

Liczba inwazyjnych gatunków obcych rośnie na całym świecie, powodując szkody w ekosystemach naturalnych i rolniczych. Inwazje biologiczne obcych gatunków uznawane są obecnie za jedno z największych zagrożeń dla różnorodności biologicznej, ale również dla gospodarki. 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. Inwazje, zwłaszcza gatunków owadów, są często związane z wielokrotnymi introdukcjami osobników pochodzących ze zróżnicowanych genetycznie populacji, co pozwala na utrzymanie wysokiej różnorodności genetycznej w populacjach inwazyjnych, zapewniając źródło adaptacji w nowych siedliskach. Zastosowanie badań całogenomowych do badania historii inwazji i adaptacji pozwalają na wykrycie miejsc w genomie, które odpowiadają za adaptację do nowych warunków środowiskowych. Badania polimorfizmu pojedynczego nukleotydu (SNP) ale również badania dłuższych fragmentów genomu, tzw. wariantów strukturalnych (SV, dłuższych niż 30 par zasad), które często są związane z cechami wspierającymi ekspansję zasięgu pozwalają również na identyfikację zdarzeń ewolucyjnych, takich jak ekspansje rodzin genów lub aktywność transpozonów, które mogą modulować sukces inwazji.

W proponowanym projekcie wykorzystamy modele inwazji dwóch gatunków pluskwiaków związanych z gatunkami drzew iglastych, pochodzących z Ameryki północnej i będących w tej chwili w intensywnej inwazji w Europie, mszyca *Cinara curvipes* i wtyka amerykańskiego *Leptoglossus occidentalis*. Określimy mechanizmy genetyczne, które mogłyby wyjaśnić szybko postępującą inwazję. Zidentyfikujemy drogi inwazji obu gatunków, liczbę zróżnicowanych genetycznie introdukcji, zmienność genomu na poziomie populacyjnym i strukturę genetyczną populacji. Oba gatunki różnią się znacznie pod względem strategii reprodukcyjnych i zdolności do rozprzestrzeniania się, co prawdopodobnie wpływa na ich genetyczną strukturę populacji i poziom różnorodności. Potencjalnie niższa populacyjna zmienność genomowa *C. curvipes*, która może być efektem częściowo partenogenetycznego sposobu rozmnażania i, niższej niż w przypadku wtyka, łączności między populacjami może być równoważona przez sprzyjające inwazji cechy genomu, takie jak i ekspansja określonych rodzin genów i aktywność transpozonów. Kontrastujące cechy historii życia, dynamika inwazji i plastyczność ekologiczna obu gatunków oferują wyjątkową okazję do porównania różnych mechanizmów genomowych, które mogą ułatwiać inwazje gatunków. Nasze badania pozwolą określić, w jaki sposób historia demograficzna, architektura genomu i interakcje środowiskowe kształtują sukces inwazji gatunków stanowiących zagrożenie dla ekosystemów leśnych. Połączymy sekwencjonowanie NGS długich i krótkich odczytów, oraz sekwencjonowanie pojedynczych genomów i łączne sekwencjonowanie genomów osobników pochodzących z tych samych naturalnych i inwazyjnych populacji aby uzyskać pełny obraz przebiegu inwazji, lokalnych adaptacji i cech genomu obu gatunków. Zbadamy czy i w jaki sposób przebiega adaptacja w geograficznym gradiencie inwazji, spróbujemy zidentyfikować czy selekcja przebiega podobnie czy rozbieżnie pomiędzy populacjami rodzimymi i inwazyjnymi.