

Tytuł projektu: Jak cechy żywicieli i środowiska leśnego kształtują mikrobiomy chrząszczy saproksylicznych

Cel projektu: Projekt ma na celu zasadnicze zrozumienie skomplikowanych relacji między dwoma ekologicznie ważnymi gatunkami chrząszczy saproksylicznych, *Cucujus cinnaberinus* (rzadki gatunek wskaźnikowy dla lasów bliskich naturalnym) i *Ips typographus* (pospolity, uważany za poważnego szkodnika drewna), a także powiązanymi z nimi zespołami mikroorganizmów. Poznanie tych interakcji będzie istotne zarówno dla ochrony różnorodności biologicznej, jak i zrównoważonego zarządzania lasami.

Opis badań: Planowane badania wykorzystują innowacyjne zintegrowane podejście, analizując zarówno strukturę genetyczną poszczególnych chrząszczy, jak i skład ich mikrobiomów bakteryjnych i grzybowych. Wykorzystam istniejące dane genetyczne gospodarzy (ddRADseq) i uzyskamy nowe dane dotyczące mikrobiomu poprzez sekwencjonowanie amplikonów markerów 16S rRNA i ITS. Ta połączona analiza pozwoli nam bezpośrednio powiązać zmienność genetyczną gospodarza z różnorodnością i składem mikrobiomu, przewyższając ograniczenia badań, które traktowały te aspekty oddzielnie. Porównam te zależności u *C. cinnaberinus* i *I. typographus*, dwóch gatunków, które należą do organizmów saproksylicznych, ale wyraźnie odmiennych ekologicznie (rzadki vs powszechny; specjalista lasów naturalnych vs generalista; generalista vs specjalista pokarmowy drzew), zebranych w lasach bliskich naturalnym i drzewostanach gospodarczych, aby zrozumieć, w jaki sposób zarządzanie lasami wpływa zarówno na żywicieli (chrząszcze), jak i ich mikrobiomy. Chociaż istnieją pewne wcześniejsze badania dotyczące mikrobiomu tych gatunków, żadne z nich nie uwzględniło środowiska jako czynnika, ani nie konfrontowało genetyki żywicieli z różnorodnością bakterii lub grzybów.

Powody podjęcia badań: *Cucujus cinnaberinus* jest kluczowym gatunkiem wskaźnikowym, a zrozumienie jego wymagań ekologicznych, potencjalnie także determinowanych przez jego mikrobiom, jest niezbędne do skutecznego planowania strategii ochrony mających na celu zachowanie cennych ekosystemów lasów bliskich naturalnym. Z drugiej strony *Ips typographus* powoduje znaczne szkody ekonomiczne, a identyfikacja czynników mikrobiologicznych wpływających na jego masowe pojawy może doprowadzić do nowych i przyjaznych dla środowiska strategii zwalczania szkodników. Badanie tych dwóch ekologicznie kontrastujących gatunków w różnych kontekstach środowiskowych zapewni kompleksowe zrozumienie interakcji żywicieli-drobnoustroje w ekosystemach leśnych. Dostępność istniejących danych genetycznych żywicieli zapewni wyjątkową okazję do skutecznego przeprowadzenia tej zintegrowanej analizy.

Oczekiwane istotne wyniki: Oczekuję, że badania te przyniosą nowe spostrzeżenia na temat mikrobiologicznych podstaw specjalizacji siedliskowych, odporności ekologicznej lub zachowań szkodników na przykładzie wybranych kluczowych gatunków chrząszczy. Przewiduję zidentyfikowanie specyficznych sygnatur mikrobiologicznych związanych z ograniczonym występowaniem *C. cinnaberinus* i potencjalnych czynników wywołujących pojawy *I. typographus*. Wygenerowany unikalny sparowany zestaw danych genetycznych i mikrobiomowych będzie cennym zasobem dla społeczności naukowej, prowadząc do znaczących publikacji w wiodących recenzowanych czasopismach. Ponadto odkrycia mogą potencjalnie wpłynąć na wytyczne dotyczące ochrony lasów pierwotnych i przyczynić się do rozwoju zrównoważonych praktyk zarządzania lasami. Zaprezentowane podejście można w przyszłości rozszerzyć na inne taksony, zależnie od dostępnych zasobów lub współpracy. Podczas gdy sekwencjonowanie amplikonów dostarczy cennych informacji, przyszła analiza metagenomiczna może dodatkowo wyjaśnić funkcjonalne role zidentyfikowanych zespołów mikroorganizmów.