov i in. 2013**).

Większość wyników uzyskanych w ramach tematyki badawczej związanej z analizą różnicowania genetycznego i relacji pokrewieństwa w obrębie dwóch plemion należących do podrodziny Phaneropterinae została szczegółowo omówiona w rozdziale 4 i wchodzi w skład osiągnięcia naukowego stanowiącego podstawę ubiegania się o stopień doktora habilitowanego.

II. Zastosowanie markerów molekularno-cytogenetycznych w analizie zmienności genetycznej owadów prostoskrzydłych należących do podrodzin Saginae i Bradyporinae (Tettigoniidae)

Rozszerzając zakres swoich zainteresowań dotyczących zmienności genetycznej pasikoników uczestniczyłam również w badaniach przedstawicieli podrodzin Saginae i Bradyporinae. Przeprowadzono analizy cytogenetyczne (prążki C, NOR, fluorochromy) oraz molekularno-cytogenetyczne (FISH: rDNA i tDNA). Wykazano, że taksony należące do obydwu podrodzin charakteryzują się wysokim polimorfizmem genetycznym, np. zmiany w liczbie i morfologii

chromosomów oraz międzygatunkowym zróżnicowaniem w rozmieszczeniu i ilości heterochromatyny konstytutywnej. W efekcie podjętych badań powstały dwie publikacje, dotyczące przedstawicieli Saginae (**Warchałowska-Śliwa i in. 2009**) i Bradyporinae (**Warchałowska-Śliwa i in. 2013**).

III. Ekotoksykologia

W trakcie pracy naukowej brałam również udział w badaniach nad wpływem metali ciężkich na populację skakuna *Tetrix tenuicornis* (SAHLBERG, 1891) (Orthoptera, Tetrigidae) z obszaru hałd cynkowo-ołowiowych w rejonie olkuskim (Górny Śląsk). Analizowano koncentrację metali ciężkich w ciele owada, ekspresję białek szoku termicznego, oraz zmiany cytogenetyczne w porównaniu z populacjami kontrolnymi. Na podstawie wcześniejszych badań (Warchałowska-Śliwa i in. 2005), głównie cytogenetycznych uznano, że gatunek ten może być bioindykatorem ekosystemów narażonych na działanie metali ciężkich. Kontynuując badania porównano wyniki analiz polimorfizmu losowo namnożonych fragmentów DNA (ang. Randomly Amplified Polymorphic DNA, RAPD) i mikroanalizy rentgenowskiej tego gatunku. Wykazano, że gatunki należące do populacji z terenów zanieczyszczonych metalami ciężkim charakteryzowały się niskim poziomem zróżnicowania genetycznego w porównaniu z populacjami kontrolnymi z terenów niezanieczyszczonych. Natomiast spektrofotometria rentgenowska wykryła zmiany w stężeniu pierwiastków w nerwach i mięśniach u owadów z terenów skażonych. Wyniki ostatnich badań opublikowano w pracy **Grzywacz i in. (2012)**.

IV. Systematyka, specjacja, ewolucja i filogeneza afrykańskich owadów prostoskrzydłych

Kolejny dobrze zdefiniowany obszar mojej działalności badawczej, stanowią prace dotyczące kompleksowych badań taksonomicznych i filogenetycznych wybranych przedstawicieli afrykańskich owadów prostoskrzydłych z podrodzin Conocephalinae, Hetrodinae, Meconematinae i Phaneropterinae. Centrum różnorodności wielu owadów z rzędu Orthoptera

zlokalizowane jest w Afryce Wschodniej. Przeprowadzone analizy z wykorzystaniem między innymi markerów morfologicznych, bioakustycznych, genetycznych i ekologicznych przyczyniły się do poszerzenia wiedzy na temat systematyki, ewolucji i pokrewieństwa owadów występujących w Afryce Wschodniej. Badania te realizowano we współpracy z naukowcami z Niemiec (dr Claudia Hemp, dr Andreas Hemp i dr Klaus-Gerhard Heller). Efektem przeprowadzonych badań jest uporządkowanie systematyki analizowanych owadów oraz opisanie nowych dla nauki gatunków i rodzaju. Wyniki zostały opublikowane w dziewięciu pracach (**Hemp i in. 2013, 2015a, 2015b, 2016, 2017, 2018a, 2018b; Grzywacz i in. 2015; Warchałowska-Śliwa i in. 2015**).

V. Kofilogeneza czerwców (Hemiptera, Coccoidea) i ich endosymbiotyczne mikroorganizmy

W 2013 roku, w związku z nawiązaną współpracą z dr Anną Michalik z Zakładu Biologii Rozwoju i Morfologii Bezkręgowców, Instytutu Zoologii i Badań Biomedycznych Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, rozpoczęłam badania genetyczne symbiontów pluskwiaków. Endosymbiotyczne mikroorganizmy odgrywają kluczową rolę w biologii, ekologii i ewolucji owadów. U pluskwiaka *Evacanthus interruptus* (Cicadellidae) wykryto dwa rodzaje obligatoryjnych symbiotycznych bakterii (bakteria *Candidatus Sulcia muelleri* i betaproteobakteria) przy użyciu metod histologicznych, ultrastrukturalnych i molekularnych. Koewolucja układu endosymbiont-gospodarz pozwala na badania pokrewieństwa w danej grupie pluskwiaków na podstawie analizy zmienności genetycznej ich endosymbiontów. Otrzymane wyniki zostały opublikowane w oryginalnej pracy **Szklarzewicz i in. (2016)**. Współpraca naukowa z dr Michalik umożliwiła mi kontynuację badań kofilogenetycznych czerwców i ich endosymbiontów w ramach grantu MNiSW Iuventus Plus V pt. „Kofilogeneza czerwców (Insecta, Hemiptera, Coccoidea) i ich endosymbiotycznych mikroorganizmów” (nr IP2015050374).

VI. Ewolucja, systematyka i filogeneza pasikoników z podrodziny Tettigoniinae (Tettigoniidae)

Jest to zbiór tematów badawczych dotyczących wyjaśnienia ewolucji, problemów taksonomicznych i powiązań filogenetycznych wybranych rodzajów Tettigoniinae. W obrębie tej podrodziny znajdują się gatunki o niejasnym statusie taksonomicznym. W zasięgach geograficznych u wielu gatunków stwierdzono obecność niezidentyfikowanych i nieopisanych taksonów w randze jednostek ewolucyjnych. Po raz pierwszy analizowałam szczegółowo relacje filogenetyczne u tych pasikoników z uwzględnieniem markerów genetycznych. Badania realizowałam w ramach grantu NCN (2011/01/B/NZ8/01467), którego byłam kierownikiem. Efektem analiz było opracowanie filogenezy zielonych pasikoników (ang. Green Bushcrickets), w oparciu o metody genetyczne, bioakustyczne i morfologiczne (**Grzywacz i in. 2017a**) oraz charakterystyka kariotypów rodzaju *Parnassiana* ZEUNER, 1941 (**Grzywacz i in. 2017b**) i przedstawicieli plemienia Pholidopterini (**Warchałowska i in. 2017**) przy użyciu metod klasycznej i molekularnej cytogenetyki.

VII. Zróżnicowanie genetyczne plemienia Podismini (Acrididae)

Podczas długoterminowego stażu doktorskiego w Japonii prowadziłam badania zróżnicowania genetycznego i pokrewieństw pomiędzy gatunkami szarańczaków z plemienia Podismini JACOBSON, 1905 (Orthoptera: Acrididae: Melanoplinae). Izolacja geograficzna Japonii od Eurazji prawdopodobnie rozpoczęła się w miocenie. Obecny Archipelag Japoński uformował się pod koniec plejstocenu. Mosty lądowe pomiędzy kontynentami i wyspami formowały się trzykrotnie podczas okresów pomiędzy pliocenem i plejstocenem. Te cykliczne wydarzenia prawdopodobnie ukształtowały florę i faunę w Japonii - dlatego możliwe, że japońskie Podismini pochodzą od kontynentalnych gatunków, ale ewoluowały już allopatrycznie w nowym miejscu. Systematyka tego plemienia nie jest do końca wyjaśniona i nadal budzi kontrowersje. Owady należące do Podismini były stosunkowo dobrze poznane morfologicznie, ale bardzo słabo genetycznie. Analizę wzorca struktury genetycznej japońskich szarańczaków przeprowadziłam w oparciu o sekwencje genu mitochondrialnego

(COI), markerów jądrowych [16S i czynnika wzrostu 1-alfa (EF1a)], a także ITS2 oraz klasycznej (prażki C, NOR, fluorochromy) i molekularnej (FISH) cytogenetyki. Do najważniejszych wniosków wynikających z badań genetycznych opartych o różne algorytmy zaliczyć należy (i) potwierdzony monofiletyzm plemienia Podismini; (ii) bliskie pokrewieństwo japońskich gatunków wyspowych, w stosunku do których gatunki kontynentalne tworzyły bazalne klady; (iii) wskazanie na brak monofiletyzmu podplemienia Tonkinacridina w oparciu o sekwencje genu COI i markery cytogenetyczne. Część wyników została opublikowana jako dwie prace oryginalne (**Grzywacz i Tatsuta 2017; Grzywacz i in. 2018**), w przygotowaniu są dwie kolejne publikacje. Wyniki tych badań prezentowałam również na 12 Międzynarodowym Kongresie Orthoptera w Brazylii w 2016 roku, a także jako wykład w ramach programu wymiany „Sakura Science Plan – Exchange Program in Science 2016” pomiędzy Uniwersytetem Ryukyus w Japonii oraz Uniwersytetem Rolniczym i Uniwersytetem Zhejiang w Chinach.

Wykaz omówionych publikacji:

1. **Grzywacz B.**, Blaski M., Wojciechowski W. 2004-2005. Morphological variability of *Ceratophyllus hirundinis* (Curtis, 1826), (Insecta, Siphonaptera). *Acta Entomologica Silesiana* 12/13: 41-50.
2. Kowalczyk M., Tatsuta H., **Grzywacz B.**, Warchałowska-Śliwa E. 2008. Relationship between chromosomal races/subraces in the brachypterous grasshopper *Podisma sapporensis* Shiraki (Orthoptera: Acrididae) inferred from mitochondrial ND2 and COI gene sequences. *Annals of Entomological Society of America* 101: 837-844.
3. **Grzywacz B.**, Warchałowska-Śliwa E. 2008. Polymorphism of the genus *Isophya* (Orthoptera, Phaneropteridae, Barbitistinae) revealed by RAPD. *Folia Biologica (Kraków)* 56: 153-157.
4. Warchałowska-Śliwa E., Chobanov D., **Grzywacz B.**, Maryńska-Nadachowska A. 2008. Taxonomy of the genus *Isophya* (Orthoptera, Phaneropteridae, Barbitistinae): comparison of karyological and morphological data. *Folia Biologica (Kraków)* 56: 227-241.
5. Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Maryńska-Nadachowska A., Karamysheva T.V., Rubtsov N. B. Chobanov D. P. 2009. Chromosomal differentiation among bisexual European species of *Saga* Charp. (Orthoptera, Tettigoniidae, Saginae) detected by both classical and molecular methods. *European Journal of Entomology* 106: 1-9.
6. **Grzywacz-Gibala B.**, Chobanov D.P., Warchałowska-Śliwa E. 2010. Preliminary phylogenetic analysis of the genus *Isophya* (Orthoptera: Phaneropteridae) based on molecular data. *Zootaxa* 2621: 27-44.
7. Warchałowska-Śliwa E., Maryńska-Nadachowska A., **Grzywacz B.**, Karamysheva T., Lehmann A.W., Lehmann G.U.C., Heller K.-G. 2011. Changes in the numbers of chromosomes and sex determination system in bushcrickets of the genus *Odontura* (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae). *European Journal of Entomology* 108: 183-195.

8. **Grzywacz B.**, Warchałowska-Śliwa E., Banach Z., Pyza E. 2012. Genetic variability and changes of elemental concentrations in cells of *Tetrix tenuicornis* (Orthoptera: Tetrigidae) from polluted and unpolluted areas. *Folia Biologica (Kraków)* 60: 17-25.
9. Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Maryńska-Nadachowska A., Karamysheva T.V., Chobanov D.P., Heller K.-G. 2013. Cytogenetic variability among Bradyporinae species (Orthoptera: Tettigoniidae). *European Journal of Entomology* 110(1): 1-12.
10. Hemp C., Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Hemp A. 2013. Biogeography, ecology, acoustics and chromosomes of East African *Eurycorypha* Stål species (Orthoptera, Phaneropterinae) with the description of new species. *Organisms Diversity & Evolution* 13: 373-395.
11. Chobanov D.P., **Grzywacz B.**, Iorgu I.Ş., Çiplak B., Ilieva M.B., Warchałowska-Śliwa E. 2013. Review of the Balkan *Isophya* (Orthoptera: Phaneropteridae) with particular emphasis on the *Isophya modesta* group and remarks on the systematics of the genus based on morphological and acoustic data. *Zootaxa* 3658: 1-81, Monograph.
12. Hemp C., Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Hemp A. 2015a. Ecology, acoustics and chromosomes of the East African genus *Afroanthracites* Hemp & Ingrisch (Orthoptera, Tettigoniidae, Conocephalinae, Agraeciini) with the description of new species. *Organisms Diversity & Evolution* 15(2): 351-368.
13. Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Maryńska-Nadachowska A., Hemp A., Hemp C. 2015. Different steps in the evolution of neo-sex chromosomes in two East African *Spalacomimus* species (Orthoptera: Tettigoniidae: Hetrodinae). *European Journal of Entomology* 112(1): 1-10.
14. Hemp C., Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Hemp A. 2015b. Review of the *Plangia graminea* (Serville) complex and the description of New *Plangia* species from East Africa (Orthoptera: Phaneropteridae, Phaneropterinae) with data on habitat, bioacoustics, and chromosomes. *Organisms Diversity & Evolution* 15: 471-488.
15. **Grzywacz B.**, Hemp C., Heller K.-G., Hemp A., Chobanov D.P., Warchałowska-Śliwa E. 2015. Cytogenetics and molecular differentiation in the African armoured ground bushcrickets (Orthoptera: Tettigoniidae: Hetrodinae). *Zoologischer Anzeiger* 259: 22-30.
16. Szklarzewicz T., **Grzywacz B.**, Szwedo J., Michalik A. 2016. Bacterial symbionts of the leafhopper *Evacanthus interruptus* (Linnaeus, 1758) (Insecta, Hemiptera, Cicadellidae: Evacanthinae). *Protoplasma* 253: 379-391.
17. Hemp C., **Grzywacz B.**, Warchałowska-Śliwa E., Hemp A. 2016. Topography and climatic fluctuations boosting speciation: biogeography and a molecular phylogeny of the East African genera *Afroanthracites* Hemp & Ingrisch and *Afroagraecia* Ingrisch & Hemp (Orthoptera, Tettigoniidae, Conocephalinae, Agraeciini). *Organisms Diversity & Evolution* 16: 211-223.
18. Hemp C., Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Hemp A. 2017. Review of the East African species of the phaneropterine genus *Parapyrrhicia* Brunner von Wattenwyl, 1891 (Insecta: Orthoptera): secret communication of a rest-bound taxon. *Organisms Diversity & Evolution* 17: 231-250.
19. **Grzywacz B.**, Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E., Karamysheva T.V., Chobanov D.P. 2017a. Evolution and systematics of Green Bush-cricket (Orthoptera: Tettigoniidae: *Tettigonia*) in the Western Palearctic: testing concordance between molecular, acoustic, and morphological data. *Organisms Diversity & Evolution* 17: 213-228.
20. **Grzywacz B.**, Heller K.-G., Chobanov D.P., Warchałowska-Śliwa E. 2017b. Conventional and molecular chromosome study in the European genus *Parnassiana* Zeuner, 1941 (Orthoptera, Tettigoniinae, Platycleidini). *Folia Biologica (Kraków)* 65: 1-8.

21. Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Heller K.-G., Chobanov D.P. 2017. Comparative analysis of chromosome in the Palearctic bush-crickets of tribe Pholidopterini (Orthoptera, Tettigoniinae). *Comparative Cytogenetics* 11: 309-324.
22. **Grzywacz B.**, Tatsuta H. 2017. Phylogenetic relationship of Japanese Podismini species (Orthoptera: Acrididae: Melanoplinae) inferred from a partial sequence of cytochrome c oxidase subunit i gene. *Journal of Orthoptera Research* 26: 11-19.
23. Hemp C., Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.**, Hemp A. 2018a. New genera and new species of Acrometopini (Orthoptera: Tettigoniioidea, Phaneropterinae) from East Africa and a review of all known stridulatory organs, songs and karyotypes of the tribe. *Insect Systematics & Evolution* 49: 241-298.
24. Hemp C., Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E., **Grzywacz B.** 2018b. A molecular phylogeny of East African *Amytta* (Orthoptera: Tettigoniidae, Meconematinae) with data on their cytogenetics. *Systematic Entomology* 43: 239-249.
25. **Grzywacz B.**, Tatsuta H., Shikata K., Warchałowska-Śliwa E. 2018. A comparative chromosome mapping in Japanese Podismini grasshoppers (Orthoptera: Acrididae: Melanoplinae). *Cytogenetic and Genome Research* 154: 37-44.

5.2 Prace naukowe

Mój dotychczasowy dorobek naukowy obejmuje łącznie **31 publikacji** (nie licząc doniesień konferencyjnych), w tym **29 artykułów** naukowych opublikowanych w czasopiśmie indeksowanych w bazie **Journal Citation Reports (JCR)**. Publikacje indeksowane w bazie Web of Science Core Collection (wyszukiwanie Grzywacz B. lub Grzywacz-Gibala B.) były dotychczas **cytowane 221 (bez autocytacji 116)**. Sumaryczny **Impact Factor** prac według JCR, zgodnie z rokiem opublikowania wynosi **46,817**. **Liczba punktów MNiSW** zgodnie z rokiem publikacji wynosi **715**. **Indeks Hirscha** publikacji na dzień 21.08.2018 wynosi **h = 10**.

5.3 Projekty naukowe

W trakcie działalności naukowej pełniłam funkcję **kierownika** w **międzynarodowym projekcie naukowym** finansowanym przez **The Orthopterists' Society** [„Phylogeny of the genus *Poecilimon* (Orthoptera: Tettigoniidae) based on molecular markers”, Small Grants Program, 2008-2009] i **krajowym projekcie** finansowanym przez **Narodowe Centrum Nauki (NCN)** [„Phylogeny of the Palearctic Tettigoniinae (Insecta: Orthoptera: Tettigoniidae) inferred by molecular, chromosomal, morphological and bioacoustic traits”, nr

2011/01/B/NZ8/01467, 2011-2015] oraz uczestniczyłam w realizacji dwóch projektów badawczych finansowanych przez **Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego (MNiSW)** [„Filogeneza pasikoników z rodzaju *Isophya* (Orthoptera: Tettigoniidae) w oparciu o dane molekularne”, nr N 303 2409 33, 2007-2009 oraz „Phylogenetic relationships in the tribe Barbitistini (Orthoptera, Tettigoniidae, Phaneropterinae) based on genetic studies”, nr N 303 6117 38, 2010-2013] i **JSPS KAKENCHI** [„Chromosomal rearrangements and endosymbiont bacteria in the grasshopper *Podisma* (Orthoptera)”, nr 15F15762, 2015-2017] jako **główny wykonawca**. Obecnie jestem **wykonawcą** grantu **MNiSW** [„Kofilogeneza czerwców (Insecta, Hemiptera, Coccoidea) i ich endosymbiotycznych mikroorganizmów”, nr IP2015050374, 2016-2019].

5.4 Współpraca międzynarodowa

Współpracuję z naukowcami z: Bułgarii (prof. Dragan Chobanov, Institute of Biodiversity and Ecosystem Research, Bulgarian Academy of Sciences – systematyk i bioakustyk), Japonii (prof. Haruki Tatsuta, University of the Ryukyus – systematyk i genetyk), Niemiec (dr Klaus-Gerhard Heller; dr Claudia Hemp, Biodiversity and Climate Research Centre; dr Andreas Hemp, University of Bayreuth; dr Arne Lehmann; prof. Gerlind Lehmann, Humboldt University Berlin – systematycy i bioakustycy), Rosji (dr Tatyana Karamysheva, Institute of Cytology and Genetics of the Siberian Branch, Russian Academy of Sciences - cytogenetyk) i Turcji (prof. Battal Çiplak, Akdeniz University – systematyk i genetyk). Długoletnia współpraca zagraniczna jest udokumentowana w licznych publikacjach w czasopiśmie z listy JCR.

5.5 Konferencje naukowe

W 2006 roku, **organizowałam VII Sympozjum Polskiego Towarzystwa Taksonomicznego**. Wyniki badań prezentowałam na **czterech konferencjach międzynarodowych**: 1) 10th International Congress of Orthopterology, 2009, Antalya, **Turcja** [prezentacja ustna: „Phylogeny and systematics of the *Isophya modesta* group

(Phaneropteridae: Barbitistinae)”; Chobanov D., **Grzywacz B.** i **plakat:** „Comparative analysis of rDNA and tDNA locations in the genus *Isophya* (Orthoptera, Phaneropterinae)”; **Grzywacz B.**, Warchałowska-Śliwa E., Maryńska-Nadachowska A., Chobanov D.P.]; 2) 11th International Congress of Orthopterology, Orthoptera in scientific progress and Human culture, 2013, Kunming, **Chiny** [**prezentacja ustna:** „Barbitistini under the molecular eyeglass”; **Grzywacz B.**, Warchałowska-Śliwa E.” i **plakat:** „A tree in the jungle: COI data in *Isophya*”; **Grzywacz B.**, Chobanov P.D., Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E.]; 3) Joint meeting of the 76th Entomological Society of Japan and 60th Applied Entomology & Zoology, 2016, Osaka, **Japonia** [**prezentacja ustna:** „Molecular phylogeny of *Tettigonia* (Orthoptera: Tettigoniidae)”; **Grzywacz B.**]; 4) 12th International Congress of Orthopterology, 2016, Ilheus, Bahia, **Brazylia** [**prezentacja ustna:** „Preliminary phylogeny of the tribe Podismini (Orthoptera: Acrididae: Melanoplinae) in Japan based on mitochondrial cytochrome c oxidase I gene sequences”; **Grzywacz B.**, Tatsuta H.]. W 2016 roku byłam **przewodniczącą sesji „Phylogeography & speciation”** na 12th International Congress of Orthopterology w **Brazylia**.

5.6 Recenzje prac naukowych

Recenzowałam **10 artykułów naukowych** dla międzynarodowych czasopism: BMC Evolutionary Biology, Comparative Cytogenetics, Cytogenetic and Genome Research, European Journal of Entomology, Folia Biologica (Kraków), Journal of Insect Science, Molecular Cytogenetics, Molecular Genetics and Genomics, Oriental Insects i PLoS ONE.

5.7 Działalność dydaktyczna

W latach 2015 i 2017 poza pracą naukową zaangażowana byłam również w działalność dydaktyczną prowadząc **wykłady dla doktorantów** w ramach Studium Doktoranckiego Polskiej Akademii Nauk (SD PAN) w Krakowie. W 2018 roku będę dalej kontynuować prowadzenie wykładów dla doktorantów. Pełnię funkcję **opiekuna pomocniczego jednego z doktorantów SD PAN**. Byłam **opiekunem dwóch studentek** z Uniwersytetu

Jagiellońskiego (2014 rok) i Uniwersytetu Pedagogicznego (2015 rok) w Krakowie w ramach **praktyk studenckich** oraz **dwóch stażystów**: pracownika Uniwersytetu Jagiellońskiego (2014 rok) i absolwent Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego w Bydgoszczy (2015 rok). W latach 2014 i 2015 przeprowadziłam **indywidualne szkolenia**: (i) studentki Uniwersytetu Warszawskiego; (ii) doktoranta Uniwersytetu Pedagogicznego w Krakowie oraz (iii) pracownika Uniwersytetu Bielefeld w Niemczech. W 2016 roku poprowadziłam **lekcje** „Molecular phylogeny of insects, mainly Orthoptera” i „Poland – a country in Europe” dla uczniów liceum **Kyuyo Senior High School w Japonii w ramach programu JSPS Science Dialogue**. W 2016 roku wygłosiłam **wykład** w ramach **Sakura Science Plan – Exchange Program in Science 2016 Faculty of Agriculture, University of the Ryukyus in Japan, Yunnan Agricultural University and Zhejiang University in China**.

5.8 Działalność popularyzatorska

W 2015 roku wygłosiłam **pogadankę** pt. „Jak wygląda DNA?” dla **klasy IV Prywatnej Szkoły Podstawowej i Gimnazjum Salwator w Krakowie**. W latach 2015 i 2018 prowadziłam warsztaty podczas imprez naukowych, **Nocy Biologów** i **Festiwalu Nauki**. W 2017 roku brałam udział w **Festiwalu Dni Otwartych Wydziału Rolniczego Uniwersytetu Ryukyus w Japonii**. W 2018 roku **współorganizowałam Festiwal Nauki** z ramienia **ISEZ PAN**.

5.9 Krótkoterminowe staże naukowe

W latach 2007 i 2015 odbyłam wizyty naukowe w **Biology Centre CAS w Czechach** (14 dni) i na **Uniwersytecie Granada w Hiszpanii** (7 dni).

5.10 Długoterminowe staże naukowe

W latach 2015 - 2017 odbyłam długoterminowy zagraniczny staż podoktorski na **Wydziale Rolniczym Uniwersytetu Ryukyus w Japonii** (24 miesiące).

5.11 Szkolenia naukowe

Odbyłam szkolenia w zagranicznych ośrodkach: (i) Training School on Genomics and Evolutionary Biology na **Uniwersytecie Camerino we Włoszech** (2013 rok); (ii) Training School on Bioinformatics approaches to adaptations, genome evolution and biological associations na **Uniwersytecie Cambridge w Wielkiej Brytanii** (2015 rok).

5.12 Badania terenowe

Brałam udział w badaniach terenowych w **Bulgarii** (2006 i 2008 rok) oraz **Japonii** (2016 i 2017 rok).

5.13 Członkostwo w stowarzyszeniach i radach redakcyjnych czasopism

Od 2005 roku jestem **członkiem międzynarodowego towarzystwa The Orthopterists' Society** oraz od 2014 roku **krajowego Stowarzyszenia Rozwoju Karier Doktorantów i Doktorów „PolDoc”**. Od 2017 roku **należę do grupy ekspertów działającej w ramach Międzynarodowej Unii Ochrony Przyrody i Zasobów Naturalnych (ang. IUCN SSC Grasshopper Specialist Group)**. Od 2018 roku jestem członkiem **Rady redakcyjnej czasopisma Folia Biologica (Kraków)**.

5.14 Podsumowanie - informacje bibliometryczne:**a) Indeks Hirscha (21.08.2018)**według bazy Web of Science Core Collection - **10**według bazy Scopus – **10****b) Prace naukowe:**

	Liczba prac	Sumaryczny Impact Factor ¹	Sumaryczna liczba punktów MNiSW ²
Prace opublikowane w czasopismach znajdujących się w bazie JCR:	29	46,817	715
- przed uzyskaniem stopnia doktora	4	3,29	20
- po uzyskaniu stopnia doktora	20	30,603	515
- wchodzące w skład osiągnięcia habilitacyjnego	6	12,924	180

¹ – wartość IF wg JCR dla prac opublikowanych podano zgodnie z rokiem ich opublikowania² – punktację MNiSW dla poszczególnych publikacji podano zgodnie z rokiem wydania**c) Projekty naukowe finansowane z funduszy krajowych:**

- „Kofilogeneza czerwców (Insecta, Hemiptera, Coccoidea) i ich endosymbiotycznych mikroorganizmów”, 2016-2019, MNiSW, nr IP2015050374, wykonawca w projekcie;
- „Phylogeny of the Palearctic Tettigoniinae (Insecta: Orthoptera: Tettigoniidae) inferred by molecular, chromosomal, morphological and bioacoustic traits”, 2011-2015, NCN nr 2011/01/B/NZ8/01467, kierownik w projekcie;
- „Phylogenetic relationships in the tribe Barbitistini (Orthoptera, Tettigoniidae, Phaneropterinae) based on genetic studies”, 2010-2013, MNiSW nr N 303 6117 38, główny wykonawca w projekcie;
- „Filogeneza pasikoników z rodzaju *Isophya* (Orthoptera: Tettigoniidae) w oparciu o dane molekularne”, 2007-2009, MNiSW nr N 303 2409 33, główny wykonawca w projekcie.

d) Projekty naukowe finansowane z funduszy międzynarodowych:

- „Chromosomal rearrangements and endosymbiont bacteria in the grasshopper *Podisma* (Orthoptera)”, 2015-2017, JSPS KAKENHI nr 15F15762, główny wykonawca w projekcie;
- „Phylogeny of the genus *Poecilimon* (Orthoptera: Tettigoniidae) based on molecular markers”, 2008-2009, The Orthopterists' Society - Small Grants Program, kierownik w projekcie.

e) Konferencje naukowe:

- 30.10-03.11.2016 12th International Congress of Orthopterology, Ilheus, Brazylia – referat [„Preliminary phylogeny of the tribe Podismini (Orthoptera: Acrididae: Melanoplinae) in Japan based on mitochondrial cytochrome c oxidase I gene sequences”; **Grzywacz B.**, Tatsuta H.] oraz przewodnicząca sesji „Phylogeography & speciation”;
- 26-29.03.2016 Joint meeting of the 76th Entomological Society of Japan and 60th Applied Entomology & Zoology, Osaka, Japonia – referat [„Molecular phylogeny of *Tettigonia* (Orthoptera: Tettigoniidae)”; **Grzywacz B.**];
- 10-16.08.2013 11-th International Congress of Orthopterology, Kunming, Chiny – referat [„Barbitistini under the molecular eyeglass”; **Grzywacz B.**, Warchałowska-Śliwa E.”] i plakat [„A tree in the jungle: COI data in *Isophya*”; **Grzywacz B.**, Chobanov P.D., Heller K.-G., Warchałowska-Śliwa E.];
- 21-25.06.2009 10th International Congress of Orthopterology, Antalya, Turcja – referat [„Phylogeny and systematics of the *Isophya modesta* group (Phaneropteridae: Barbitistinae)”; Chobanov D., **Grzywacz B.**] i plakat [„Comparative analysis of rDNA and tDNA locations in the genus *Isophya* (Orthoptera, Phaneropterinae)”; **Grzywacz B.**, Warchałowska-Śliwa E., Maryńska-Nadachowska A., Chobanov D.P.].

f) Działalność dydaktyczna:

- wykłady dla doktorantów Studium Doktoranckiego Polskiej Akademii Nauk;
- lekcja dla uczniów liceum Kyuyo Senior High School w Japonii;
- wykład w ramach Sakura Science Plan – Exchange Program in Science 2016 Faculty

of Agriculture, University of the Ryukyus in Japan, Yunnan Agricultural University and Zhejiang University in China;

- opiekun pomocniczy doktoranta Studium Doktoranckiego Polskiej Akademii Nauk;
- opiekun dwóch praktykantek i dwóch stażystów;
- indywidualne szkolenia dla trzech osób.

5.15 Pozostałe osiągnięcia naukowe i dydaktyczne przedstawiłam w „Wykazie opublikowanych prac naukowych oraz informacjach o osiągnięciach dydaktycznych, współpracy naukowej i popularyzacji nauki”, stanowiącym załącznik 6 dokumentacji.

Kraków, 21.08.2018

Beata Grzywacz