

Opis ramowego tematu badań

Informacje ogólne

Instytut: Instytut Ochrony Przyrody PAN.

Temat badawczy: Struktura genomu dwóch inwazyjnych gatunków pluskwiaków (Hemiptera): *Cinara curvipes* oraz *Leptoglossus occidentalis*, a sukces ich inwazji poza naturalnym zasięgiem.

Dyscyplina naukowa: nauki biologiczne.

Imię i nazwisko potencjalnego promotora: dr hab. Aleksandra Biedrzycka.

Podstawowe informacje o temacie badawczym

Stypendium doktoranckie jest finansowane w ramach stypendium naukowego w projekcie NCN OPUS „Sukces inwazji przez pryzmat genomiki: wgląd w różnorodność całogenomową inwazyjnych pluskwiaków” o numerze: 2025/57/B/NZ8/01241. Kierownik projektu: dr hab. Aleksandra Biedrzycka.

Liczba pojawiających się na świecie obcych gatunków stale rośnie, powodując szkody w ekosystemach. Dlatego niezwykle ważne jest poszukiwanie cech gatunków inwazyjnych, które zapewniają im sukces. Badania przy użyciu sekwencji całych genomów umożliwiają śledzenie procesów inwazji, identyfikację regionów genomu zaangażowanych w adaptację do nowych obszarów oraz określenie właściwości genomu potencjalnie ułatwiających inwazję.

W projekcie wykorzystane zostaną dwa inwazyjne gatunki owadów z rzędu pluskwiaków (Hemiptera): *Cinara curvipes* oraz *Leptoglossus occidentalis*, jako modele do badania genetycznych mechanizmów sukcesu inwazyjnego. Zastosujemy dane całogenomowe w celu analizy zróżnicowania genomowego populacji na poziomie polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) oraz wariantów strukturalnych (SV), które mogą wywoływać efekty fenotypowe i często są powiązane z cechami sprzyjającymi ekspansji. Sprawdzimy również czy ekspansje specyficznych rodzin genów i aktywność transpozonów (TE), które mogą modulować sukces inwazji.

Główne pytania badawcze

Czy struktura genomu ma znaczenie dla sukcesu gatunków inwazyjnych? Jak gatunki inwazyjnych owadów o różnych cechach historii życiowych adaptują się do środowiska poza ich naturalnym zasięgiem? Jaką rolę w ich adaptacji odgrywają bakteryjne symbionty?

W proponowanym projekcie określimy mechanizmy genetyczne, które mogłyby wyjaśnić szybko postępującą inwazję. Zidentyfikujemy drogi inwazji obu gatunków, liczbę zróżnicowanych genetycznie introdukcji, zmienność genomu na poziomie populacyjnym i strukturę genetyczną populacji. Oba gatunki różnią się znacznie pod względem strategii reprodukcyjnych i zdolności do rozprzestrzeniania się, co prawdopodobnie wpływa na ich genetyczną strukturę populacji i poziom różnorodności. Potencjalnie niższa populacyjna zmienność genomowa *C. curvipes*, która może być efektem częściowo partenogenetycznego sposobu rozmnażania i, niższej niż w przypadku wtyka, łączności między populacjami może być równoważona przez sprzyjające inwazji cechy genomu, takie jak i ekspansja określonych rodzin genów i aktywność transpozonów. Kontrastujące cechy historii życia, dynamika inwazji i plastyczność ekologiczna obu gatunków oferują wyjątkową okazję do porównania różnych mechanizmów genomowych, które mogą ułatwiać inwazje gatunków.

Podstawowe metody/opis pracy

Wybrany kandydat będzie zaangażowany w sekwencjonowanie de novo, składanie, a następnie adnotację genomu *C. curvipes*. Ponadto genomy obu gatunków będą analizowane pod kątem zmienności strukturalnej, zawartości transpozonów oraz ekspansji rodzin genów potencjalnie związanych z przeżyciem poza naturalnym zasięgiem występowania.

Analizowana będzie również obecność fakultatywnych bakteryjnych endosymbiontów u obu gatunków w populacjach rodzimych i inwazyjnych jako potencjalnego czynnika sprzyjającego inwazyjności. Badania obejmą prace laboratoryjne, ale główny nacisk będzie położony na analizy bioinformatyczne.

Dodatkowe informacje

Kandydat musi posiadać (lub uzyskać do września 2026 r.) tytuł magistra. Poszukujemy osób:

- zainteresowanych genomiką ewolucyjną i populacyjną,
- posiadających doświadczenie lub zainteresowanie analizami bioinformatycznymi,
- z dobrą znajomością języka angielskiego oraz umiejętnościami komunikacyjnymi i organizacyjnymi.

Doświadczenie w analizach genomiki populacyjnej, pracy w środowisku R i systemie Linux oraz w laboratorium genetycznym będzie dodatkowym atutem, lecz nie jest wymagane.

Dane o potencjalnych współpracownikach

Praca doktorska będzie wykonywana pod opieką dr hab. Aleksandry Biedrzyckiej, specjalistkę w zakresie genetyki ewolucyjnej, konserwatorskiej i genetyki inwazji, oraz dr Pierre’a Nouhaud, genetyka ewolucyjnego zajmującego się rodzimymi i inwazyjnymi populacjami stawonogów-szkodników, eksperta w dziedzinie składania genomów, analizy wariantów strukturalnych i aktywności elementów transpozycyjnych.

Doktorant będzie realizował badania w Instytucie Ochrony Przyrody Polskiej Akademii Nauk w Krakowie i stanie się członkiem zespołu zajmującego się genomiką inwazji. Praca będzie prowadzona we ścisłej współpracy z dr. Pierre’em Nouhaud — zarówno zdalnie, jak i podczas pobytów w INRAE – CBGP, Narodowym Instytucie Badań Rolnictwa, Żywności i Środowiska (INRAE) w Marsylii, Francja.

Literatura

Battlay, P., Wilson, J., Bieker, V. C., Lee, C., Prapas, D., Petersen, B., Craig, S., van Boheemen, L., Scalone, R., de Silva, N. P., Sharma, A., Konstantinović, B., Nurkowski, K. A., Rieseberg, L. H., Connallon, T., Martin, M. D., & Hodgins, K. A. (2023). Large haploblocks underlie rapid adaptation in the invasive weed *Ambrosia artemisiifolia*. *Nature Communications*, 14(1), 1717. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-37303-4>

Kołodziejczyk, J., Fijarczyk, A., Porth, I., Robakowski, P., Vella, N., Vella, A., Kloch, A., & Biedrzycka, A. (2025). Genomic investigations of successful invasions: The picture emerging from recent studies. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*. <https://doi.org/10.1111/brv.70005>

Wellenreuther, M., Mérot, C., Berdan, E., & Bernatchez, L. (2019). Going beyond SNPs: The role of structural genomic variants in adaptive evolution and species diversification. *Molecular Ecology*, 28(6), 1203–1209. <https://doi.org/10.1111/mec.15066>