

Inwazyjny gatunek obcy (ang. invasive alien species, IAS) to gatunek, który został przeniesiony poza swój naturalny zasięg, a jego introdukcja i rozprzestrzenianie zagraża różnorodności biologicznej. Inwazje biologiczne obcych gatunków uznawane są obecnie za jedno z największych zagrożeń dla różnorodności biologicznej, ale również dla gospodarki.

Inwazje biologiczne powodują powstawanie asymetrii pomiędzy populacjami rodzimymi i inwazyjnymi danego gatunku. Odnosi się to szczególnie do zróżnicowania genetycznego i związanego z nim zróżnicowania patogenów oddziałujących na daną populację. Według hipotezy uwolnienia od wrogów, przeniesienie obcego gatunku do nowego siedliska wiąże się dla ze zmniejszoną presją ze strony patogenów, które zostały utracone w czasie inwazji. Dzięki temu zyskuje on przewagę nad gatunkami rodzimymi. Sukces obcych gatunków w nowym siedlisku jest warunkowany przez ich możliwości adaptacyjne, które z kolei są zależne od poziomu zmienności genetycznej. Z badań genetycznych wynika, że dostosowanie do nowych warunków środowiskowych może zachodzić bardzo szybko, nawet w ciągu kilkunastu pokoleń, dlatego proces ewolucyjny, który kształtuje takie nowe adaptacje może mieć podstawowe znaczenie dla sukcesu inwazyjnych gatunków obcych.

W ramach proponowanego projektu zbadamy populacje szopa pracza z jego naturalnego zasięgu w Stanach Zjednoczonych i z zasięgu inwazyjnego, w Polsce, Czechach i Niemczech. Intensywna ekspansja tego gatunku w Europie rozpoczęła się ok. 20 lat od jego wprowadzenia, głównie z terenu Niemiec, gdzie dziś jego populacja przekracza milion osobników. Odpowiemy na pytanie o tzw. „genetyczny paradoks” gatunków inwazyjnych. Zakładając, że inwazyjne populacje gatunków obcych są zakładane zwykle z niewielkiej liczby osobników, można przewidywać, że ich zmienność genetyczna, umożliwiająca adaptacje do lokalnych warunków, została utracona. Tymczasem okazuje się, że zmienność genetyczna takich gatunków jest często taka sama, lub nawet wyższa niż w rodzimym zasięgu. Może się tak dzieć jeżeli populacje inwazyjne zostały założone z osobników pochodzących z różnych populacji i co za tym idzie różniących się genetycznie. Aby odpowiedzieć na pytanie jak powstają lokalne adaptacje inwazyjnych populacji i jakie jest ich znaczenie dla sukcesu gatunku inwazyjnego oraz wskazać miejsca w genomie, które podlegają doborowi naturalnemu użyjemy danych na temat zmienności genomowej szopa pracza, uzyskanych przy pomocy dwóch alternatywnych podejść. Zastosujemy metodę sekwencjonowania exomu, która pozwala na zidentyfikowanie zmienności genetycznej w kodujących regionach genomu, a więc takich które mogą mieć bezpośrednio znaczenie dla kształtowania się lokalnych adaptacji. Dodatkowo, planujemy zastosować markery związane z miejscami restrykcyjnymi, które pozwolą oszacować zmienność genetyczną w losowych miejscach na przestrzeni całego genomu. Aby sprawdzić, czy populacje inwazyjne są mniej narażone na presję patogenów porównamy różnorodność występujących w nich patogenów jelitowych z tymi z naturalnego zasięgu przy pomocy metabarkodingu genetycznego.

Uzyskane wyniki pozwolą odpowiedzieć na pytanie jakie znaczenie dla sukcesu inwazji gatunków obcych ma zmienność na poziomie genomowym, jaki jest jej związek z kształtowaniem się adaptacji w nowych lokalnych siedliskach, oraz pozwolą oszacować presję patogenów populacji naturalnych i inwazyjnych.