

Autoreferat  
(w języku polskim)

**Dr Tomasz Gortat**

Zakład Ekologii

Wydział Biologii

Instytut Zoologii

Uniwersytet Warszawski

Warszawa, kwiecień 2018

do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

I. IMIĘ I NAZWISKO:

**Tomasz Gortat**

II. POSIADANE STOPNIE NAUKOWE:

- 1990 – tytuł zawodowy magistra biologii, specjalność biologia środowiskowa. Praca magisterska z zakresu ekologii pt. „Ruchliwość nornicy rudej i myszy wielkookiej leśnej w środowiskach homo- i heterogennych” wykonana w Zakładzie Ekologii Instytutu Zoologii Uniwersytetu Warszawskiego. Promotor prof. dr hab. Kazimierz Dobrowolski
- 1999 – stopień doktora nauk biologicznych. Rozprawa doktorska pt. „Populacje dwóch gatunków gryzoni leśnych: nornicy rudej (*Clethrionomys glareolus*) i myszy wielkookiej leśnej (*Apodemus flavicollis*) w mozaice zadrzewień śródpolnych”. Promotor prof. dr hab. Michał Kozakiewicz

III. INFORMACJE O DOTYCHCZASOWYM ZATRUDNIENIU W JEDNOSTKACH NAUKOWYCH

- 1.06.1991 – 31.12.1999 – asystent na Wydziale Biologii Uniwersytetu Warszawskiego
- 1.01.2000 – 30.09.2015 – adiunkt na Wydziale Biologii Uniwersytetu Warszawskiego
- 1.10.2015 – do chwili obecnej – asystent na Wydziale Biologii Uniwersytetu Warszawskiego

IV. 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.):

**a) Tytuł osiągnięcia naukowego/artystycznego:**

„Struktura genetyczna populacji w środowiskach o różnej organizacji przestrzennej i stopniu antropopresji – model *Apodemus*”

**b) Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego:**

1. **Gortat T.**, Rutkowski, R., Gryczyńska-Sięmiątkowska, A., Kozakiewicz, A., Kozakiewicz, M. **2013:** *Genetic structure in urban and rural populations of Apodemus agrarius in Poland. Mammalian Biology* 78: 171-177.

Wkład habilitanta: 70%. Autor – pierwszy i korespondencyjny. Współautorstwo koncepcji badań; przeprowadzenie części terenowej – połowy zwierząt i pobranie tkanek do analiz genetycznych; udział w badaniach laboratoryjnych; analiza i interpretacja wyników; redagowanie manuskryptu i odpowiedzi na pytania recenzentów.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

2. **Gortat T.**, Rutkowski R., Gryczyńska A., Pieniżek A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. **2015**. *Anthropopressure gradients and the population genetic structure of Apodemus agrarius. Conservation Genetics 16: 649-659.*

Wkład habilitanta: 75%. Pierwszy autor. Współautorstwo koncepcji badań; przeprowadzenie części terenowej – połowy zwierząt i pobranie tkanek do analiz genetycznych; udział w badaniach laboratoryjnych; analiza i interpretacja wyników; redagowanie manuskryptu i odpowiedzi na pytania recenzentów.

3. **Gortat T.**, Rutkowski R., Gryczyńska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. **2015**. *Genetic variability in island populations of two rodent species: bank vole (Myodes glareolus) and yellow-necked mouse (Apodemus flavicollis). Annales Zoologici Fennici 52: 145-159.*

Wkład habilitanta: 70%. Autor – pierwszy i korespondencyjny. Współautorstwo koncepcji badań; przeprowadzenie części terenowej – połowy zwierząt i pobranie tkanek do analiz genetycznych; udział w badaniach laboratoryjnych; analiza i interpretacja wyników; redagowanie manuskryptu i odpowiedzi na pytania recenzentów.

4. **Gortat T.**, Rutkowski R., Gryczyńska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. **2017**. *The spatial genetic structure of the yellow-necked mouse in an urban environment – a recent invader vs. a closely related permanent inhabitant. Urban Ecosystems 20: 581-594.*

Wkład habilitanta: 75%. Autor – pierwszy i korespondencyjny. Współautorstwo koncepcji badań; przeprowadzenie części terenowej – połowy zwierząt i pobranie tkanek do analiz genetycznych; udział w badaniach laboratoryjnych; analiza i interpretacja wyników; redagowanie manuskryptu i odpowiedzi na pytania recenzentów.

Sumaryczny *impact factor* czasopism, w których opublikowano prace wchodzące w skład osiągnięcia naukowego, zgodnie z rokiem opublikowania – IF= 6,100. Liczba punktów Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego za publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego – 105 pkt. Liczba cytowań publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego do dnia złożenia wniosku (wg bazy Web of Science) – 18.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

**c) Omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz omówieniem ich ewentualnego wykorzystania**Wstęp

W skład osiągnięcia naukowego wchodzi cztery oryginalne prace i we wszystkich z nich jestem pierwszym autorem. W trzech spośród wymienionych publikacji jestem również autorem korespondencyjnym. Wspólnym i podstawowym celem prac stanowiących osiągnięcie naukowe było określenie w jaki sposób struktura przestrzenna środowiska i stopień jego przekształcenia może wpływać na strukturę genetyczną zasiedlających je populacji. Z uwagi na fakt, że zdecydowana większość badań odnoszących się do struktury genetycznej zwierząt dotyczy głównie populacji zasiedlających środowiska naturalne **uznałem, że istotnym i nowym elementem naukowym badań prowadzonych w tym zakresie będzie analiza struktury genetycznej populacji zasiedlających środowiska miejskie**. Odmienne warunki bytowania w mieście (nasilona presja człowieka, inna baza pokarmowa, zmienione środowisko abiotyczne, inny skład gatunkowy i związana z tym odmienna presja drapieżników, konkurentów pasożytów, itp.), w porównaniu z obszarami nieurbanizowanymi, sprawiają, że działają tu odmienne czynniki doboru naturalnego. Inną istotną cechą środowisk miejskich jest również fragmentacja i izolacja terenów zielonych poprzez gęstą sieć dróg i zabudowę miejską, która prowadzi najczęściej do utworzenia mozaiki izolowanych geograficznie wysp środowiskowych (parków, ogrodów, cmentarzy itp.), które jako jedyne mogą być potencjalnie zasiedlone przez zwierzęta. Dla jednych gatunków te zwykle niewielkie płaty środowiska mogą stwarzać warunki do zachowania lokalnych populacji przez długi czas, a dla innych stanowić jedynie funkcję środowisk zastępczych wykorzystywanych przez zwierzęta tylko przejściowo i okresowo.

Obecnie badania z zakresu szeroko rozumianej ekologii fauny miast prowadzone są intensywnie na całym świecie – w tym także w Polsce (np. Indykiewicz i in. 2008, 2011), jednak mają one głównie charakter opisów faunistycznych lub dotyczą podstawowych badań z zakresu ekologii gatunków synurbijnych. Z kolei badania dotyczące struktury genetycznej populacji dziko żyjących gatunków zwierząt podejmowane są znacznie rzadziej. Badania miejskich populacji obejmują głównie gatunki, które od długiego czasu zajmują środowisko miejskie lub były zamknięte w mieście podczas jego rozwoju, występują więc w przekształconym środowisku od samego początku (Chiappero i in. 2011, Munshi-South i Nagy 2014). Tylko bardzo nieliczne badania dotyczą genetyki populacyjnej gatunków, które zasiedliły lub są w trakcie zasiedlania miast (lis rudy *Vulpes vulpes* Wandeler i in. 2003, pustułka *Falco tinnunculus* Rutkowski i in. 2009).

Do zwierząt, które są słabo scharakteryzowane pod względem genetyki populacji miejskich i które były obiektem badań stanowiących moje osiągnięcie naukowe należą drobne gryzonie.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Dla większości gatunków należących do tej grupy takich badań w ogóle nie podjęto. Stosunkowo nieliczne badania poświęcone strukturze genetycznej gryzoni odnoszą się do populacji zasiedlających środowiska o niskim stopniu komplikacji przestrzennej i były realizowane, z nielicznymi wyjątkami (np. Gerlach i Musolf 2000), najczęściej w niewielkiej skali przestrzennej (np. Myers 1974, Frisman i in 2002). Część badań poświęconych tej tematyce prowadzono co prawda w skali makroprzestrzennej, ale ich wyniki posłużyły głównie do określenia podobieństwa genetycznego populacji gryzoni pochodzących z różnych regionów geograficznych i były analizowane głównie w aspekcie ewolucyjnym lub odnosiły się do zmian środowiskowych, które miały miejsce w dalekiej przeszłości (np. Iwasa i Suzuki 2002, Miller i in. 2006). Do chwili obecnej nie analizowano powiązań pomiędzy miejskimi i pozamiejskimi populacjami gryzoni, a jak można się spodziewać populacje zasiedlające tereny poza miastem powinny stanowić podstawowe źródło zasilania dla populacji miejskich. Uznałem więc, że wiarygodnej oceny wpływu miasta na zasiedlające go populacje gryzoni nie można przeprowadzić bez punktu odniesienia, jaki stanowią populacje zasiedlające nieprzekształcone przez człowieka środowiska naturalne. W związku z powyższym prezentowany w osiągnięciu naukowym materiał opisuje zarówno populacje gryzoni występujące na terenach zielonych (w parkach, lasach) środowisk miejskich jak również populacje zasiedlające względnie pierwotne tereny leśne. Moje badania, w odróżnieniu od opisanych powyżej, były prowadzone w dużej skali przestrzennej i uwzględniły ocenę aktualnego wpływu struktury krajobrazu na powiązane ze sobą funkcjonalnie populacje gryzoni. **Przeprowadzenie badań w skali krajobrazu stworzyło możliwość oceny zmienności genetycznej populacji zasiedlających środowiska w różnym stopniu izolowane i w różnym stopniu przekształcone przez człowieka.**

Gatunki stanowiące obiekt moich badań tj. gryzonie z rodzaju *Apodemus* – myszarka leśna (*Apodemus flavicollis*) i myszarka polna (*Apodemus agrarius*) zostały wybrane nieprzypadkowo. W odniesieniu do myszarki leśnej podobnych badań wcześniej jeszcze nie prowadzono, natomiast w przypadku myszarki polnej nieliczne badania obejmujące tę tematykę realizowano dla jej podgatunków zasiedlających tereny na Dalekim Wschodzie. **Z uwagi na duży zasięg geograficzny obu gatunków** obejmujący znaczne tereny Europy i Azji oraz ich obecność w wielu miejscach na świecie **uznałem, że mogą one służyć jako gatunki modelowe do określenia wpływu środowiska miejskiego na strukturę genetyczną populacji gryzoni.** Dodatkowo, przeprowadzona przeze mnie analiza składu gatunkowego gryzoni na terenach miejskich (Gortat i in. 2014) wskazała jednoznacznie, że wymienione dwa gatunki myszerek stanowią najlepszy obiekt do oceny i porównania struktury genetycznej populacji miejskich i pozamiejskich, ponieważ aktualnie, jako jedne z nielicznych spośród rodzimych gatunków gryzoni, występują one zarówno w mieście jak i poza jego granicami. Inne gatunki drobnych gryzoni (nie uwzględniając szczurów, myszy domowych i wiewiórek) występują obecnie w Polsce jedynie na obrzeżach miasta i/lub z dala od aglomeracji

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

miejskich, w związku z czym ocena wpływu miasta na ich strukturę genetyczną nie jest aktualnie możliwa.

Wśród gryzoni zasiedlających miejskie tereny zielone myszarka polna jest jednym z lepiej poznanych gatunków i obecnie w wielu miastach Polski dominuje liczebnie (Piłacińska i in. 2004, Babińska-Werka i Malinowska 2008). Uznawana jest za oportunistę środowiskowego, który może zasiedlać zarówno różne środowiska o charakterze leśnym jak i zróżnicowane środowiska otwarte (Pucek 1981), co bez wątpienia ułatwia jej kolonizowanie nowych terenów i jednocześnie stawia ją w uprzywilejowanej pozycji w stosunku do innych mniej plastycznych środowiskowo gatunków gryzoni. Nieliczne źródła, na podstawie których można wnioskować o historii myszarki polnej na terenie Warszawy, wskazują na to, że gatunek ten pojawił się w stolicy najprawdopodobniej na przełomie XIX i XX w., a w latach 20-tych XX w. był na terenie miasta spotykany już stosunkowo często (Sumiński 1922). Utrzymujący się wzrost liczebności myszarki polnej w Warszawie spowodował, że w latach 70-tych XX w. zwierzęta te stanowiły już najliczniejszą grupę gryzoni zasiedlających śródmiejskie tereny stolicy (Andrzejewski i in. 1978, Liro 1985, Izdebska 1997). Historyczna analiza obecności myszarki polnej w Warszawie wskazuje więc na to, że proces synurbizacji tego gatunku w Warszawie trwa już około 100 lat. Nie ma jednak pewności, czy myszarka polna nie występowała w Warszawie jeszcze wcześniej, tym bardziej, że w przeszłości stopień przekształcenia środowiska przez człowieka w obrębie miast był znacznie niższy niż obecnie. Nie jest wykluczone, że występowanie myszarki polnej w miastach może być związane zarówno z aktywną kolonizacją miasta przez ten gatunek, jak również może być wynikiem „wchłonięcia” istniejących populacji myszarki polnej przez powiększające się tereny zurbanizowane i „zamykania” zwierząt w niewielkich izolowanych płatach środowiska.

Myszarka leśna, podobnie jak myszarka polna, jest gatunkiem pospolitym i licznie występującym na terenach znacznie wykraczających poza obszar Europy. Jest ona również gatunkiem bliskim jej systematycznie. W przeciwieństwie do myszarki polnej jest zaliczana do grupy gryzoni typowo leśnych. Środowiska przez nią zajmowane stanowią zarówno kompleksy leśne jak i zadrzewienia śródpolne (Pucek 1981). Myszarka leśna pojawiła się w centrum Warszawy stosunkowo niedawno. Jeszcze w latach 70-tych XX w. gryzonie te stwierdzano jedynie na dalekich obrzeżach miasta (Andrzejewski i in. 1978, Gliwicz 1980, Babińska-Werka i Malinowska 2008). W odróżnieniu od myszarki polnej, proces zasiedlania miasta przez ten gatunek rozpoczął się stosunkowo niedawno i nie trwa dłużej niż 30 lat.

Z uwagi na fakt, że w populacjach gatunków zasiedlających miasto zachodzą zmiany adaptacyjne prowadzące do wytworzenia specyficznych cech behawioralnych i ekologicznych, odróżniających je od populacji środowisk naturalnych i umożliwiającym im egzystencję w tym tak

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

silnie zmienionym środowisku (Gliwicz 1980), **przyjąłem założenie**, że populacje miejskie, w stosunku do populacji pozamiejskich, powinny charakteryzować się odmiennością genetyczną będącą efektem nie tylko działania odmiennych czynników doboru, lecz także efektem rozbicia ciągłości zasiedlenia – izolacji i wyodrębnienia na terenie miasta wielu małych lokalnych populacji.

**Fakt występowania w mieście dwóch spokrewnionych ze sobą gatunków o „różnej historii miejskiej” stworzył również idealną okazję do sprawdzenia czy w przypadku myszarki leśnej był to wystarczający czas do powstania zmian w strukturze genetycznej populacji tego gatunku na drodze mikroewolucji**, tym bardziej, że reakcja gatunku na warunki panujące w środowisku miejskim wydaje się być kwestią indywidualną, zwłaszcza jeżeli odnieść to do zachowania wysokiego poziomu zmienności genetycznej. Różnica w czasie trwania procesu synurbizacji dała więc również możliwość porównania istotności tych zmian między obu gatunkami.

Dwie z pierwszych omawianych poniżej prac dotyczą struktury genetycznej myszarki polnej, a dwie kolejne myszarki leśnej. Ostatnia z prac wchodzących w skład mojego osiągnięcia naukowego obejmuje również porównanie struktury genetycznej obu badanych przeze mnie gatunków.

Cel naukowy poszczególnych prac i osiągnięte wyniki

1. **Gortat T.**, Rutkowski, R., Gryczyńska-Sięmiątkowska, A., Kozakiewicz, A., Kozakiewicz, M. **2013:** *Genetic structure in urban and rural populations of Apodemus agrarius in Poland. Mammalian Biology* 78: 171-177.

Wyniki wielu badań wyraźnie wskazują na to, że myszarka polna dobrze funkcjonuje w środowisku miejskim. Osiąga w mieście większe zagęszczenia niż na terenach pozamiejskich. Populacje miejskie tego gatunku charakteryzuje wydłużony okres rozrodczy i większa przeżywalność zimowa (Andrzejewski i in. 1978). O ile jednak biologiczny aspekt miejskich populacji tego gatunku został już stosunkowo dobrze poznany to genetyczne efekty synurbizacji myszarki polnej nie były wcześniej badane. Z tego względu **celem** przeprowadzonych przeze mnie badań było oszacowanie wpływu środowiska miejskiego na poziom zmienności genetycznej i strukturę genetyczną myszarki polnej zasiedlającej największą polską aglomerację miejską jaką jest Warszawa. **Założyłem** przy tym, że populacje zasiedlające miasto, z uwagi na ograniczone możliwości występowania (niewielką liczbę dostępnych i wzajemnie izolowanych płatów zieleni miejskiej) powinny różnić się od siebie genetycznie.

Aby określić w jakim stopniu środowisko miejskie wpływa na zmienność genetyczną i na zróżnicowanie genetyczne synurbijnych populacji tego gatunku porównałem ze sobą populacje miejskie i pozamiejskie. W badaniach **postawiłem hipotezę, że znaczne zróżnicowanie genetyczne**



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

**między lokalnymi populacjami wewnątrz miasta jest wynikiem izolacji i losowych procesów genetycznych, z których każdy może prowadzić do istotnego obniżenia zmienności genetycznej. Z kolei na terenach położonych poza miastem, które charakteryzują się znacznie większą spójnością środowiska, różnice genetyczne między lokalnymi populacjami powinny być znacznie słabiej zaznaczone.** Prezentowane badania przeprowadziłem na terenie Warszawy (głównie na lewym, znacznie bardziej przekształconym przez człowieka, brzegu rzeki) jak również na obszarach o niskim stopniu antropopresji jakimi są tereny północno-wschodniej części Polski. Odległość między terenami miejskimi i pozamiejskimi wynosiła około 200 km. Badania były finansowane przez Zakład Ekologii Uniwersytetu Warszawskiego.

**Przeprowadzone badania potwierdziły postawioną wcześniej hipotezę, że populacje myszarki polnej występujące na terenie miasta różnią się od siebie genetycznie.** Szczególnie wyraźnie różnice stwierdzono między najbliższymi położonymi względem siebie populacjami zasiedlającymi centrum miasta, ale silnie izolowanymi przez gęstą zabudowę dróg i budynków. Odległości genetyczne ( $F_{ST}$ ) między parami poszczególnych populacji były tam najwyższe i przekraczały miejscami wartość 0,15, co wskazuje na znaczny stopień ich izolacji. Potwierdza to również istotny niedobór heterozygot stwierdzony we wszystkich analizowanych loci w środowisku miejskim i tylko w dwóch loci w środowisku pozamiejskim. Również wartość ogólnego współczynnika wsobności w środowisku miejskim ( $F_{IS}=0,121$ ) była znacznie większa niż w środowisku pozamiejskim ( $F_{IS}=0,046$ ). Ponadto wykazano, że odległość genetyczna między populacjami miejskimi jest ujemnie skorelowana z dystansem geograficznym jaki dzieli je od siebie.

Pomimo wyraźnej izolacji poszczególnych populacji miejskich nie stwierdziłem istotnej redukcji zmienności genetycznej w tych populacjach. Heterozygotyczność obserwowana ( $H_o$ ) była podobna w populacji miejskiej i pozamiejskiej i wynosiła odpowiednio 0,596 i 0,569. Jeśliby przyjąć, że grupy założycielskie kolonizujące nowe środowiska złożone są zwykle z niewielkiej liczby osobników, wówczas w nowo powstającej lokalnej miejskiej populacji należałoby oczekiwać obniżenia zmienności genetycznej w wyniku działania tzw. efektu wąskiego gardła (ang. *bottleneck effect*). W związku z tym doszedłem do wniosku, że analizowane populacje miejskie mogą stanowić pozostałości dużej i pierwotnie niepodzielonej grupy osobników, która kolonizowała miasto około 100 lat temu. Z dużym prawdopodobieństwem struktura genetyczna tych populacji była kształtowana przez dryf genetyczny oraz ograniczoną i z upływem czasu coraz trudniejszą imigrację związaną z rozwojem miasta i postępującym wzrostem antropopresji. Tym niemniej izolacja lokalnych populacji i związany z tym dryf genetyczny nie doprowadziły do gwałtownego ograniczenia zmienności genetycznej w całej populacji jak i w poszczególnych populacjach lokalnych.



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Analiza STRUCTURE (Evanno i in. 2005), przeprowadzona łącznie dla wszystkich 11 objętych badaniami lokalizacji (5 miejskich i 6 pozamiejskich), wykazała największe prawdopodobieństwo występowania 6 grup genetycznych, z czego 5 osobnych grup stanowiły poszczególne populacje miejskie i 1 niezróżnicowaną genetycznie grupę stanowiły razem wszystkie analizowane populacje pozamiejskie (mazurskie). Dystans geograficzny między poszczególnymi populacjami pozamiejskimi, wynoszący od 1km do blisko 5 km, nie przyczynił się do ich istotnego zróżnicowania genetycznego. W przeprowadzonych badaniach nie stwierdzono istotnej zależności między odległością genetyczną i geograficzną tych populacji. Wykazano z kolei istotne zróżnicowanie genetyczne między pozamiejskimi i miejskimi populacjami. W grupie populacji pozamiejskich wartości wskaźnika  $F_{ST}$  były bardzo niskie i nie przekraczały 0,02, co, w przeciwieństwie do populacji miejskich, wskazuje na brak izolacji i swobodny przepływ genów między tymi populacjami. Stwierdzono również, że na terenie miasta najmniejsze różnice genetyczne, w stosunku do populacji pozamiejskich (mazurskich), wykazują populacje zasiedlające obrzeża miasta. Prawdopodobne jest, że populacje zasiedlające tereny peryferyjne miasta, graniczące z łąkami, polami uprawnymi i lasami są zasilane przez osobniki pochodzące spoza miasta. Wskazuje na to, stwierdzony w populacji zasiedlającej obrzeża miasta, wysoki udział osobników z grup genetycznych typowych dla analizowanych populacji pozamiejskich. Relatywnie najmniejsze różnice genetyczne, w stosunku do populacji pozamiejskich, stwierdzono również w populacji zasiedlającej centrum miasta w bezpośrednim sąsiedztwie Wisły. Najprawdopodobniej dopływ genów do tej populacji odbywa się za pośrednictwem osobników, które przedostają się do miasta wykorzystując w tym celu korytarz ekologiczny jaki stanowi pas zieleni biegnący wzdłuż rzeki. Prawy brzeg Wisły, który zasiedla ta populacja, z uwagi na swój względnie naturalny charakter, stwarza szczególnie dogodne warunki do migracji osobników z terenów pozamiejskich do miasta.

---

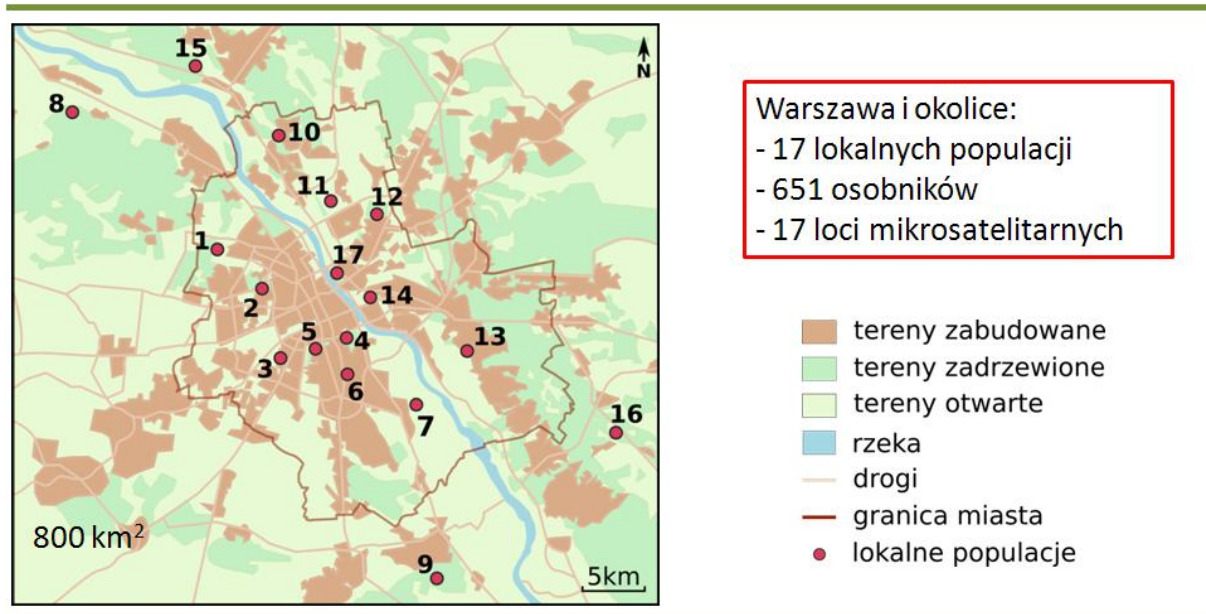
2. **Gortat T.**, Rutkowski R., Gryczyńska A., Pieniążek A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. **2015**. *Anthropopressure gradients and the population genetic structure of Apodemus agrarius. Conservation Genetics 16:649-659.*

---

Druga z prac włączonych do osiągnięcia naukowego jest szerokim rozwinięciem i jednocześnie kontynuacją moich badań związanych z funkcjonowaniem drobnych gryzoni w środowisku miejskim. W pracy przedstawiono wyniki opisujące łącznie 17 lokalnych populacji myszarki polnej zasiedlających środowiska znajdujące się w różnej odległości od centrum miasta i charakteryzujące się różnym stopniem antropopresji (Ryc. 1). Aktualne badania, w odróżnieniu od poprzednich, skoncentrowałem głównie na miejskich populacjach tego gatunku (13 lokalizacji) i w mniejszym stopniu na populacjach zasiedlających tereny poza miastem (4 lokalizacje). **Celem badań** było (i) określenie struktury genetycznej i zmienności genetycznej populacji myszarki polnej

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

z uwzględnieniem heterogenności środowiska, wyrażonej w formie zróżnicowanego stopnia antropopresji (od środowisk naturalnych usytuowanych poza miastem do silnie przekształconych środowisk w centrum miasta) jak również (ii) analiza naturalnych (obecność rzeki, dystans geograficzny) i antropogenicznych (infrastruktura miejska) czynników, które potencjalnie mogą kształtować model genetyczny miejskiej populacji myszarki polnej.



Ryc. 1. Myszarka polna – teren badań i miejsca połowu gryzoni

Aby określić rolę rzeki w kształtowaniu struktury genetycznej myszarki polnej badaniami objęto lokalne populacje zasiedlające tereny znajdujące się na obu brzegach Wisły. Z kolei heterogenność środowiska miejskiego, jako innego czynnika wpływającego na zróżnicowanie genetyczne populacji myszarki polnej na terenie miasta, zdefiniowano poprzez przypisanie każdej lokalizacji objętej badaniami odpowiedniego stopnia antropopresji zgodnie z 5-cio stopniową skalą zaproponowaną dla Warszawy przez Sudnik-Wójcikowską (1988), zgodnie z którą „Z1” odpowiada terenom o najniższym, a „Z5” terenom o najwyższym stopniu antropopresji. Zaproponowana skala została określona m. in. na podstawie procentowego udziału roślinności naturalnej w stosunku do roślinności synantropijnej w poszczególnych częściach miasta oraz poza jego granicami. Jako dodatkowy czynnik, który w znacznym stopniu związany jest z nasileniem antropopresji wykorzystałem średni dobowy poziom hałasu wytwarzanego przez ruch uliczny (samochody, tramwaje i autobusy). Z uwagi na fakt, że natężenie hałasu w poszczególnych lokalizacjach było silnie dodatnio skorelowane ze stopniem antropopresji określonym zgodnie z podziałem zaproponowanym przez Sudnik-Wójcikowską (1988) zdecydowałem, że oba te czynniki zostaną wykorzystane do oceny wpływu antropopresji na populacje myszarki polnej.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

W przeprowadzonych badaniach stwierdziłem, że poziom zmienności genetycznej był na obu brzegach Wisły podobny, jednak wartość współczynnika wsobności ( $F_{IS}$ ) była istotnie wyższa na terenach położonych na lewym, silniej zurbanizowanym brzegu rzeki. Pomimo tego, że lokalne populacje zasiedlające tereny o najniższym stopniu antropopresji (tj. tereny pozamiejskie – strefa Z1) znajdowały się po przeciwnych stronach miasta i po przeciwnych stronach Wisły to ogólne zróżnicowanie w tej grupie populacji było najmniejsze ( $F_{ST}=0,053$ ) i nie różniło się istotnie od ogólnego zróżnicowania genetycznego w strefach Z3 i Z4 tj. w miejscach o wyższym stopniu antropopresji ( $F_{ST}=0,055$ ). Odległość genetyczna ( $F_{ST}$ ) między poszczególnymi populacjami była jednak bardzo zróżnicowana i wynosiła od 0,026 do 0,181. Największą odległość genetyczną stwierdzono między populacjami znajdującymi się w miejscach o najwyższym stopniu antropopresji (w centrum miasta – strefa Z5) usytuowanymi po przeciwnych stronach rzeki.

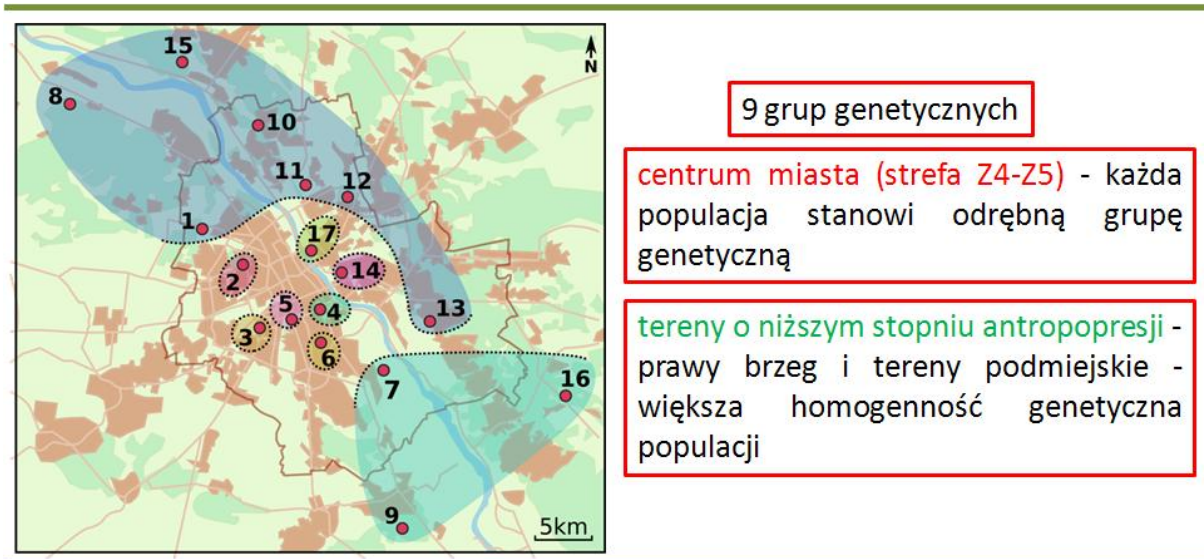
Heterozygotyczność obserwowana ( $H_o$ ) była najwyższa w miejscach o średnim i niskim stopniu antropopresji. Z kolei najniższą wartość  $H_o$  stwierdzono w populacji zasiedlającej tereny o najwyższym stopniu antropopresji (Z5) w centralnej części miasta. Spośród wszystkich 17 lokalizacji tylko 5 nie było w stanie równowagi Hardy'ego-Weinberga ( $HWE$ ), ale istotny niedobór heterozygot jak również istotny współczynnik wsobności ( $F_{IS}$ ) stwierdzono tylko w populacjach zasiedlających lewy, silnie zurbanizowany brzeg Wisły. Analiza porównawcza pomiędzy grupami populacji zasiedlającymi poszczególne strefy antropopresji wykazała istotnie niższe bogactwo alleliczne w strefie o najwyższym stopniu antropopresji (Z5) niż w lokalizacjach o niskim stopniu antropopresji (strefy Z1 – Z3)

Zależność między dystansem genetycznym [ $F_{ST}/(1 - F_{ST})$ ] i geograficznym, wyliczona dla grup lokalizacji znajdujących się w tej samej strefie antropopresji, łącznie dla obu brzegów Wisły, była dodatnia choć nieistotna. Stwierdzono jednak, że dystans genetyczny między populacjami był istotnie zależny od stopnia antropopresji. Najwyższe wartości dystansu genetycznego stwierdzono w lokalizacjach o najwyższym stopniu antropopresji (Z5) pomimo niewielkiej odległości geograficznej dzielącej znajdujące się tam lokalne populacje. Wraz ze spadkiem stopnia antropopresji zmniejszał się dystans genetyczny między populacjami zasiedlającymi środowiska mniej przekształcone przez człowieka pomimo wzrostu dystansu geograficznego dzielącego populacje. Również odległość genetyczna między populacjami zasiedlającymi tereny na przeciwnych brzegach rzeki obniżała się wraz ze wzrostem odległości geograficznej, ale tylko na lewym, silniej przekształconym, brzegu Wisły zależność ta była istotna statystycznie. Stwierdzono przy tym, że zależność między dystansem geograficznym i dystansem genetycznym była istotnie różna na obu brzegach rzeki.

Przeprowadzona analiza struktury genetycznej populacji myszarki polnej (program BAPS 6.0, Corander i in. 2008) wykazała, z prawdopodobieństwem bliskim jedności ( $p=0,997$ ), że na terenie

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

objętym badaniami występuje 9 grup genetycznych tego gatunku. Pierwszą grupę stanowiło 6 sąsiadujących ze sobą populacji, ze stref Z1 – Z4, zasiedlających tereny na północ i na wschód od centrum miasta na prawym brzegu Wisły. Drugą grupę stanowiły 3 oddalone od centrum miasta i najbardziej wysunięte na południe populacje ze stref Z1 i Z3. Pozostałe 7 populacji stanowiło osobne grupy genetyczne zasiedlające tereny znajdujące się wyłącznie w najwyższych strefach antropopresji (Z4 – Z5) (Ryc. 2).



Ryc. 2. Myszaraka polna – podział populacji na grupy genetyczne

Wyniki przeprowadzonych badań wskazują na to, że różnorodność genetyczna w populacjach miejskich myszarki polnej nie jest wyraźnie obniżona w stosunku do pozamiejskich populacji tego gatunku. Wyjątek stanowią populacje zasiedlające miejsca o szczególnie nasilonej presji człowieka i jedynie w tych populacjach ma miejsce istotne obniżenie liczby alleli mikrosatelitarnych jak również znaczny wzrost pokrewieństwa między osobnikami. Podobny model stwierdzono również u innych gatunków gryzoni (Gardner-Santana i in. 2009, Munshi-South i Kharchenko 2010). Zgodnie z teorią, różnorodność genetyczna miejskich populacji powinno obniżać się wraz z postępującą fragmentacją środowiska i przy niskiej efektywnej wielkości populacji zasiedlającej ograniczone przestrzennie niewielkie płyty dogodnych środowisk. Czynniki te mogą mieć jednak tylko ograniczony wpływ na miejskie populacje. Z dużym prawdopodobieństwem wysokie zagęszczenia osobników, w małych izolowanych płatach środowiska, mogą chronić populacje przed utratą różnorodności genetycznej. Nie można wykluczyć, że dotyczy to również myszarki polnej, która na terenie parków Warszawy może osiągać bardzo wysokie zagęszczenia (Andrzejewski i in. 1978, Izdebska 1997). Obecność terenów zielonych wewnątrz miasta może być dodatkowym czynnikiem zabezpieczającym populację miejską przed obniżeniem różnorodności genetycznej (Munshi -South 2012). Z tego względu można oczekiwać, że w przypadku myszarki



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

polnej, która w mieście osiąga wysokie zagęszczenia i jest obecna praktycznie we wszystkich płatach zieleni miejskiej, z których część może stanowić dodatkowo funkcję korytarzy ekologicznych zapewniających przepływ genów, możliwe jest zachowanie wysokiego poziomu zmienności genetycznej w całej miejskiej populacji tego gatunku. Gęsta zabudowa miejska i związany z tym niedobór zielonych korytarzy tworzą jednak skuteczną barierę dla przepływu genów. Jak potwierdzają moje badania jest to szczególnie widoczne na terenach położonych w strefie o najwyższym stopniu antropopresji (Z5), w której miał miejsce istotny spadek zmienności genetycznej populacji wyrażony zmniejszeniem liczby alleli mikrosatelitarnych.

Zdaniem Nei i in. (1975) redukcja różnorodności genetycznej polegająca na obniżeniu zróżnicowania neutralnych loci (a takimi są sekwencje mikrosatelitarne) jest najłatwiej wykrywalnym efektem dryfu genetycznego i wskazuje na izolację populacji. W przeprowadzonych badaniach efekt izolacji miejskiej populacji myszarki polnej jest znacznie wyraźniej zaznaczony na lewym silnie zurbanizowanym brzegu Wisły, na co wskazują istotnie wyższe wartości współczynnika pokrewieństwa w populacjach lewobrzeżnych niż w prawobrzeżnych. Wynik ten świadczy również o tym, że **głównymi czynnikami w znacznym stopniu utrudniającymi wymianę genów między lokalnymi populacjami w mieście są gęsta zabudowa i rozbudowana oraz intensywnie użytkowana sieć komunikacji miejskiej, które razem tworzą trudne lub niemożliwe do pokonania dla gryzoni bariery.**

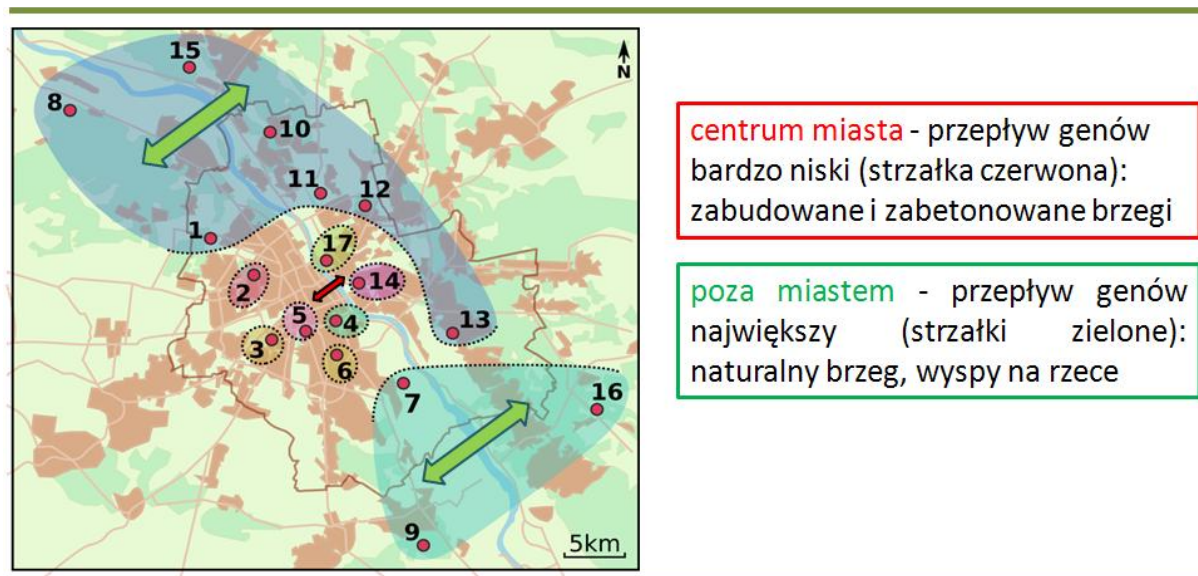
Analiza poziomu zróżnicowania genetycznego między lokalnymi populacjami myszarki polnej, wykazała istotne różnice tylko w strefie Z5. Uzyskany wynik potwierdził więc efektywną izolację w odniesieniu do populacji zasiedlających centrum miasta, ale jednocześnie wskazał na brak tej izolacji w strefach Z3 i Z4. Z dużym prawdopodobieństwem można przyjąć, że ostre granice ekologiczne jakie występują między terenami zielonymi w centrum miasta i znajdującą się tam gęstą zabudową i silnie rozwiniętą, intensywnie eksploatowaną przez człowieka, infrastrukturą drogową mogły przyczynić się do powstania tzw. efektu płotu (ang. *fence effect*) tj. sytuacji, w której komunikacja między lokalnymi populacjami, a tym samym wymiana genów między tymi populacjami, przestała być możliwa lub jest bardzo ograniczona. Z kolei stwierdzone podobieństwo w poziomie zróżnicowania genetycznego populacji w strefach Z3 i Z4 do populacji zasiedlających tereny o najniższym stopniu antropopresji (Z1) może świadczyć o tym, że odpowiednie pokrycie roślinnością terenów obejmujących te strefy zapewnia przepływ genów na takim poziomie, który chroni występujące tam lokalne populacje myszarki polnej przed wzrostem różnic genetycznych między nimi.

Przeprowadzone badania wskazują również na to, że wyjaśnienie różnic genetycznych między populacjami zasiedlającymi środowisko miejskie wyłącznie w oparciu o „model izolacji przez

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

dystans” (ang. *isolation by distance*) przestaje mieć tak duże znaczenie jak w przypadku populacji zasiedlających środowiska naturalne (Munshi-South i Kharachenko 2010, **praca 1**). Potwierdzenie tej tezy może stanowić wykazana przeze mnie zależność między dystansem geograficznym i dystansem genetycznym, wyliczona osobno dla grup populacji zasiedlających poszczególne strefy antropopresji, która jednoznacznie wskazuje na to, że w populacjach oddzielonych od siebie podobnym dystansem geograficznym odległość genetyczna była zróżnicowana i osiągała większe wartości w przypadku populacji zasiedlających tereny o wyższym stopniu antropopresji. Dodatkowo na lewym, silniej zurbanizowanym, brzegu Wisły stwierdzono istotnie ujemną korelację między dystansem geograficznym a dystansem genetycznym, co było związane z najwyższymi wartościami  $F_{ST}$  dla par populacji usytuowanych względem siebie w bliskim sąsiedztwie, ale rozdzielonych gęstą zabudową. W związku z tym wydaje się, że do wyjaśnienia różnic genetycznych między populacjami miejskimi bardziej dostosowany jest „model izolacji przez efektywny dystans” (ang. *isolation by effective distance*), który oprócz odległości geograficznej między lokalnymi populacjami uwzględnia również inne elementy środowiska (Munshi-South 2012). W przypadku moich badań ten dodatkowy element stanowiła zróżnicowana antropopresja zdefiniowana m.in. na podstawie charakterystyki florystycznej zaproponowanej przez Sudnik-Wójcikowską (1988).

Wyniki przeprowadzonych badań (**praca 1**, **praca 2**) potwierdziły, że rzeka może stanowić naturalną efektywną barierę ograniczającą lub uniemożliwiającą przepływ genów w populacji gryzoni (Aars i in. 1998). Potwierdziły one również, że różnice genetyczne między populacjami zasiedlającymi przeciwne brzegi rzeki zależą od usytuowania tych populacji względem centrum miasta. Poza granicami miasta różnice te są niewielkie, co świadczy o zachowanej łączności i przepływie genów między populacjami zasiedlającymi te tereny. Z kolei populacje zasiedlające tereny po przeciwnych stronach rzeki, ale w centrum miasta, wykazują istotne różnice genetyczne, co z kolei oznacza, że rzeka jest dla gryzoni znacznie bardziej efektywną barierą w mieście niż poza jego granicami (Ryc. 3). Większy wpływ Wisły na ograniczenie przepływu genów w centrum miasta może być wynikiem silnego przekształcenia terenów lewobrzeżnej Warszawy i powiązaniem z tym brakiem bezpośredniego dostępu zwierząt do jej brzegu. Z kolei obecność naturalnych wysp, które przynajmniej okresowo mogą być zasiedlane przez gryzonie (**praca 3**) i które znajdują się na Wiśle na północ i na południe od miasta, stwarza lepsze warunki dla przekraczania środowisk wodnych przez te zwierzęta i zapewnienia łączności między populacjami na obu brzegach. Stopień przekształcenia środowiska miejskiego i związane z tym nasilenie antropopresji może więc przyczyniać się do zróżnicowania genetycznego populacji myszarki polnej wzdłuż Wisły.



Ryc. 3. Myszkówka polna – przepływ genów między populacjami zasiedlającymi przeciwne brzegi rzeki

Przeprowadzona analiza struktury genetycznej populacji wskazała na znacznie większą homogenność populacji myszarki polnej na prawym brzegu Wisły, co potwierdza, że nieprzekształcony prawy brzeg stanowi funkcję korytarza ekologicznego dla zwierząt. Dzięki istnieniu takiego korytarza (lub sieci korytarzy) lokalne populacje na prawym brzegu są mniej izolowane od siebie w porównaniu do populacji lewobrzeżnych, co najprawdopodobniej przyczyniło się do tego, że efekty Wahlunda są mniej widoczne na prawym brzegu rzeki. Potwierdzenie braku izolacji między prawobrzeżnymi populacjami może stanowić istotnie niższa wartość wskaźnika wsobności ( $F_{IS}$ ) dla populacji zasiedlających mniej przekształcony brzeg rzeki, wskazująca na to, że podział populacji na prawym brzegu Wisły nie doprowadził do niedoboru heterozygot.

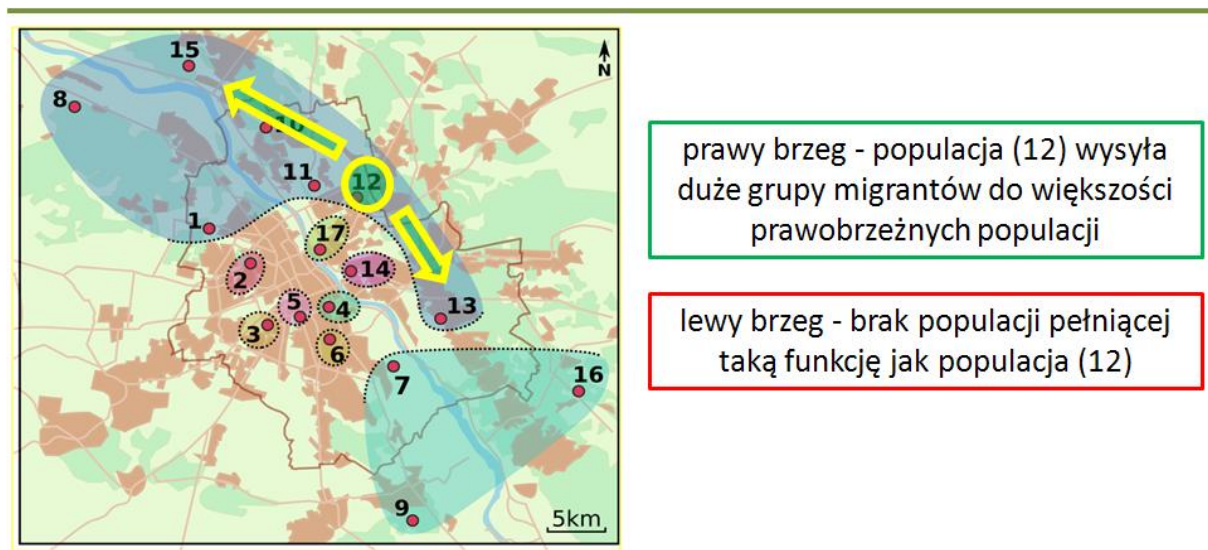
Analiza BAPS wskazuje na to, że również pozamiejskie populacje myszarki są podzielone przez miasto. Grupa populacji tworząca północny klaster wnika w głąb środowiska miejskiego znacznie głębiej niż grupa populacji tworzących klaster południowy (Ryc. 2). Efekt ten jest szczególnie widoczny na prawym brzegu rzeki, co może oznaczać, że ta część miasta jest lepiej połączona przez przepływ genów z północnymi niż z południowymi pozamiejskimi populacjami. Wśród prawobrzeżnych populacji tylko dwie zasiedlają tereny o najwyższym stopniu antropopresji (strefa Z5) i z powodu izolacji i związanego z tym efektu dryfu genetycznego stanowią one, zgodnie z analizą BAPS, osobne jednostki genetyczne, ale ich związek z innymi populacjami na tym brzegu jest nadal widoczny, na co wskazują względnie niskie wartości  $F_{ST}$ . Z kolei na lewym, silniej przekształconym brzegu Wisły zasięg północnej jak i południowej grupy genetycznej jest znacznie mniejszy, co może świadczyć o tym, że lokalizacje pozamiejskie zasiedlające tereny na lewym brzegu rzeki są połączone przez przepływ genów tylko z najbliższymi usytuowanymi w stosunku do nich populacjami miejskimi. Z kolei w lewobrzeżnych lokalizacjach znajdujących się w centrum miasta ma



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

miejsce silne zróżnicowanie populacji z powodu ich silnej izolacji i związanego z tym dryfu genetycznego oraz jak wskazuje BAPS, stanowią one obecnie oddzielne jednostki genetyczne. Nie można wykluczyć, że stwierdzona odrębność tych populacji jest wynikiem okazjonalnych przypadków mieszania genotypów pomiędzy północnymi i południowymi populacjami w centralnej strefie kontaktu. Przeprowadzona analiza wskazuje więc na to, że model genetycznego zróżnicowania populacji na obu brzegach rzeki jest inny.

Większy udział rezydentów (przekraczający lokalnie 90%) w stosunku do osobników migrujących w populacjach zasiedlających tereny o wyższym stopniu antropopresji (BayesAss 3.0, Wilson i Rannala 2003) w pełni potwierdza wyniki analiz BAPS i wskazuje na to, że izolacja lokalnych populacji wzrasta w stronę miasta. Identyfikacja migrantów w prawobrzeżnych populacjach myszarki polnej pozwoliła również na stwierdzenie, że jedna z populacji (w strefie Z4) pełni istotną rolę w kształtowaniu struktury genetycznej prawie wszystkich znajdujących się tam populacji poprzez „wysyłanie” dużych grup migrantów do innych przyległych lokalizacji (Ryc. 4). Stwierdziłem również duży przepływ genów z tej populacji do populacji (w strefie Z1) zlokalizowanej na drugim brzegu rzeki (lokalizacja 9, na południe od miasta), należącej do innej grupy genetycznej, co może sugerować, że myszarka polna jest w stanie w stosunkowo krótkim czasie (w ciągu jednego lub dwóch pokoleń) przedostać się do odległych lokalizacji znajdujących się również na przeciwnym brzegu Wisły. Z kolei na lewym brzegu rzeki rozwinięta infrastruktura miejska i silna izolacja populacji, szczególnie w centrum miasta, spowodowała, że nie ma tam takiej populacji, która pełniłaby podobną funkcję jak opisana prawobrzeżna populacja (Ryc. 4).



Ryc. 4. Myszarka polna – przepływ genów między lokalnymi populacjami

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Wnioski – najważniejsze osiągnięcia (praca 1, praca 2)

Wyniki przeprowadzonych badań uprawniają do stwierdzenia, że miasto dzieli populacje myszarki polnej na odrębne grupy genetyczne, a efekt ten jest szczególnie widoczny w centrum aglomeracji miejskiej, gdzie odległość geograficzna przestaje mieć znaczenie w różnicowaniu genetycznym lokalnych populacji. Z tego względu nawet populacje, które dzieli niewielki dystans geograficzny, wykazują znaczną odrębność genetyczną. Na uwagę zasługuje również fakt, że izolacja genetyczna populacji tego gatunku jest znacznie bardziej widoczna na lewym – silniej zurbanizowanym brzegu rzeki. Z kolei bardziej naturalny charakter prawobrzeżnej części Warszawy i terenów pozamiejskich znajdujących się na obu brzegach Wisły umożliwia zachowanie łączności między zasiedlającymi te tereny populacjami myszarki polnej. Oznacza to, że obecność infrastruktury miejskiej w znacznie większym stopniu przyczynia się do ograniczenia przepływu genów między lokalnymi populacjami niż obecność naturalnych barier środowiskowych. Znacznie większe tempo przepływu genów między populacjami zasiedlającymi przeciwne brzegi rzeki poza miastem, niż w centrum miasta, świadczy również o tym, że obecność infrastruktury miejskiej wzmacnia efekt naturalnej bariery jaką stanowi dla gryzoni rzeka. Stwierdzona u myszarki polnej odmienność genetyczna jej lokalnych populacji miejskich może wskazywać na zaawansowane procesy różnicowania się tych populacji w drodze mikroewolucji zachodzącej wskutek dryfu genetycznego i niskiej intensywności przepływu genów między tymi populacjami.

Ogólnie można stwierdzić, że w środowisku miejskim antropopresja jest w znacznej mierze odpowiedzialna za przepływ genów pomiędzy populacjami nie tylko jako czynnik wywierający wpływ na poszczególne populacje wewnątrz zasiedlonych przez nie płatów, ale przede wszystkim jako jedna ze zmiennych, która poprzez tworzoną infrastrukturę miejską kształtuje środowisko pomiędzy tymi płatami, tworząc w ten sposób mniej lub bardziej „przepuszczalną” barierę dla przepływu genów. Ponadto uprawnione wydaje się stwierdzenie, że **w odróżnieniu od naturalnych populacji myszarki polnej, których odmienność genetyczną wyjaśnia model izolacji przez dystans, genetyczne relacje pomiędzy miejskimi populacjami tego gatunku należy interpretować w oparciu o zaproponowany przeze mnie model izolacji przez infrastrukturę miejską (ang. *isolation by infrastructure*).**

---

3. **Gortat T.**, Rutkowski R., Gryczyńska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. **2015.** *Genetic variability of island populations of two rodent species: bank vole (*Myodes glareolus*) and yellow-necked mouse (*Apodemus flavicollis*). *Annales Zoologici Fennici* 52: 145-159.*

---

Prezentowane w pracy wyniki są efektem badań przeprowadzonych na obszarach leśnych północno-wschodniej części Polski i realizowanych w ramach projektu finansowanego przez Zakład Ekologii

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Uniwersytetu Warszawskiego. Celem tego projektu było m. in. określenie struktury genetycznej myszarki leśnej zasiedlającej duże ciągle kompleksy leśne jak również różnej wielkości leśne wyspy środowiskowe rozdzielone przestrzennie barierami lądowymi i wodnymi. W pracy wchodzącej w skład osiągnięcia naukowego prezentowane są wyniki obejmujące tylko część tych badań i dotyczą one populacji gryzoni zasiedlających wyspy środowiskowe jakimi są wyspy jeziorne. **Celem ogólnym** pracy było określenie zmian jakie, wraz z upływem czasu, zachodzą w różnorodności genetycznej populacji gryzoni zasiedlających leśne wyspy izolowane naturalną barierą jaką stanowi dla gryzoni woda. Przeprowadzone badania pozwoliły na zdefiniowanie w jaki sposób kształtuje się struktura genetyczna w izolowanych, lecz nie podlegających antropopresji populacjach gryzoni. **Uzyskane w pracy wyniki pozwoliły również na porównanie „naturalnych” wyspowych populacji myszarki leśnej z populacjami tego gatunku zasiedlającymi „zielone” wyspy środowiskowe na terenie miasta (praca 4).**

Myszarka leśna, podobnie jak inne gatunki gryzoni, należy do grupy ssaków, które charakteryzują się dużymi zmianami liczebności w ciągu roku. Sezonowym zmianom wielkości populacji tych zwierząt może towarzyszyć utrata różnorodności genetycznej wywołana tzw. efektem wąskiego gardła. W takich przypadkach odbudowa różnorodności genetycznej w populacji może nastąpić jedynie w drodze dyspersji osobników i wymieszania ich materiału genetycznego. Z dużym prawdopodobieństwem można jednak założyć, że w małych silnie izolowanych populacjach, za które uznaje się m. in. populacje zasiedlające wyspy jeziorne, struktura genetyczna powinna być głównie wypadkową lokalnych procesów reprodukcji i śmiertelności, natomiast imigracja i emigracja osobników w takich warunkach może nie występować lub przynajmniej powinna odgrywać mniejszą rolę. Myszarka leśna, w stosunku do innych rodzimych gatunków gryzoni, charakteryzuje się dużą mobilnością i większą zdolnością do przekraczania barier środowiskowych (Szacki i Liro 1991). Z tego względu **postawiłem hipotezę, że utrata różnorodności genetycznej w wyspowych populacjach myszarki leśnej wynikająca z sezonowego spadku jej liczebności może być efektywniej kompensowana przez imigrację, niż w przypadku mniej mobilnych gatunków gryzoni, a przez to znacznie mniej skutecznych w przekraczaniu środowisk nienadających się do zasiedlenia.** W celu zweryfikowania tej hipotezy badaniami objęto również drugi gatunek gryzonia jakim jest nornica ruda (*Myodes glareolus*) – uznawana za osiadłą, mniej ruchliwą i znacznie trudniej pokonującą bariery środowiskowe niż myszarka leśna (Szacki i Liro 1991). Przyjąłem również założenie, że ewentualna migracja osobników między wyspami oraz między lądem i wyspami jest możliwa jedynie w okresie zimowym, kiedy brzegi wysp i lądu „połączone” są ze sobą okresowo pokrywą lodową. Uznałem również, że z uwagi na znaczne odległości między wyspami (ponad 500 m) oraz między lądem i wyspami (275-375 m) migracja zwierząt w innych porach roku jest mało prawdopodobna.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Badania przeprowadzono na dwóch wyspach znajdujących się na Jeziorze Mokrym na terenie Mazurskiego Parku Krajobrazowego. W ciągu całego okresu badań obejmującego lata 2003, 2004 i 2008 obecność myszarki leśnej stwierdzono tylko na jednej – większej wyspie (powierzchnia 3ha) – natomiast drugi ze stwierdzonych tam gatunków tj. nornica ruda zasiedlała obie wyspy (1,5 ha i 3 ha).

**Przeprowadzone badania nie potwierdziły postawionej hipotezy zakładającej, że u bardziej mobilnego gatunku jakim jest myszarka leśna efekty utraty różnorodności genetycznej będą mniej widoczne niż u mniej aktywnej przestrzennie nornicy rudej.** W populacji nornicy rudej zasiedlającej większą wyspę poziom zmienności genetycznej utrzymywał się bowiem w poszczególnych latach na względnie stałym poziomie. Lokalna populacja tego gatunku zachowała dużą różnorodność genetyczną pomimo znacznego stopnia izolacji wyspy. Co prawda średnie wskaźniki zmienności genetycznej były nieco niższe w 2008 roku, a wskaźnik wsobności ( $F_{IS}$ ) był w tym czasie najwyższy, co może wskazywać tendencję do obniżenia się poziomu zmienności genetycznej w populacji nornicy, to jednak dystans genetyczny ( $F_{ST}$ ) między populacją w 2008 roku, a latami poprzednimi był bardzo niski, co świadczy o względnej stabilności struktury genetycznej lokalnej populacji tego gatunku.

Na mniejszej wyspie poziom zmienności genetycznej w populacji nornicy rudej był podobny w latach 2003 i 2004 i znacznie wyższy w 2008 roku. W 2003 i w 2004 roku wskaźnik wsobności ( $F_{IS}$ ) był ujemny, co wskazuje na nadmiar heterozygot w populacji nornicy. Z kolei w 2008 roku stwierdzono istotny wzrost wskaźnika wsobności ( $F_{IS}$ ) i związany z tym istotny niedobór heterozygot, pomimo tego że w tym czasie wyspę zasiedlało znacznie więcej osobników niż w latach poprzednich. Nie można wykluczyć, że wyspę skolonizowała grupa osobników blisko ze sobą spokrewnionych i wystąpił efekt założyciela (ang. *founder effect*). Poparciem tezy o kolonizacji mniejszej wyspy jest stwierdzony bardzo mały dystans genetyczny ( $F_{ST}$ ) między latami 2003 i 2004 i bardzo wysoki w porównaniu z rokiem 2008, wskazujący na znaczną zmianę puli genetycznej w populacji nornicy. Ponadto dystans genetyczny między populacjami nornicy zasiedlającymi obie wyspy znacznie zmniejszył się w 2008 roku, co również wskazuje na to, że pula genowa na mniejszej wyspie została zasilona przez osobniki spoza wyspy. Analiza STRUCTURE wskazuje dodatkowo na to, że źródłem zasilania mogły być osobniki z większej wyspy, o czym świadczy stwierdzony w 2008 roku bardzo wysoki udział osobników z grup genetycznych, które w ciągu całego okresu badań dominowały na wyspie większej, a na wyspie mniejszej w latach 2003 i 2004 praktycznie były nieobecne. Brak w 2008 roku grupy genetycznej, dominującej na tej wyspie w 2003 i 2004 roku, a także wyniki testu przyporządkowania (ang. *assignment test*) i identyfikacja migrantów pierwszego pokolenia również wskazuje na to, że przynajmniej w pewnym stopniu zmienność zaobserwowana w 2008 roku na mniejszej wyspie może być związana z migracją gryzoni z wyspy większej. Tym bardziej, że

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

pojedyncze przypadki migracji nornicy między tymi wyspami stwierdzili również Kozakiewicz i in. (2009). Z drugiej strony wyniki przeprowadzonych badań świadczą o tym, że populacja nornicy w 2008 roku na mniejszej wyspie tworzyła odrębną grupę genetyczną, co wskazywałoby na inne źródło jej kolonizacji. Oznacza to, że gryzonie mogły przedostać się na wyspę ze stałego lądu, za czym przemawia także obecność w 2008 roku alleli, które w latach 2003 i 2004 na wyspach nie występowały. Z dużym prawdopodobieństwem można zatem przyjąć, że populacja nornicy jest okresowo zasilana przez osobniki różnego pochodzenia tj. migranty pochodzące z wysp jak i osobniki przechodzące na wyspę ze stałego lądu.

W przeciwieństwie do nornicy rudej myszarka leśna występowała jedynie na większej wyspie, co zostało również stwierdzone na tym samym terenie w innych badaniach (Kozakiewicz i in. 2009), w których brałem udział. Druga z wysp jest prawdopodobnie zbyt mała, aby mogła być zasiedlona przez ten gatunek. W odróżnieniu od nornicy rudej, zmienność genetyczna w populacji myszarki znacznie zmniejszyła się między 2004 i 2008 rokiem, o czym świadczą wszystkie wskaźniki. Znaczny, blisko dwukrotny, spadek heterozygotyczności obserwowanej, jak również istotny wzrost wskaźnika wsobności ( $F_{IS}$ ) w tym okresie wskazuje na to, że jest to populacja izolowana. Potwierdza to również znaczny wzrost dystansu genetycznego w 2008 roku, w porównaniu z poprzednimi latami, co świadczy o bardzo silnym dryfie genetycznym w populacji myszarki. Na izolację populacji tego gatunku i zachodzący w niej dryf genetyczny mogą wskazywać również wyniki STRUCTURE, ponieważ dominujące w latach 2003 i 2004 dwie grupy genetyczne reprezentowane były w 2008 roku już jedynie przez niewielką liczbę osobników, podczas gdy w 2008 roku większość osobników należała do trzeciej grupy genetycznej stanowiącej w latach 2003 – 2004 jedynie grupę marginalną.

Z całą pewnością w przypadku obu gatunków bariera wodna nie jest wystarczająco skuteczna, aby uniemożliwić przepływ genów do populacji wyspowych. W innym przypadku wyspy nie byłyby zasiedlone przez gryzonie. **W badanym układzie przestrzennym efekty izolacji są jednak bardziej widoczne w przypadku myszarki leśnej, niż jak można było oczekiwać, w przypadku mniej ruchliwej nornicy rudej.** Wynik przeprowadzonych badań jest tym bardziej zaskakujący, że zamknięte rzeki i jeziora są bardzo rzadko przekraczane przez nornicę rudą (Aars i in. 1998), a myszarka leśna w mniejszym stopniu niż nornica unika terenów otwartych i z łatwością może pokonywać odległość do 1 kilometra (Bondrup-Nielsen i Karlsson 1985, Szacki 1999). Nie można jednak wykluczyć, że sukces kolonizacyjny oraz zachowanie różnorodności genetycznej na wyspach nornica rekompensuje znacznie większymi zagęszczeniami niż myszarka leśna, które w tej strefie klimatycznej mogą być kilkukrotnie niższe niż u nornicy rudej (Bąkowski i Kozakiewicz 1988, Szacki i Liro 1991) co potwierdziłem również w moich badaniach. Ponadto zdaniem Bujalskiej i Saitoh (2000) gwarancją stabilności wyspowych populacji gryzoni jest terytorializm dorosłych osobników. W badaniach wyspowych populacji myszarki leśnej Bujalska i Grüm (2005) stwierdzili jednak brak



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

zachowań terytorialnych u dojrzałych samic myszarki leśnej, co zdaniem autorów może w znacznie większym stopniu niż w przypadku nornicy rudej prowadzić do braku stabilności populacji myszarki, a w konsekwencji do okresowych ekstynkcji wyspowych populacji tego gatunku.

Okresowe zaniki populacji tego gatunku i liczne próby nieudanych rekolonizacji wysp jeziornych stwierdzili m.in. Bujalska i Grüm (2005). W przypadku gwałtownego spadku liczebności (np. wskutek podtopienia wysp, drapieżnictwa) zmienność genetyczna zależna będzie od tego do jakiej wielkości populacja zostanie zredukowana oraz od tempa odbudowy takiej populacji. Ponadto w zależności od warunków środowiska presja selekcyjna może być skierowana na różne genotypy (Gębczyński i Ratkiewicz 1998), co z kolei będzie prowadziło do eliminacji niektórych alleli. Z drugiej strony wyniki moich badań oraz badań przeprowadzonych wcześniej przez Bujalską i Grüma (2005) oraz Kozakiewicza i in. (2009) wskazują na to, że dopływ nowych genów na wyspy jest tylko kwestią czasu.

Wnioski – najważniejsze osiągnięcia

W przeprowadzonych badaniach wykazałem, że **wysoka mobilność myszarki leśnej nie jest warunkiem wystarczającym do zachowania różnorodności genetycznej w wyspowych populacjach tego gatunku**. Bez wątplenia najbardziej zaskakujący jest wpływ bariery wodnej na wyspą populację tego gatunku. Należałoby raczej oczekiwać, że łatwość przekraczania środowisk nienadających się do zasiedlenia, jaką wykazuje ten gatunek, powinna stawiać myszarkę leśną w uprzywilejowanej pozycji, w stosunku do gatunków silniej reagujących na heterogenność środowiska. Prawdopodobnie w analizowanym układzie przestrzennym wielkość wyspy ma znaczenie większy wpływ na zachowanie zmienności genetycznej populacji niż dystans geograficzny jaki dzieli wyspę od stałego lądu. **Z całą pewnością dopływ genów na wyspy jest zdarzeniem losowym i w związku z tym trudno jest wskazać w jaki sposób w przyszłości będzie kształtować się struktura genetyczna wyspowej populacji myszarki leśnej. Praktycznie możliwe są wszystkie scenariusze, włącznie z okresową ekstynkcją populacji.**

W mojej ocenie wyniki przeprowadzonych badań mogą stanowić dobrą ilustrację procesów zachodzących nie tylko w naturalnych wyspowych populacjach myszarki leśnej, ale również w miejskich populacjach tego gatunku, których występowanie ograniczone jest również jedynie do niewielkich izolowanych przestrzennie wysp środowiskowych. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują również na to, że stopień izolacji genetycznej wyspowych populacji gryzoni zmienia się w czasie. W związku z tym, struktura genetyczna wyspowych populacji gryzoni, która w pewnym sensie decyduje o ich „kondycji” powinna być analizowana, podobnie jak w omawianych badaniach, w dłuższej skali czasowej, obejmującej nie tylko sezonowe, ale również wieloletnie badania populacyjne.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

---

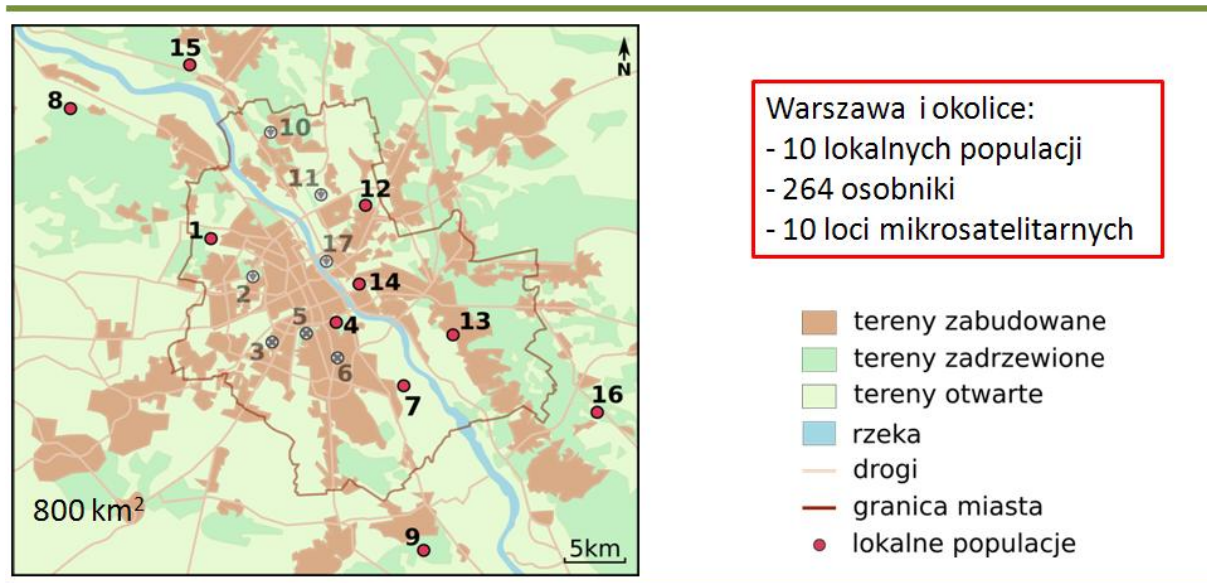
4. **Gortat T.**, Rutkowski R., Gryczyńska A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. **2017.** *The spatial genetic structure of the yellow-necked mouse in an urban environment – a recent invader vs. a closely related permanent inhabitant.* *Urban Ecosystems* 20: 581-594.

---

W przeprowadzonych badaniach, podobnie jak w przypadku myszarki polnej (**praca 1, praca 2**), dokonałem oceny struktury genetycznej miejskiej populacji myszarki leśnej. **Przyjąłem założenie**, że procesy genetyczne takie jak dryf genetyczny, w tym efekt założyciela, wzrost pokrewieństwa genetycznego między osobnikami w poszczególnych populacjach lokalnych, jak również zróżnicowanie genetyczne pomiędzy lokalnymi populacjami myszarki leśnej, powinny być szczególnie widoczne na terenach o wysokim stopniu antropopresji, tj. w centrum miasta, gdzie bariery antropogeniczne „zamykają” populacje gryzoni w małych przestrzennie izolowanych płatach zieleni miejskiej. Z uwagi na to, że w małych i izolowanych wyspowych populacjach myszarki leśnej występują wyraźne fluktuacje liczebności (Bujalska i Grüm 2005) **założyłem**, że skutkiem izolacji niewielkich miejskich populacji myszarki leśnej będą występujące okresowo efekty wąskiego gardła i podobnie jak w przeprowadzonych przez nas wcześniej badaniach (**praca 3**) znaczne obniżenie zmienności genetycznej u tego gatunku. **Założyłem również**, że rzeka przecinająca miasto, tworząc naturalną barierę dla gryzoni może dodatkowo ograniczać przepływ genów pomiędzy populacjami myszarki leśnej zasiedlającej przeciwne brzegi miasta. Z uwagi na to, że myszarka leśna ma znacznie krótszą historię kolonizacji Warszawy niż myszarka polna, wykorzystałem okazję, aby porównać wyniki dla obu tych gatunków, wykorzystując te same markery molekularne. W związku z tym **postawiłem hipotezę**, że w przypadku myszarki leśnej, która w mieście występuje znacznie krócej niż myszarka polna, różnice genetyczne między jej lokalnymi populacjami będą mniej widoczne niż w przypadku znacznie dłużej związanej z tym środowiskiem myszarki polnej. Aby uzyskane dla obu gatunków wyniki były porównywalne, badania dotyczące myszarki leśnej przeprowadziłem w tym samym czasie i w tych samych lokalizacjach co w przypadku badanej wcześniej myszarki polnej (**praca 2**).

W odróżnieniu od myszarki polnej, na terenie objętym badaniami, myszarka leśna została jednak stwierdzona tylko w 14 z 17 lokalizacji, w których występował pierwszy z wymienionych gatunków. W czterech z tych lokalizacji liczba złowionych myszerek leśnych była niewielka (poniżej 10 osobników), w związku z czym analizy genetyczne przeprowadzono ostatecznie dla 10 lokalnych populacji tego gatunku (Ryc. 5). Należy przy tym podkreślić, że lokalizacje, w których nie stwierdzono obecności myszarki leśnej lub w których liczba złowionych osobników była niewielka usytuowane są głównie w miejscach o najwyższym stopniu antropopresji (strefa Z4 i strefa Z5).





Ryc. 5. Myszarka leśna – teren badań i miejsca połowu gryzoni

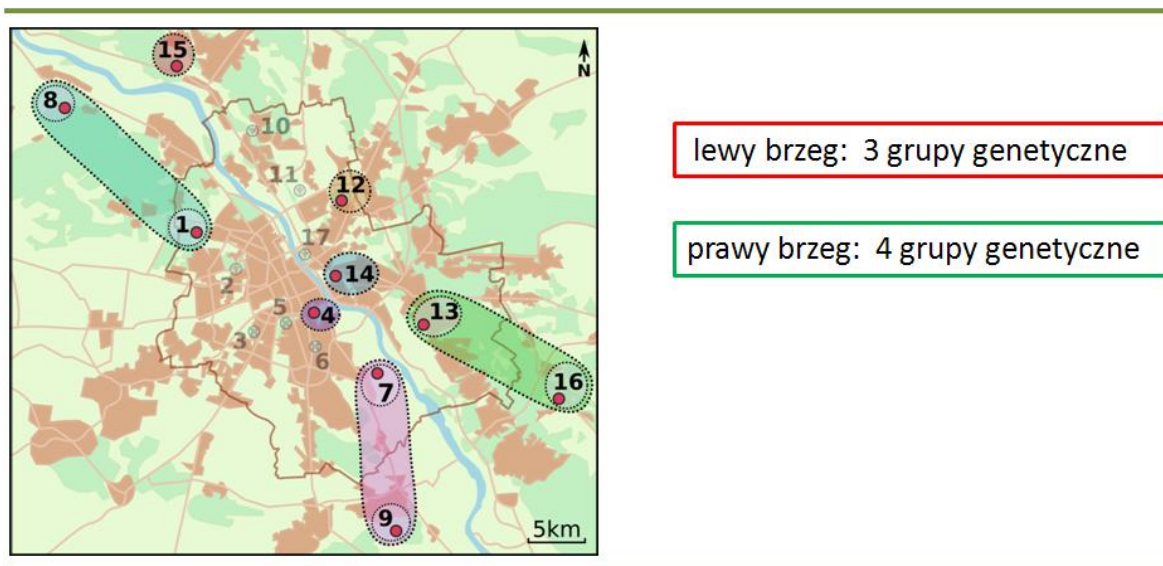
We wszystkich badanych lokalizacjach wszystkie loci były wysoce polimorficzne (10 – 22 alleli na locus). Największa różnorodność alleli i największe bogactwo alleli stwierdzono w lokalizacjach znajdujących się poza miastem, a więc w strefie o najniższym stopniu antropopresji (strefa Z1). Bogactwo alleliczne w tej strefie było istotnie wyższe niż bogactwo alleliczne wyliczone łącznie dla stref Z3 – Z5. Również najwyższą heterozygotyczność obserwowaną stwierdzono w grupie populacji pozamiejskich, a najniższą w grupie populacji zajmujących płaty roślinności w strefie Z4 i strefie Z5. Heterozygotyczność nie różniła się jednak istotnie zarówno między poszczególnymi strefami antropopresji jak i brzegami rzeki. Nie stwierdzono również istotnych różnic między wartością wsobności ( $F_{IS}$ ). Poza dwoma populacjami zasiedlającymi tereny silnie przekształcone przez człowieka (strefa Z4 i Z5) znajdującymi się na prawym brzegu Wisły wartości  $F_{IS}$  były generalnie niskie i nieistotne statystycznie.

Przeprowadzona analiza porównawcza pokrewieństwa między osobnikami, dla poszczególnych lokalnych populacji, wykazała istotny wzrost pokrewieństwa gryzoni wraz ze wzrostem antropopresji ( $r=0,9295$ ,  $F=57,18$ ,  $p<0,0003$ ). Ponadto stwierdzono, że we wszystkich lokalizacjach średnie pokrewieństwo między osobnikami było wyższe niż wartości oczekiwane dla losowego kojarzenia się osobników. Zarówno w miejskich jak i w pozamiejskich populacjach myszarki leśnej, niezależnie od strefy antropopresji, nie stwierdzono jednak efektów wąskiego gardła. Dla większości par lokalnych populacji wartość  $F_{ST}$  wynosiła od 0,101 do 0,15. Wartości  $F_{ST}$  powyżej 0,20, świadczące o niskim przepływie genów, stwierdzono tylko w 4 przypadkach i wszystkie z nich dotyczyły porównań między jedną populacją znajdującą się w centrum miasta (strefa Z5) na lewym brzegu Wisły, z 3 populacjami – znajdującymi się na prawym brzegu rzeki w mieście (strefa Z5

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

i strefa Z4) i jedną populacją pozamiejską. Najniższe wartości  $F_{ST}$  stwierdzono porównując populacje pozamiejskie (strefa Z1) z najbliższymi usytuowanymi w stosunku do nich populacjami miejskimi znajdującymi się na tym samym brzegu rzeki. Niskie zróżnicowanie genetyczne ( $F_{ST}$ ) stwierdzono również między populacjami pozamiejskimi (strefa Z1). Odległość genetyczna była istotnie niższa w populacjach pozamiejskich (strefa Z1) niż odległość genetyczna obliczona łącznie dla wszystkich miejskich populacji i wynosiła odpowiednio  $F_{ST}=0,100$  (tereny pozamiejskie) i  $F_{ST}=0,149$  (tereny miejskie). Zależność między dystansem genetycznym i dystansem geograficznym obliczona dla wszystkich lokalizacji była negatywna, ale nieistotna statystycznie. Tym niemniej najwyższe wartości dystansu genetycznego stwierdzono w grupie populacji znajdujących się blisko siebie i zasiedlających tereny w strefach o najwyższej antropopresji (Z4 i Z5), a najmniejsze między najbardziej odległymi od siebie geograficznie populacjami zajmującymi tereny po przeciwnych stronach miasta w środowiskach o najniższym stopniu antropopresji.

Analiza STRUCTURE (Evanno i in. 2005) przeprowadzona łącznie dla wszystkich lokalnych populacji wykazała istnienie dwóch grup genetycznych myszarki leśnej przypisanych do przeciwnych brzegów rzeki. Ta sama analiza przeprowadzona osobno dla lewego i dla prawego brzegu Wisły wskazała jednak na istnienie większej liczby grup genetycznych tego gatunku. Na lewym brzegu rzeki najbardziej prawdopodobne jest występowanie 3 lub 5 klastrow genetycznych, a na prawym brzegu 4 lub 5 grup genetycznych (Ryc. 6).

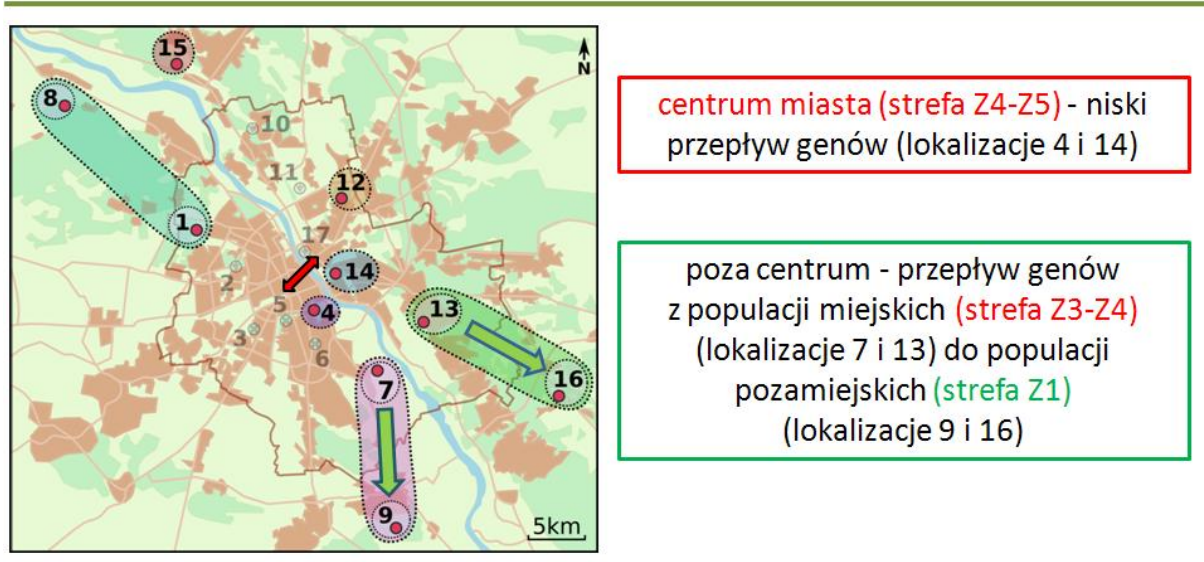


Ryc. 6. Myszarka leśna – podział na grupy genetyczne (jeden z najbardziej prawdopodobnych scenariuszy)

W przeprowadzonych badaniach stwierdziłem niski poziom przepływu genów pomiędzy populacjami. W większości przypadków udział rezydentów przekraczał 85% osobników. Tylko

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

w dwóch pozamiejskich lokalizacjach frakcja migrantów była większa niż 15%. W obu tych populacjach migranci pochodzili z terenów o wyższym stopniu antropopresji co wskazuje na to, że przepływ genów odbywa się z populacji miejskich do najbliższej usytuowanych w stosunku do nich populacji pozamiejskich (Ryc. 7).



Ryc. 7. Myszarka leśna – przepływ genów między lokalnymi populacjami

Ostatnim etapem przeprowadzonych przeze mnie badań było porównanie struktury genetycznej myszarki leśnej i myszarki polnej (**praca 4**). Otrzymane w tym zakresie wyniki wskazują na wyższą zmienność genetyczną w populacji pierwszego z wymienionych gatunków. Świadczy o tym między innymi bogactwo alleliczne ( $R$ ), które w 6 porównywanych dla obu gatunków loci mikrosatelitarnych było istotnie wyższe u myszarki leśnej. W przypadku tego gatunku wyższa była także heterozygotyczność obserwowana ( $H_O$ ). Różnice między gatunkami dotyczyły również zmienności genetycznej w grupie populacji pozamiejskich jak i w grupie miejskich populacji ze stref Z3 – Z5, jednak istotne różnice dotyczyły tylko poziomu heterozygotyczności. Stwierdzono również, że heterozygotyczność obserwowana ( $H_O$ ) była na obu brzegach Wisły istotnie wyższa u myszarki leśnej niż u myszarki polnej. Z kolei bogactwo alleliczne ( $R$ ) było u myszarki leśnej istotnie wyższe tylko na prawym brzegu rzeki. W lokalizacjach pozamiejskich (Z1) genetyczne różnice między gatunkami były istotne zarówno na lewym jak i na prawym brzegu Wisły, z kolei na terenach miejskich (Z3 – Z5) istotne różnice były tylko na prawym brzegu rzeki i dotyczyły bogactwa allelicznego ( $R$ ) i heterozygotyczności ( $H_O$ ). Współczynnik wsobności ( $F_{IS}$ ) wyliczony łącznie dla wszystkich populacji, niezależnie od ich lokalizacji, był istotnie różny dla obu gatunków tylko na lewym silniej przekształconym brzegu Wisły, przy czym niższą wartość tego wskaźnika otrzymano dla myszarki leśnej. W grupie populacji pozamiejskich nie stwierdzono natomiast istotnych różnic

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

statystycznych między wartościami  $F_{IS}$  dla obu gatunków, niemniej jednak wartości współczynnika wsobności były zawsze niższe dla myszarki leśnej. Z kolei w grupie populacji miejskich istotne różnice między gatunkami stwierdzono tylko na prawym brzegu rzeki, z niższą wartością współczynnika  $F_{IS}$  dla myszarki polnej. Poza populacjami miejskimi zasiedlającymi prawy brzeg rzeki, współczynnik pokrewieństwa ( $r$ ) był zawsze wyraźnie wyższy dla myszarki leśnej, chociaż istotne różnice miały miejsce tylko przy porównaniu wszystkich populacji łącznie, przy porównaniu wszystkich pozamiejskich lokalizacji i wszystkich na lewym brzegu Wisły.

Porównanie zróżnicowania genetycznego pomiędzy gatunkami przeprowadzono również na podstawie analizy dystansu genetycznego ( $F_{ST}$ ). Stwierdzono, że zróżnicowanie genetyczne było bardziej zaznaczone u myszarki leśnej niż u myszarki polnej. Istotnie wyższe wartości  $F_{ST}$  dla myszarki leśnej, wskazujące na bardziej ograniczony przepływ genów u tego gatunku, stwierdzono zarówno przy porównaniu obejmującym wszystkie lokalizacje objęte badaniami jak i przy porównaniu obejmującym wszystkie lokalizacje na lewym brzegu Wisły. Generalnie  $F_{ST}$  był wyższy u myszarki leśnej, niezależnie od sposobu grupowania populacji. Wyjątek stanowiły miejskie populacje gryzoni zasiedlające prawy brzeg Wisły, gdzie wartości  $F_{ST}$  były dla obu gatunków podobne.

Wyniki przeprowadzonych badań (**praca 4**) wskazują na to, że myszarka leśna kolonizująca aktualnie Warszawę wykazuje spadek różnorodności genetycznej w kierunku od terenów pozamiejskich do centrum miasta. Podobną zależność stwierdziłem w przypadku populacji myszarki polnej (**praca 1** i **praca 2**). Taki sposób kształtowania się zróżnicowania genetycznego populacji możliwy jest w sytuacji, kiedy grupy gryzoni kolonizujące nowe tereny stają się izolowane wewnątrz „przyjaznych” dla siebie płatów środowiska, przez otaczające te środowiska tereny nienadające się do zasiedlenia. W konsekwencji izolacja wywołuje dryf genetyczny skutkujący obniżeniem zmienności genetycznej populacji, co również stwierdziłem w przypadku naturalnych wyspowych populacji myszarki leśnej (**praca 3**). Przeprowadzone badania uprawniają do stwierdzenia, że **między miejskimi populacjami myszarki leśnej ma miejsce niski poziom przepływu genów, a jego efektem jest zmniejszenie różnorodności genetycznej populacji tego gatunku i ściśle z nim powiązanego wzrostu pokrewieństwa między osobnikami w poszczególnych populacjach lokalnych. Stwierdzone zróżnicowanie genetyczne między populacjami myszarki leśnej może być nie tylko następstwem przestrzennej izolacji populacji, ale również wynikiem kolonizacji terenów miejskich przez niewielkie grupy osobników z sąsiadujących terenów pozamiejskich i towarzyszącemu tym kolonizacjom efektowi założyciela.** Taki model ekspansji zwykle prowadzi do spadku różnorodności genetycznej w grupach osobników zasiedlających nowe tereny w stosunku do populacji źródłowej (Dlugosch i Parker 2008). Stwierdzona w moich badaniach większa różnorodność genetyczna w pozamiejskich, niż w połączonych miejskich, populacjach należy wiązać z historią myszarki leśnej w Warszawie i na terenach otaczających miasto. Z całą pewnością tereny



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

zielone wewnątrz środowiska miejskiego zostały skolonizowane przez ten gatunek bardzo niedawno, podczas gdy tereny wokół Warszawy były zasiedlone przez myszarkę leśną znacznie wcześniej (Andrzejewski i in. 1978, Babińska-Werka i Malinowska 2008). Na uwagę zasługuje fakt, że lokalne populacje myszarki leśnej istotnie różniła liczba alleli mikrosatelitarnych, natomiast heterozygotyczność tych populacji była podobna. Zgodnie z teorią przedstawioną przez Nei'a i Roychoudhury (1974) dryf genetyczny w izolowanych populacjach ma większy wpływ na liczbę alleli niż na poziom heterozygotyczności, co oznacza, że utrata alleli w populacji będzie szybciej widoczna niż utrata heterozygotyczności.

Przeprowadzone badania wykazały również, że pomimo niewielkiego dystansu geograficznego, oddzielającego od siebie populacje myszarki leśnej w centrum miasta ich genetyczne zróżnicowanie było wysokie i istotnie wyższe niż zróżnicowanie między znacznie bardziej oddalonymi geograficznie od siebie populacjami pozamiejskimi. Oznacza to, że **struktura krajobrazu miejskiego ma decydujący wpływ na różnicowanie się lokalnych populacji myszarki leśnej**. Stwierdzony niski poziom przepływu genów między lokalnymi populacjami jednoznacznie potwierdza, że **w przypadku badanej populacji myszarki leśnej, drogi i gęsta zabudowa miejska tworzą bardzo skuteczne bariery ograniczającą przemieszczanie się osobników między zielonymi płatami środowiska nadającymi się do zasiedlenia**. Taki model funkcjonowania populacji gryzoni opisano również dla innych gatunków (Gardner-Santana i in. 2009, Munshi-South i Nagy 2014), w tym również dla badanych przeze mnie populacji myszarki polnej (**praca 1, praca 2**). Ponadto Bujalska i Grüm (2005) stwierdzili, że dojrzałe płciowo samice myszarki leśnej wykazują brak zachowań terytorialnych, co może być powodem niekontrolowanych wzrostów liczebności populacji tego gatunku, a następnie gwałtownych spadków liczebności lub lokalnych ekstynkcji populacji związanych z wyczerpaniem zasobów środowiska (Bujalska i Grüm 2006, 2008). Niekontrolowany wzrost liczebności często prowadzi do dyspersji grup osobników obejmującej niekiedy kolonizowanie nowych miejsc, nie zawsze optymalnych dla funkcjonowania danego gatunku. Kolonizacja miasta nie musi być więc dobrym wyborem, lecz może być konsekwencją aktualnego stanu populacji. W przypadku myszarki leśnej zaniki wyspowych populacji i następujące po nich rekolonizacje wysp jeziornych były stwierdzane już kilkakrotnie (Bujalska i Grüm 2008). Zmiany liczebności myszarki leśnej i wynikające z tego różnice genetyczne w wyspowej populacji tego gatunku stwierdziłem również w przeprowadzonych przeze mnie badaniach (**praca 3**). Można więc oczekiwać, że **w zielonych wyspach środowiska miejskiego, podobnie jak w przypadku naturalnych wysp środowiskowych jakimi są wyspy jeziorne, będą miały miejsce powtarzające się zaniki i odnowienia lokalnych populacji myszarki leśnej**. Występowanie trwałych populacji tego gatunku wewnątrz miasta będzie możliwe tylko w płatach zieleni o odpowiednio dużych

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

**powierzchniach**, które na przykładzie wyspowych populacji myszarki leśnej (**praca 3**) oraz populacji badanych przez Bujalską i Grüma (2008) powinny być dużo większe niż 4,5 ha.

Równocześnie częste spadki liczebności lokalnych populacji myszarki leśnej, prowadzące do przypadkowych utrat różnorodności genetycznej (efekt wąskiego gardła) i rekolonizacji płatów środowiska, w których lokalne populacje uległy ekstynkcji, przez małe grupy osobników (efekt założyciela) mogą w przyszłości prowadzić do stałego pogłębiania się różnic między lokalnymi populacjami. W przeprowadzonych badaniach nie potwierdzono jednak występowania genetycznych efektów wąskiego gardła u myszarki leśnej, co wskazuje na to, że badane populacje są raczej stabilne. Nie można wykluczyć, że wieloojcostwo, które stwierdzono u tego gatunku (Gryczyńska-Sięmiątkowska i in. 2008) może częściowo zabezpieczać populacje myszarki leśnej przed utratą różnorodności genetycznej poprzez unikanie kojarzenia się ze sobą osobników spokrewnionych i tym samym zwiększenie szans na przeżycie potomstwa.

Myszarka polna, w przeciwieństwie do myszarki leśnej, była stwierdzona we wszystkich 17 lokalizacjach objętych badaniami (**praca 2**). Gatunek ten obecny był w mieście również w innych lokalizacjach, które stanowiły teren naszych wcześniejszych badań (**praca 1**). Praktycznie we wszystkich miejscach, w których obecna była myszarka leśna jej liczebność była na tyle duża, że możliwe było przeprowadzenie analiz genetycznych dla wszystkich lokalnych populacji tego gatunku. W przeciwieństwie do myszarki leśnej myszarka polna jest gatunkiem, który przy szczególnie wysokich zagęszczeniach reaguje opóźnieniem lub powstrzymaniem dojrzewania samic, co w znacznym stopniu ogranicza liczbę osobników dopuszczonych do rozrodu (Bujalska 1981). Ta adaptacja może być istotnym czynnikiem podtrzymującym egzystencję lokalnych miejskich populacji myszarki polnej, gdzie płaty nadające się do zasiedlenia są zwykle małe i mogą pomieścić niewielką liczbę osobników. Ponadto u myszarki polnej, podobnie jak u myszarki leśnej, stwierdzono występowanie wieloojcostwa (Baker i in. 1999), które dodatkowo może zwiększać szanse przetrwania izolowanych miejskich populacji tego gatunku.

W mojej ocenie istnieje kilka możliwych scenariuszy wyjaśniających genetyczne zróżnicowanie między lokalnymi populacjami myszarki leśnej. Po pierwsze, istnienie dwóch grup genetycznych w populacji myszarki leśnej zasiedlających przeciwne brzegi rzeki (wyniki analizy STRUCTURE) wskazuje na to, że jest to bez wątpienia wynik podziału populacji przez rzekę, która w świetle przeprowadzonych przeze mnie badań stanowi skuteczną naturalną barierę ograniczającą przepływ genów. Zarówno analiza PCA (*Principal Component Analysis*) (Jombart i in. 2008), oparta na genotypach mikrosatelitarnych, jak i wyniki STRUCTURE wskazują na to, że **wpływ rzeki na ograniczenie przepływu genów między populacjami zasiedlającymi jej przeciwne brzegi jest znacznie silniej zaznaczony wewnątrz miasta niż poza jego granicami. Z dużym**

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

prawdopodobieństwem, zarówno na terenach miejskich i pozamiejskich, rzeka ma podobny wpływ na możliwość komunikowania się ze sobą lewo- i prawobrzeżnych populacji, ale w połączeniu z obecnością dodatkowych barier (drogi, budynki, środowiska nienadające się do zasiedlenia) efekt genetycznej izolacji lokalnych populacji jest większy w mieście. Podobną rolę rzeki w przepływie genów stwierdziłem również w przypadku badanej miejskiej populacji myszarki polnej (**praca 1, praca 2**). Po drugie, wyniki dotyczące dystansu genetycznego między populacjami ( $F_{ST}$ ) wskazują na to, że najmniejsze różnice genetyczne występowały pomiędzy daną populacją pozamiejską i najbliższej usytuowaną w stosunku do niej populacją miejską, co świadczy o występującym między tymi populacjami przepływie genów. Ponadto, jak wskazują wyniki BayesAss i STRUCTURE, bardziej prawdopodobny jest przepływ genów w kierunku od miejskich do pozamiejskich populacji, niż w kierunku odwrotnym. Można więc przyjąć, że tereny miejskie o niższym stopniu antropopresji (strefa Z3) stwarzają lepsze warunki dla występowania gryzoni niż tereny silnie przekształcone przez człowieka (strefa Z4, Z5).

Wyniki przeprowadzonych przeze mnie badań (**praca 3, praca 4**) wskazują na to, że na terenach miejskich i przylegających do nich terenach pozamiejskich struktura genetyczna myszarki leśnej jest wyraźniej zaznaczona niż u myszarki polnej (świadczy o tym m.in. porównanie wartości  $F_{ST}$  oraz wyników STRUCTURE dla obu gatunków). **Wyniki badań nie potwierdziły więc hipotezy, że efektem znacznie krótszej obecności myszarki leśnej w mieście, w porównaniu z myszarką polną, powinny być znacznie mniejsze różnice genetyczne między lokalnymi populacjami pierwszego z wymienionych gatunków.** Nie jest wykluczone, że większe różnice genetyczne między populacjami myszarki leśnej wynikają ze sposobu kolonizowania miasta przez ten gatunek. Można założyć, że stosunkowo **niedawna kolonizacja miasta przez myszarkę leśną odbywała się z różnych kierunków i przez różne grupy osobników, co wpłynęło na stwierdzone przeze mnie różnice genetyczne między lokalnymi populacjami tego gatunku.** Z kolei myszarka polna, w przeciwieństwie do myszarki leśnej, obecna w mieście znacznie dłużej (Walecki 1881) zdążyła utworzyć stabilne lokalne populacje w wielu izolowanych przestrzennie zielonych płatach środowiska miejskiego, włączając w to również miejsca o najwyższym stopniu antropopresji (Gortat i in. 2014). Genetyczna struktura miejskiej populacji myszarki polnej jest szczególnie widoczna w centralnej części miasta, gdzie poszczególne lokalne populacje są silnie izolowane od siebie przez infrastrukturę miejską (**praca 1, praca 2**). Z kolei w części miasta, gdzie antropopresja jest niska oraz na terenach pozamiejskich struktura genetyczna stopniowo ulega zatarciu.

W badaniach dotyczących myszarki polnej stwierdziłem, że populacje miejskie tego gatunku wykazują między sobą większe różnice genetyczne niż populacje pozamiejskie (**praca 1, praca 2**). Wykazałem również, że na lewym, silniej przekształconym przez człowieka, brzegu Warszawy,



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

przepływ genów odbywa się tylko między pozamiejskimi populacjami myszarki polnej i innymi najbliższymi położonymi w stosunku do nich populacjami tego gatunku. Z kolei lewobrzeżne miejskie populacje położone bliżej centrum miasta dzieli duży dystans genetyczny spowodowany ich izolacją przestrzenną i zachodzącym w tych populacjach dryfem genetycznym. Podobny model przepływu genów stwierdziłem w populacjach myszarki leśnej (**praca 4**).

Przeprowadzona analiza PCA wskazuje na obecność dwóch grup genetycznych myszarki leśnej na lewym brzegu Wisły (północnej i południowej, oddzielonych od siebie przez miasto). Z kolei na prawym mniej przekształconym brzegu rzeki, na którym występuje wiele dużych płątów zieleni, często połączonych ze sobą zielonymi korytarzami, znalazłem inny model grupowania populacji obu gatunków. Podczas gdy u północnej pozamiejskiej populacji myszarki polnej dochodzi do wymiany genów nawet z populacjami miejskimi zasiedlającymi tereny na południowych granicach Warszawy (**praca 3**) to w przypadku myszarki leśnej populacje na prawym brzegu Wisły są silniej połączone z pozamiejskimi populacjami zasiedlającymi tereny na południe od Warszawy. Różnice w przepływie genów między lokalnymi populacjami obu gatunków mogą być związane z ich wymaganiami środowiskowymi. Myszarka polna znacznie łatwiej niż myszarka leśna przemieszcza się przez różne środowiska niezależnie od stopnia ich zalesienia. Z kolei dla myszarki leśnej dostępność terenów zadrzewionych (tak jak tereny na prawym brzegu Wisły na południe od miasta) może być kluczowa podczas prób osiedlania się tych zwierząt na nowych terenach. Myszarka leśna jako gatunek typowo leśny jest mniej, niż myszarka polna, przystosowana do pokonywania terenów otwartych i wymaga bardziej „komfortowych” dróg – korytarzy, do przemieszczania się, które w mieście są zwykle niedostępne. Innym czynnikiem, który w znacznym stopniu utrudnia myszarce leśnej kolonizację miasta są jej wymagania pokarmowe. Gatunek ten żywi się głównie, dużymi nasionami drzew (Pucek 1981), które w warunkach miejskich są często niedostępne. Pokarm myszarki polnej jest bardziej zróżnicowany (Pucek 1981), co zapewnia jej w mieście znacznie większy sukces kolonizacyjny.

Trudno jednoznacznie odpowiedzieć na pytanie dlaczego myszarka leśna tak późno rozpoczęła kolonizację miasta. Gatunek ten był obecny na terenach otaczających miasto od dawna. Być może procesy związane z rozwojem miasta i rozbudową jego infrastruktury były jedną z przyczyn, które zapoczątkowały kolonizację miasta przez te gryznie.

Wnioski – najważniejsze osiągnięcia

Niezależnie od różnic gatunkowych między myszarką leśnej i myszarką polną, **środowisko miejskie powoduje wzrost zróżnicowania genetycznego pomiędzy lokalnymi populacjami zasiedlającymi miasto jak również pomiędzy populacjami miejskimi i pozamiejskimi.** Wyniki moich badań wskazują również na to, że **dryf genetyczny, w tym efekt założyciela są głównymi procesami kształtującymi strukturę genetyczną miejskich populacji gryzoni.** Z tego powodu wydaje się istotnie ważne zachowanie różnorodności genetycznej w populacjach poszczególnych gatunków, poprzez umożliwienie nawet małym grupom osobników migracje pomiędzy lokalnymi populacjami wewnątrz miasta. To jest silny argument za tym by tworzyć sieci korytarzy ekologicznych w miastach w celu zapewnienia łączności między lokalnymi populacjami zasiedlającymi te środowiska, a tym samym wymianę genów między populacjami miejskimi i pozamiejskimi.

Stwierdzony u myszarki polnej bardziej zaawansowany proces adaptacji do środowiska miejskiego, w stosunku do myszarki leśnej, może być związany zarówno z dłuższą miejską historią tego gatunku jak również z jej znaczną plastycznością środowiskową i pokarmową. Najprawdopodobniej myszarka polna, która w warunkach naturalnych zasiedla zarówno otwarte jak i leśne środowiska, może znacznie łatwiej poruszać się w mozaice środowisk miejskich, niż preferujący środowiska leśne drugi z badanych gatunków. Potwierdza to m.in. obecność myszarki polnej we wszystkich analizowanych „zielonych” wyspach miejskich i pozamiejskich jak również większa łączność między lokalnymi populacjami tego gatunku wyrażona większą homogennością genetyczną populacji, niż w przypadku myszarki leśnej. Z kolei drugi z badanych gatunków, obecny w mieście znacznie krócej, zasiedla tylko wybrane płyty zieleni miejskiej i wymaga bardziej „komfortowych” (naturalnych) korytarzy do przemieszczania się pomiędzy płatami zieleni miejskich. W efekcie powoduje to większą izolację lokalnych populacji tego gatunku, a w konsekwencji większą odrębność genetyczną lokalnych populacji myszarki leśnej. Możliwe jest również, że znaczna odrębność lokalnych populacji myszarki leśnej jest wynikiem zasiedlenia miasta przez różne grupy osobników z różnych stron miasta. **Wyniki przeprowadzonych badań nie potwierdziły więc hipotezy zgodnie z którą różnice genetyczne powinny być bardziej widoczne w populacji gatunku o dłuższej historii miejskiej. Niemniej jednak w przypadku myszarki leśnej 30 lat to okres zbyt krótki do zaistnienia zaawansowanych procesów mikroewolucji nawet w centrum miasta (strefa Z5) – efekt dryfu genetycznego wyrażony jest jedynie zmniejszoną liczbą alleli.** Z kolei w przypadku myszarki polnej, obecnej w Warszawie od około 100 lat, procesy mikroewolucji są bardziej zaawansowane – w centrum miasta efekt dryfu genetycznego wyrażony jest zarówno zmniejszoną liczbą alleli jak i obniżoną heterozygotycznością.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Wyniki przeprowadzonych badań uprawniają do stwierdzenia, że **myszarka leśna i myszarka polna**, różniące się od siebie, oprócz cech biologicznych i ekologicznych, historią i sposobem zasiedlania miasta, **mogą stanowić przykład gatunków modelowych w odniesieniu do innych gatunków zwierząt kolonizujących aktualnie środowiska silnie przekształcone przez człowieka**. Wyniki przeprowadzonych badań pozwoliły bowiem na stworzenie scenariusza kolonizacji miasta, który może być realizowany przez inne gatunki. Scenariusz ten zakłada, że podczas wzrostu liczebności populacji osobniki migrujące w sposób losowy przemieszczają się do stref o różnym stopniu antropopresji i niektóre z nich wnikają na tereny w centrum miasta. **Kierunek migracji poszczególnych osobników/grup osobników jest bez wątpliwości modyfikowany obecnością barier jakie na swojej drodze spotykają te zwierzęta**. Im bliżej centrum miasta tym znacznie większy udział terenów nienadających się do zasiedlenia i do pokonania przez gryzonie, a tym samym mniejsze szanse na zasiedlenie terenów silnie zurbanizowanych. W związku z tym **przemieszczenia zwierząt w stronę centrum miasta są raczej okazjonalne, a grupy osobników, którym to się udało tworzą izolowane przestrzenie i genetycznie lokalne populacje**. Czas istnienia populacji w płatach zieleni zlokalizowanych w środowiskach silnie poddanych antropopresji jest trudny do przewidzenia. Możliwe są praktycznie wszystkie scenariusze, włącznie z okresowymi zanikami lokalnych populacji.

## BIBLIOGRAFIA:

- Aars, J., Ims, R.A., Liu, H.-P., Mulvey, M., Smith, M.H. 1998. Bank voles in linear habitats show restricted gene flow as revealed by mitochondrial DNA (mtDNA). *Mol. Ecol.* 7: 1383-1389.
- Andrzejewski, R., Babinska-Werka, J., Gliwicz, J., Goszczynski, J., 1978. Synurbization processes in population of *A. agrarius*. I. Characteristics of populations in urbanization gradient. *Acta Theriol.* 23: 341-358.
- Baker R. J., Makova K. D., Chesser R. K. 1999. Microsatellites indicate a high frequency of multiple paternity in *Apodemus* (*Rodentia*). *Mol. Ecol.* 8(1): 107-11.
- Babińska-Werka J., Malinowska B. 2008. Synurbization of the yellow-necked mouse *A. flavicollis* in Warsaw. In: Indykiewicz P, Jerzak L, Barczak T (eds.) *Fauna of cities. Preservation of biodiversity in cities*. ATR Bydgoszcz. pp. 144-150. (in Polish with English abstract).
- Bąkowski C., Kozakiewicz M. 1988. Effect of forest Road on bank vole and yellow-necked mouse populations. *Acta Theriol.* 33: 345-353.
- Bondrup-Nielsen S., Karlsson F. 1985. Movements and spatial patterns in populations of *Clethrionomys* species: A review. *Ann. Zool. Fenn.* 22: 385-392.
- Bujalska G. 1981. Reproduction strategies in populations of *Microtus arvalis* (Pall.) and *Apodemus agrarius* (Pall.) inhabiting farmland. *Pol. Ecol. Stud.* 7: 229-243.
- Bujalska, G., Grüm L. 2005: Reproduction strategy in an island population of yellow-necked mice. *Pop. Ecol.* 47: 151-154.
- Bujalska G., Grüm L. 2006: Winter survival of *A. flavicollis* in Crabapple Island (NE Poland). *Hystrix Italian J. Mammal.* (n.s.) 17 (2): 173-177.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

- Bujalska G., Grüm L. 2008: Interaction between populations of the bank vole and the yellow-necked mouse. *Ann. Zool. Fenn.* 45: 248-254.
- Bujalska G., Saitoh T. 2000. Territoriality and its consequences. *Pol. J. Ecol.* 48: 37-49
- Chiappero M. B, Panzetta-Dutari G. M., Gomez D., Castillo E., Polop J. J., Gardenal C. N. 2011. Contrasting genetic structure of urban and rural populations of the wild rodent *Calomys musculus* (*Cricetidae*, *Sigmodontinae*). *Mammal.Biol.* 76: 41-50.
- Corander J, Marttinen P, Sirén J, Tang J. 2008. Enhanced Bayesian modelling In BAPS software for learning genetic structures of populations. *BMC Bioinformatics.* 9: 539.
- Dlugosch K. M., Parker I., M. 2008. Founding events in species invasions: genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions. *Mol. Ecol.* 17: 431-449.
- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* 14: 2611-2620.
- Frisman L. V., Kartavtseva I. V., Pavlenko M. M., Kostenko V. A., Suzuki H., Iwasa M., Nakata K., Chernyavskii F. B. 2002. Gene-geographic variation and genetic differentiation in red-backed voles of the genus *Clethrionomys* (*Rodentia*, *Cricetidae*) from the region of the Sea of Okhotsk. *Rus. J. Gen.* 38: 538-542.
- Gardner-Santana L. C., Norris D. E., Fornadel C. M., Hinson E. R., Klein S. L., Glass G. E. 2009. Commensal ecology, urban landscapes, and their influence on the genetic characteristics of city-dwelling Norway rats (*Rattus norvegicus*). *Mol. Ecol.* 18: 2766-2778
- Gerlach G., Musolf K. 2000. Fragmentation of landscape as a cause for genetic subdivision in bank voles. *Conserv. Biol.* 14: 1066-1074.
- Gębczyński M., Ratkiewicz M. 1998. Does biotope diversity promote an increase of genetic variation in the bank vole population? *Acta Theriol.* 43: 163-173.
- Gliwicz J. 1980. Ecological aspects of synurbization of Striped Field Mouse *A. agrarius* (Pall.). *Wiad. Ekol.* 26: 185-196.
- Gortat T., Barkowska M., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Pieniążek A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. 2014. The effects of urbanization – small mammal communities in a gradient of human pressure in Warsaw city, Poland. *Pol. J. Ecol.* 62: 163-172.
- Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Gortat T., Rutkowski R., Pomorski J., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. 2008. Multiple paternity in a wild population of yellow-necked mouse *Apodemus flavicollis*. *Acta Theriol.* 53 (3): 251-258.
- Indykiewicz P., Jerzak L., Barczak T. 2008. Fauna miast. Ochronić różnorodność biotyczną w miastach. SAR „POMORZE”. Bydgoszcz. 1-634.
- Indykiewicz P., Jerzak L., Böhner J., Kavanagh B. 2011. Urban fauna. *Studies of animal biology. Ecology and conservation in european cities.* Elpil. Bydgoszcz. 1-638.
- Iwasa M. A., Suzuki H. 2002. Evolutionary networks of maternal and paternal gene lineages in voles (*Eothenomys*) endemic to Japan. *J. Mammal.* 83: 852-865.
- Izdebska B. 1997. Qualitative and quantitative investigations of small Mammal fauna in Bydgoszcz area. *Studia Przynr.* 13: 35-48 (in Polish)

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

- Jombart T., Devillard S., Dufour A.-B., Pontier D. 2008. Revealing cryptic spatial patterns in genetic variability by a new multivariate method. *Heredity*. 101: 92-103.
- Kozakiewicz M., Gortat T., Panagiotopoulou H., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Rutkowski R., Kozakiewicz A., Abramowicz K. 2009. The spatial genetic structure of bank vole (*Myodes glareolus*) and yellow-necked mouse (*Apodemus flavicollis*). The role of distance and habitat barriers. *Anim. Biol.* 59: 169-187.
- Liro A. 1985. Variation in weights of body and internal organs in the field mouse in a gradient of urban habitats. *Acta Theriol.* 30:359–377.
- Miller M. P., Bellinger R., Forsman E. D., Haig S. M. 2006. Effects of historical climate change, habitat connectivity, and variance of genetic structure and diversity across the range of the tree vole (*Phenacomys longicaudus*) in the Pacific Northwestern United States. *Mol. Ecol.* 15: 145-159.
- Munshi-South J. 2012. Urban landscape genetics: canopy cover predicts gene flow between white-footed mouse (*Peromyscus leucopus*) populations in New York City. *Mol. Ecol.* 21(6): 1360-1378.
- Munshi-South J., Kharchenko K. 2010. Rapid, pervasive genetic differentiation of urban white-footed mouse (*Peromyscus leucopus*) populations in New York City. *Mol. Ecol.* 19: 4242–4254.
- Munshi-South J., Nagy C. 2014. Urban park characteristics, genetic variation, and historical demography of white-footed mouse (*Peromyscus leucopus*) populations in New York City. *Peer J.* 2: e310; doi: 10.7717/peerj.310
- Myers J. H. 1974. Genetic and social structure of feral house mouse populations on Grizzly Island, California. *Ecology* 55: 747-759.
- Nei, M., Roychoudhury, A. K. 1974. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 76: 379-390.
- Nei M., Maruyama T., Chakraborty R. 1975. The Bottleneck Effect and Genetic Variability in Populations. *Evolution* 29 (1) : 1-10.
- Piłaćńska B., Zgrabczyńska E., Ziomek J., 2004: Ssaki poznańskich klinów zieleni i niektórych środowisk miejskich w ostatnich dekadach 20. wieku. [in:] Indykiewicz P., Barczak T. (eds.) Fauna miast Europy Środkowej 21. wieku. Wyd. LOGO, Bydgoszcz: 543-554.
- Pucek Z. 1981. Keys to vertebrates of Poland: Mammals. PWN, Poland. 1-357.
- Rutkowski R., Rejt Ł., Tereba A., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Janic B. 2009. Population genetic structure of the European kestrel *Falco tinnunculus* in Central Poland. *Eur. J. Wild. Res.* 56: 297-305.
- Sudnik-Wójcikowska B. 1988. Flora synanthropization and anthropopressure zones in a large urban agglomeration (exemplified by Warsaw). *Flora* 180: 259-265.
- Sumiński, S. M., 1922. Fauna of Warsaw. *Ziemia* 12: 328-335 (in Polish).
- Szacki J. 1999. Spatially structured populations: how much do they match the classic metapopulation concept? *Landscape Ecol.* 14: 369-379.
- Szacki J., Liro A. 1991. Movements of small mammals in the heterogenous landscape. *Landscape Ecol.* 5: 219-224.
- Walecki A. 1881. Mammalian fauna of Warsaw in relation to fauna of the whole country. *Pamiętnik Fizjograficzny* 1: 268-291 (in Polish).

do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Wandeler P., Funk M., Lurgiader R., Gloor S., Breitenmoser U. 2003. The city-fox phenomenon: genetic consequences of a recent colonization of urban habitat. *Mol. Ecol.* 12: 647–656.

Wilson G. A., Rannala B. 2003. Bayesian inference of recent migration rates using multilocus genotypes. *Genetics* 163(3): 1177-1791.

## V. OMÓWIENIE POZOSTAŁYCH OSIĄGNIĘĆ NAUKOWO-BADAWCZYCH.

Moje zainteresowania biologiczne sięgają okresu szkoły podstawowej. W tym czasie powstały m.in. moje pierwsze kolekcje motyli dziennych i chrząszczy. Zbierałem również pióra różnych gatunków ptaków oraz poroża jeleniowatych. W okresie studiów aktywnie działałem w Kole Naukowym Biologów. W ramach tej działalności brałem między innymi udział w inwentaryzacji awifauny Rezerwatu Łuknajno w północno-wschodniej części Polski, w liczeniach ptaków przelotnych na Stawach Raszyńskich w okolicach Warszawy jak również prowadziłem wycieczki przyrodnicze na terenie Kampinoskiego Parku Narodowego. W okresie studiów przebywałem w Stanach Zjednoczonych uczestnicząc, jako wolontariusz, w badaniach ptaków morskich i w badaniach ichtiologicznych dotyczących ryb Oceanu Atlantyckiego. W tym czasie zajmowałem się również oceną liczebności populacji skrzyploczy (*Limulus*) na wybrzeżu stanu Nowy Jork.

Pracę magisterską z zakresu ekologii drobnych gryzoni zatytułowaną „*Ruchliwość nornicy rudej i myszy wielkookiej leśnej w środowiskach homo- i heterogennych*” wykonałem w Zakładzie Zoologii i Ekologii UW pod kierunkiem prof. dr hab. Kazimierza Dobrowolskiego. W roku 1990 uzyskałem tytuł zawodowy magistra. 01.06.1991 roku zostałem zatrudniony na Wydziale Biologii UW w Zakładzie Ekologii na stanowisku asystenta. Od początku mojej pracy na UW zajmuję się szeroko rozumianą ekologią zwierząt, a w szczególności wpływem struktury krajobrazu na funkcjonowanie populacji drobnych gryzoni. Efektem moich zainteresowań zawodowych jest m.in. rozprawa doktorska pt. „*Populacje dwóch gatunków gryzoni leśnych: nornicy rudej (Clethrionomys glareolus) i myszy wielkookiej leśnej (Apodemus flavicollis) w mozaice zadrzewień śródpolnych.*” Moja rozprawa doktorska stanowiła wydzieloną część tematu badawczego zatytułowanego „*Guidelines for landscape networks for sustainable small mammal populations*”, którego byłem wykonawcą i który był realizowany w dwóch etapach, w latach 1995 – 1996 i 1997 – 1998, przez Zakład Ekologii UW we współpracy z Institute for Forestry and Nature Research IBN-DLO (Holandia) i finansowany z funduszy Unii Europejskiej w ramach programu PECO ACTION-94. Pracę doktorską obroniłem na Wydziale Biologii UW w roku 1999. Po obronie doktoratu swoją działalność naukową skoncentrowałem na badaniach związanych z wpływem informacji chemicznej na populacje drobnych ssaków, jak również na analizie struktury genetycznej populacji drobnych ssaków w środowiskach o różnym stopniu antropopresji. Ostatni z przedstawionych nurtów badawczych zaowocował publikacjami z zakresu struktury genetycznej miejskich i pozamiejskich populacji gryzoni i prace o tej tematyce, jak wykazałem wcześniej, stanowią podstawę mojego osiągnięcia naukowego. Część opublikowanych prac z zakresu genetyki populacji powstała w ramach projektu badawczego pod tytułem „*Procesy mikroewolucji w środowisku miejskim – genetyczne i fizjologiczne efekty synurbizacji: model Apodemus.*” (nr MNiSW – N N304 169539; nr UW GR



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

3113), w którym byłem wykonawcą i który był realizowany w Zakładzie Ekologii UW w latach 2010 – 2013.

Mój dorobek naukowy stanowi 16 publikacji, z czego 4 zostały szczegółowo omówione w prezentowanym wcześniej osiągnięciu naukowym. Łączny *impact factor* moich publikacji wynosi  $IF=16,098$  (JCR). Łączna liczba cytacji na dzień składania dokumentów wynosiła 99, a Indeks Hirscha  $H=6$  (Web of Science).

Publikacje dotyczące wpływu struktury krajobrazu na organizację przestrzenną i procesy demograficzne w populacjach drobnych gryzoni.

Po rozpoczęciu pracy na Wydziale Biologii Uniwersytetu Warszawskiego moje zainteresowania naukowe skoncentrowałem głównie na wpływie przestrzennego zróżnicowania środowiska na funkcjonowanie populacji nornicy rudej (*Clethrionomys glareolus* obecnie *Myodes glareolus*) oraz w mniejszym stopniu myszarki leśnej (*Apodemus flavicollis*), myszarki zaroślowej (*Apodemus sylvaticus*) i myszarki polnej (*Apodemus agrarius*). W przeprowadzonych w tym czasie badaniach stwierdziliśmy m. in., że w mozaice środowisk leśnych i rolnych nornica ruda pokonuje znacznie większe odległości w środowisku heterogennym niż w środowisku homogennym (Kozakiewicz i in. 1993). Stwierdziliśmy również, że zwiększona ruchliwość zwierząt w znacznym stopniu przyczynia się do zmniejszenia izolacji lokalnych populacji zasiedlających oddzielone od siebie przestrzenie płaty środowiska, a tym samym zmniejsza prawdopodobieństwo zaniku lokalnych populacji tego gatunku. Wykazaliśmy również, że lasy mieszane stanowią dla nornic kluczowe środowisko do przetrwania okresu zimowego. Wyniki przeprowadzonych badań pozwoliły również na stworzenie scenariusza opisującego funkcjonowanie populacji nornicy w mozaikowym środowisku. Scenariusz ten zakłada, że wiosną ma miejsce dyspersja osobników z miejsc, w których spędziły one zimę na otaczające tereny. Kolonizacja nowych płatów zwiększa prawdopodobieństwo znalezienia dogodnych warunków do realizacji swoich potrzeb życiowych, w tym umożliwia zwierzętom przystąpienie do rozrodu. W ciągu całego sezonu rozrodczego znaczna część osobników wykazuje dużą aktywność przestrzenną, która polega na wykorzystywaniu różnych płatów środowiska. Z kolei jesienią, wraz z zakończeniem okresu rozrodczego, gryzonie przemieszczają się do środowisk stwarzających większe szanse na przetrwanie okresu zimowego (Kozakiewicz i in. 1993).

Ocenialiśmy również wpływ jakości, wielkości, kształtu i izolacji płatów leśnych na dynamikę zasiedlających te płaty populacji czterech wymienionych wcześniej gatunków gryzoni (Kozakiewicz i in. 1999). Wykazaliśmy, że niezależnie od gatunku zagęszczenie osobników w istotny sposób zależy od jakości (typu roślinności) zajmowanego przez zwierzęta płatu leśnego, co świadczy o aktywnej selekcji środowisk przez drobne gryzonie. W przypadku nornicy rudej stwierdziliśmy również

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

dotadnią korelację między zagęszczeniem osobników i wielkością płatu leśnego, długością jego obwodu jak również proporcją powierzchni zajmowanego przez zwierzęta zadrzewienia do jego obwodu. Ponadto wykazaliśmy, że w małych zadrzewieniach liczebność populacji nornicy zależy od ich konfiguracji przestrzennej, obecności dużych kompleksów leśnych i wzrasta wraz ze zmniejszeniem odległości geograficznej do takich kompleksów. Obecność dużych kompleksów leśnych sprzyjała również wzrostowi liczebności myszarki polnej w otaczających go zadrzewieniach śródpolnych. Z kolei w przypadku myszarki leśnej wykazaliśmy, że wzrostowi liczebności jej lokalnych populacji sprzyja bliskie sąsiedztwo tych populacji niezależnie o wielkości zasiedlanych przez nie zadrzewień. Jedynym gatunkiem, którego zagęszczenie zależało wyłącznie od jakości środowiska była myszarka zaroślowa. Przeprowadzone badania (Kozakiewicz i in. 1999) wykazały jednoznacznie, że spośród analizowanych gatunków mało mobilna nornica ruda najsilniej reaguje na fragmentację środowisk leśnych i na ich izolację przestrzenną. Dla trwałej egzystencji tego gatunku kluczowa jest obecność dużych kompleksów leśnych, a ich rozbitcie na mniejsze fragmenty może prowadzić do zaniku jej lokalnych populacji. Przeprowadzone badania uprawniały również do stwierdzenia, że fragmentacja środowiska ma znacznie mniejszy wpływ na populacje gatunków charakteryzujących się dużą ruchliwością i zdolnością do pokonywania terenów nienadających się do zasiedlenia.

Wyniki dotyczące dynamiki i rozmieszczenia populacji nornicy rudej (Kozakiewicz i in. 1993, 1994, 1999) w krajobrazie rolno-leśnym wskazały również na to, że w warunkach rozbitcia ciągłości zasiedlenia populacja tego gatunku może funkcjonować jako metapopulacja. Świadczyć może o tym m.in. sezonowa zmienność liczby lokalnych populacji nornicy powiązanych z poszczególnymi płatami leśnymi i niewielka liczba lokalnych populacji trwale zasiedlających jedynie wybrane i jak się wydaje kluczowe dla jej przetrwania – największe (powyżej 50 ha) płaty leśne (Kozakiewicz i in. 1994).

Analiza wyników dotyczących funkcjonowania populacji nornicy rudej w przestrzennej zróżnicowanym środowisku (Kozakiewicz i in. 1993, 1994, 1999) doprowadziła ostatecznie do opracowania modelu określającego warunki jakie muszą być spełnione do zachowania trwałej egzystencji populacji nornicy rudej (Kozakiewicz i in. 2000). Model ten został stworzony we współpracy z naukowcami z Department of Landscape Ecology of the Institute for Forestry and Nature Research (IBN-DLO – Holandia) w oparciu o specjalnie w tym celu opracowaną wersję programu METAPHOR, który umożliwiła symulację przestrzennej dynamiki metapopulacji. Stworzona przez nas baza danych, która posłużyła do analiz wykonywanych przy pomocy programu METAPHOR obejmowała zarówno wyniki dotyczące demografii badanych przez nas lokalnych populacji nornicy rudej (m.in. sezonowe zmiany liczebności, proporcje płci, udział różnych grup wiekowych w populacji) jak i parametry opisujące strukturę przestrzenną krajobrazu (organizację przestrzenną środowiska – m.in. udział poszczególnych elementów mozaiki środowiska, powierzchnię

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

poszczególnych zadrzewień, stopień ich izolacji). Matematyczna analiza opracowanego modelu doprowadziła do wniosku, że trwałe istnienie metapopulacji nornicy rudej (tj. przy założeniu, że prawdopodobieństwo zaniku tej metapopulacji w ciągu 100 lat jest mniejsze niż 5%) w krajobrazie rolno-leśnym możliwe jest tylko wtedy, gdy średnia wielkość płatów leśnych jest nie mniejsza niż 1,5 ha, a średni dystans między tymi płatami nie przekracza 100 metrów. Z kolei przy wzroście dystansu między płatami do 1000 metrów zachowanie metapopulacji nornicy rudej wymaga obecności płatów leśnych, których średnia powierzchnia przekracza 2 ha (Kozakiewicz i in. 2000). Opracowanie wyników dotyczących wpływu struktury krajobrazu na funkcjonowanie populacji nornicy rudej przygotowano również w formie raportu sprawozdawczego dla Unii Europejskiej.

- Kozakiewicz M., Kozakiewicz A., Łukowski A., **Gortat T.** 1993. Use of space by bank voles (*Clethrionomys glareolus*) in a Polish farm landscape. *Landscape Ecology* 8: 19-24.
- Kozakiewicz M., **Gortat T.** 1994. Abundance and seasonal dynamics of bank voles in a patchy agricultural landscape. *Polish Ecological Studies* 20: 209-214.
- Kozakiewicz M., **Gortat T.**, Kozakiewicz A., Barkowska M. 1999. Effects of habitat fragmentation on four rodent species in a Polish farm landscape. *Landscape Ecology* 14: 391-400.
- Kozakiewicz M., Van Apeldoorn R., Bergers P., **Gortat T.**, Kozakiewicz A. 2000. Landscape approach to bank vole ecology. *Polish Journal of Ecology* 48 (Suppl.): 149-161.

Publikacje dotyczące struktury genetycznej populacji gryzoni w środowiskach leśnych i rolno-leśnych

W omawianych poniżej badaniach analizowaliśmy wpływ barier środowiskowych i odległości geograficznej na zróżnicowanie genetyczne populacji dwóch pospolitych gatunków gryzoni leśnych tj. nornicy rudej (*Myodes glareolus*) i myszarki leśnej (*Apodemus flavicollis*). Przeprowadzenie badań na terenie Mazurskiego Parku Krajobrazowego dało możliwość określenia zmienności genetycznej w populacjach gryzoni zasiedlających duże ciągle kompleksy leśne i małe, rozdzielone barierami wodnymi lub lądowymi, wyspy leśne. Z uwagi na niski stopień przekształcenia obszarów leśnych i ekstensywną działalność rolniczą Mazurski Park Krajobrazowy zachował względnie „pierwotną” strukturę krajobrazu. Z tego względu uznaliśmy, że wyniki naszych badań mogą stanowić model funkcjonowania populacji naturalnych tj. populacji zasiedlających środowiska, które od wielu lat nie podlegają, lub podlegają w niewielkim stopniu, presji człowieka i zachowały względnie naturalny charakter.

Wyniki przeprowadzonych badań (Kozakiewicz i in. 2009), którymi objęto dwie wyspy leśne na Jeziorze Mokrym i lasy znajdujące się na w najbliższym sąsiedztwie tych wysp na stałym lądzie, wskazały na istnienie struktury genetycznej lokalnych populacji obu gatunków we wszystkich ww. lokalizacjach. Stwierdzono również, że największa odległość genetyczna ( $F_{ST}$ ), a tym samym

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

najniższe tempo przepływu genów miało miejsce między populacjami wyspowymi i populacjami zasiedlającymi stały ląd. Z kolei populacje zasiedlające stały ląd wykazały znaczne podobieństwo genetyczne. Obecność gryzoni obu gatunków na wyspach wskazuje na to, że są one w stanie pokonać barierę jaką stanowi dla nich pas wody o szerokości około 300 m. Dystans geograficzny między wyspami i brzegiem (około 300 m) był jednak wystarczający, aby różnice genetyczne między populacjami zasiedlającymi wyspy i ląd były większe niż dystans genetyczny dzielący odległe od siebie geograficznie (około 10 km) populacje lądowe. Wyniki przeprowadzonych badań doprowadziły więc do wniosku, że w naturalnych populacjach nornicy rudej i myszarki leśnej odległość geograficzna jest znacznie mniej efektywna w redukcji przepływu genów niż bariera wodna. Uznaliśmy również, że ciągłość zasiedlenia jaka ma miejsce w dużych kompleksach leśnych stwarza występującym tam populacjom gryzoni możliwość swobodnego przepływu genów, co w konsekwencji prowadzi do „zacierania się” różnic genetycznych między lokalnymi populacjami i chroni je przed utratą różnorodności genetycznej wywołanej efektem wąskiego gardła. Wskazuje na to liczba migrantów pierwszego pokolenia, która w leśnych nie izolowanych populacjach obu gatunków, w przeciwieństwie do ich wyspowych populacji, stanowiła dużą grupę osobników. Niemniej jednak w przypadku bardziej mobilnej myszarki leśnej przepływ genów w populacji był większy niż u nornicy rudej na co wskazuje blisko dwukrotnie wyższy udział migrantów w populacji tego gatunku (myszarka leśna 27%, nornica ruda 16%) i wyniki analizy STRUCTURE. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują również na to, że niestabilne warunki środowiskowe na mniejszej wyspie (okresowe podtopienia) zwiększają prawdopodobieństwo zaniku populacji nornicy na tej wyspie. Potwierdza to m. in. duża odległość genetyczna ( $F_{ST}$ ) wyspowych i lądowych populacji tego gatunku jak również przesunięta frekwencja poszczególnych alleli na wyspie w stosunku do łądu. Istotny niedobór heterozygot w stosunku do heterozygotyczności oczekiwanej opartej obu wyspowych populacjach nornicy wskazuje na częste występowanie efektu wąskiego gardła w tych populacjach. Nie stwierdziliśmy tego efektu w populacji myszarki leśnej, która, w porównaniu do nornicy rudej, wykazywała w tym czasie bardziej stabilną dynamikę liczebności (brak istotnych sezonowych spadków liczebności).

Przeprowadzone badania (Kozakiewicz i in. 2009) doprowadziły do wniosku, że w przypadku obu gatunków różnorodność genetyczna lokalnych populacji lądowych stanowi odzwierciedlenie różnorodności genetycznej całych populacji zasiedlających ten obszar. Wskazują na to wszystkie wskaźniki zmienności genetycznej (średnia liczba alleli, bogactwo alleliczne, obserwowana i oczekiwana heterozygotyczność), których wartości były znacznie wyższe w populacjach lądowych niż w populacjach wyspowych badanych gatunków. Niższa różnorodność genetyczna wyspowych populacji może być wynikiem efektu założyciela jak również znacznych spadków liczebności tych populacji i związanych z tym efektem wąskiego gardła oraz brakiem możliwości szybkiego

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

odbudowania tej różnorodności z uwagi na izolację tych populacji. Najprawdopodobniej populacje żyjące na stałym lądzie są źródłem osobników dla populacji wyspowych. Oznacza to, że zwierzęta pochodzące z wysp i z lądu stanowią różne części jednej dużej puli genowej. Można spodziewać się, że nawet okazjonalne migracje osobników pomiędzy wyspami i lądem, w połączeniu z losową utratą alleli w populacjach wyspowych (efekt wąskiego gardła), przyczyniają się do zachowania wysokiej zmienności genetycznej wewnątrz całych populacji obu badanych gatunków. Prawdopodobnie pojawienie się nowych kombinacji genów zostanie szybciej utrwalone w małych populacjach wyspowych. Korzystna nowa kombinacja genów może być następnie wprowadzona do innych części populacji przez dyspersję osobników z wyspy na ląd. Nie można więc wykluczyć, że małe izolowane populacje wyspowe mogą w pewnych sytuacjach doprowadzić do wzrostu różnorodności genetycznej całej większej regionalnej populacji, pomimo dużego obniżenia różnorodności genetycznej w poszczególnych lokalnych populacjach.

Podjęliśmy również próbę odpowiedzi na pytanie w jaki sposób może kształtować się struktura genetyczna populacji myszarki leśnej w makroskali przestrzennej (Gortat i in. 2010). W tym celu badaniami objęto środowiska o różnym stopniu komplikacji przestrzennej (duży kompleks leśny, mozaikę środowisk rolno-leśnych oddzieloną od kompleksu leśnego systemem jezior mazurskich oraz znajdująca się na terenie kompleksu leśną wyspę jeziorną) rozmieszczone na obszarze około 1000 km<sup>2</sup>. Stwierdziliśmy, że w dużym ciągłym kompleksie leśnym, nawet znaczna odległość geograficzna (dochodząca do 24 km) między zasiedlającymi to środowisko „lokalnymi populacjami” myszarki nie generuje istotnych różnic genetycznych między tymi populacjami. Wykazaliśmy również, że obecność dróg asfaltowych, które przecinają duże kompleksy leśne nie stanowi istotnej bariery dla przepływu genów w populacji tego gatunku. Stwierdziliśmy natomiast, że w mozaice środowisk rolno-leśnych tj. w warunkach rozbicia ciągłości zasiedlenia populacji myszarki leśnej, izolacja poszczególnych leśnych wysp środowiskowych i obecność barier ograniczających przemieszczanie się zwierząt między tymi wyspami w znacznie większym stopniu wpływa na ograniczenie przepływu genów pomiędzy lokalnymi populacjami tego gatunku niż sam dystans geograficzny dzielący te populacje (Gortat i in. 2007, 2010). Przeprowadzona analiza (STRUCTURE) wskazała również na to, że obszar objęty badaniami zasiedlały 3 grupy genetyczne. Pierwszą z nich stanowiła wyspowa populacja myszarki zasiedlająca izolowaną barierą wodną leśną wyspę jeziorną (blisko 90% osobników przebywających na tej wyspie zostało przypisanych do tej grupy genetycznej). Drugą grupę genetyczną stanowiły populacje myszarki leśnej zasiedlające duży kompleks leśny, przy czym udział osobników przypisanych do tego środowiska nie przekraczał 60% i były to głównie osobniki przypisane do lokalizacji znajdujących się w środkowej części tego kompleksu. Trzecią grupę genetyczną tworzyły osobniki przypisane do odległych geograficznie populacji zasiedlających mozaikę rolno-leśną, oddzieloną od dużego kompleksu leśnego systemem jezior mazurskich.



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Przeprowadzona ocena zróżnicowania genetycznego w oparciu o dystans genetyczny ( $F_{ST}$ ), wykazała, że najbardziej odrębną grupę genetyczną stanowiła populacja myszarki leśnej zasiedlająca wyspę jeziorną. Stwierdziliśmy przy tym, że nawet w przypadku najbardziej odległych geograficznie i najsilniej izolowanych środowiskowo populacji myszarki leśnej, zasiedlających mozaikę rolno-leśną, dzielący je dystans genetyczny był mniejszy niż dystans genetyczny dzielący jeziorną populację wyspą i znajdującą się w jej najbliższym sąsiedztwie (około 400 m) populację zasiedlającą kompleks leśny na lądzie. Wykazaliśmy również istotną dodatnią korelację między dystansem geograficznym i dystansem genetycznym dzielącym lokalne populacje (GLM:  $F=7,393$ ,  $p<0,01$ ), przy czym odległość genetyczna ( $F_{ST}$ ) była znacznie niższa między lokalnymi populacjami w kompleksie leśnym niż w mozaice środowisk rolno-leśnych, pomimo podobnych odległości geograficznych między lokalizacjami.

Analiza struktury genetycznej badanej populacji myszarki leśnej wskazuje na to, że funkcjonuje ona jako jedna metapopulacja. Niemniej jednak analizowane dwa typy krajobrazu (ciągły kompleks leśny i mozaika środowisk rolno-leśnych) oddzielone od siebie barierami wodnymi, skutecznie ograniczającymi przepływ genów, reprezentują dwa typy struktury genetycznej populacji myszarki leśnej. Pierwszy z nich obejmuje panmiktyczną populację zasiedlającą kompleks leśny, stanowiący rezerwar różnorodności genetycznej dla całej populacji, a drugi – liczne i mniej stabilne genetycznie niewielkie populacje zasiedlające „rozrzucone w przestrzeni” wyspy środowiskowe.

- Kozakiewicz M., **Gortat T.** Panagiotopoulou H., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Rutkowski R., Kozakiewicz A., Abramowicz K. **2009.** The spatial genetic structure of bank vole (*Myodes glareolus*) and yellow-necked mouse (*Apodemus flavicollis*). The role of distance and habitat barriers. *Animal Biology* 59: 169-187.
- **Gortat T.** Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Rutkowski R., Kozakiewicz A., Mikoszewski A., Kozakiewicz M. **2010.** Landscape pattern and genetic structure of yellow-necked mouse *Apodemus flavicollis* population in north-eastern Poland. *Acta Theriologica* 55: 109-121.

Publikacje dotyczące wieloojcostwa u drobnych gryzoni

Celem opisanych poniżej badań (Gryczyńska-Sięmiątkowska i in. 2008) było potwierdzenie występowania wieloojcostwa jak również oszacowanie częstości występowania tej strategii rozrodczej w dziko żyjącej populacji myszarki leśnej. Aby potwierdzić występowanie wieloojcostwa należało wykazać obecność co najmniej trzech różnych alleli ojcowskich w jednym locus w jednym miocie myszarki leśnej. Przeprowadzone badania potwierdziły wystąpienie wieloojcostwa u myszarki leśnej w 30% analizowanych miotów. W miotach wieloojcowskich około 80% potomstwa pochodziło od



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

1 samca, a około 20% od innych samców. Wyniki naszych badań wskazują na to, że promiskuityzm stanowi jedną z alternatywnych strategii rozrodczych myszarki leśnej.

- Gryczyńska-Sięmiątkowska A., **Gortat T.**, Rutkowski R., Pomorski J., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. **2008.** Multiple paternity in a wild population of yellow-necked mouse *Apodemus flavicollis*. *Acta Theriologica* 53 (3): 251-258.

Publikacje z zakresu parazytologii miejskich populacji gryzoni

Przeprowadzone przez nas badania miały na celu określenie roli drobnych gryzoni w przenoszeniu pasożytów w środowiskach o różnym stopniu antropopresji. Założono, że stopień przekształcenia środowiska naturalnego przez człowieka może mieć istotny wpływ nie tylko na populacje drobnych gryzoni zasiedlających to środowisko, ale również na zespoły przenoszonych przez te zwierzęta pasożytów. Badaniami objęto populacje gryzoni z rodzaju *Apodemus*, zasiedlające środowiska podlegające zróżnicowanej presji urbanizacyjnej. Wyniki przeprowadzonych badań uprawniają do stwierdzenia, że struktura zespołu pasożytów istotnie zależy od stopnia przekształcenia środowiska i od gatunku nosiciela (Dwużnik i in. 2017). Przeprowadzona analiza ilościowa i jakościowa pasożytów jelitowych w miejskich i pozamiejskich populacjach myszarki polnej i myszarki leśnej wykazała istotne różnice w składzie gatunkowym helmitofauny występującej u tych gryzoni. Ogólnie ekstensywność (procent osobników zarażonych robakami w stosunku do wszystkich osobników w danej lokalizacji) jak i średnia liczba pasożytów danego gatunku przypadająca na jednego żywiciela były istotnie wyższe u myszarki polnej. Istotnie wyższe wartości opisanych parametrów stwierdzono u tego gatunku w mieście, a znacznie niższe na terenach zielonych zlokalizowanych na obrzeżach miasta. W przypadku myszarki leśnej, odwrotnie niż u myszarki polnej, najwyższą ekstensywność i najwyższą średnią liczbę pasożytów przypadającą na osobnika stwierdzono w populacjach pozamiejskich. Skuteczne przenoszenie i długotrwałe utrzymywanie charakterystycznych dla myszarki polnej gatunków pasożytów stwierdzone w środowisku miejskim jest pewnym zaskoczeniem. Jak się wydaje, może to być związane z dłuższą historią miejską myszarki polnej i związanym z tym bardziej zaawansowanym procesem adaptacji tego gatunku do środowiska miejskiego. Jednym z przejawów tej adaptacji mogą być stwierdzone wysokie zagęszczenia osiągnięte przez myszarkę polną w mieście. Z pewnością duża liczebność lokalnych populacji tego gatunku wpływa na intensywność kontaktów między osobnikami w obrębie tych populacji i znacznie zwiększa prawdopodobieństwo zarażenia się gryzoni pasożytami. Nie można również wykluczyć, że myszarka polna, która przebywa w mieście znacznie dłużej niż myszarka leśna, jest bardziej narażona na zarażenie pasożytami z uwagi na dłuższy czas oddziaływania na ten gatunek niekorzystnych czynników antropogenicznych. Zanieczyszczenia, hałas i inne czynniki generowane w środowisku miejskim, szczególnie w miejscach poddanych silnej presji człowieka, mogą osłabiać system

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

odpornościowy zwierząt zasiedlających to środowisko i tym samym zwiększać ich podatność na zarażenie pasożytami. Myszarka leśna, w przeciwieństwie do myszarki polnej, jest znacznie krócej związana ze środowiskiem miejskim i znacznie mniej przystosowana do tego środowiska. Jako gatunek typowo leśny osiąga w mieście znacznie niższe zagęszczenia niż w środowiskach naturalnych. Paradoksalnie niskie zagęszczenia myszarki leśnej w mieście mogą utrzymywać populację tego gatunku w lepszej kondycji, ponieważ uniemożliwiają utrzymanie intensywnej transmisji pasożytów między osobnikami tego gatunku (Dwuźnik i in. 2017).

Zbadaliśmy również jaka jest rola miejskich populacji gryzoni z rodzaju *Apodemus* w przenoszeniu bakterii wywołującej boreliozę *Borrelia* spp. (Gryczyńska i in. 2018). Wcześniej w warunkach miejskich podobnych badań nie prowadzono, stwierdzono natomiast, że gryzonie należące do rodzaju *Apodemus* mogą być rezerwuarem *Borrelia* spp. w środowiskach naturalnych. Przyjeliśmy założenie, że udział gryzoni w przenoszeniu tego patogenu może mieć związek ze stopniem przekształcenia zajmowanych przez te zwierzęta środowisk. Z tego względu jako potencjalne rezerwuary patogenu wybraliśmy lokalne populacje gryzoni zasiedlające różne strefy antropopresji – od środowisk o niskim stopniu przekształcenia (lasy podmiejskie) do środowisk podlegających silnej antropopresji (centrum dużej aglomeracji miejskiej – Warszawa). Na podstawie obecności DNA bakterii we krwi gryzoni wykazaliśmy zakażenie bakterią *Borrelia* spp. u dwóch z trzech badanych gatunków myszerek tj. u myszarki polnej i myszarki leśnej. Stwierdziliśmy przy tym, że populacje myszerek zasiedlające dużą aglomerację miejską, podobnie jak populacje naturalne (zasiedlające środowiska nieprzekształcone przez człowieka) tych zwierząt, mogą stanowić źródło zakażenia. Osobniki obu gatunków zakażone były tylko jednym gatunkiem bakterii z rodzaju *Borrelia* – tj. *Borrelia afzelii*. Nie stwierdziliśmy jednak, aby istniał związek między poziomem zakażenia gryzoni bakterią i strefą antropopresji zasiedloną przez te zwierzęta. Wykazaliśmy jednak, że występują różnice w poziomie zakażenia *Borrelia* spp. między lokalnymi populacjami myszerek zasiedlającymi centrum miasta, co może świadczyć o braku komunikacji między populacjami zasiedlającymi centrum miasta. Świadczyć może to również o tym, że krążenie tego patogenu w centrum miasta odbywa się głównie w obrębie małych izolowanych przestrzennie grup osobników. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują również na brak różnic w „zaangażowaniu” obu gatunków myszerek w przepływie analizowanych patogenów w środowisku miejskim.

- Dwuźnik D., Bajer A., **Gortat T.**, Behnke J. M., Gryczyńska A., Bednarska M., Mikoszewski A. S., Kozakiewicz M. **2017** – "Comparison of helminth community of *Apodemus agrarius* and *Apodemus flavicollis* between urban and suburban populations of mice". Parasitology Research 116: 2995-3006.
- Gryczyńska A., **Gortat T.**, Kowalec M. 2018. Urban rodent reservoirs of *Borrelia* spp. in Warsaw, Poland. Epidemiology and Infection 146: 589-593.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Publikacje związane z komunikacją chemiczną w populacjach drobnych gryzoni

W przeprowadzonych badaniach podjęliśmy próbę oceny wpływu zapachu pozostawionego w środowisku naturalnym przez normicę rudą na sposób wykorzystania przestrzeni przez osobniki tego gatunku. Staraliśmy się określić czy aktywność przestrzenna zwierząt ma charakter przypadkowy czy też osobniki eksplorujące środowisko wykorzystują w tym celu ścieżki zapachowe utworzone przez osobniki własnego gatunku. Próbowaliśmy również odpowiedzieć na pytanie czy obecność zapachu innych osobników tego samego gatunku modyfikuje sposób wykorzystania przestrzeni przez te zwierzęta oraz czy istnieją różnice w reakcji gryzoni na zapach pozostawiony przez osobniki o różnym statusie reprodukcyjnym, różnej płci i w różnym wieku.

W pierwszym etapie badań określiliśmy naturalną aktywność przestrzenną normicy rudej wykorzystując w tym celu plastikowe rurki z umieszczonym w ich środku papierem, na którym zwierzęta pozostawiły swoje tropy. W drugim etapie wprowadziliśmy do środowiska – do rurek wykorzystanych w pierwszym etapie – zapach (mocz) obcych tj. pochodzących z innych terenów, osobników tego gatunku. Zapach rozłożony w środowisku pochodził od trzech grup zwierząt: osobników młodocianych, samic aktywnych płciowo i samców aktywnych płciowo. Analizę wyników przeprowadziliśmy w oparciu o porównanie miejsc wizytowanych przez gryzonię przed i po rozłożeniu zapachu. Stwierdziliśmy, że przed wprowadzeniem zapachu rozkład wizyt zwierząt w środowisku miał rozkład skupiskowy, co świadczy o tym, że gryzonię wizytowały częściej tylko wybrane mikrosiedliska. Wykazaliśmy również, że w środowiskach ubogich, takich jak lasy iglaste, wprowadzenie zapachu spowodowało wzrost częstości wizyt gryzoni w miejscach, których zwierzęta wcześniej nie odwiedzały. Stwierdziliśmy również, że zapach dorosłych, aktywnych osobników obu płci „ściąga” inne aktywne płciowo osobniki. Szczególnie wyraźny był wzrost wizyt w miejscach z zapachem aktywnych samców. Otrzymane wyniki upoważniają do stwierdzenia, że zapach osobników własnego gatunku stanowi dla normicy istotne źródło informacji i wpływa na jej sposób wykorzystania przestrzeni. Zapach pozostawiony w środowisku może być wykorzystywany zarówno przez osobnika, który ten zapach zostawił, ale również przez inne osobniki w populacji. Z dużym prawdopodobieństwem ścieżki zapachowe wykorzystywane są przez zwierzęta nie tylko w ich rutynowej aktywności przestrzennej, ale mogą również ułatwiać orientację w przestrzeni osobnikom migrującym. Dodatnia korelacja między stopniem pokrycia roślinnością i liczbą wizyt, którą stwierdziliśmy w pierwszym etapie badań i która była wyraźnie słabsza po wprowadzeniu obcego zapachu dodatkowo potwierdza, że zapach osobników własnego gatunku w istotny sposób modyfikuje wzorzec aktywności przestrzennej normicy.

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

- **Gortat T., Kozakiewicz M., Barkowska M., Charytonik U. 2004.** The role of chemical information in shaping the spatial activity of bank voles in a free-living population. *Acta Theriologica* 49: 465-477.

Publikacje dotyczące struktury zespołu miejskich populacji drobnych ssaków

Opisane poniżej badania przeprowadzono w 17 lokalizacjach obejmujących tereny zielone Warszawy (głównie parki miejskie) jak również środowiska leśne znajdujące się poza miastem. Podstawowym celem badań było określenie struktury zespołu drobnych ssaków zasiedlających środowiska o różnej wielkości i stopniu antropopresji. Łącznie stwierdziliśmy obecność 8 gatunków drobnych ssaków, w tym 7 gatunków gryzoni i 1 gatunek ryjówek. Wykazaliśmy również, że wraz ze wzrostem antropopresji zmniejsza się liczba gatunków zasiedlających „zielone wyspy” na terenie Warszawy. Analiza przeprowadzona osobno dla lokalizacji znajdujących się na przeciwnych brzegach rzeki wskazała jednak na to, że istotny spadek liczby gatunków wraz ze wzrostem antropopresji ma miejsce jedynie na lewym, silnie przekształconym przez człowieka brzegu Wisły. W granicach miasta liczba gatunków zasiedlających prawy brzeg Wisły była dwukrotnie wyższa niż na lewym brzegu rzeki. Stwierdziliśmy również, że w lokalizacjach o podobnej wielkości i o tym samym stopniu antropopresji, liczba gatunków była istotnie wyższa na prawym brzegu. Jedynym gatunkiem, który był obecny we wszystkich lokalizacjach, niezależnie od ich wielkości i stopnia antropopresji, była myszarka polna (ponad 50% wszystkich złowionych zwierząt stanowiły osobniki tego gatunku). Myszarka leśna, stanowiąca 30% wszystkich złowionych zwierząt, zasiedlała wszystkie lokalizacje jedynie na prawym brzegu rzeki, natomiast na lewym brzegu jej obecność stwierdzano głównie poza centrum miasta. Z kolei nornica ruda, stanowiąca 9% wszystkich złowionych zwierząt występowała tylko w miejscach oddalonych od centrum miasta tj. w lokalizacjach o niskim stopniu antropopresji. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują na to, że proces adaptacji do środowiska miejskiego jest najbardziej zaawansowany u myszarki polnej. W przypadku myszarki leśnej pewne symptomy adaptacji do środowiska miejskiego widoczne są głównie na prawym brzegu Wisły. Z kolei inne gatunki drobnych ssaków zasiedlają wyłącznie tereny podmiejskie i obszary poza miastem. Z pewnością można stwierdzić, że tereny znajdujące się na prawym, znacznie mniej przekształconym przez człowieka brzegu Wisły, w porównaniu z silnie zurbanizowanym lewym brzegiem, stwarzają lepsze warunki do zachowania łączności między lokalnymi populacjami zasiedlającymi te tereny i oferują lepsze warunki do życia dla większej liczby gatunków, nawet w miejscach położonych bliżej centrum miasta. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują również na to, że pasy zieleni łączące na prawym brzegu tereny pozamiejskie z centrum miasta stanowią korytarze wzdłuż których odbywa się migracja zwierząt do miasta. Podobną funkcję mogą pełnić pasy zieleni wzdłuż prawego brzegu Wisły. Na lewym, silnie przekształconym brzegu rzeki rozwinięta zabudowa miejska i zabetonowane brzegi Wisły w znacznym stopniu ograniczają lub wręcz uniemożliwiają przemieszczanie się zwierząt

## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

do centrum miasta. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują na to, że jedynym sposobem na zachowanie bioróżnorodności w środowiskach miejskich, a być może również na zwiększenie składu gatunkowego zasiedlających to środowisko zwierząt, jest właściwe zagospodarowanie przestrzeni miejskiej polegające m.in. na odtwarzaniu „zielonych wysp” środowiskowych w taki sposób, aby możliwa była komunikacja zarówno między populacjami zasiedlającymi miasto jak i populacjami zasiedlającymi tereny poza miastem.

- **Gortat T.**, Barkowska M., Gryczyńska-Sięmiątkowska A., Pieniążek A., Kozakiewicz A., Kozakiewicz M. **2014**. The effects of urbanization – small mammal communities in a gradient of human pressure in Warsaw city, Poland. *Polish Journal of Ecology* 62: 163-172.

Publikacje dotyczące struktury zespołu ptaków lęgowych na terenie Warszawy

W prezentowanych badaniach określiliśmy skład gatunkowy i liczebność awifauny lęgowej zasiedlającej Park Wilanowski w Warszawie. Z uwagi na to, że skład gatunkowy ptaków występujących w środowiskach podlegających presji człowieka ulega stosunkowo szybkim zmianom porównaliśmy uzyskane przez nas wyniki z wynikami badań przeprowadzonych na tym terenie 17 lat wcześniej. Próbowaliśmy również wskazać czynniki, które mogą w istotny sposób wpływać na skład tego zespołu. Na terenie Parku stwierdziliśmy obecność 43 gatunków lęgowych, a średnie zagęszczenie par lęgowych wynosiło 162 pary/10ha. Pod względem liczby gatunków jak i liczebności par lęgowych dominowały ptaki z grupy dziuplaków. Szczególnie licznie występowały szpaki (około 20% par lęgowych). Druga najliczniejszą grupę ptaków stanowiły gatunki przebywające głównie w koronach drzew i krzewów. Najniższy udział stanowiła grupa ptaków gniazdujących na ziemi lub nisko nad ziemią. Stwierdziliśmy również, że w ciągu 17 lat miały miejsce istotne zmiany zarówno w składzie gatunkowym jak i liczebności poszczególnych gatunków ptaków. Do nowych gatunków, które wcześniej nie występowały na tym terenie, należały między innymi sójki, śpiewaki i dzięcioły białoszyje. Z kolei liczebność dzwońca, kawki, sierpówki i wróbla była znacznie niższa w porównaniu do lat ubiegłych. Jedną z istotniejszych zmian był również brak w zespole lęgowym szczygła. Uznaliśmy, że dominujący udział dziuplaków (20 gatunków, 46% wszystkich gniazdujących gatunków) w analizowanym przez nas zespole ptaków to wynik obecności licznych na terenie Parku starych drzew z dziuplami. Wydaje się również, że duże zróżnicowanie gatunkowe drzew i krzewów oraz mozaika siedlisk występująca na tym terenie sprzyja różnorodności występującej tu awifauny. Bez wątpliwości skład zespołu ptaków parku w Wilanowie jest związany z bliskim sąsiedztwem leśnego Rezerwatu Morysin. Może o tym świadczyć między innymi obecność dzięcioła czarnego i puszczyka, które z uwagi na swoje duże terytoria najprawdopodobniej wykorzystują teren Parku jedynie jako niewielką część użytkowanej przez siebie przestrzeni. Z całą pewnością obecność zbiorników wodnych na terenie Parku jak i pobliskiej rzeki Wilanówki przyciąga ptaki wodne takie jak łabędzie



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

nieme, krzyżówki i trące nurogesi, które znajdują na tym terenie nie tylko dogodne miejsca do gniazdowania, ale również bezpieczne schronienie przed licznie występującymi na przyległych terenach drapieżnikami. Nasze badania potwierdziły m.in. obecność norki amerykańskiej, która może w istotny sposób ograniczać lęgi ptaków wodnych. Stwierdziliśmy również obecność resztek ptaków upolowanych przez lisy, kuny oraz koty (drapieżniki identyfikowaliśmy na podstawie obserwacji bezpośrednich oraz tropów i odchodów znalezionych przy resztkach ptaków). Wyniki przeprowadzonych przez nas badań wskazują również na to, że peryferyjne położenie Parku i jego bliskie sąsiedztwo z terenami miejskimi sprzyja występowaniu gatunków o tendencjach synantropijnych takich sójka, sroka, rudzik i kapturka.

- Jędraszko-Dąbrowska D., Kucińska E., **Gortat T.**, Górecki G., Brzeziński M. **2008**. Factors affecting the diversity of bird community of Wilanowski Park in Warsaw. W: Fauna miast. Idykiewicz P., Jerzak L., Barczak T (red.) SAR „Pomorze”, Bydgoszcz: 68-77.

Opracowania i raporty

W ramach europejskiego projektu badawczego pn. „*Guidelines for landscape networks for sustainable small mammal populations*”, który był realizowany przy moim udziale przez Zakład Ekologii Uniwersytetu Warszawskiego, Narodową Fundację Ochrony Środowiska i w kooperacji z Institute for Forestry and Nature Research IBN-DLO z Holandii, przygotowaliśmy, dla europejskiego podmiotu koordynującego nasze działania, obszerny raport w języku angielskim dotyczący wyników przeprowadzonych przez nas badań. W raporcie (Kozakiewicz i in. 1997) zawarliśmy szczegółową analizę funkcjonowania populacji normicy rudej i myszarki leśnej w warunkach rozbicia ciągłości zasiedlenia obu wyżej wymienionych gatunków. Analiza porównawcza obu gatunków doprowadziła do wniosku, że w badanym przez nas układzie przestrzennym populacja normicy rudej wykazuje szereg cech typowych dla metapopulacji, natomiast model funkcjonowania populacji myszarki leśnej jest zbliżony do tzw. zróżnicowanej przestrzennie populacji (ang. *spatially structured population*).

W ramach projektu badawczego pn. „Fauna Parku Wilanowskiego i Rezerwatu Morysin – ocena bioróżnorodności i warunki niezbędne do zachowania składu gatunkowego”, który był finansowany przez Unię Europejską, przygotowaliśmy szczegółowe opracowanie (Gortat i in. 2007, Jędraszko-Dąbrowska i in. 2007) obejmujące opis wszystkich gatunków kręgowców lądowych (gady, ptaki, ssaki) i ziemnowodnych (płazy) zasiedlających teren objęty badaniami. W opracowaniu wskazaliśmy najbardziej prawdopodobne szlaki komunikacji zwierząt zasiedlających badaną przez nas mozaikę środowisk. Wykazaliśmy również, że Jezioro Wilanowskie oddzielające Rezerwat Morysin (wraz z otaczającymi go polami uprawnymi) od Parku Wilanowskiego, nie stanowi skutecznej bariery, która



## do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

mogłaby uniemożliwić przemieszczanie się zwierząt – wiele gatunków ssaków stwierdzanych w Rezerwacie przechodzi stale lub okresowo na teren Parku. Opracowanie zawiera również opis zagrożeń dla poszczególnych gatunków/grup zwierząt, które mogą w istotny sposób mogą wpłynąć na kondycję populacji poszczególnych gatunków jak i całych zespołów zwierząt zasiedlających ten teren. Niewątpliwie Rezerwat Morysin i obszary do niego przyległe stanowią ostoję dla tych gatunków. Z tego względu utrzymanie dużej różnorodności gatunkowej ssaków w Parku Wilanowskim wymaga bezwzględnie zachowania w niezmienionym stanie istniejącym terenów położonych na wschodnim brzegu Jeziora Wilanowskiego (Rezerwat Morysin, ugory, pola uprawne, zadrzewienia śródpolne, dolina rzeki Wilanówki). Wprowadzenie na ten teren jakiegokolwiek formy intensywnego zagospodarowania lub zabudowy niewątpliwie spowoduje wycofanie się wielu gatunków i znaczący spadek różnorodności biologicznej.

- Kozakiewicz M., Kozakiewicz A., **Gortat T.**, Szacki J., Liro A. **1997**. Guidelines for landscape networks for sustainable small mammal populations – Research Raport, Warsaw University, Faculty of Biology. 1-35.
- **Gortat T.**, Brzeziński M., Górecki G., Zaborowska A., Kozakiewicz M. **2007**. Fauna Parku Wilanowskiego i Rezerwatu Morysin – ocena bioróżnorodności i warunki niezbędne do zachowania składu gatunkowego. TOM I – PŁAZY, GADY, SSAKI. 1-79.
- Jędraszko-Dąbrowska D., Górecki G., Brzeziński M., **Gortat T.** **2007**. Fauna Parku Wilanowskiego i Rezerwatu Morysin – ocena bioróżnorodności i warunki niezbędne do zachowania składu gatunkowego. TOM II – PTAKI. 1-72.

