

# Struktura genetyczna ginącego gatunku, skójki gruboskorupowej *Unio crassus* (Philipson, 1788), w rzekach Polski

Monika Mioduchowska

Struktura przestrzenna zmienności genetycznej gatunków, w tym także europejskich małży słodkowodnych, kształtowana jest zarówno przez ich historię ewolucyjną, jak i współczesne zjawiska demograficzne - ograniczony przepływ genów związany z barierami geograficznymi oraz antropogenicznym zanieczyszczeniem i fragmentacją środowiska.

W ramach niniejszej pracy badano zmienność genetyczną, zagrożonego wyginięciem i objętego ochroną, słodkowodnego gatunku małża, skójki gruboskorupowej *Unio crassus* (Philipsson 1788) w rzekach Polski, w celu określenia struktury i identyfikacji jednostek ochrony.

Przestrzenną strukturę genetyczną *Unio crassus* określono przy wykorzystaniu dwóch kategorii markerów molekularnych: jądrowego DNA – 13 loci mikrosatelitarnego DNA (msatDNA) oraz mitochondrialnego DNA, dziedziczonych w linii matczynej (mtDNA typu F) – *Fcox1* i *ND3-ND2*. Ponadto, wykorzystując heteroplazmię mtDNA w tkankach somatycznych, testowano użyteczność markera *Mcox1*, dziedziczonych w linii ojcowskiej (mtDNA typu M), w odtwarzaniu relacji filogeograficznych gatunku.

Zaobserwowano głęboki podział badanych populacji *Unio crassus* z rzek Polski na dwa klady: „północny” (populacje z rzek nizinnych) i „południowy” (populacje z rzek górskich). Struktura przestrzennej zmienności genetycznej *Unio crassus* jest zasadniczo zgodna na poziomie mitochondrialnego i jądrowego DNA. Analiza struktury genetycznej, na poziomie loci mikrosatelitarnego DNA, ujawniła podział niższego rzędu w kladzie „południowym” – na grupy osobników z dorzecza Dunaju i dorzecza Wisły.

Zarówno wzory dystrybucji zmienności genetycznej jak i wyniki testów neutralności, są charakterystyczne dla zjawisk ekspansji przestrzennej oraz demograficznej i dowodzą postglacjalnej kolonizacji Polski przez dwie różne linie ewolucyjne *Unio crassus*. W Polsce Centralnej stwierdzono strefę wtórnego kontaktu obu linii genealogicznych. Niemniej, wykazano również, że zmienność genetyczna populacji *Unio crassus* jest współcześnie kształtowana zgodnie z modelem izolacji przez dystans. Wyniki przeprowadzonych badań umożliwiły identyfikację, na terenie Polski, dwóch głównych jednostek ochrony, tj. jednostek

istotnych ewolucyjnie (*Evolutionary Significant Units*), odpowiadających dwóm kladom *Unio crassus*, które ewoluowały w izolacji geograficznej.