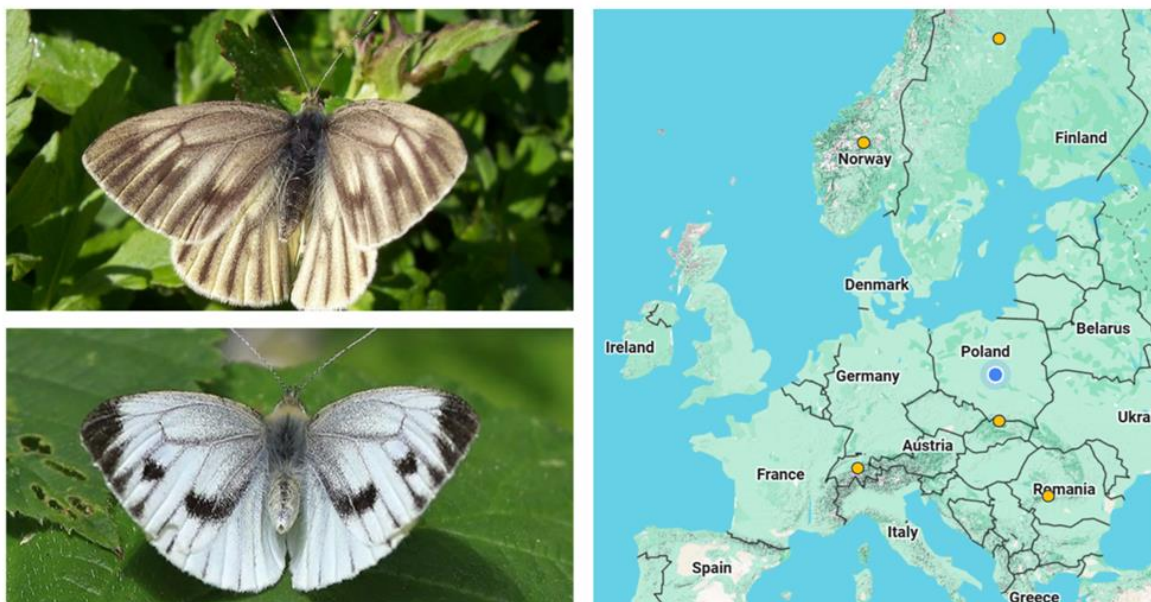


Jak historia ewolucyjna łączy się z lokalną ekologią, aby wpływać na bioróżnorodność i adaptację klimatyczną motyli. Motyle należą do najbardziej ikonicznych i dobrze znanych grup zwierząt zamieszkujących europejskie tereny wiejskie. Szybko stają się również najbardziej zaawansowanym systemem modelowym, poza ludźmi, myszami, muszkami owocowymi i kilkoma innymi, do zrozumienia, jak ewolucja na poziomie genomu wpływa na adaptację do środowiska. Podobnie jak wiele innych organizmów, motyle były dotknięte powtarzającymi się cyklami zlodowaceń w ciągu ostatnich 2 milionów lat, oddzielając się w okresach zimnych do geograficznie odrębnych ‘refugiów’, ewoluując w odrębne gatunki i rozwijając różne adaptacje, zanim ponownie rozprzestrzeniły się po Europie w okresach ciepłych, aby hybrydyzować, konkutować i potencjalnie dzielić się adaptacjami. Głównym celem tego projektu jest zrozumienie, jak obecny cykl postglacjalnego rozprzestrzeniania się i hybrydyzacji wpłynął na zdolność do reagowania na naturalne i antropogeniczne zmiany środowiskowe oraz jak to się różni geograficznie, w zależności od pochodzenia zmienności genetycznej obecnej w każdej lokalizacji. Aby to osiągnąć, wykorzystamy członków szeroko rozpowszechnionego kompleksu gatunków motyli, *Pieris napi* i jego bliskich krewnych, które obejmują gatunki, podgatunki i rasy geograficzne przystosowane do ciepłych, zimnych, zalesionych i otwartych środowisk, które nakładają się i hybrydują w różnym stopniu w różnych częściach Europy. Poprzez połączenie sekwencjonowania całego genomu dzikich populacji i badań nad przeżywalnością oraz ekspresją genów w warunkach laboratoryjnych kontrolowanych klimatycznie, (1) zidentyfikujemy geny i regiony genomowe, które przyczyniają się zarówno do adaptacji środowiskowej, jak i mechanizmów izolacyjnych utrzymujących odrębność gatunków, oraz (2) zbadamy, jak lokalne środowisko i lokalna dostępność specyficznych wariantów genomowych wpływają na lokalną bioróżnorodność i zdolność do reagowania na współczesne zmiany środowiskowe.



Rysunek 1. Większość członków kompleksu gatunków *Pieris napi* ma samice o białym kolorze tła (dolny lewy panel), w tym wiele, które żyją w lasach i na dużych wysokościach. Jednak w Arktyce oraz na dużych wysokościach i w gęsto zalesionych regionach Alp i Karpat występują populacje i gatunki z ciemno ubarwionymi samicami (górny lewy panel), które nigdy nie występują w cieplejszych klimatach. Oba typy spotykają się i hybrydują w wielu miejscach (pomarańczowe punkty na mapie oznaczają przykładowe lokalizacje), a w niektórych miejscach, ale nie we wszystkich, forma jasna zastępuje formę ciemną.

Wiele badań zidentyfikowało adaptacje do zmian klimatycznych i degradacji siedlisk, a identyfikacja genów zaangażowanych w adaptację jest również w toku. Jednak celem tego badania jest znaczne zwiększenie poziomu rozdzielczości w określaniu oczekiwanych reakcji populacji i optymalnych strategii zarządzania poprzez skupienie się na mechanizmach geograficznej zmienności wyników. W kompleksie gatunków *Pieris napi* istnieją gatunki i podgatunki z ciemno ubarwionymi samicami, które zawsze są związane z zimnymi środowiskami i są zagrożone wyginięciem z powodu hybrydyzacji w niektórych miejscach (Rys. 1). Naszym celem jest zidentyfikowanie, dlaczego populacje różnią się zdolnością do reagowania na zmiany środowiskowe i dlaczego populacje ciemno ubarwione wydają się szczególnie niezdolne do reagowania na ocieplenie klimatu. Chcemy dostarczyć ramy dla przyszłych badań o wysokiej rozdzielczości, aby poprawić nasze podstawowe zrozumienie i zdolność do zarządzania reakcjami na zmiany klimatyczne.