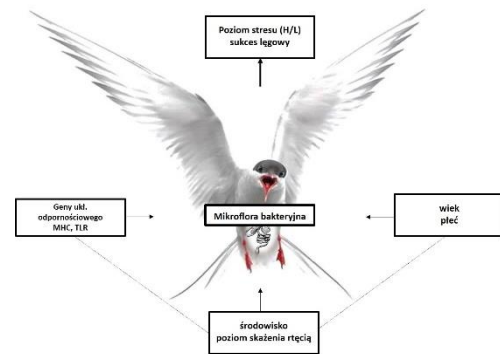


Oddziaływanie geny a środowisko na przykładzie długowiecznego gatunku ptaka morskiego. Jak geny układu odpornościowego i zanieczyszczenia wpływają na mikrobiom i dostosowanie (fitness) u rybitwy rzecznej *Sterna hirundo*?

Sposób w jaki organizmy zachowują się, czy jak wyglądają, jest po części efektem działania genów, które dziedziczą po swych przodkach, po części zaś środowiska, w którym żyją. Wspólne oddziaływanie tych dwóch czynników jest podstawą procesu ewolucji na drodze doboru naturalnego. Z tego względu badania ekologów ewolucyjnych nakierowane są zazwyczaj na wyjaśnienie, które ze składników środowiska leżą u podstaw procesu selekcji oraz, który z elementów zmienności genetycznej wpływa na sukces przetrwania i przystąpienia do rozrodu danego osobnika.



Środowisko naturalne zawsze charakteryzowało się pewnym poziomem zmienności. Niestety obecna działalność człowieka prowadzi do szybkich zmian o charakterze globalnym. Jednym z wielu elementów otoczenia, który podlega wpływowi człowieka a oddziałuje na organizmy jest poziom zanieczyszczeń. Do innych zaliczamy rodzaj i ilość patogenów krążących w środowisku, czego przykładem jest choćby sytuacja wywołana pojawieniem się w wyniku naszych działań nowego wirusa sars cov2.

Mikrobiom to całość mikroorganizmów żyjących na lub wewnątrz istot żywych. Na przestrzeni ostatnich lat wiele badań wykazało związek składu mikrobiomu, głównie tego zamieszkującego nasz przewód pokarmowy, z kondycją czy wybranymi chorobami. Dowiedziono również, że jego skład jest uzależniony od zróżnicowania genów kodujących cząsteczki zaangażowane w prawidłową odpowiedź immunologiczną. Jest on także kształtowany przez czynniki środowiskowe tj. np. poziom zanieczyszczeń. A zatem skład mikrobiomu może być jednym z czynników łączących zróżnicowanie genetyczne osobnika z jego sukcesem reprodukcyjnym przy uwzględnieniu wpływu aktualnych warunków środowiska. Na dzień dzisiejszy, związek ten nie jest potwierdzony w badaniach ekologicznych, a ma jedynie charakter hipotezy. Stąd pojawia się potrzeba realizacji badań biorących pod uwagę wszystkie z wymienionych czynników.

Z powyższych powodów głównym celem projektu jest zbadanie jak zróżnicowanie genów układu odpornościowego i zanieczyszczenie środowiska oddziałują na skład flory bakteryjnej przewodu pokarmowego i w dalszej konsekwencji na efekt rozrodu danego osobnika. Przedkładany projekt będzie realizowany w oparciu o regularne pobieranie prób biologicznych od rybitw rzecznych pochodzących z populacji badanej od wielu lat na terenie północnych Niemiec. Osobniki do niej należące są indywidualnie oznakowane a ich historia życiowa jest w pełni znana. Materiałem biologicznym będą próby krwi i kału zbierane od osobników o znanym wieku, płci oraz pochodzeniu. Ocenie będzie podlegać zróżnicowanie genetyczne ptaków oraz coroczny poziom akumulacji zanieczyszczeń w organizmie. Próby kału posłużą do opisu składu flory bakteryjnej przewodu pokarmowego. Równoległe gromadzone będą informacje na temat otaczającego środowiska (zagęszczenie gniazd w kolonii lęgowej, dostępność pokarmu, temperatura powierzchni morza na żerowiskach). Ostatnim elementem badanym podczas realizacji projektu będzie przebieg lęgów oraz przeżywalność ptaków objętych obserwacjami.

Podczas realizacji projektu będziemy w stanie określić (i) zmienność wewnątrzosobniczą w składzie mikrobiomu i poziomie zanieczyszczeń, (ii) związek między zmianami wymienionych wyżej parametrów a środowiskiem oraz (iii) ustalić czy obserwowane różnice w sukcesie lęgowym i przeżywalności ptaków są efektem poziomu zróżnicowania genetycznego. W trakcie projektu będziemy w stanie przeanalizować proces doboru naturalnego zachodzącego w populacji rybitw rzecznych z uwzględnieniem zmian w ich środowisku naturalnym. Obecnie gdy zmiany przebiegają bardzo gwałtownie, poznanie opisanych procesów ma znaczenie również dla planowania działań z zakresu ochrony ptaków morskich.