

ZAŁĄCZNIK Nr 2

**AUTOREFERAT
w języku polskim**

dr Magdalena Moska

**Katedra Genetyki
Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu**

Wrocław, 2018

1. Imię i nazwisko: **Magdalena, Anna Moska**
2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe/artystyczne – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.

1995 – tytuł zawodowy magistra biologii, Uniwersytet Wrocławski, Wydział Nauk Przyrodniczych, kierunek biologia, specjalność: biologia ogólna;
Tytuł pracy magisterskiej: Ssaki Gór i Pogórza Izerskiego.

Promotor: dr J. Bartmańska

2001 – stopień doktora nauk biologicznych, Uniwersytet Wrocławski, Wydział Nauk Przyrodniczych, kierunek biologia, specjalność: biologia;
Tytuł rozprawy doktorskiej: Zróżnicowanie morfologiczne i kariotypowe ryjówki aksamitnej (*Sorex araneus* L.) w strefie kontaktu ras chromosomowych Gołdap i Popielno w północno-wschodniej Polsce.
Promotor: prof. dr hab. Teresa Wiszniowska

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych/artystycznych

2001-2002: Uniwersytet Wrocławski, Instytut Zoologiczny, stanowisko: asystent

2002- obecnie: Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, stanowisko: adiunkt

4. Wskazanie osiągnięcia* wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.):

Zgodnie z treścią w/w ustawy osiągnięciem naukowym jest wskazany poniżej cykl czterech powiązanych tematycznie prac naukowych, dołączony do dokumentacji, jako załącznik nr 5 do wniosku o wszczęcie postępowania habilitacyjnego. Cykl objęto wspólnym tytułem:

Historyczno-geograficzne przyczyny zmienności genetycznej ssaków na wybranych przykładach

a) Wykaz publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe, o którym mowa w art. 16 ust. 2 Ustawy (autor/autorzy, tytuł/tytuły publikacji, rok wydania, nazwa wydawnictwa):

- 1) **Moska M.**, Mucha A., Wierzbicki H. **2018**. Genetic differentiation of the edible dormouse in the Polish Sudetens: the current status of an endangered species. **Journal of Zoology** 305(3): 203-211; doi.org/10.1111/jzo.12552
Lista A, [IF₂₀₁₈ = **2.186**, pkt MNiSW₂₀₁₆ = **35**, liczba cytowań wg WoS = **0**]
Mój udział procentowy szacuję na 65%,
- 2) Mackiewicz P., **Moska M.**, Wierzbicki H., Gagat P., Mackiewicz D. **2017**. Evolutionary history and phylogeographic relationships of shrews from *Sorex araneus* group. **PLoS ONE** 12(6): e0179760; doi:10.1371/journal.pone.0179760
Lista A, [IF_{2016/2017} = **2.806**, pkt MNiSW₂₀₁₆ = **40**, liczba cytowań wg WoS = **2**]
Mój udział procentowy szacuję na 40%,
- 3) **Moska M.**, Wierzbicki H., Strzała T., Mucha A., Dobosz T. **2012**: Genetic structuring of the common shrew, *Sorex araneus* (Soricomorpha: Soricidae) in the Polish Sudetes may suggest ways of northwards colonization. **Hereditas** 149: 197-206
Lista A, [IF₂₀₁₂ = **0.964**, pkt MNiSW₂₀₁₂ = **15**, MNiSW₂₀₁₆ = **15**, liczba cytowań wg WoS = **0**]
Mój udział procentowy szacuję na 65%,

- 4) **Moska M.**, Wierzbicki H., Macierzyńska A., Strzała T., Maślak R., Warchałowski M. **2011**. A microsatellite study in the Łęgucki Młyn/Popielno hybrid zone reveals no genetic differentiation between two chromosome races of the common shrew (*Sorex araneus*). **Acta Theriologica** 56(2): 117-122
Lista A, [IF₂₀₁₁ = **0.89**, pkt MNiSW₂₀₁₀ = **27**, MNiSW₂₀₁₀ = **25**, liczba cytowań wg WoS = **5**]
Mój udział procentowy szacuję na 60%,
- 5) Wierzbicki H., **Moska M.**, Strzała T., Macierzyńska A. **2011**. Do aquatic barriers reduce male-mediated gene flow in a hybrid zone of the common shrew (*Sorex araneus*)? **Hereditas** 148: 114-118
Lista A, [IF₂₀₁₁ = **0.788**, pkt MNiSW₂₀₁₀ = **13**, MNiSW₂₀₁₆ = **15**, liczba cytowań wg WoS = **2**]
Mój udział procentowy szacuję na 55%,

Wszystkie prace zostały opublikowane w czasopismach z listy JCR. Sumaryczny współczynnik wpływu (**IF**) zgodnie z rokiem opublikowania wynosi **7.634**, suma pkt MNiSW (zarówno zgodnie z rokiem opublikowania, jak i zgodnie z ostatnią listą 2016) za ww. publikacje wynosi **130**.

Oświadczenia współautorów znajdują się w załączniku nr 6.

b) Omówienie celu naukowego/artystycznego ww. pracy/prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.

Procesy ewolucyjne, zachodzące nieustannie w otaczającym nas świecie, skłaniają badaczy do ciągłego poszukiwania i wyjaśniania ich mechanizmów. Wraz z rozwojem technik biologii molekularnej, wyniki tych poszukiwań stają się coraz dokładniejsze, dostarczając nam cennych informacji i pozwalając lepiej zrozumieć zjawiska zachodzące w przyrodzie od milionów lat. Analizując

strukturę genetyczną różnych gatunków należy mieć na uwadze fakt, że odzwierciedla ona nie tylko obecnie zachodzące procesy ewolucyjne, lecz także historię tych gatunków (Avice 2000). Trzeba również pamiętać, że na strukturę genetyczną organizmów mają wpływ nie tylko czynniki genetyczne, ale i te, które wynikają z heterogenności środowiska, na przykład obecność różnego typu barier środowiskowych (pasm górskich, rzek, niedogodnych siedlisk itp.), dzielących populacje danego gatunku.

W badaniach procesów ewolucyjnych najlepiej sprawdzają się gatunki cechujące się dużym potencjałem interpretacyjnym. Takie warunki spełniają wybrane przeze mnie do badań dwa gatunki ssaków: (1) naziemny ssak owadożerny z rzędu ryjówkokształtnych (Soricomorpha) – ryjówka aksamitna *Sorex araneus* oraz (2) nadrzewny gryzoń (Rodentia) – popielica szara *Glis glis*.

Wyjątkowość ryjówki aksamitnej polega na dużej wewnątrzgatunkowej zmienności chromosomowej. Diploidalna liczba autosomów *S. araneus* waha się od 18 do 30, przy stałej liczbie ich ramion wynoszącej zawsze 36. U podstawy zróżnicowania ilościowego i jakościowego autosomów ryjówki aksamitnej leżą aberracje chromosomowe, głównie fuzje centryczne (Robertsona) i/lub wzajemne translokacje ramion chromosomowych (WART) (Searle i Wójcik 1998, Wójcik i wsp. 2002). W efekcie zróżnicowania kariotypowego zasięg *S. araneus* został podzielony na ponad 70 ras chromosomowych, z których 10 występuje w Polsce (Wójcik i wsp. 2003, Fedyk i wsp. 2008).

Sąsiadujące ze sobą rasy *S. araneus* w wielu przypadkach tworzą strefy hybrydyzacji, których do dzisiaj opisano kilkanaście (m.in. Searle i Wójcik 1998, Jadwiszczak i wsp. 2006; Moska 2003). W tych strefach, oprócz osobników o kariotypach kontaktujących się ras, występują hybrydy międzyrasowe (heterozygoty kompleksowe), tworzące w mejozie kompleksy wspólnie segregujących chromosomów (Wójcik i wsp. 2002). Zatem, strefy hybrydyzacji stanowią swego rodzaju naturalne laboratoria, w których możliwe jest śledzenie mechanizmów ewolucyjnych i które mogą dostarczyć

cennych informacji na temat roli różnic chromosomowych w procesie specjacji (Ratkiewicz 2006).

Popielica szara to gatunek nadrzewnego gryzonia silnie związanego z występowaniem lasów liściastych (zwłaszcza bukowych) i lasów mieszanych. Z uwagi na to, że drzewa dają temu gatunkowi nie tylko możliwość przemieszczania się, lecz także zapewniają mu bazę pokarmową i schronienie, ssak ten w szczególnym stopniu narażony jest na fragmentację lasów. Brak ciągłości siedlisk przekłada się na jego strukturę genetyczną, skutkując powstawaniem małych, izolowanych populacji tego gatunku. Popielica jest zatem idealnym gatunkiem do badań nad rolą barier środowiskowych w procesie specjacji.

Dynamiczny rozwój technik molekularnych sprawił, że w badaniach procesów ewolucyjnych wykorzystuje się różne typy markerów. Dzięki temu możliwa stała się analiza struktury genetycznej gatunków, niezbędna dla odtworzenia ich historii ewolucyjnej, a także poznanie powiązań filogeograficznych między różnymi taksonami.

Podjęte badania zakładały realizację poniżej zestawionych celów:

1. Próba wyjaśnienia roli stref hybrydyzacji ras chromosomowych w procesie specjacji u *S. araneus* poprzez analizę zróżnicowania genetycznego ryjówek w strefie Łęgucki Młyn/Popielno.
2. Wyjaśnienie czy, i w jakim stopniu, bariery środowiskowe wpływają na poziom przepływu genów u drobnych ssaków, na przykładzie naziemnej ryjówki aksamitnej i nadrzewnej popielicy szarej.
 - 2.1 Czy jeziora i rzeka stanowią skuteczną barierę dla przepływu genów u ryjówki aksamitnej?
 - 2.2 Na ile grzbiety górskie Masywu Śnieżnika stanowią barierę dla przepływu genów i w jakim stopniu kształtują strukturę genetyczną oddzielonych nimi populacji *S. araneus*?

- 2.3 Jak warunki topograficzne i siedliskowe Sudetów i Przedgórze Sudeckiego wpływają na strukturę genetyczną popielic, zamieszkujących wskazany obszar.
3. Próba ustalenia prawdopodobnych dróg kolonizacji Masywu Śnieżnika przez *S. araneus*.
 4. Próba odtworzenia historii ewolucyjnej i związków filogeograficznych w obrębie ryjówek z grupy *Sorex araneus*.

Realizacja tych celów wiązała się z koniecznością stworzenia interdyscyplinarnego zespołu badawczego, w skład którego, prócz genetyków, weszli biostatystycy i genomicy. Wieloletnia współpraca z nimi pozwoliła mi na znacznie szersze spojrzenie na poruszaną problematykę, przyczyniając się niewątpliwie do mojego indywidualnego rozwoju.

Osiągnięte rezultaty

Wyniki prowadzonych przeze mnie badań, dotyczących zróżnicowania genetycznego, jego przyczyn i konsekwencji, u wybranych gatunków ssaków, zostały opublikowane w postaci serii współautorskich prac, w czterech czasopismach o profilu ogólnobiologicznym i ewolucyjnym o łącznym IF = 7.634.

Osiągnięcie naukowe, odpowiadające **celowi 1**, zostało zrealizowane w **publikacji nr 4** przedstawionego do oceny cyklu.

Strefy hybrydyzacji ras chromosomowych, opisane u ryjówek aksamitnej, stanowią doskonałe miejsce do badań znaczenia różnic kariotypowych w procesie specjacji, poziomemu przepływu genów, a docelowo do wyznaczenia liczby i położenia genów zaangażowanych w mechanizmy izolujące (Ratkiewicz 2006). To dzięki temu, że współwystępujące w nich ryjówek reprezentują różne rasy chromosomowe, a niektóre są międzyrasowymi mieszańcami, różniąc się od siebie liczbą chromosomów i kombinacją ich ramion.

Podczas kilkuletnich badań (1996-1999), dotyczących jednej ze stref hybrydyzacji ryjówki aksamitnej (strefa Gołdap/Popielno), najtrudniejszym zadaniem było jej zlokalizowanie. Udało się to, dzięki prowadzonym w terenie badaniom cytogenetycznym, których wyniki przedstawiłam w rozprawie doktorskiej (Moska 2000). W późniejszych latach głównym celem prowadzonych przeze mnie badań było sprawdzenie, czy i w jakim stopniu różnice chromosomowe mają przełożenie na zróżnicowanie w obrębie loci mikrosatelitarnych, gdyż, pomimo, że ryjówka aksamitna należy do najbardziej zmiennych chromosomowo gatunków ssaków, niewiele było wiadomo o zróżnicowaniu jej ras chromosomowych na tym poziomie. W momencie, gdy rozpoczęłam badania, znane były wyniki analiz, wykorzystujących polimorfizm sekwencji mikrosatelitarnych, z trzech stref hybrydyzacji: z dwóch w Szwecji - Uppsala/Hällefors i Abisko/Sidensjö (Wytttenbach i wsp. 1999, Andersson 2004, Andersson i wsp. 2004) oraz z polskiej strefy Drnholec/Białowieża (Jadwiszczak i wsp. 2006).

W **publikacji nr 4** przeanalizowano zróżnicowanie genetyczne w strefie hybrydyzacji dwóch ras chromosomowych - Łęgucki Młyn i Popielno, zlokalizowanych w północno-wschodniej Polsce. Ryjówki rasy Łęgucki Młyn (Łg) charakteryzuje obecność w kariotypie chromosomów diagnostycznych: h/k , i/o , q , a rasy Popielno (Po): h/q , i/k , o , (Wójcik 1986, Moska 2003). Hybrydy międzyrasowe mogą teoretycznie tworzyć w mejozie krótkie 4 lub 5-elementowe kompleksy łańcuchowe ($i/ik/kh/h$, $k/ki/io/o$, $i/ik/kh/hq/q$).

Materiał do badań genetycznych stanowiły tkanki pobrane od 75 zwierząt (46 - Łg i 29 - Po), pochodzących z 9 lokalizacji. W analizach genetycznych wykorzystano 7 polimorficznych autosomalnych sekwencji mikrosatelitarnych i jedną sekwencję, zlokalizowaną na chromosomie Y.

Obie rasy (Łg i Po) są chromosomowo bliskie, a kompleksy mejozytyczne, które mogą powstawać podczas mejozy - nieskomplikowane. Przeprowadzone analizy, w oparciu o autosomalne loci mikrosatelitarne, nie wykazały istotnego zróżnicowania genetycznego pomiędzy nimi, co w konsekwencji skutkowało

swobodnym przepływem genów pomiędzy rasami (Tab. 1). Ciekawym wynikiem było wykazanie, iż poziom zróżnicowania, oszacowany w oparciu o sekwencję mikrosatelitarną zlokalizowaną na chromosomie Y, był kilkakrotnie wyższy od tego wykazanego w oparciu o markery autosomalne, co mogłoby sugerować iż dyspersja samców w strefie jest zaburzona. Dokładniejsze badania, przeprowadzone w oparciu o większą liczbę badanych osobników i wykorzystujące więcej markerów powinny pomóc w odpowiedzi na pytanie o przyczynę tych różnic.

Wyniki badań, przeprowadzonych w strefie kontaktu ras chromosomowych Łęgucki Młyn/Popielno wskazują, że niewielkie różnice chromosomowe pomiędzy kontaktującymi się rasami i prosta struktura kompleksów wspólnie segregujących chromosomów u hybrydów znajdują odzwierciedlenie w niewielkich różnicach na poziomie sekwencji mikrosatelitarnych u badanych osobników. W przypadku tak bliskich chromosomowo ras odpowiedź na pytanie o rolę stref hybrydyzacji w procesie specjacji *S. araneus* wydaje się niestety niemożliwa.

W publikacjach nr 1, 3 i 5 przedstawionego do oceny cyklu podjęłam się realizacji celu 2. Sprawdzenie, w jaki sposób czynniki środowiskowe wpływają na przepływ genów i kształtują strukturę genetyczną populacji u drobnych ssaków wydało mi się zagadnieniem bardzo interesującym, a oba wybrane gatunki, ryjówka aksamitna i popielica szara – właściwymi obiektami badawczymi. Jak wiadomo, w przypadku, gdy istnieje zdefiniowana bariera środowiskowa, ograniczona wymiana migrantów, między rozdzielonymi nią populacjami, może stać się zaczątkiem procesu specjacji. W tego typu badaniach bardzo istotną rzeczą jest zdefiniowanie, zlokalizowanie, a także poznanie charakteru owej bariery.

W przypadku ryjówki aksamitnej prowadzono niewiele badań dotyczących roli barier środowiskowych w zróżnicowaniu genetycznym tego gatunku. Ratkiewicz i wsp. (2000), badając wpływ moreny zwięzającej dolinę

rzeki na przepływ genów pomiędzy rozdzielonymi nią populacjami *S. araneus*, nie stwierdzili zależności między cechami środowiska, a zróżnicowaniem genetycznym populacji. Podobnie było w przypadku kilku rzek, które mając szerokość nawet kilkudziesięciu metrów, nie stanowiły wyraźnej bariery dla dyspersji ryjówek (Lugon-Moulin i wsp. 1996, Wyttenbach i wsp. 1999). Z drugiej strony, przeprowadzone przeze mnie badania cytogenetyczne *S. araneus* w północno-wschodniej Polsce wykazały, że specyficzna lokalizacja i charakter bariery (ciąg kilku jezior i rzeki) może skutecznie utrudniać swobodny kontakt ryjówek, zlokalizowanych po obu jej stronach (Moska 2000, Moska 2003). Rolę barier środowiskowych w kształtowaniu struktury genetycznej ryjóweki aksamitnej badano także w warunkach górskich. Badania takie prowadzono we francuskich i szwajcarskich Alpach wykazując, że wysokie szczyty górskie (>2400 m n.p.m.) stanowią skuteczną barierę redukując w sposób istotny przepływ genów i kształtując tym samym strukturę genetyczną izolowanych populacji (Wyttenbach i wsp. 1999, Lugon-Moulin i wsp. 2000, Lugon-Moulin i Hausser 2002).

Postanowiłam zatem sprawdzić, czy, i w jakim stopniu, różne typy barier środowiskowych wpływają na przepływ genów u badanego gatunku.

(1) Bardzo ciekawe warunki topograficzne (obecność ciągu kilku jezior i rzeki Krutyni) w północno-wschodniej Polsce pozwoliły na przeanalizowanie ich wpływu na przepływ genów między populacjami *S. araneus* zlokalizowanymi po obu stronach potencjalnej bariery. Już wyniki przeprowadzonych badań cytogenetycznych wykazały wyraźne przesunięcie zasięgów obu ras chromosomowych (Łęgucki Młyn i Popielno), zlokalizowanych po różnych stronach bariery, względem siebie, sugerując utrudniony kontakt między osobnikami. Nazwałam to „efektem kieszeni” (Moska 2003, Fig. 6). Kolejnym krokiem, jaki podjęłam było zbadanie struktury genetycznej rozdzielonych barierą populacji (**publikacja nr 5**). W tym celu przeprowadzono analizy oparte o 7 autosomalnych loci mikrosatelitarnych i o sekwencję mikrosatelitarną

zlokalizowaną na chromosomie Y. Wyniki tych analiz były bardzo ciekawe i różniły się istotnie w zależności od charakteru wykorzystanych markerów. Przeprowadzone analizy, wykorzystujące wyłącznie markery autosomalne, wykazały brak korelacji między zróżnicowaniem genetycznym a istnieniem bariery (ciąg jezior + rzeka). Zatem, opierając analizy tylko o tę klasę markerów można stwierdzić, że rzeka Krutynia i sąsiadujące z nią jeziora nie stanowią istotnej bariery dla przepływu genów *S. araneus*.

Natomiast, co interesujące, korelacja bariera – zróżnicowanie genetyczne dla markera zlokalizowanego na chromosomie Y była istotna. Może to świadczyć o wpływie obecności bariery na dyspersję samców badanego gatunku (Tab. 1), podobnie, jak to miało miejsce w strefie hybrydyzacji ras chromosomowych Łg/Po (**publikacja nr 4**). Wyjaśnienie przyczyn tego zjawiska wymaga dalszych badań zarówno na poziomie chromosomowym, jak i molekularnym. Jednocześnie uzyskane wyniki wskazują jednoznacznie na konieczność opierania analiz genetycznych na różnych klasach markerów tj. na markerach o różnym sposobie dziedziczenia (także na tych dziedziczonych wyłącznie w linii samczej).

(2) Wpływ grzbietów górskich, jako potencjalnej bariery dla przepływu genów u ryjówki aksamitnej analizowałam w Masywie Śnieżnika (Sudety Wschodnie) (**publikacja nr 3**). Celem tej pracy było m.in. sprawdzenie, czy warunki topograficzne, panujące w tym masywie (zdecydowanie niższe szczyty niż w Alpach, w których badania prowadzili inni autorzy), wpływają na przepływ genów pomiędzy oddzielonymi nimi populacjami, znajdując odzwierciedlenie w strukturze genetycznej tych populacji.

Przeprowadzone analizy oparto o markery mikrosatelitarne (8 autosomalnych i jednym - L8Y - zlokalizowany na chromosomie Y). Materiałem badawczym był DNA pochodzący od 102 osobników rasy chromosomowej Drnholec. Ryjówki pochodziły z ośmiu lokalizacji w

Masywie Śnieżnika, rozdzielonych szczytami górskimi o wysokości od ok. 800 do ok. 1200 m n.p.m.

Wartościowym wynikiem przeprowadzonych analiz było stwierdzenie, w oparciu o F_{ST} , że spośród 8 izolowanych górskimi szczytami par lokalizacji, w przypadku 5 istniało małe, ale istotne statystycznie różnicowanie genetyczne pomiędzy zamieszkującymi je ryjówkami (Tab. 5). Uzyskane wyniki wskazują, że nawet stosunkowo niewysokie szczyty górskie mogą stanowić barierę dla przepływu genów u *S. araneus*, a co za tym idzie ograniczać dyspersję tych drobnych ssaków.

Interesującym rezultatem przeprowadzonych analiz genetycznych było wykazanie istotnego różnicowania pomiędzy niektórymi parami populacji nie izolowanymi szczytami górskimi (Tab. 4). Po wykluczeniu wpływu dystansu geograficznego za możliwą przyczynę uznaliśmy istnienie pomiędzy tymi populacjami tzw. barier kryptycznych, którymi mogą być niedogodne dla gatunku fragmenty siedliska lub, czego nie można wykluczyć zwłaszcza w górach, lokalne warunki klimatyczne.

Na uwagę zasługuje fakt, że także w przypadku tych badań uzyskane wyniki, dotyczące korelacji pomiędzy istnieniem bariery a różnicowaniem genetycznym rozdzielonych nią populacji, zależały od zastosowanych markerów. Podobnie, jak w przypadku bariery, którą stanowiły jeziora i rzeka (**publikacja nr 4**) korelacja ta była istotna statystycznie wyłącznie dla markera zlokalizowanego na chromosomie Y. Na tej podstawie można wnioskować, że także grzbiety górskie, z nieznanego nam jeszcze powodu, w większym stopniu wpływają ograniczająco na dyspersję samców niż samic.

Problem badawczy, który pojawił się w wyniku przeprowadzonych przez nas badań, dotyczący różnego wpływu barier środowiskowych na obie płcie u ryjówki aksamitnej jest szalenie ciekawy i warty podjęcia odrębnych badań dla jego rozwiązania. Ograniczoną dyspersję samców ryjówki aksamitnej (w porównaniu z samicami) opisywano już wcześniej (Balloux i wsp. 2000,

Andersson 2004, Yannic i wsp. 2008) jednak stwierdzano ją wówczas w strefach hybrydyzacji i tłumaczono przykładem na regułę Haldana (sterylnosc samców mieszańców pokolenia F_1). W naszym przypadku, gdy wszystkie osobniki reprezentują rasę Drnholec, nie znajduje ona zastosowania, a problem badawczy, choć nie łatwy, stanowi dla nas nowe naukowe wyzwanie.

(3) Zupełnie inny charakter mają bariery środowiskowe w przypadku ssaków nadrzewnych, dla których barierą może być każdy czynnik powodujący nieciągłość siedliska. Popielica szara, jako gatunek bardzo silnie związany z siedliskami leśnymi stanowi idealny obiekt badawczy dla poznania wpływu fragmentacji siedlisk na strukturę genetyczną nadrzewnych ssaków.

Publikacja nr 1 przedstawia wyniki 4-letnich badań dotyczących wpływu warunków topograficznych i siedliskowych Sudetów i Przedgórze Sudeckiego na strukturę genetyczną występujących tu popielic.

Materiał badawczy (włosy z cebulkami) pobrano od 56 osobników pochodzących z 4 różnych, nieprzylegających do siebie sudeckich pasm górskich: z Gór Stołowych, z G. Bialskich i Masywu Śnieżnika, z G. Sowich i z reprezentującego Przedgórze Sudeckie – Masywu Ślęży (Fig. 1). Ten ostatni obszar, prócz największego dystansu geograficznego, który dzielił go od pozostałych lokalizacji, jest izolowany bezleśnymi, użytkowanymi rolniczo terenami, rozciągającymi się w promieniu kilkudziesięciu kilometrów. Badania zostały przeprowadzone w oparciu o 12 polimorficznych loci mikrosatelitarnych i mtDNA (fragment cytochromu *b*). Porównując populacje z czterech lokalizacji parami wykazaliśmy, w oparciu o F_{ST} , że zróżnicowanie genetyczne pomiędzy nimi jest, w przypadku każdej z par, istotne statystycznie, a jego poziom - średni i wysoki (Tab. 4). Najmniej różniły się od siebie popielice zamieszkujące Góry Stołowe oraz Góry Bialskie i Masyw Śnieżnika, a najbardziej te z Gór Sowich i Masywu Ślęży. Interesującym wynikiem przeprowadzonych analiz było wykazanie, że

popielice z Masywu Ślęży w sposób istotny różniły się od popielic występujących we wszystkich pozostałych pasmach Sudetów. Wyniki te znalazły potwierdzenie w przeprowadzonej analizie głównych składowych (PCA), która wykazała wyraźne zróżnicowanie genetyczne pomiędzy popielicami z Gór Stołowych, Gór Sowich i Gór Bialskich z Masywem Śnieżnika i całkowitą odrębność genetyczną populacji z Masywu Ślęży (Fig. 2).

Otrzymane wyniki ewidentnie odzwierciedlają warunki topograficzne i siedliskowe panujące w tej części Sudetów, gdzie zalesione pasma górskie są oddzielone od siebie bezleśnymi obszarami, stanowiącymi skuteczną barierę dla dyspersji popielic. Widać to szczególnie wyraźnie w przypadku popielic z Masywu Ślęży. Zatem, wiedząc, że popielica, jako nadrzewny gryzoń, niechętnie przemieszczający się po ziemi, jest gatunkiem bardzo silnie odczuwającym negatywne skutki fragmentacji siedlisk należy pamiętać, że w jej ochronie niezbędna jest dbałość o ich jakość i ciągłość. Intensywna wycinka drzew uniemożliwia temu gatunkowi sprawne przemieszczanie się prowadząc do powstawania małych, izolowanych populacji, co może negatywnie odbijać się na właściwej strukturze genetycznej tego chronionego gatunku. Drzewa, zwłaszcza te stare i dziuplaste gwarantują popielicom schronienie i stanowią cenną bazę pokarmową (zwłaszcza buki).

Przebadane populacje sudeckich popielic mogą w praktyce zostać wykorzystane, dzięki wiedzy o ich strukturze genetycznej, do prowadzonych od kilku lat (przez Uniwersytet Adama Mickiewicza w Poznaniu i PTOPI Salamandra) reintrodukcji w różnych częściach Polski.

W **publikacji nr 3** znalazły się wyniki realizujące **cel 3**. Na podstawie struktury genetycznej osobników zamieszkujących Masyw Śnieżnika (Sudety Wschodnie), podjęłam próbę ustalenia prawdopodobnych dróg kolonizacji tego obszaru przez *S. araneus*.

Analizując zróżnicowanie genetyczne pomiędzy 8 badanymi populacjami zauważono, że jest ono nieistotne pomiędzy parą dwóch najbardziej oddalonych od siebie geograficznie populacji, izolowanych kilkoma grzbietami górskimi (Fig. 1, Tab. 4). Wynik ten nasunął nam podejrzenie, że populacje te mogły niezależnie kolonizować badany obszar różnymi drogami. Porównano zatem warunki topograficzne Masywu Śnieżnika i sąsiadującego z nim od południa Kralického Śnieżnika (Czechy), zestawiając ich topografię ze zróżnicowaniem genetycznym oszacowanym dla każdej z 8 badanych populacji. Na tej podstawie wysunęliśmy hipotezę, że ryjówki kolonizujące Masyw Śnieżnika migrowały na północ, z miejsca zlokalizowanego na południe o Kralického Śnieżnika, dwoma drogami – „wschodnią” i „zachodnią”. Hipoteza ta została potwierdzona strukturą genetyczną analizowanych populacji, a także testem na obecność istotnej bariery dzielącej wszystkie populacje na dwie oddzielne subpopulacje (Fig. 2, Fig. 4). Sformułowana przez nas hipoteza jest cenna z punktu widzenia filogeografii nie tylko ryjówki aksamitnej, lecz także innych gatunków drobnych ssaków, dla których powinna zostać zweryfikowana.

Za jedno z ważniejszych osiągnięć badawczych uważam zaproponowany hipotetyczny scenariusz ewolucji i rozprzestrzeniania się taksonów należących do grupy *Sorex araneus* (**publikacja nr 2**). Badania te zostały podjęte z uwagi na skomplikowaną sytuację systematyczną (obecność kilkudziesięciu ras chromosomowych, kilku grup kariotypowych, kilkunastu gatunków) ryjówek należących do grupy *S. araneus*, a także dlatego, że wyniki wcześniejszych badań, dotyczących powiązań ewolucyjnych między różnymi taksonami w jej obrębie, były często sprzeczne (Taberlet i wsp. 1994, Yannic i wsp. 2008, Bannikova i Lebedev 2010, Yannic i wsp. 2010). Aby rozwiązać problem ewolucyjnej historii ryjówek z grupy *S. araneus* przeprowadzono zaawansowane analizy filogenetyczne oparte o mitochondrialny DNA, konfrontując ich wyniki z danymi kariotypowymi (realizacja **celu 5**).

Ogromnym plusem naszych analiz było dodatkowo skorelowanie danych kariotypowych i genetycznych ze zmianami klimatycznymi, zachodzącymi na Ziemi w ciągu ostatnich 4 milionów lat, i z danymi kopalnymi. Zaproponowany przez nas scenariusz zakłada, że przodek dzisiejszych ryjówek z grupy *S. araneus* zamieszkiwał ogromny obszar Eurazji, od północnej Azji do zachodniej Europy. Około 2.7 mln lat temu rozpoczęło się intensywne różnicowanie, a także migracja ryjówek przez przesmyk lądowy (dzisiejsza Cieśnina Beringa) z Eurazji do Ameryki Północnej (Alaska) (Fig.8A). W okresie 2.7-2.4 mln lat temu z populacji zachodnioeuropejskiej wyewoluował *S. samniticus*, gatunek, który zachował się do dziś na Półwyspie Apenińskim. W tym samym okresie populacja alaskańska rozpoczęła migrację w kierunku południowo-wschodnim (Fig. 8B). Kolejnym istotnym etapem w ewolucji ryjówek z grupy *S. araneus* był podział populacji euroazjatyckiej na dwie odrębne linie: zachodnią i wschodnią (2.2-1.4 mln lat temu) (Fig. 8D). Populacje zachodnie rozprzestrzeniły się w Europie, a z nich wyewoluował gatunek zamieszkujący obecnie Półwysep Iberyjski - *S. granarius*. Populacje wschodnie dały początek kolejnym dwóm gatunkom - *S. tundrensis* i *S. asper*. Prawdopodobnie w tym samym przedziale czasowym, na skutek niezależnej ewolucji ryjówek, które przewędrowały do Ameryki Północnej, powstały dwa kolejne gatunki: *S. arcticus* i *S. maritimensis* (Fig. 8D). Jednocześnie *S. tundrensis* rozpoczęła wędrówkę, przez przesmyk lądowy, na obszar dzisiejszej Alaski. Populacje, zamieszkujące zachodnią Azję wędrowały na wschód dając początek gatunkowi *S. daphaenodon* (2.0-1.3 mln lat temu) (Fig. 9A). W przedziale czasowym 1.6-1.3 mln lat temu populacja europejska podlegała dalszemu różnicowaniu, którego efektem było powstanie kolejnych gatunków: *S. satunini* (Kaukaz) i *S. coronatus* (zachodnia Europa) (Fig. 9B). Kolejny istotny krok w ewolucji ryjówek z grupy *S. araneus* to powstanie *S. antinori* i *S. araneus* (1.0-0.8 mln lat temu), które wyodrębniły się z populacji europejskiej (Fig. 9C). Migracja ich przodka na południe poskutkowała introgresją genów mtDNA do populacji *S. satunini*, zasiedlającej północną część Kaukazu. Podobnie, skutkiem migracji *S. coronatus* na obszar

Półwyspu Iberyjskiego była introgresja chromosomu Y do genomu *S. granarius*. Około 800 tyś. lat temu rozpoczęła się intensywna ekspansja *S. araneus* na wschód, zachód i północ (Fig. 9D). Na Półwyspie Iberyjskim, w wyniku pojawienia się *S. araneus*, miała miejsce kolejna introgresja genów mtDNA, tym razem do genomu *S. granarius*.

Jak wskazują wyniki naszych analiz, wpływ na ewolucję taksonów należących do grupy *Sorex araneus* miało kilka czynników. Ogromną rolę odegrały następujące po sobie cyklicznie okresy zlodowaceń i ocieplania się klimatu w Plejstocenie, zwiększając nie tylko tempo specjacji ryjówek, lecz także generując powstawanie nowych taksonów. Dodatkowo migracjom populacji towarzyszyły przynajmniej kilkakrotne introgresje mtDNA między taksonami w obrębie grupy. Dla pełnego zobrazowania historii ewolucyjnej taksonów z grupy *S. araneus* konieczne jest przeprowadzenie badań genetycznych opartych o kopalne DNA.

Najważniejsze osiągnięcia opublikowane w pracach 1-5 to:

- określenie poziomu zróżnicowania i opisanie struktury genetycznej ryjówek w strefie hybrydyzacji ras chromosomowych Łęgucki Młyn/Popielno (były to wówczas drugie w Polsce badania poświęcone temu problemowi)
- wyjaśnienie roli wybranych barier środowiskowych w przepływie genów, a w konsekwencji także w kształtowaniu struktury genetycznej wybranych ssaków poprzez stwierdzenie, że:
 - wpływ analizowanych barier środowiskowych jest uzależniony od płci badanych osobników wskazując na istnienie różnicy w dyspersji samców i samic *S. araneus* przez barierę,
 - nawet stosunkowo niewysokie szczyty górskie (do 1200 m n.p.m.) mogą, stanowić barierę dla przepływu genów u *S. araneus*,

- prócz zdefiniowanych barier geograficznych na strukturę genetyczną drobnych ssaków mogą mieć wpływ tzw. bariery kryptyczne (np. niedogodne fragmenty siedliska, lokalne warunki klimatyczne),
- w przypadku ssaków nadrzewnych fragmentacja siedlisk skutkuje powstawaniem odrębnych genetycznie populacji, których występowanie ograniczone jest często do małych, izolowanych kompleksów leśnych, a przepływ genów pomiędzy nimi jest praktycznie niemożliwy.
- zaproponowanie możliwych kierunków kolonizacji Masywu Śnieżnika przez ryjówkę aksamitną, sugerując w oparciu o wyniki badań genetycznych, istnienie dwóch prawdopodobnych dróg kolonizacji: „wschodniej” i „zachodniej”.
- zaproponowanie możliwego scenariusza historii ewolucyjnej i związków filogeograficznych w obrębie ryjówek z grupy *Sorex araneus*.

Prowadzenie badań, dotyczących procesów biologicznych, w warunkach naturalnych nie jest łatwe. Pojawiające się trudności wynikają z faktu mnogości czynników, mogących wpływać na ich wyniki. Nie można wykluczyć zarówno problemów metodycznych (niekiedy od nas niezależnych), jak i interpretacyjnych. Nie zawsze dziko żyjące populacje organizmów zachowują się zgodnie z założonymi przez nas modelami matematycznymi. Nie powinno nas to jednak zniechęcać do podejmowania kolejnych prób zrozumienia otaczającego nas świata.

Cytowana literatura:

- Andersson A-C. 2004. Postglacial population history of the common shrew (*Sorex araneus*) in Fennoscandia. Ph.D. Thesis, Uppsala University.
- Andersson A-C., Narain Y., Tegelström H., Fredga K. 2004. No apparent reduction of gene flow in a hybrid zone between the West and North European karyotypic groups of the common shrew, *Sorex araneus*. *Molecular Ecology*, 13:1205–1215.

- Avice JC. 2000. *Phylogeography: The History and Formation of Species*. Harvard University Press, Cambridge, MA.
- Balloux F., Lugon-Moulin N., Hausser J. 2000. Estimating gene flow across hybrid zones: how reliable are microsatellites? *Acta Theriologica*, 45(suppl. 1):93-101.
- Bannikova AA., Lebedev VS. 2010. Genetic heterogeneity of the Caucasian shrew *Sorex satunini* (Mammalia, Lipotyphla, Soricidae) inferred from the mtDNA markers as a potential consequence of ancient hybridization. *Mol. Biol+*, 44(4): 658-662.
- Fedyk S., Wójcik JM., Chętnicki W., Mączewski S. 2008. Invalidation of Stobnica chromosome race of the common shrew (*Sorex araneus*) L. *Acta Theriologica*, 53(4): 375-380.
- Jadwiszczak KA., Ratkiewicz M., Banaszek A. 2006. Analysis of molecular differentiation in a hybrid zone between chromosomally distinct races of the common shrew *Sorex araneus* (Insectivora: Soricidae) suggests their common ancestry. *Biological Journal of the Linnean Society*, 89:79-90.
- Lugon-Moulin N., Wyttenbach A., Brünner H., Goudet J., Hausser J. 1996. Study of gene flow through a hybrid zone in the common shrew (*Sorex araneus*) using microsatellites. *Hereditas*, 125: 159-168.
- Lugon-Moulin, N., Balloux, F. and Hausser, J. 2000. Genetic differentiation of common shrew *Sorex araneus* populations among different alpine valleys revealed by microsatellites. *Acta Theriologica*, 45 (Suppl. 1): 103 - 117.
- Lugon-Moulin N., Hausser J. 2002. Phylogenetical structure, postglacial recolonization and barriers to gene flow in the distinctive Valais chromosome race of the common shrew (*Sorex araneus*). *Molecular Ecology*, 11: 785 - 794.
- Moska M. 2000. Zróżnicowanie morfologiczne i kariotypowe ryjówek aksamitnej (*Sorex araneus* L.) w strefie kontaktu ras chromosomowych Gołdap i Popielno w północno-wschodniej Polsce. Praca doktorska,

- Uniwersytet Wrocławski, Wydział nauk Przyrodniczych, Instytut Zoologiczny, 1-88.
- Moska M. 2003. A hybrid zone between the chromosomal races Łęgucki Młyn and Popielno of the common shrew (*Sorex araneus*) in north-eastern Poland: preliminary results. *Acta Theriologica*, 48(4): 441-455.
- Ratkiewicz M., Supruniuk J., Fedyk S., Banaszek A., Chętnicki W., Szałaj KA. 2000. Genetic differentiation and gene flow between the Drnholec and Łęgucki Młyn chromosome races of the common shrew *Sorex araneus* in northern Poland. *Acta Theriologica*, 45(Suppl. 1): 79-91.
- Ratkiewicz M. 2006. Wpływ barier genetycznych i środowiskowych oraz czynników historycznych na przepływ genów i strukturę populacji u zwierząt. *Kosmos*, 55(2-3): 165-176.
- Searle JB., Wójcik JM. 1998. Chromosomal evolution: the case of *Sorex araneus*. W: *Evolution of shrews*. Wójcik JM Wolsan M (red.). Zakład Badania Ssaków, PAN, Białowieża: 219-268.
- Taberlet P., Fumagalli L., Hausser J. 1994. Chromosomal Versus Mitochondrial Evolution: Tracking the Evolutionary History of the Southwestern European Populations of the *Sorex araneus* Group (Mammalia, Insectivora). *Evolution*, 48(3): 623-636.
- Wójcik JM. 1986. Karyotypic races of the common shrew (*Sorex araneus* L.) from northern Poland. *Experientia*, 42: 960-962.
- Wójcik JM., Ratkiewicz M., Searle JB. 2002. Evolution of the common shrew: cytological and molecular aspects. *Acta Theriologica*, 47: 139-167.
- Wójcik JM., Borodin PM., Fedyk S., Fredga K., Hausser J., Mishta A., Orlov VN., Searle JB., Volobouev V., Zima J. 2003. The list of chromosome races of the common shrew *Sorex araneus*. *Mammalia*, 68: 169-178.
- Wytenbach A., Narain Y., Fredga K. 1999. Genetic structuring and gene flow in a hybrid zone between two chromosome races of the common shrew (*Sorex araneus*, Insectivora) revealed by microsatellites. *Heredity*, 82: 79-88.

Yannic G., Basset P., Hausser J. 2008. A new perspective on the evolutionary history of western European *Sorex araneus* group revealed by paternal and maternal molecular markers. *Molecular phylogenetics and evolution*, 47(1): 237-250.

Yannic G., Dubey S., Hausser J., Basset P. 2010. Additional data for nuclear DNA give new insights in to the phylogenetic position of *Sorex granarius* within the *Sorex araneus* group. *Molecular phylogenetics and evolution*, 57(3): 1062-1071.

5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo - badawczych.

Moje zainteresowania naukowe od początku koncentrowały się na ssakach. Równolegle interesowałam się (1) cytogenetyką gatunków, u których stwierdzony został polimorfizm chromosomowy, (2) faunistyką drobnych ssaków, przede wszystkim rzadkich i zagrożonych, (3) zróżnicowaniem morfometrycznym, kraniometrycznym i genetycznym wybranych gatunków ssaków drapieżnych, (4) zróżnicowaniem genetycznym popielicy szarej *Glis glis*.

5.1. Badania cytogenetyczne wybranych gatunków ssaków.

Przez kilka lat zajmowałam się badaniem polimorfizmu chromosomowego u ryjówki aksamitnej w strefie hybrydyzacji ras chromosomowych Łęgucki Młyn/Popielno w północno-wschodniej Polsce, a także wewnątrz rasy Drnholec, na Dolnym Śląsku.

Badania cytogenetyczne drobnych ssaków prowadzone są w terenie i wymagają zaangażowania kilkusobowego zespołu badawczego. Jako młody naukowiec nie dysponowałam ani takim zespołem, ani potrzebnym sprzętem. W ośrodku wrocławskim byłam swego rodzaju pionierem cytogenetyki drobnych ssaków, będąc bardzo często zdana w terenie na siebie. Musiałam zorganizować sprzęt do odłowów, transport, bazę terenową i pomoc techniczną. Każdorazowo w terenie istniała potrzeba wkopania ok. 100

metalowych stożków (pułapki stosowane w odłowie drobnych ssaków), których sprawdzanie odbywało się przede wszystkim, co 2-3 godziny, nocą. Po odłowieniu ryjówek, w terenowym laboratorium, przygotowywałam preparaty cytogenetyczne. Trwające kilka lat badania terenowe rozwinęły mnie jako biologa. Dzięki nim nabyłam bardzo cenną umiejętność, niezbędną w pracy cytogenetyka, wykonywania dobrej jakości preparatów cytogenetycznych (co w warunkach terenowych nie jest łatwe). Zwieńczeniem wspomnianych badań była praca doktorska i publikacja w *Acta Theriologica* (10), dotycząca charakterystyki cytogenetycznej ryjówek w strefie hybrydyzacji ras chromosomowych Łęgucki Młyn/Popielno. Największym problemem było zlokalizowanie samej strefy hybrydyzacji (wcześniej ani jej lokalizacja, ani jej charakter, nie były znane). Udało się to dopiero, gdy, na podstawie badań cytogenetycznych, po wielu miesiącach odłowów, stwierdziłam w kilku miejscach jednoczesne występowanie osobników obu kontaktujących się ras i hybrydów międzyrasowych. W trakcie tych badań nieocenioną pomoc (zarówno merytoryczną, jak i techniczną) uzyskałam od pracowników Instytutu Biologii Uniwersytetu w Białymstoku, z którymi nawiązałam bardzo bliską współpracę.

Wiedzę i umiejętności, jakie nabyłam w trakcie badań cytogenetycznych ryjówek aksamitnej wykorzystałam później w badaniach cytogenetycznych innych ssaków, nornika zwyczajnego (*Microtus arvalis*) (37) i tapira amerykańskiego (*Tapirus terrestris*)(15). Badania norników były prowadzone w terenie (Wielkopolska) i podobnie, jak w przypadku ryjówek, wiązały się z koniecznością odłowów i natychmiastowym wykonaniem preparatów w terenowym laboratorium. Wszystkie przebadane osobniki charakteryzowały się identycznym kariotypem ($2n=46$) i nie stwierdziłam wśród nich, a sprawdzenie tego było jednym z założonych celów, osobników z diploidalną liczbą chromosomów $2n=54$ (opisywanych w literaturze jako *M. subarvalis*, *M. epiroticus* lub *M. rossiaemerdionalis*).

Badania tapirów dotyczyły osobników z wrocławskiego ZOO. Analizie cytogenetycznej poddano 7 osobników (3 samice i 4 samce) w celu potwierdzenia ich statusu taksonomicznego. W przypadku tapirów materiał do badań cytogenetycznych stanowiła krew (prowadziłam hodowlę limfocytów *in vitro*). U wszystkich przebadanych zwierząt liczba i morfologia poszczególnych par chromosomowych była identyczna, potwierdzając jednocześnie ich pozycję systematyczną. Niewątpliwie bardzo cennym doświadczeniem badawczym było podjęcie próby nieinwazyjnego pobierania krwi od tapirów, z wykorzystaniem pluskiew z rodziny Reduviidae. Prowadzone *in vitro* hodowle limfocytów tapira, odzyskiwanych z ciała pluskiew wykazały, że krew pozyskiwana w ten sposób nie nadaje się do hodowli. Prawdopodobnie enzymy trawienne pluskwy niszczą limfocyty gospodarza jeszcze przed założeniem, bądź w trakcie ich hodowli.

5.2. Badania faunistyczne drobnych ssaków i ich implikacje w ochronie przyrody.

Znaczną część mojej aktywności badawczej poświęciłam badaniom faunistycznym, których obiektem były rzadkie, chronione i zagrożone gatunki ssaków. Wiedza o ich rozmieszczeniu, liczbie stanowisk, częstości występowania pozwala niewątpliwie skuteczniej je chronić. Przez wiele lat lokalizowałam, przede wszystkim na Dolnym Śląsku, stanowiska takich gatunków jak: ryjówka górską *Sorex alpinus*, rzęsorek mniejszy *Neomys fodiens*, smużka leśna *Sicista betulina*, popielica szara *Glis glis*, orzesznica leszczynowa *Muscardinus avellanarius* i koszatka leśna *Dryomys nitedula*.

Stanowisk drobnych ssaków naziemnych poszukiwałam prowadząc odłowy w preferowanych przez nie siedliskach. Badania te prowadziłam najczęściej w dwuosobowym zespole (z dr Jolantą Bartmańską z Uniwersytetu Wrocławskiego). W ich wyniku stwierdziłyśmy 12 nowych stanowisk ryjówki górskiej i 7 nowych stanowisk rzęsorka rzeczka w Sudetach (31).

Lokalizacja stanowisk ssaków nadrzewnych (popielicowatych) odbywała się poprzez kontrole setek skrzynek lęgowych dla ptaków oraz poprzez analizę śladów aktywności życiowej tych gryzoni na obszarze Przedgórze Sudeckiego i Sudetów (14, 18, 24, 40). W wyniku badań terenowych, prowadzonych nieprzerwanie od 2002 roku w kiluosobowym zespole roku stwierdziliśmy wiele nowych stanowisk tych rzadkich i zagrożonych ssaków. Przy okazji nawiązaliśmy bliską współpracę z Parkiem Narodowym Gór Stołowych, dla którego wykonywałam badania genetyczne popielic. Nasze badania wymagały także współpracy z nadleśnictwami Dolnego Śląska i determinacji w „zbliżaniu interesów” Lasów Państwowych i pilchów. Wnioski płynące z naszych badań można podsumować stwierdzeniem, że bez mądrej i odpowiedzialnej gospodarki leśnej nie będziemy w stanie ochronić tych nadrzewnych ssaków.

Badania faunistyczne, dotyczące chronionych gatunków ssaków występujących w różnych częściach Dolnego Śląska, prowadziłam w oparciu o różne metody badawcze (16, 30, 32). Jedną z nich była analiza wypluwek sów. Umiejętność identyfikacji drobnych ssaków, w oparciu o materiał kostny (zwłaszcza o czaszki), jaką nabyłam w trakcie wieloletnich badań, niewątpliwie wzbogaciła mój warsztat badawczy. Ciekawych wyników dostarczyła zwłaszcza analiza wypluwek uszatki *Asio otus* zebranych na jednym ze stanowisk we Wrocławiu (20). Przeanalizowaliśmy 154 wypluwki, w których zidentyfikowaliśmy 244 ofiary, reprezentujące 11 gatunków ssaków (Tab. 1). Naszą uwagę zwrócił bardzo wysoki udział badylarki (9.4%) wśród ofiar. Gatunek ten był drugim, po norniku zwyczajnym, najczęściej zjadany przez uszatkę ssakiem. Wyniki badań lokalnej teriofauny oparte o wypluwki ptaków są bardzo skuteczną nieinwazyjną metodą dostarczającą cennych informacji o stanowiskach i liczebności różnych gatunków, zwłaszcza tych o skrytym trybie życia, które nie doczekały się jeszcze kompleksowych opracowań naukowych, a badylarka niewątpliwie do takich należy.

Badania faunistyczne, wskazujące nowe i aktualizujące stare stanowiska ssaków w Polsce należą do badań wymagających ciągłej pracy w terenie

(zakładania pułapek żywołownych, ich kontroli, poszukiwania i identyfikacji śladów aktywności życiowej ssaków: tropów, odchodów, nor, gniazd, śladów żerowania itp.). Jednocześnie bardzo trudno jest opublikować ich wyniki w „dobrych” czasopismach. Ich lokalny charakter, jak wskazują często recenzenci, sprawia, że publikowane są w czasopismach z listy B i, niesłusznie moim zdaniem, najczęściej niedoceniane. Niedogodności te, istotne z punktu widzenia oceny dorobku naukowego, rekompensuje osobom prowadzącym takie badania świadomość, że dzięki nim wiemy więcej o rzadkich, chronionych i zagrożonych gatunkach, przyczyniając się jednocześnie do skuteczniejszej ich ochrony.

Dodatkowo swoje doświadczenie w pracy terenowej i umiejętność identyfikacji ssaków w terenie wykorzystałam przygotowując ekspertyzy teriologiczne dla różnych podmiotów (E1-E20).

5.3. Badania porównawcze hodowlanych i dziko żyjących populacji lisa pospolitego *Vulpes vulpes*, jenota azjatyckiego *Nyctereutes procyonoides* i norki amerykańskiej (wizona amerykańskiego) *Neovison vison*.

Z uwagi na udział w projekcie badawczym, finansowanym przez NCN (2010-2013), zaangażowałam się naukowo w badania morfo- i kraniometryczne oraz genetyczne dzikich i hodowlanych lisów, jenotów i nerek. Wyniki badań kilkusobowego zespołu, dotyczące dzikich i hodowlanych lisów, opublikowaliśmy dotychczas w trzech artykułach (6, 7, 9). Przeprowadzone analizy wykazały bardzo wyraźne różnice parametrów morfometrycznych między obiema grupami, będące skutkiem domestykacji i selekcji stosowanej wśród lisów hodowlanych. Istotne różnice wykazaliśmy także analizując, w oparciu o pomiary kraniometryczne, ponad 160 czaszek pochodzących od obu grup lisów. Różnice te dotyczyły zdecydowanej większości mierzonych parametrów. Prócz skutków selekcji ich przyczyn, naszym zdaniem, należy upatrywać w pochodzeniu zwierząt fermowych. Zgadza się z hipotezą, sformułowaną przez badaczy kanadyjskich, że przodek lisów hodowanych w

europejskich fermach wywodzi się z Ameryki Północnej, co znajduje odzwierciedlenie w jego parametrach morfo- i kraniometrycznych. Obecnie jesteśmy w trakcie analizy wyników badań genetycznych obu grup lisów, a na opracowanie oczekują jeszcze wyniki pomiarów i badań genetycznych jenotów i norek.

5.4. Badania zróżnicowania genetycznego popielicy szarej (*Glis glis*).

Ssaki z rodziny popielicowatych (Gliridae) od dawna były w sferze moich zainteresowań badawczych (**14, 18, 24, 40**). Początkowo zajmowałam się przede wszystkim poszukiwaniem ich stanowisk na Dolnym Śląsku. W ostatnich latach bardzo zaangażowałam się w badania zróżnicowania genetycznego popielicy (*Glis glis*) w Sudetach, a rozpoczęła je współpraca nawiązana z Parkiem Narodowym Gór Stołowych, gdzie gatunek ten występuje dość licznie. Wstępne badania genetyczne prawie 40 popielic zamieszkujących 3 lokalizacje na obszarze Parku przeprowadziliśmy w oparciu o 2 typy markerów: jądrowy DNA (11 sekwencji mikrosatelitarnych) i mitochondrialny DNA (fragment cytochromu b), a ich wyniki zostały opublikowane w czasopiśmie *Mammal Research* (**8**). Nasze analizy wykazały bardzo niskie zróżnicowanie genetyczne badanych popielic, co wpisuje się w ogólnoeuropejską tendencję. Istnieje pogląd, że może być ono wynikiem zdarzeń, jakie miały miejsce w historii tego gatunku. Prawdopodobnie jest ono skutkiem kilkakrotnych przejść europejskich popielic przez „wąskie gardło” podczas zlodowaceń, a co za tym idzie faktu, że po ostatnim zlodowaceniu niewielka grupa osobników kolonizowała Europę Środkową (Fietz i wsp. 2014). W naszej pracy wskazujemy także na inne czynniki, które mogą tłumaczyć obecne niskie zróżnicowanie genetyczne popielic: 1) gatunek ten jest stenobiontem siedliskowym, preferującym lasy liściaste i mieszane (zwłaszcza buczyny), dotkliwie odczuwającym ich wycinę, która w G. Stołowych została zintensyfikowana od XVII w. (2) jako ssak nadrzewny ma ograniczone możliwości dyspersji w sytuacji niewystarczającego zwarcia

koron, (3) jej rozród jest zsynchronizowany z intensywnością owocowania niektórych gatunków drzew (np. buków), są zatem lata, gdy popielice nie przystępują do rozrodu lub, gdy ich rozród jest silnie ograniczony.

Obecnie kontynuujemy badania związane z lokalizacją stanowisk pilchów na Dolnym Śląsku prowadząc ich poszukiwania na terenie Wzgórz Niemczańsko-Strzelińskich.

Cytowana literatura:

Fietz J., Tomiuk J., Loeschcke V., Weis-Dootz T., Segelbacher G. 2014. Genetic consequences of forest fragmentation for a highly specialized arboreal mammal – the edible dormouse. *PLoS One* **9**, e88092. doi: 10.1371/journal.pone.0088092.

5.5. Pozostałe badania genetyczne

W trakcie mojej kariery naukowej brałam również udział w badaniach genetycznych innych kręgowców: człowieka (27), wilka i wybranych ras psów (21, 36), zająca szaraka *Lepus europaeus* (22, 23, 29, 33) i jaszczurki zwinki *Lacerta agilis* (26).

6. Omówienie działalności dydaktycznej, popularyzatorskiej i organizacyjnej.

6.1. Działalność dydaktyczna:

Działalność dydaktyczna stanowi istotny element mojej pracy w Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu. Wykaz prowadzonych przeze mnie indywidualnie lub zespołowo przedmiotów przedstawia się następująco:

Przedmioty obligatoryjne (nazwa, kierunek, rodzaj):

- Anatomia porównawcza kręgowców (Biologia) – wykład i ćwiczenia
- Anatomia człowieka i zwierząt (Bezpieczeństwo Żywności) – wykład i ćwiczenia

- Techniki hodowli komórkowej i tkankowej (Biologia) – wykład i ćwiczenia
- Zoologia kręgowców (Biologia) – wykład i ćwiczenia
- Biologia komórki (Biologia) – ćwiczenia

Przedmioty fakultatywne (nazwa, kierunek, rodzaj):

- Drobne ssaki Polski (Biologia) – wykład, ćwiczenia, ćwiczenia terenowe
- Cytogenetyka (Biologia) – wykład i ćwiczenia
- Dzicy przodkowie i krewniacy zwierząt towarzyszących (Biologia, Zootechnika) – wykład i ćwiczenia
- Bioróżnorodność organizmów (Biologia) – wykład, ćwiczenia, ćwiczenia terenowe
- Uwarunkowania bioróżnorodności (Biologia) – wykład i ćwiczenia
- Genetyczne podstawy bioróżnorodności (Bioinformatyka) – wykład i ćwiczenia

Prowadziłam i prowadzę również zajęcia w języku angielskim dla studentów programu Erasmus:

- Cell Genetics – wykład i ćwiczenia,
- Techniques of Cell and Tissue Cultures – ćwiczenia,

Przygotowałam autorskie i współautorskie programy wykładów i ćwiczeń z następujących przedmiotów:

- Anatomia porównawcza kręgowców
- Anatomia człowieka i zwierząt
- Techniki hodowli komórkowej i tkankowej
- Zoologia kręgowców
- Biologia komórki
- Drobne ssaki Polski
- Cytogenetyka

- Dzicy przodkowie i krewniacy zwierząt towarzyszących
- Bioróżnorodność organizmów
- Uwarunkowania bioróżnorodności
- Genetyczne podstawy bioróżnorodności (**Załącznik nr 5, III. I**)

Dotychczas byłam opiekunem **3 prac licencjackich** i **19 prac magisterskich** realizowanych przez studentów Biologii i Bioinformatyki Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu (**Załącznik nr 5, III. J**). Byłam również opiekunem naukowym 1 pracy doktorskiej, a obecnie jestem także promotorem pomocniczym 1 pracy doktorskiej (**Załącznik nr 5, III. K**).

6.2. Działalność popularyzatorska

Jestem współautorką 3 prac o charakterze popularno-naukowym, w tym ilustrowanego słownika zoologicznego (**Załącznik nr 5, III. I**).

Prowadziłam również serię warsztatów edukacyjnych: (1) Te co skaczą i fruwią, (2) Odgłosy nocy, czyli w poszukiwaniu puszczyka, (3) Ptasia jadłodajnia (2018 r.) w ramach projektu „Ekoaleja – poznajemy, dbamy i chronimy”, Stowarzyszenie na rzecz integracji i rozwoju Chwałowic. W 2018 r. prowadziłam także zajęcia edukacyjne o popielicy dla uczniów SP nr 2 im. H. Sienkiewicza w Ziębicach (woj. dolnośląskie)(2017) (**Załącznik nr 5, III. I**).

Wygłosiłam też dwa wykłady poświęcone drobnym ssakom Polski dla studentów Studenckiego Koła Teriologów UP we Wrocławiu (2015, 2018) (**Załącznik nr 5, III. I**).

6.3. Działalność organizacyjna

Ważną część mojej pracy stanowi także działalność organizacyjna. W trakcie zatrudnienia w Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu byłam dwukrotnie członkiem Komisji Rekrutacyjnej (2008, 2016). W okresie 2007-2010 byłam członkiem Wydziałowej Komisji Wyborczej. W 2010 roku zostałam powołana do Wydziałowego Zespołu zajmującego się opracowaniem programu dla wybitnie uzdolnionych uczniów szkół średnich w zakresie nauk

biologiczno-chemicznych. W 2012 roku byłam członkiem Komitetu Organizacyjnego XXV International Conference Genetic Days, za co w 2013 roku otrzymałam nagrodę rektora UP we Wrocławiu.

W latach 2010-2016. byłam kilkakrotnie sekretarzem w Wydziałowej Komisji Konkursowej (2010, 2013, 2015, 2016). W kadencji 2012-2016 byłam członkiem Komisji Programowej dla kierunku Bezpieczeństwo Żywności. Od 2016 roku jestem członkiem Wydziałowego Zespołu do prowadzenia ankietyzacji studentów (kierunek Bioinformatyka) oraz członkiem Komisji Programowej dla kierunku Biologia. Wielokrotnie byłam egzaminatorem na egzaminach dyplomowych licencjackich na studiach stacjonarnych pierwszego stopnia na kierunku Biologia i Bioinformatyka (2013, 2014, 2015, 2016, 2017).

Data i podpis:

20.08.2018 r. *Magdalena Moska*