

**Filogeografia ośliczki *Asellus aquaticus* (L.)
(Crustacea: Isopoda) w Europie**
mgr Lidia Agnieszka Sworobowicz

Ośliczka pospolita, *Asellus aquaticus* (Linnaeus, 1758) to gatunek skorupiaka z rzędu równonogów (Isopoda). Jest rozpowszechniona w Europie, a obecny zasięg jej występowania obejmuje obszar niemal całego kontynentu. Ze względu na szeroki zakres tolerancji znaleźć ją można w różnorodnych siedliskach słodkowodnych – bogatych w martwą materię organiczną, którą się odżywia – jak również w wodach słonawych. Ze względu na swój zasięg i powszechność występowania, wydaje się być idealnym organizmem modelowym do badań filogeograficznych. Mimo, iż w przeważającej większości Europę zasiedlają jednorodne pod względem morfologicznym populacje należące do nominatywnego podgatunku *Asellus aquaticus aquaticus* Linnaeus, 1758, to w południowych rejonach kontynentu występują także odmienne morfologicznie, często endemiczne populacje w randze podgatunków lub form. Natomiast dotychczasowe badania filogenetyczne wykazały obecność szeregu starych (pre-plejstocenijskich) linii ewolucyjnych w obrębie szeroko rozumianego morfogatunku *A. aquaticus*, sugerując możliwość istnienia potencjalnych gatunków kryptycznych.

Niniejsza praca doktorska miała na celu zrewidowanie relacji filogenetycznych w obrębie morfogatunku *A. aquaticus* na obszarze prawie całego zasięgu jego występowania – od Wysp Brytyjskich i Skandynawii na północy, aż po Półwysep Iberyjski, wybrzeża Mórza Śródziemnego i Czarnego oraz Azję Mniejszą na południu. Przy użyciu danych molekularnych z trzech loci: jednego mitochondrialnego – fragmentu genu podjednostki I oksydazy cytochromu c (*COI*) oraz dwóch jądrowych – fragmentu genu 28S rRNA (*28S rDNA*) i II wewnętrznego fragmentu transkrybowanego (*ITS2*) oraz narzędzi bioinformatycznych, zdefiniowano strukturę genetyczną populacji ośliczki wodnej i osadzono ją w kontekście paleo-geograficznym. Wykazano obecność potencjalnych gatunków kryptycznych oraz określono czas ich dywergencji. Zobrazowano historyczną i współczesną demografię populacji, wzory migracji oraz zlokalizowano obecność prawdopodobnych refugium glacialnych dla poszczególnych linii ewolucyjnych.

W oparciu o dane mitochondrialne, na podstawie metod analiz filogenetycznych oraz delimitacji gatunków, wykazało, iż przodkowie morfogatunku *A. aquaticus* wywodzą się z panońskiej części słonawego Morza Paratetydy. Takson ten jest w rzeczywistości zespołem genetycznie dywergentnych linii, różnicujących się głównie w późnym miocenie i pliocenie (ok. 8-2,5 mln lat temu). Większość z nich zasiedla obecnie ograniczone przestrzenie obszary, głównie na południu Europy, włączając opisany ostatnio endemiczny gatunek *Asellus kosswigi* Verovnik, Prevorčnik & Jugović, 2009 z północno-zachodniego krasu Gór Dynarskich (pozostałe linie są wobec niego grupą parafiletyczną). Najszerzej rozprzestrzeniona w Europie jest linia ewolucyjna odpowiadająca podgatunkowi *A. a. aquaticus*, dla której wykazano niedawną ekspansję populacji, zarówno pod względem demograficznym jak i przestrzennym. Najprawdopodobniej pojawiła się ona w środkowym/późnym pliocenie (ok. 4-2,5 mln lat temu) na obszarze północno-zachodnich

Bałkanów, a następnie różnicowała się podczas zlodowaceń plejstoceńskich (od ok. 2,5 mln lat temu). Biorąc pod uwagę wzory migracji, takson ten wyróżnia się na tle pozostałych potencjałem kolonizacyjnym, wykazując zdolność do dalekodystansowej dyspersji, możliwej przy udziale wektorów antropogenicznych czy ektozoochorii. W obrębie *A. a. aquaticus*, mimo ogólnego braku przestrzennej struktury genetycznej populacji, podejście oparte na metodach koalescencji w rejonach położonych na różnych szerokościach geograficznych wykazało dwa różne scenariusze dywersyfikacji. Pierwszy, dla grupy klastrow proglacljalnych – szeroko rozprzestrzenionych w obszarach znajdujących się ówczesznie w bliskim sąsiedztwie lądolodu (na północ od Alp, Sudetów i Karpat), a także w Kotlinie Panońskiej. Ta licznie reprezentowana grupa jest relatywnie młoda i składa się z wielu blisko spokrewnionych haplotypów. Najprawdopodobniej różnicowała się podczas plejstocenu i przetrwała ostatnie maksimum glacialne (25,000-17,000 lat temu) w obrębie szeregu refugium zlokalizowanych wzdłuż granic lądolodu. Było to możliwe dzięki rozległej sieci rzek i jezior proglacljalnych, które odegrały kluczową rolę w utrzymaniu wzrostu wielkości populacji, potencjału dyspersyjnego oraz wysokiej zmienności genetycznej. Powyższe wyniki mają swoje potwierdzenie także w danych kopalnych z osadów jezior okresu plejstocenu z północnej Europy. Odmienny scenariusz przedstawiono dla grupy klastrow peryglacialnych – ograniczonych przestrzennie głównie do rejonu północnych Bałkanów, wybrzeża pontyjskiego, jak również Kotliny Panońskiej. Linie wchodzące w skład tej grupy są starsze i bardziej dywergentne, a podczas cykli glacialnych zachowały mniej lub bardziej stabilną wielkość populacji, bez dowodów na ich ekspansję. Zatem, inaczej niż pierwotnie zakładano, nie zidentyfikowano refugium glacialnych dla *A. a. aquaticus* położonych na niższych szerokościach geograficznych.

W odniesieniu do markerów jądrowych, wyróżnione linie mitochondrialne nie są wzajemnie monofiletyczne. Obraz ten może być zinterpretowany, jako efekt niekompletnego sortowania linii genowych, potencjalnie wskazujący na zachodzący w trakcie proces specjacyjny, jak również jako wynik introgresji, spowodowany wtórnym kontaktem populacji ewoluujących w warunkach perypatrii lub allopatrii.

Niniejsza praca wzbogaca wiedzę na temat naturalnych, historycznych procesów kształtujących obecną strukturę genetyczną populacji organizmów zamieszkujących Europę, jak również w kontekście wpływów bardziej współczesnych, antropogenicznych. Historia ewolucyjna *A. aquaticus* ujawniła nieoczekiwane wzory zmienności, a uzyskane wyniki mogą mieć istotny wpływ na wnioski dla innych taksonów słodkowodnych. Dostarczone dane mogą posłużyć w analizach porównawczych, także gatunków kryptycznych, inwazyjnych oraz w badaniu wpływu zmian klimatycznych na organizmy. Ponadto, wnioski z pracy zwracają uwagę na istotność określania granic gatunku w stosowaniu ośliczki wodnej do badań ekologicznych i środowiskowych oraz w bioindykacji jakości wód. Zmuszają także do weryfikacji poglądu na temat obszarów proglacljalnych, jako nieprzyjaznych, lodowych pustyń pozbawionych jakichkolwiek form życia.