



Małgorzata Karolina Zbawicka  
Instytut Oceanologii  
Polskiej Akademii Nauk  
W Sopocie

## **Autoreferat**

Załącznik 2 do wniosku  
o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego

Wpływ hybrydyzacji i introgresji na strukturę genetyczną  
omułka *Mytilus trossulus*

Sopot, 2015

## Autoreferat

### 1. Imię i Nazwisko.

Małgorzata Karolina Zbawicka

### 2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe/ artystyczne – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.

Tytuł magistra biologii -Uniwersytet Gdański, Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii, 1992. Tytuł pracy magisterskiej - „Badanie roli białek  $\lambda O$  i  $\lambda P$  w replikacji plazmidów  $\lambda dv$  w mutancie *Escherichia coli* dnaA46”.

Stopień doktora nauk biologicznych w zakresie biologii - Uniwersytet Gdański, Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii, 2000. Tytuł rozprawy doktorskiej – „Zróżnicowanie i transmisja mitochondrialnego DNA w populacjach omułka *Mytilus trossulus* z polskiego wybrzeża”.

### 3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych/ artystycznych.

1993 – 2000: asystent, Centrum Biologii Morza, Polskiej Akademii Nauk, Laboratorium Genetyki.

2001 - 2002: adiunkt, Centrum Biologii Morza, Polskiej Akademii Nauk, Laboratorium Genetyki.

2002 - 2011: adiunkt, Instytut Oceanologii Polskiej Akademii Nauk, Zakład Genetyki i Biotechnologii Morskiej.

2011 – do chwili obecnej: asystent, Instytut Oceanologii Polskiej Akademii Nauk, Zakład Genetyki i Biotechnologii Morskiej.

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

#### a) tytuł osiągnięcia naukowego/artystycznego,

Wpływ hybrydyzacji i introgresji na strukturę genetyczną omułka *Mytilus trossulus*

#### b) (autor/autorzy, tytuł/tytuły publikacji, rok wydania, nazwa wydawnictwa),

1. Zbawicka M., Burzyński A., Wenne R. 2007. Complete sequences of mitochondrial genomes from the Baltic mussel *Mytilus trossulus*. *Gene* 406: 191-198

Liczba cytowań według WoS: 24 (MNiSW – 20pkt, IF 2007 = 2.871)

2. Zbawicka M., Burzyński A., Skibinski D., Wenne R. 2010. Scottish *Mytilus trossulus* mussels retain ancestral mitochondrial DNA: Complete sequences of male and female mtDNA genomes. *Gene*, 456: 45-53

Liczba cytowań według WoS: 19 (MNiSW – 20pkt, IF 2010 = 2.266)

3. Zbawicka M., Wenne R. Burzyński A. 2014. Mitogenomics of recombinant mitochondrial genomes of Baltic Sea *Mytilus* mussels. *Molecular Genetics and Genomics*, 289: 1275-1287 DOI 10.1007/s00438-014-0888-3

(MNiSW – 25pkt, IF 2014 = 2.831)

4. Zbawicka M., Drywa A., Śmietanka B., Wenne R. 2012. Identification and validation of novel SNP markers in European populations of marine *Mytilus* mussels. *Marine Biology*, 159:1347-1362

Liczba cytowań według WoS: 5 (MNiSW – 35pkt, IF 2012 = 2.468)

5. Zbawicka M., Sańko T., Strand J., Wenne R. 2014. New SNP markers reveal largely concordant clinal variation across the hybrid zone between *Mytilus* spp. in the Baltic Sea. *Aquatic Biology* 21:25-36

Liczba cytowań według WoS: 1 (MNiSW – 25pkt, IF 2014 = 1.118)

**c) omówienie celu naukowego/artystycznego ww. pracy/prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.**

Celem powyższych publikacji było poszerzenie naszej wiedzy na temat wpływu hybrydyzacji i introgresji na strukturę genetyczną omułka *Mytilus trossulus*. Hybrydyzacja jest zjawiskiem polegającym ona na przełamaniu bariery rozrodczej i kojarzeniu osobników różnych gatunków, co umożliwia przepływ genów z jednej puli genowej do drugiej na drodze introgresji.

Małże z rodzaju *Mytilus* są szeroko rozpowszechnione na północnej i południowej półkuli (Borsa i wsp., 2007; Gerard i wsp., 2008). Są one bentosowymi mieszkańcami wód morskich. Małże *Mytilus* są ważnym elementem przybrzeżnych ekosystemów. Europejskie populacje *Mytilus* są reprezentowane przez *M. galloprovincialis*, *M. edulis* i *M. trossulus*. *M. trossulus* pochodzi z Pacyfiku i skolonizował północny Atlantyk około 3,5 miliona lat temu, po otwarciu Cieśniny Beringa. To wydarzenie doprowadziło do powstania *M. edulis* i *M. galloprovincialis* (Riginos i Cunningham, 2005). Ci sami autorzy wykazali, że w Europie, *M. trossulus* skolonizował tylko Morze Bałtyckie. *M. edulis* występuje w północnej części Atlantyku i w morzach europejskich, natomiast *M. galloprovincialis* jest rozpowszechniony w Europie Zachodniej, głównie w Morzu Śródziemnym, Morzu Czarnym i wzdłuż atlantyckiego

wybrzeża Europy Zachodniej włączając Wyspy Brytyjskie i Orkady. Wszystkie trzy taksony *Mytilus* hybrydują ze sobą w miejscach, gdzie się kontaktują (Gosling, 1992; Bierne i wsp., 2003a). Strefy hybrydowe *M. trossulus* i *M. edulis* są zlokalizowane w cieśninach duńskich oddzielających Bałtyk i Morze Północne oraz w Ameryce Północnej (Väinölä i Hvilsum, 1991; Riginos i Cunningham, 2005).

Morskie małże *Mytilus* posiadają niezwykle system dziedziczenia mitochondrialnego DNA, nazywany dziedziczeniem podwójnie uniparentalnym (DUI). Żeński typ (F), obecny u samic i samców, jest przekazywany do całego potomstwa, natomiast męski typ (M), obecny niemal wyłącznie u heteroplazmatycznych samców jest transmitowany tylko do synów (Zouros i wsp., 1994; Skibinski i wsp., 1994). Te dwa genomy są zwykle bardzo zróżnicowane na poziomie sekwencji DNA, różnice sięgają około 30%. Czasami genom M może być zastąpiony przez F w procesie maskulinizacji, w konsekwencji różnica między genomami F i M może być zredukowana. Badanie zagadnień związanych z DUI i maskulinizacją było jednym z głównych tematów badań w naszym laboratorium, w których brałam udział.

Moje zainteresowanie strukturą genetyczną małży *M. trossulus* sięgają czasów mojej rozprawy doktorskiej, która dotyczyła zróżnicowania i transmisji mitochondrialnego DNA w populacjach omułka *M. trossulus* z polskiego wybrzeża Bałtyku. Wyniki moich badań wskazywały na obecność dwóch bliskich filogenetycznie genomów: żeńskiego i męskiego oraz występowanie wariantów długości zidentyfikowanych w głównym rejonie niekodującym (CR) (Zbawicka i wsp., 2003a, b). U bałtyckich małży mamy do czynienia ze zjawiskiem maskulinizacji (Wenne i Skibinski, 1995). W populacjach bałtyckich obydwie oryginalne genomy mitochondrialne F i M pochodzące z *M. trossulus* zostały zastąpione, na drodze introgresji przez mtDNA *M. edulis*, i są podobne do genomu F pochodzącego od *M. edulis*, a nie do natywnego genomu *M. trossulus*. Genomy M o znacznej dywergencji rzadko występują w bałtyckich małżach. Natomiast opisano występowanie rekombinacji pomiędzy genomami F i M (Burzyński i wsp., 2003, 2006).

Kontynuując pracę na bałtyckich małżach, zgromadziłam próbę omułków z Zatoki Gdańskiej, określiłam płeć oraz wyizolowałam DNA z pojedynczych osobników. Użyłam trzy markery jądrowego DNA do identyfikacji taksonu. Marker białka adhezyjnego (Me15/16) był diagnostyczny dla trzech taksonów *M. edulis*, *M. trossulus* i *M. galloprovincialis* (Inoue i wsp., 1995). Drugi marker, międzygenowy rejon niekodujący rRNA (ITS), zlokalizowany pomiędzy genami 18S i 28S rRNA, wykrywany poprzez trawienie enzymem restrykcyjnym HhaI, różnicował *M. trossulus* od innych grup taksonomicznych *Mytilus* (Heath i wsp., 1995). Ostatni z użytych markerów, Efbis, intron czynnika wydłużenia 1a, był diagnostyczny dla wszystkich

trzech grup taksonomicznych (Bierne i wsp., 2003b; Kijewski i wsp., 2006). Wszystkie badane osobniki wykazały mieszany skład markerów *M. edulis* i *M. trossulus*.

Głównym tematem mojej pierwszej pracy składającej się na osiągnięcie naukowe było poznanie pełnych sekwencji mtDNA pochodzących z dwóch bałtyckich omułek. Do zsekwencjonowania całych cząsteczek mitochondrialnych wybrałam dwa haplotypy mtDNA posiadające niezrekombinowany CR. Wybór oparłam na wynikach sekwencjonowania głównego rejonu niekodującego dla próby małży, uzyskanych w naszym laboratorium podczas wcześniejszych badań (Burzyński i wsp., 2006). Pierwszy haplotyp pochodził z żeńskich komórek rozrodczych (F - haplotyp 3a) i posiadał niewielką duplikację w środkowej części pierwszej zmiennej domeny (VD1) zlokalizowanej w CR. Drugi haplotyp pochodził z męskich komórek rozrodczych (M – 1b) i okazał się typowym genomem M charakterystycznym dla omułek *M. edulis*. Podczas moich prac stwierdziłam, że obydwa genomy posiadają taki sam skład genów charakterystycznych dla metazoa, mają podobny skład nukleotydów, ale różnica w ich sekwencji wynosi 24%. Zauważyłam, że największe różnice występują w rejonie VD1. Zsekwencjonowany przeze mnie genom F był dłuższy o 147 par zasad od genomu M i większość tych różnic była zlokalizowana w rejonie VD1. Przeprowadziłam również badania obu genomów w kontekście rekombinacji, w nawiązaniu do prac prowadzonych wcześniej w naszym laboratorium. Wykazałam brak rekombinacji w całych cząsteczkach mtDNA obu badanych wariantów. Stwierdziłam duże podobieństwo pomiędzy genomem M, Bałtyckiego *M. trossulus* i genomem M, *M. edulis*. Na podstawie otrzymanych wyników wywnioskowałam, że nastąpiła introgresja genomu M pochodzącego z populacji *M. edulis* z Morza Północnego, podobnie jak genomu F, do populacji *M. trossulus* w południowym Bałtyku. Obserwowałam zaskakująco niską ( $K=0.005-0.007$ ) dywergencję pomiędzy genomami F Bałtyckiego *M. trossulus*, *M. edulis* i *M. galloprovincialis*. Te niewielkie różnice wskazują na to, że wszystkie trzy genomy F są blisko spokrewnione z haplotypem *M. edulis*. Przeprowadziłam także doświadczenia mające na celu wykrycie obecności jądrowych pseudogenów mitochondrialnych (numts), których występowanie potwierdzono u wielu przedstawicieli eukariota. Celem mojej pracy była weryfikacja hipotezy, że obserwowana heteroplazmia wariantów mitochondrialnego DNA nie pochodzi z jądrowego DNA. Po przeprowadzeniu eksperymentów hybrydyzacji z użyciem sond komplementarnych do wybranych fragmentów mtDNA Bałtyckiego *M. trossulus*, nie wykryłam jądrowych pseudogenów mitochondrialnych. Wyniki przedstawionych powyżej badań dotyczących sekwencjonowania dwóch całych

genomów mtDNA oraz identyfikacji taksonu Bałtyckich małży zostały opisane w pierwszej publikacji [1].

Początkowo sądzono, że po inwazji małży z Pacyfiku do Atlantyku, *M. trossulus* skolonizował tylko kanadyjskie wybrzeża Atlantyku oraz w Europie Morze Bałtyckie. Czyste gatunkowo małże *M. trossulus* oprócz populacji Pacyficznych zostały znalezione w Atlantyku tylko w populacjach Amerykańskich (Riginos i Cunningham, 2005). Beaumont i wsp., (2008) odkryli występowanie małży *M. trossulus* na zachodnich wybrzeżach Szkocji. Genom F *M. trossulus* z Północnej Ameryki został całkowicie zsekwencjonowany przez Breton i wsp., (2006) i charakteryzował się występowaniem sekwencji zarówno podobnych do genomu M jak i genomu F w CR. Dotychczas znane były tylko sekwencje trzech fragmentów genomu M pochodzącego z Amerykańskich populacji *M. trossulus*. Jeden z nich obejmował fragment genu *lrrna*, cały CR oraz fragment kodujący *cob* (Cao i wsp., 2009). Dwa kolejne obejmowały części genów kodujących pierwszą i trzecią podjednostkę oksydazy cytochromowej *cox1* i *cox3* (Riginos i wsp., 2004). Kompletne sekwencje mtDNA genomów F i M pochodzących z Bałtyckiego omułka *M. trossulus* zaprezentowane we wcześniejszej pracy [1] charakteryzowały się małą odległością genetyczną w stosunku do genomów F i M *M. edulis*. Wskazywało to na ich pochodzenie od *M. edulis* poprzez niedawną introgresję (Kijewski i wsp., 2006).

Kontynuując swoją pracę na temat mtDNA *M. trossulus* chciałam odpowiedzieć na pytanie, czy *M. trossulus* zidentyfikowany w Loch Etive w Szkocji w pracy Beaumont i wsp., (2008) na podstawie jądrowego DNA, pochodzi z Ameryki Północnej czy z populacji bałtyckich. Pobrałam próbę *Mytilus* spp. w Loch Etive składającą się z dojrzałych rozrodczo małży, określiłam ich płeć i wyizolowałam DNA z gamet. Przy pomocy trzech wcześniej używanych markerów jądrowych [1] wykazałam mieszane pochodzenie tej populacji. Zaobserwowałam wysoką frekwencję małży mających markery diagnostyczne *M. trossulus*, oraz 11% heterozygot lub małży posiadających pośrednią wartość indeksu hybrydowego. Na podstawie struktury genetycznej badanej populacji doszłam do wniosku, że hybrydyzacja małży w Loch Etive jest na etapie pośrednim w porównaniu do północnoamerykańskich populacji, gdzie nie ma hybrydyzacji i populacji bałtyckich, gdzie zaszła rozbudowana introgresja. Moje wyniki wskazują na osobną inwazję północnoamerykańskich małży *M. trossulus* w Szkocji i w Morzu Bałtyckim.

W trakcie badań, które składają się na publikację [2] uzyskałam pełne sekwencje trzech genomów mtDNA *M. trossulus* (jeden genom F i dwa M). Porównując wyniki do znanych sekwencji *M. trossulus*, wykazałam bardzo duże podobieństwo genomów mtDNA ze Szkocji

do genomów *M. trossulus* z Ameryki Północnej, oraz duże zróżnicowanie w stosunku do Bałtyckich genomów. Moja praca była pierwszym doniesieniem o występowaniu natywnych genomów mtDNA *M. trossulus* w Europie, dodatkowo opublikowałam pierwszą kompletną sekwencję natywnego genomu M, pochodzącego od pierwotnego *M. trossulus*. Potwierdziłam obecność podwójnie uniparentalnego dziedziczenia mtDNA w populacji ze Szkocji. Wykazałam, że dywergencja w sekwencji nukleotydów pomiędzy genomami F i M wynosi 26%, podobnie jak to jest w typowych genomach F i M innych przedstawicieli *Mytilus*. Zaobserwowałam też podobny do zsekwencjonowanych dotychczas mtDNA genomów *Mytilus*, układ genów. Różnica pomiędzy dwoma genomami M wynosiła 960 par zasad i była spowodowana duplikacją w CR. Tego rodzaju duplikacja nie była dotąd obserwowana w populacjach *M. trossulus* z Ameryki Północnej (Cao i wsp., 2009). Wyniki badań dotyczące małży z Loch Etive w Szkocji, gdzie stwierdzono obecność pierwotnego mtDNA *M. trossulus* w Europie zostały przedstawione w publikacji [2].

W następnych latach kontynuowałam prace nad Bałtyckim omułkiem dotyczące hybrydyzacji i introgresji. W publikacji [3] przedstawiłam kompletne sekwencje reprezentatywnego zestawu, składającego się z 11 genomów mitochondrialnych bałtyckiego omułka *M. trossulus*. Wśród zsekwencjonowanych przeze mnie haplotypów, jeden był bardzo podobny do natywnego genomu mitochondrialnego *M. trossulus*, dotąd uważanego za całkowicie wyeliminowany z tej populacji. Stwierdziłam, że jest to genom F posiadający zrekombinowaną strukturę oraz liczne i długie powtórzenia w CR, trzy razy dłuższe niż w odpowiadających im genomach ze Szkocji [2] i Kanady (Breton i wsp., 2006). Po przeprowadzeniu analizy filogenetycznej i porównawczej wszystkich zsekwencjonowanych genomów okazało się, że rekombinacja jest ograniczona tylko do okolic głównego rejonu niekodującego. Po przeprowadzeniu analizy porównawczej sekwencji kodujących dowiedliśmy, że wszystkie genomy dziedziczone w linii męskiej wykazują zwiększoną kumulację podstawień niesynonimicznych, dotyczy to także tych genomów które dopiero od niedawna są dziedziczone w ten sposób. Dodatkowo, porównując całe genomy mtDNA *Mytilus* można stwierdzić, że zjawisko rekombinacji poprzedza maskulinizację genomu F i genomy posiadające w CR fragment podobny do genomu M ulegają preferencyjnie maskulinizacji. Jednak obserwowałam również zmaskulinizowane genomy nieposiadające sekwencji odpowiadającej genomowi M, co sugeruje istnienie innych czynników warunkujących sposób dziedziczenia niż rozpoznawanie poszczególnych sekwencji w obrębie rejonu niekodującego.

Międzygatunkowa hybrydyzacja w Morzu Bałtyckim spowodowała niezgodność cytonuklearną, charakteryzującą się prawie wyłączną obecnością mtDNA *M. edulis* w

bałtyckich małżach *Mytilus* oraz tło jądrowe zdominowane przez *M. trossulus* [5]. Zjawisko to w konsekwencji stworzyło warunki zarówno strukturalnej jak i ewolucyjnej niestabilności mitochondrialnego DNA. Efektem tej sytuacji, obserwowanej w mojej pracy są unikalne cechy hybrydowej populacji małży *Mytilus* z Morza Bałtyckiego, takie jak wysoki poziom rekombinacji, maskulinizacji, heteroplazmii, występowanie wariantów długości i rearanżacje strukturalne w obrębie mtDNA.

Taksony *Mytilus* są nierozróżnialne morfologicznie w Europejskich wodach, może to być adaptacją muszli do życia w różnych warunkach środowiska, w skali makrogeograficznej, lokalizacja wywiera większy wpływ niż genotyp (Gardner i Thompson, 2009). Początkowo do definiowania taksonów używano allozymów oraz kilka diagnostycznych markerów jądrowych, ale ich liczba była ograniczona i często dawały sprzeczne wyniki, w szczególności w rejonach o znanej lub potencjalnie występującej hybrydyzacji (Heath i wsp., 1995; Inoue i wsp., 1995; Bierne i wsp., 2003b; Kijewski i wsp., 2006). Genom F mtDNA, reprezentujący jeden locus genomu był również używany jako marker genetyczny do określenia struktury genetycznej. W strefach hybrydyzacji ulega on introgresji (Śmietanka i wsp., 2004). Badania rozmieszczenia taksonów *Mytilus*, w dużej skali europejskiej były ograniczone tylko do jednego lub trzech markerów jądrowych (Śmietanka i wsp., 2004; Kijewski i wsp., 2011).

W trakcie swoich badań opracowałam nowe wiarygodne markery do odróżniania taksonów *Mytilus* i ich hybryd. Markery wcześniej stosowane były niewystarczające do identyfikacji pochodzenia geograficznego małży i dokładnej identyfikacji taksonów. Odkryłam nowe markery molekularne oparte na polimorfizmie pojedynczych nukleotydów (SNP). SNP są to mutacje punktowe, zmienność sekwencji DNA polegająca na zmianie pojedynczego nukleotydu pomiędzy lub w obrębie osobników danego gatunku. SNP zlokalizowane w regionach kodujących mogą być wykorzystywane do rozróżniania loci będących pod wpływem presji selekcyjnej od loci neutralnych (Morin i wsp., 2004).

Na podstawie sekwencji - dostępnych w GenBank, wybrałam dziesięć fragmentów jądrowego DNA, zaprojektowałam specyficzne startery do amplifikacji PCR większości wybranych fragmentów DNA. Do amplifikacji użyłam DNA pochodzące od kilku osobników *M. trossulus*, *M. edulis* i *M. galloprovincialis*. Na podstawie uzyskanych sekwencji genomowego DNA pochodzącego z trzech grup taksonomicznych, zidentyfikowałam 37 potencjalnych SNP. Genotypowanie SNP, próby składającej się z 499 osobników małży *Mytilus* z 24 europejskich populacji zostało przeprowadzone przy użyciu technologii MassARRAY IPLEX Gold technology, zgodnie z procedurą opracowaną przez Sequenom (Gabriel i wsp.,



2009). Dwadzieścia jeden SNP było polimorficznych dla większości badanych populacji. Były one zlokalizowane w sekwencjach kodujących i niekodujących niektórych funkcjonalnie ważnych genów. Odkryłam osiem nowych SNP zlokalizowanych w genach rodziny histonów, *hsp 70* i *p53*, które mogą być stosowane jako nowe markery taksonomiczne *Mytilus* w skali europejskiej. Pięć z nich różnicowało genom *M. trossulus*, dwa *M. galloprovincialis*, oraz jeden *M. edulis*. Inne SNP różnicowały populacje w obrębie taksonu. Wyniki uzyskane przy użyciu Analizy Korespondencji (Belkhir i wsp., 2003) i STRUCTURE (Falush i wsp., 2007) bardzo czytelnie ukazywały strukturę genetyczną i rozdzielność pomiędzy trzema taksonami *Mytilus*: *M. edulis*, *M. trossulus*, i *M. galloprovincialis*, demonstrując zróżnicowanie pomiędzy i w obrębie badanych populacji oraz stopień wymieszania pul genowych u hybryd. W ramach pracy szczegółowo scharakteryzowałam kilka rejonów gdzie zachodzi hybrydyzacja trzech badanych taksonów, w szczególności dotyczy to hybrydyzacji pomiędzy *M. edulis* i *M. trossulus*: Morze Bałtyckie, Szkocja i Norwegia. Populacje z tych rejonów miały prawie wszystkie badane loci polimorficzne. Metoda opracowana przeze mnie jest cennym narzędziem w badaniach populacji europejskich małży *Mytilus*. Wyniki tych badań zostały przedstawione w mojej publikacji [4] opisującej identyfikację i walidację nowych markerów SNP w małżach w rodzaju *Mytilus*.

W kolejnych latach kontynuowałam badania związane z markerami SNP, zajęłam się ich poszukiwaniem na większą skalę. Moje badania były skoncentrowane głównie na obszarze obejmującym strefę hybrydyzacji między Morzem Bałtyckim i Cieśninami Duńskimi. Morze Bałtyckie zostało skolonizowane przez małże *Mytilus* spp. około 7000 lat temu, po ostatnim okresie słodkowodnym i wyodrębnieniu się tego obszaru jako ekosystem morski (słonawy) (Zillén i wsp., 2008). W ramach prowadzonych w naszym laboratorium prac, została skonstruowana nowa biblioteka cDNA utworzona z komórek pochodzących z płaszczka jednego samca *Mytilus* pobranego z Zatoki Gdańskiej (hybryda *M. trossulus* x *M. edulis*). Badania te miały między innymi na celu, zwiększenie liczby dostępnych sekwencji potrzebnych do znalezienia nowych SNP. Przeprowadziłam porównanie uzyskanych sekwencji EST z odpowiednimi sekwencjami zdeponowanymi w GenBank (głównie sekwencje pochodzące od *M. galloprovincialis* i *M. edulis*) za pomocą programu ClustalX (Thompson i wsp., 1997). Następnie używając programu Staden (Staden i wsp., 2001) przeprowadziłam zestawienie wielu sekwencji w celu odkrycia nowych SNP. Znalazłam 340 prawdopodobnych SNP i wybrałam 60 polimorficznych do genotypowania 642 osobników małży z Bałtyku, Cieśnin Duńskich i Pacyfiku. W wyniku prowadzonych prac scharakteryzowałam 49 nowych markerów

SNP, które różnicują populacje obszaru Morza Północnego i Bałtyckiego. Zaobserwowałam, że dla większości z badanych SNP, częstotliwości alleli ulega gwałtownej zmianie, tworząc zgodne, wąskie kliny przy wejściu do Morza Bałtyckiego (Kattegat i Sund). Na podstawie tych badań, doszłam do wniosku, że granica oddzielająca populacje z przewagą genów *M. edulis* od tych z przewagą genów *M. trossulus* jest położona na wschód od wysp Falster i Moen w południowej części Cieśnin Duńskich. Zaobserwowałam, że zdecydowana większość nowych markerów SNP wykazała większy udział genów *M. trossulus* niż *M. edulis* w jądrowym DNA Bałtyckiego *Mytilus*. Oznacza to, że użycie większej liczby markerów jądrowych wykazuje, że małże *Mytilus* z Morza Bałtyckiego są znacznie bliżej spokrewnione z *M. trossulus* niż z *M. edulis* aniżeli dotychczas uważano. Potwierdziłam istnienie silnej izolacji rozrodczej, spowodowanej prawdopodobnie przez egzogenne (np. adaptacja do słonawych wód) i endogenne czynniki prezygotyczne oraz postzygotyczne (np. selekcja przeciwko hybrydom). Zidentyfikowałam także w Bałtyckich populacjach *Mytilus*, kilka markerów SNP o podwyższonym poziomie introgresji alleli charakterystycznych dla *M. edulis* w porównaniu do referencyjnej populacji *M. trossulus* z Pacyfiku. Moje badania wykazały złożoność Bałtyckiej strefy hybrydowej i wyraźnie pokazały, że populacje z Cieśnin Duńskich i Øresund są bardziej złożone z mieszaniny dwóch taksonów niż te z wewnętrznej części Bałtyku. Wyniki powyższych badań są przedstawione w publikacji [5] i wskazują na ogromny potencjał nowych markerów SNP w badaniu stref hybrydyzacji taksonu *Mytilus*.

Podsumowując, najważniejszymi odkryciami przedstawionymi w publikacjach składających się na moje osiągnięcie naukowe są:

- Kompletnie sekwencje reprezentatywnego zestawu składającego się z 16 genomów mitochondrialnych małży taksonu *Mytilus*, które posiadają mieszany skład markerów genetycznych: *M. edulis* i *M. trossulus* oraz pochodzą z populacji, które ulegają hybrydyzacji i introgresji.
- Pierwszy raport o obecności pierwotnych genomów mtDNA *M. trossulus* w Europie.
- Potwierdzenie, że międzygatunkowa hybrydyzacji w Morzu Bałtyckim stworzyła warunki do wystąpienia strukturalnej i ewolucyjnej niestabilności mtDNA (rearanzacje strukturalne, zwielokrotnienie, delecje i rekombinacje fragmentów regionu niekodującego).
- Stwierdzenie, że hybrydyzacja mogła spowodować nagły i gwałtowny wzrost niezgodności genomu M, co sprzyjało maskulinizacji.

- Stwierdzenie, że u bałtyckich małży *Mytilus* tło jądrowe jest zdominowane przez allele charakterystyczne dla *M. trossulus* (małże *Mytilus* z Morza Bałtyckiego są znacznie bliżej spokrewnione z *M. trossulus* niż z *M. edulis*).

- Odkrycie 80 nowych markerów SNP, które wykazują wysoki potencjał w badaniu stref hybrydyzacji małży z taksonów *Mytilus*.

Przedstawione powyżej wyniki, pokazują zmiany w strukturze genetycznej i w sekwencji genomów małży *M. trossulus* występujących na obszarach objętych hybrydyzacją i introgresją. Jak również uzupełniają wiedzę na temat mechanizmu powstania i ewolucji zrekombinowanych genomów mitochondrialnych małży z podwójnie uniparentalnym systemem dziedziczenia mitochondrialnego DNA (DUI).

### Cytowana literatura (z wyjątkiem publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe)

Beaumont AR, Hawkins MP, Doig FL, Davies IM, Snow M (2008) Three species of *Mytilus* and their hybrids identified in a Scottish Loch: natives, relicts and invaders? *J Exp Mar Biol Ecol* 367:100–110

Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (2003) GENETIX version 4.04, logiciel sous Windows™ pour la genétique des populations. Laboratoire Genome, Populations, Interactions: CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier

Bierne N, Borsa P, Daguin C, Jollivet D, Viard F, Bonhomme F, David P (2003a) Introgression patterns in the mosaic hybrid zone between *Mytilus edulis* and *M. galloprovincialis*. *Mol Ecol* 12:447–461

Bierne N, Daguin C, Bonhomme F, David P, Borsa P (2003b) Direct selection on allozymes is not required to explain heterogeneity among marker loci across a *Mytilus* hybrid zone. *Mol Ecol* 12:2505–2510

Borsa P, Daguin C, Bierne N (2007) Genomic reticulation indicates mixed ancestry in Southern-Hemisphere *Mytilus* spp. mussels. *Biol J Linn Soc* 92:747–754

Breton S, Burger G, Stewart DT, Blier PU (2006) Comparative analysis of gender-associated complete mitochondrial genomes in marine mussels (*Mytilus* spp.). *Genetics* 172:1107–1119

Burzyński A, **Zbawicka M**, Skibinski DOF, Wenne R (2003) Evidence for recombination of mtDNA in the marine mussel *Mytilus trossulus* from the Baltic. *Molecular Biology and Evolution*, 20(3): 388-392.

Burzyński A, **Zbawicka M**, Skibinski DOF, Wenne R (2006) Doubly Uniparental Inheritance is Associated with High Polymorphism for Rearranged and Recombinant Control Region Haplotypes in Baltic *Mytilus trossulus*. *Genetics*, 174: 1081–1094, IF 3,889

Cao L, Ort BS, Mizi A, Pogson G, Kenchington E et al (2009) The control region of maternally and paternally inherited mitochondrial genomes of three species of the sea mussel genus *Mytilus*. *Genetics* 181:1045–1056

Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2007) Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Mol Ecol Notes* 7:574–578

Gabriel S, Ziaugra L, Tabbaa D (2009) SNP genotyping using the Sequenom MassARRAY iPLEX platform. *Curr Protoc Hum Genet* 60: 2.12.1–12.12.18

Gardner, J.P.A., Thompson, R.J., 2009. Influence of genotype and geography on shell shape and morphometric trait variation among North Atlantic blue mussel (*Mytilus* spp.) populations *Biol. J. Linn. Soc.* 96, 875–897.

Gerard K, Bierne N, Borsa P, Chenuil A, Feral JP (2008) Pleistocene separation of mitochondrial lineages of *Mytilus* spp. Mussels from Northern and Southern Hemispheres and strong genetic differentiation among southern populations. *Mol Phy Evol* 49:84–91

Gosling E (1992) Genetics of *Mytilus*. In: Gosling E (ed) *The mussels Mytilus: ecology, physiology, genetics and culture*. Elsevier, The Netherlands, pp 309–382

- Heath DD, Rawson PD, Hilbish TJ (1995) PCR-based nuclear markers identify alien blue mussel (*Mytilus* spp.) genotypes on the west coast of Canada. *Can J Fish Aquat Sci* 52:2621–2627
- Inoue K, Waite JH, Matsuoka M, Odo S, Harayama S (1995) Interspecific variations in adhesive protein sequences of *Mytilus edulis*, *M. galloprovincialis*, and *M. trossulus*. *Biol Bull* 189: 370–375
- Kijewski T, **Zbawicka M**, Väinölä R, Wenne R (2006) Introgression and mitochondrial DNA heteroplasmy in the Baltic populations of mussels *Mytilus trossulus* and *M. edulis*. *Marine Biology* 149: 1371–1385
- Kijewski T, Smietanka B, **Zbawicka M**, Gosling E, Hummel H, Wenne R (2011) Distribution of *Mytilus* taxa in European coastal areas as inferred from molecular markers. *J Sea Res* 65:224–234
- Morin PA, Luikart G, Wayne RK (2004) SNP in ecology, evolution and conservation. *Trends Ecol Evol* 19:208–216
- Riginos C, Cunningham CW (2005) Local adaptation and species segregation in two mussel (*Mytilus edulis* × *Mytilus trossulus*) hybrid zones. *Mol Ecol* 14: 381–400
- Riginos C, Hickerson MJ, Henzler CM, Cunningham CW (2004) Differential patterns of male and female mtDNA exchange across the Atlantic Ocean in the blue mussel, *Mytilus edulis*. *Evolution* 58, 2438–2451
- Skibinski DO, Gallagher C, Beynon CM (1994) Mitochondrial DNA inheritance. *Nature* 368:817–818
- Śmietanka B, **Zbawicka M**, Wołowicz M, Wenne R (2004). Mitochondrial DNA lineages in the European populations of mussels *Mytilus*. *Marine Biology*, 146 (1): 79 - 92.
- Staden R, Judge DP, Bonfield JK (2001) Sequence assembly and finishing methods. In: Baxevanis AD, Ouellette BFF (eds) *Bioinformatics. A practical guide to the analysis of genes and proteins*. Wiley, New York
- Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F, Jeanmougin F, Higgins DG (1997) The CLUSTAL\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Res* 25: 4876–4882
- Väinölä R, Hvilson MM (1991) Genetic divergence and a hybrid zone between Baltic and North Sea *Mytilus* populations (Mytilidae: Mollusca). *Biol J Linn Soc* 43:127–148
- Wenne R., Skibinski DOF (1995). Mitochondrial DNA heteroplasmy in European populations of the mussel *Mytilus trossulus*. *Mar. Biol.* 122, 619–624
- Zbawicka M**, Skibinski DOF, Wenne R (2003) Doubly uniparental transmission of mitochondrial DNA length variants in the mussel *Mytilus trossulus*. *Marine Biology*, 142: 455–460
- Zbawicka M**, Wenne R, Skibinski DOF (2003) Mitochondrial DNA variation in populations of the mussel *Mytilus trossulus* from the Southern Baltic. *Hydrobiologia*, 499: 1–12
- Zillén L, Conley DJ, Andrén T, Andrén E, Björck S (2008) Past occurrences of hypoxia in the Baltic Sea and the role of climate variability, environmental change, and human impact. *Earth Sci Rev* 91: 77–92
- Zouros E, Oberhauser Ball A, Saavedra C, Freeman KR (1994) An unusual type of mitochondrial DNA inheritance in the blue mussel *Mytilus*. *Proc Natl Acad Sci USA* 91:7463–7467

## 5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo - badawczych (artystycznych).

W 1992 roku ukończyłam z wyróżnieniem Wydział Biologii, Geografii i Oceanologii na Uniwersytecie Gdańskim. Pracę magisterską „Badanie roli białek  $\lambda O$  i  $\lambda P$  w replikacji plazmidów  $\lambda dv$  w mutancie *Escherichia coli* dnaA46” wykonałam w Katedrze Biologii Molekularnej pod kierunkiem prof. dr hab. Karola Taylora. W lutym 1993 roku, zostałam zatrudniona jako asystent w Centrum Biologii Morza Polskiej Akademii Nauk, w Pracowni Genetyki, której kierownikiem był w tym czasie dr Roman Wenne. Od pierwszych lat pracy, moje badania dotyczyły zagadnień związanych z mitochondrialnym DNA małży (*Mytilus*

*trossulus*) z Zatoki Gdańskiej. Prace koncentrowały się na badaniach związanych z heteroplazmią długości mtDNA i niedawno odkrytym zjawiskiem podwójnie uniparentalnego dziedziczenia mitochondrialnego DNA (DUI), występującego u tych małży. W ramach gromadzenia prób do badań, wielokrotnie brałam udział w rejsach naukowych po Zatoce Gdańskiej na k/h Oceanograf 2, jako członek ekipy badawczej.

W 1996 roku otrzymałam stypendium Rządu Francuskiego i przez 6 miesięcy pracowałam w Centre de CNRS Genetique Moleculaire w Gif-sur-Yvette pod kierunkiem Profesora Jean Claude Mounolou. Brałam udział w badaniu mitochondrialnego DNA krewetek. Moja praca polegała na wykonywaniu eksperymentów obejmujących klonowanie i sekwencjonowanie części genów mitochondrialnych. Prowadziłam również porównawczą analizę filogenetyczną (Garcia-Machado i wsp., 1999).

W latach 1996-1997 uzyskałam grant Komitetu Badań Naukowych, dotyczący polimorfizmu mitochondrialnego DNA omułka z polskiego wybrzeża Morza Bałtyckiego. Dodatkowo, w latach 1996-1999 uczestniczyłam jako wykonawca w projektach badawczych realizowanych w laboratorium Genetyki (Załącznik 4, II-I 2). Badałam różnorodność populacji małży z polskiego wybrzeża Bałtyku. Początkowo moje badania były skoncentrowane na genomie F. Stosowałam amplifikację PCR oraz analizę RFLP regionu obejmującego fragmenty genów *nad2* i *cox3*, aby scharakteryzować haplotypy mtDNA. W dalszej kolejności przebadałam tkanki somatyczne i generatywne na obecność różnych typów mtDNA. Wyniki wskazywały na istnienie dwóch, bliskich filogenetycznie genomów: żeńskiego i męskiego. Do identyfikacji wariantów długości głównego rejonu niekodującego (CR) używałam amplifikacji PCR. Zidentyfikowałam siedemnaście wariantów długości obecnych w osobnikach homo- i heteroplasmacyjnych. Dwa warianty długości głównego rejonu niekodującego występowały najczęściej. Heteroplazmię długości stwierdziłam u 46,8% samców i była ona najczęściej spowodowana obecnością krótkiego wariantu długości głównego rejonu niekodującego. Przeprowadzone badania wskazywały, że krótki wariant długości był zawsze przekazywany do plemników i przejął rolę genomu M. Wykazałam, że pozostałe warianty długości były obecne zarówno u samców jak i u samic. Moje badania podkreśliły również potencjalną użyteczność wariantów długości mtDNA w badaniach zróżnicowania populacji *Mytilus*.

Wyniki tych badań posłużyły jako podstawa do mojej rozprawy doktorskiej, która dotyczyła badania zróżnicowania i transmisji mitochondrialnego DNA w populacjach małży *M. trossulus*, którą wykonywałam pod kierunkiem dr hab. Romana Wenne i obroniłam w listopadzie 2000 roku. Wyniki tych prac zostały opublikowane (Zbawicka i wsp., 2003a, b). W

latach 1997-98 brałam udział w międzynarodowym projekcie badawczym dotyczącym mechanizmu powstawania heteroplazmii. Z tym projektem związany był mój jednomiesięczny pobyt na Uniwersytecie w Helsinkach (Załącznik 4, III-L 2).

W latach 2005-2008 uczestniczyłam w projekcie dotyczącym zagadnień związanych z rekombinacją mtDNA u małży *M. trossulus* z Bałtyku (Załącznik 4, II-I 3, 6). Zjawisko to zostało odkryte w naszym laboratorium. Byłam odpowiedzialna za większość prac związanych z określeniem płci, amplifikacją PCR oraz sekwencjonowaniem. W wyniku naszych prac dostarczyliśmy dowody na powszechność rekombinacji mtDNA w małżach *Mytilus*. Przedmiotem badań był rejon mtDNA począwszy od genu 16S rRNA i kończący się w genie cytochromu b, obejmujący CR. Początkowo znaleźliśmy dwa zrekombinowane warianty, które składały się z mozaiki sekwencji podobnych do genomu F i M. Oba warianty posiadały CR, pochodzący od genomu M, i oba były przekazywane do plemników jak genomy M. Odkryliśmy, że przedstawione tu zrekombinowane genomy posiadają rejon niekodujący pochodzący z genomu M, *M. edulis*. Kontynuowaliśmy te badania poprzez analizę rejonu niekodującego mtDNA w większej grupie samców i samic bałtyckich małży *M. trossulus*. Próbe analizowano poprzez hybrydyzację metodą Southerna i amplifikację PCR. Wybrane produkty amplifikacji PCR zostały zsekwencjonowane. Pokazaliśmy, że wielka różnorodność rearanżacji strukturalnych jest obecna u obu płci. Próbkę plemników było zdominowane przez zrekombinowane haplotypy posiadające fragment rejonu niekodującego podobnego do genomu M, *M. edulis*. Niektóre z nich posiadały duże duplikacje w tym rejonie. Natomiast w haplotypach, które dominowały w komórkach jajowych brakowało segmentów genomu M. Zademonstrowaliśmy, że powstałe rearanżacje można wyjaśnić poprzez połączenie duplikacji, delecji i międzycząsteczkowej rekombinacji. Wyniki badań rekombinacji przedstawiono w dwóch publikacjach (Burzyński i wsp., 2003; 2006 - Załącznik 4, publikacja II-A 9, 12).

W następnych latach brałam udział w badaniach markerów jądrowych (Załącznik 4, II-I 2). Początkowo moja praca dotyczyła identyfikacji taksonu *Mytilus* na obszarach przybrzeżnych Europy, na dużą skalę geograficzną za pomocą markera białka adhezyjnego (Me15/16). Zidentyfikowałam trzy oczekiwane fragmenty DNA, diagnostyczne dla każdego z trzech badanych taksonów *Mytilus*. Wyniki tych badań zostały przedstawione w publikacji na temat pochodzenia mtDNA w europejskich populacjach *Mytilus* spp. (Śmietanka i wsp., 2004).

Następnie kontynuowałam pracę, koncentrując się na populacjach bałtyckich małży *Mytilus*. Użyłam trzech markerów DNA jądrowego w celu identyfikacji taksonów *Mytilus*: Me15/16, ITS, oraz Efbis. W ramach prowadzonych prac opracowałam nową, w pełni diagnostyczną metodę analizy markera EFbis, poprzez RFLP. Produkty PCR trawiłam dwoma

endonukleazami *Hin6I* i *RsaI*. Przetestowałam tę metodę wykorzystując osobniki *M. trossulus* z Kanady, *M. galloprovincialis* z północnej Hiszpanii oraz *M. edulis* z Holandii. Wszystkie próbki z Cieśnin Duńskich i wewnętrznego Bałtyku pokazały dokładnie mieszany skład genetyczny markerów *M. edulis* i *M. trossulus*. Zaobserwowaliśmy rozległą introgresję alleli *M. edulis* z Morza Północnego do populacji Bałtyckich obejmującą mtDNA oraz dwa markery jądrowe (ME15/16 i ITS), podczas gdy introgresja w przeciwnym kierunku, alleli *M. trossulus* do populacji *M. edulis* z Kattegatu (Cieśniny Duńskie) była obserwowana tylko dla markera jądrowego EFbis (Kijewski i wsp., 2006).

W kolejnym projekcie (Załącznik 4, III-A 1, 2), który koncentrował się na dystrybucji taksonów *Mytilus* w europejskich obszarach przybrzeżnych, zastosowałam ten sam zestaw trzech markerów jądrowego DNA. Efektem tych prac była następna publikacja (Kijewski i wsp., 2011). Nasze prace ujawniły występowanie wąskiego klina pomiędzy Atlantyckim i Śródziemnomorskim omułkiem *M. galloprovincialis*. Obserwowaliśmy także wyraźne zróżnicowanie genetyczne między populacjami *M. galloprovincialis* z Morza Czarnego i Morza Śródziemnego oraz większą częstość występowania *M. trossulus* w populacjach północnoeuropejskich niż zgłaszaną do tej pory. Zgłosiliśmy po raz pierwszy występowanie alleli *M. trossulus* w wodach Islandii oraz w Morzu Barentsa i Morzu Białym.

Następne badania, w których brałam udział, koncentrowały się na kwestii pochodzenia małży *M. trossulus*, które zachowały swój rodzimy mtDNA, w wodach europejskich. Chcieliśmy ustalić, czy są one częścią obecnej populacji, ale wcześniej niewykryte, czy też zostały one rozprzestrzenione za pośrednictwem ludzkiej działalności i jest to gatunek inwazyjny. Odcinek DNA obejmujący część genów *cox3* i *nad2* o długości około 1200 par zasad, pochodzący z dwóch genomów mitochondrialnych *M. trossulus*, został poddany amplifikacji PCR przy użyciu specyficznych dla danego taksonu starterów. Próby pochodziły z populacji Atlantyckich (Kanada, Loch Etive w Szkocji) oraz Pacyficznych (Kanada, Aleuty, Morze Japońskie). Zastosowane przez nas analizy filogeograficzne wskazały Zachodni Atlantyk jako źródło europejskich małży *M. trossulus*, przynajmniej tych, które zachowały swój rodzimy mtDNA. Przeprowadziliśmy próbę datowania tego wydarzenia, używając do porównania, jako odnośnik, znany przypadek introdukcji małży *M. galloprovincialis* z Morza Śródziemnego do Azji. Nasze wyniki wskazywały na najbardziej prawdopodobne, że inwazja małży *M. trossulus* do Europy, nie odbyła się za pośrednictwem człowieka. Powyższe badania były realizowane w ramach projektu badawczego (Załącznik 4, II-I 9) i zostały opisane w publikacji na temat genomów mitochondrialnych subarktycznych populacji *M. trossulus* (Śmietanka i wsp., 2013).

Uczestniczyłam również w europejskim programie BONUS plus, w realizacji projektu dotyczącego badania genetycznej bioróżnorodności w Morzu Bałtyckim (Załącznik 4, III-A 2, II-I 8). Efektem tej współpracy była wspólna publikacja prezentująca siedem gatunków ekosystemu Bałtyku, istotnych ekologicznie (Wennerstrom i wsp., 2013). W powyższym projekcie byłam odpowiedzialna za gatunek *Mytilus* spp., użyłam loci SNP jako jądrową informację genetyczną. Markery SNP zostały opracowane przeze mnie we wcześniejszych pracach. Naszym głównym wnioskiem było stwierdzenie, że w ekosystemie Morza Bałtyckiego, gdzie występują gradienty środowiskowe i gdzie poszczególne gatunki mają różne pochodzenie (słodkowodne lub morskie), nie ma wspólnych wzorów zróżnicowania genetycznego. Każdy gatunek posiada unikalny wzorzec różnorodności i rozbieżności genetycznej oraz swoistą lokalizację barier dla przepływu genów.

Obecnie kontynuuję badania nad molekularną biogeografią morskich małży. Informacje na temat genetycznej bioróżnorodności są bardzo ważne dla skutecznego zarządzania i ochrony gatunków. Niedawno zaobserwowano zmiany w rozmieszczeniu małży morskich. W ramach realizacji grantu (Załącznik 4, II-I 10) opracowałam metodę genotypowania SNP w celu ustalenia pochodzenia populacji małży, należących do różnych taksonów, w skali globalnej oraz określania obecności obcych, nierodzimych małży (introdukowanych). Zebraliśmy próby z sześciu kontynentów, należące do pięciu taksonów *Mytilus*: z regionów odizolowanych od wpływu żeglugi morskiej oraz innej działalności człowieka, z odległych wysp, z portów oraz akwakultur. Zbadałam także taksonomiczne i geograficzne pochodzenie produktów spożywczych na podstawie małży dostępnych w polskich sklepach. W trakcie prowadzonych badań za pomocą markerów SNP, wykryłam i udokumentowałam po raz pierwszy obecność małży *M. trossulus* na wybrzeżach Grenlandii. Odkryłam nieznaną formę hybrydy trzech taksonów *Mytilus* (*M. galloprovincialis*, *M. platensis* i *M. chilensis*) na atlantyckim wybrzeżu Argentyny. Hybrydy mogły powstać w wyniku wprowadzenia do środowiska naturalnego importowanych próbek małży hodowlanych. Wyjaśnienie tego zjawiska będzie przedmiotem przyszłych badań. Odkryłam, że populacje *M. galloprovincialis* w Południowej Afryce powstały w wyniku introdukcji formy Atlantyckiej *M. galloprovincialis*, a nie Śródziemnomorskiej, jak sądzono wcześniej. Dane uzyskane w wyniku genotypowania SNP wyraźnie wskazują, że ta metoda jest nowym narzędziem, które może być wykorzystane do zilustrowania zmian zasięgów geograficznych natywnych oraz introdukowanych populacji małży, zwłaszcza na obszarach gdzie występują akwakultury. Wszystkie przedstawione powyżej wyniki są przygotowywane do publikacji.



## Cytowana literatura:

- Burzyński A, **Zbawicka M**, Skibinski DOF, Wenne R (2003) Evidence for recombination of mtDNA in the marine mussel *Mytilus trossulus* from the Baltic. *Molecular Biology and Evolution*, 20(3): 388-392.
- Burzyński A, **Zbawicka M**, Skibinski DOF, Wenne R (2006) Doubly Uniparental Inheritance is Associated with High Polymorphism for Rearranged and Recombinant Control Region Haplotypes in Baltic *Mytilus trossulus*. *Genetics*, 174: 1081–1094, IF 3,889
- Garcia-Machado E, **Pempera M**, Dennebouy N, Oliva-Suarez M, Mounolou J-C, Monnerot M (1999) Mitochondrial Genes Collectively Suggest the Paraphyly of Crustacea with Respect to Insecta. *J. Mol. Evol.*, 142-149
- Kijewski T, **Zbawicka M**, Väinölä R, Wenne R (2006) Introgression and mitochondrial DNA heteroplasmy in the Baltic populations of mussels *Mytilus trossulus* and *M. edulis*. *Marine Biology* 149: 1371-1385
- Kijewski T, Śmietanka B, **Zbawicka M**, Gosling E, Hummel H, Wenne R (2011) Distribution of *Mytilus* taxa in European coastal areas as inferred from molecular markers. *Journal of Sea Research*, 65, 224-234
- Śmietanka B, **Zbawicka M**, Wołowicz M, Wenne R (2004). Mitochondrial DNA lineages in the European populations of mussels *Mytilus*. *Marine Biology*, 146 (1): 79 - 92.
- Śmietanka B., **Zbawicka M**, Sańko T, Wenne R (2013) Molecular population genetics of male and female mitochondrial genomes in subarctic *Mytilus trossulus*. *Marine Biology* 160: 1709-1721
- Wennerstrom L, Laikre L, Ryman N, Utter FM, Ghani NIA, Andre C, De Faveri J, Johansson D, Kautsky L, Merila J, Mikhailova N, Pereyra R, Sandstrom A, Teacher AGF, Wenne R, Vasemagi A, **Zbawicka M**, Johannesson K, Primmer CR (2013) Genetic biodiversity in the Baltic Sea: species-specific patterns challenge management. *Biodiversity and Conservation*, 22:3045-3065
- Zbawicka M**, Skibinski DOF, Wenne R (2003) Doubly uniparental transmission of mitochondrial DNA length variants in the mussel *Mytilus trossulus*. *Marine Biology*, 142: 455-460
- Zbawicka M**, Wenne R, Skibinski DOF (2003) Mitochondrial DNA variation in populations of the mussel *Mytilus trossulus* from the Southern Baltic. *Hydrobiologia*, 499: 1-12

*Zbawicka M*