

Zwierzęta zamieszkujące odległe obszary różnią się pod względem zmienności genetycznej. Te geograficzne różnice są skutkiem działania dwóch procesów: demografii (wzrostu populacji, migracji) oraz doboru naturalnego. Wzajemne oddziaływania tych dwóch sił nie są ciągle dobrze wyjaśnione. W niniejszym projekcie zajmiemy się tym zagadnieniem na przykładzie nornicy rudej *Myodes glareolus*, małego leśnego gryzonia zamieszkującego nizinne części Europy, oraz jej pasożyta, nicienia *Heligmosomum mixtum*.

Poprzednie badania wykazały, że zmienność genetyczna nornic została ukształtowana przez migracje z refugium glacialnych po ostatnim zlodowaceniu. Badania te jednak opierały się tylko na jednym miejscu w genomie. Inne prace wykazały, że nornice pochodzące z różnych refugium różnią się fizjologicznie, ale nie jest jasne, jak wiele genów zróżnicowanych jest geograficznie. W proponowanym projekcie podejmiemy próbę odpowiedzi na to pytanie poprzez charakterystykę zmienności w całym genomie, a nie w pojedynczych genach, jak w innych pracach.

Co więcej, niedawne badania wykazały, że zmienność w genach kodujących geny odpowiedzi immunologicznej nie pokrywa się ze zmiennością opisaną powyżej. Powstaje więc pytanie o mechanizmy dostosowania do lokalnych warunków, na które odpowiemy badając zmienność genetyczną nicienia *H. mixtum*, spotykanego często u nornic. Pasożyty są istotną siłą selekcyjną wpływającą na dostosowanie żywicieli, a ze względu na swoje zróżnicowanie geograficzne dobrze nadają się do badania lokalnego wpływu doboru na zmienność genetyczną żywicieli.