

Streszczenie

Globalny rozwój transportu, handlu i turystyki przyczynia się do przenoszenia gatunków zwierząt oraz roślin poza ich rodzimy zasięg. Tylko niewielka część obcych gatunków zakłada populacje poza swoim rodzimym zasięgiem i rozprzestrzenia się, powodując poważne szkody zarówno ekologiczne, jak i ekonomiczne. Inwazyjne gatunki obce są jednym z najpoważniejszych problemów współczesnej ochrony przyrody, dlatego identyfikacja czynników, które przyczyniają się do sukcesu inwazji jest kluczowa dla zaplanowania działań zaradczych.

Celem mojej pracy doktorskiej było zbadanie grupy mechanizmów, które ułatwiają skuteczną adaptację, a w rezultacie umożliwiają inwazję. Skupiłam się na określeniu mechanizmów kształtujących zmienność genetyczną i działaniu doboru naturalnego oraz roli mikrobiomu jelitowego w przystosowaniu do nowego środowiska. Najnowsze badania podkreślają rolę danych genomowych w procesie zrozumienia mechanizmów tłumaczących sukces gatunków inwazyjnych. Uzupełnienie wyników badań genomowych analizą mikrobiomu jelitowego pozwoliło na lepsze zrozumienie czynników ułatwiających inwazję.

W pierwszej części mojej pracy, wykonałam systematyczny przegląd opublikowanych prac wykorzystujących dane genomowe do analizy wpływu mechanizmów demograficznych na kształtowanie się zmienności genetycznej oraz działanie doboru naturalnego w procesie inwazji. Zauważyłam wyraźny wzorzec ilościowy wskazujący, że pierwotny spadek zmienności spowodowany dryfem genetycznym oraz efektem wąskiego gardła, podczas zakładania populacji w nowym zasięgu, jest częsty, jednak nie powoduje trwałego obniżenia zmienności. Migracje pomiędzy genetycznie odmiennymi introdukowanymi populacjami oraz introgresja wariantów genetycznych w procesie hybrydyzacji powodują odtworzenie zmienności wewnątrzpopulacyjnej. Ponadto, ślady doboru naturalnego są najczęściej identyfikowane w regionach genomu związanych z funkcjami biologicznymi, które potencjalnie mogą ułatwiać inwazję, jak np. tolerancja na zmiany temperatury, odporność immunologiczna, szlaki metaboliczne oraz odporność na pestycydy. Systematyczny przegląd artykułów umożliwił określenie luk w wiedzy i zaproponowanie przyszłych kierunków badań.

Wzorzec, który zidentyfikowałam na podstawie analizy opublikowanych artykułów potwierdziłam badając strukturę genetyczną i zmiany adaptacyjne, związane z inwazją szopa pracza *Procyon lotor*, będącego jednym z najszybciej rozprzestrzeniających się inwazyjnych ssaków w Europie. Odnotowałam obniżenie zmienności genetycznej w zasięgu inwazyjnym, i jednocześnie admiksję między populacjami inwazyjnymi. Obecność doboru równoległego pomiędzy populacjami inwazyjnymi oraz populacją rodzimą, występującymi w podobnych warunkach klimatycznych, sugeruje specyficzne lokalne adaptacje. Wyniki podkreślają

znaczenie podobieństwa siedlisk między zasięgami rodzimymi oraz inwazyjnymi. Ślady doboru zlokalizowane były w regionach genomu związanych z rozrodem, szlakami hormonalnymi, procesami neurologicznymi i poznawczymi, układem ruchu oraz procesami biochemicznymi odpowiadającymi na zmiany środowiskowe. Wykrycie działania doboru naturalnego w tych specyficznych grupach genów sugeruje, że lokalne adaptacje mogą mieć znaczenie w wygrywaniu przez szopy konkurencji z rodzimymi gatunkami.

W ostatniej części mojej pracy, porównałam skład i funkcjonalność mikrobiomu jelitowego rodzimych i inwazyjnych populacji szopa pracza jako czynnika potencjalnie mającego znaczenie dla jego inwazji. Populacje z obydwu zasięgów różniły się składem mikrobiomu, co mogło być spowodowane odmienną dietą lub zmianą składu taksonów bakteryjnych w wyniku przeniesienia poza naturalny zasięg i inwazji. Populacje z zasięgu inwazyjnego były bardziej zróżnicowane między sobą niż badane populacje rodzime. Jednocześnie duża różnorodność wewnątrzpopulacyjna nie potwierdziła wpływu efektu założyciela na poziom zmienności mikrobiomu jelitowego inwazyjnych populacji. Populacje rodzime miały mniej różnorodny mikrobiom, nie tylko w obrębie populacji, ale również bardzo zbliżony pomiędzy odległymi geograficznie lokalizacjami. Może to wskazywać na wysoki poziom stabilności mikrobiomu sugerujący jego odporność i rezyliencję. Z drugiej strony może to również odzwierciedlać ubogą, opartą na źródłach antropogenicznych dietę. Pomimo wykrytych różnic w składzie, profile funkcjonalne mikrobiomu jelitowego rodzimych i inwazyjnych populacji pokrywały się, co wskazuje na funkcjonalną redundancję, czyli nakładanie się funkcji pełnionych przez różne grupy bakterii. W przypadku szopa pracza, wysokie zróżnicowanie i niezaburzona funkcjonalność mikrobiomu jelitowego w populacjach inwazyjnych może być kolejnym czynnikiem ułatwiającym inwazję.

Zarządzanie gatunkami inwazyjnymi jest najbardziej skuteczne podczas początkowych etapów inwazji, kiedy działania zaradcze powinny być skupione na przeciwdziałaniu migracji oraz zakładaniu nowych populacji. Wyniki przeglądu systematycznego, jak i badania inwazji szopa pracza, wskazują na wpływ mieszania się odmiennych genetycznie populacji na sukces inwazji. Stąd też, na późniejszych etapach inwazji działania stają się mniej efektywne, ponieważ odbudowanie zmienności genetycznej potencjalnie ułatwia adaptację i sukces w nowym zasięgu. Przy użyciu danych o zmienności genetycznej wykazałam, że zgodność siedliska pomiędzy zasięgiem naturalnym i inwazyjnym ma znaczenie dla sukcesu w nowym zasięgu, dlatego warunki klimatyczne i cechy środowiska powinny być brane pod uwagę podczas ochrony zagrożonych terenów. Dane genomowe mogą usprawnić zarządzanie gatunkami inwazyjnymi, nie tylko poprzez odtworzenie historii inwazji, ale również oszacowanie potencjału adaptacyjnego. W konsekwencji możliwe będzie zaplanowanie dopasowanych do gatunku efektywnych działań.