

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU (W JĘZYKU POLSKIM)

Ślimaki należące do nadrodziny Truncatelloidea, mające światowe rozmieszczenie, to głównie mieszkańcy źródeł i wód podziemnych, w tym także jaskiń. Jednym z ich centrów rozmieszczenia, czyli terenów, gdzie osiągają największą bioróżnorodność, jest Półwysep Bałkański, a zwłaszcza jego północno-zachodnia część. Bałkany stanowiły wielokrotnie refugium, chroniące europejską faunę w trakcie zlodowaceń. Wówczas też, w następstwie obniżenia poziomu Morza Śródziemnego o 100 m i więcej, liczne gatunki docierały tu z terenów Azji, a nawet Afryki. W wyniku tych wydarzeń fauna Bałkanów jest niezwykle bogata. Zarazem źródła, nie mówiąc już o jaskiniach, stanowią niewielkie rozmiarami, specyficzne siedliska, izolowane między sobą. To potencjalnie podnosi jeszcze bioróżnorodność. Spośród 350 obligatoryjnie podziemnych wodnych ślimaków w światowej faunie (z których 97% stanowią przedstawiciele Truncatelloidea), na północno-zachodnich Bałkanach występuje 148 gatunków zgrupowanych w 41 rodzajach i sześciu rodzinach. Podobnie wysoka różnorodność występuje jedynie w Indochinach.

Izolacja kolejnych stanowisk, choć intuicyjnie dość oczywista, bynajmniej nie musi być faktem – dotychczasowe badania wskazywały zwykle na istnienie pewnego przepływu genów – a więc osobników – pomiędzy stanowiskami. Biologia tych ślimaków jest na tyle słabo poznana, że nie możemy wykluczyć jakichś dla nas niejasnych, lecz dość efektywnych dróg migracji – zapewne pasywnej (najprawdopodobniej przenoszenie przez ptaki). Ponadto wykazano wielokrotnie, że stopień endemizmu – a więc izolacji – fauny jaskiń jest znacznie większy dla zwierząt lądowych niż wodnych. Siedliska interstycjalne – czyli wody podziemne wypełniające luźne osady wzdłuż brzegów i pod dnem rzek i strumieni – zapewniają warunki do życia zapewne co najmniej części gatunków zasiedlających jaskinie. Mogą więc stanowić korytarze, zapewniające wodnym mieszkańcom jaskiń ekspansję do innych jaskiń. Tego jednak jak dotąd nie sprawdzono, i to stanowi jeden z celów proponowanych badań. W wyznaczonych transektach ślimaki interstycjalne będą zbierane pomiędzy kolejnymi źródłami i jaskiniami, a porównanie struktury genetycznej – dla kilku markerów DNA – powinno wykazać, czy przepływ genów – czyli migracja – następuje rzeczywiście tymi potencjalnymi korytarzami.

Struktura genetyczna zwierząt zamieszkujących jaskinie jest słabo poznana, zbadano ją dla nielicznych gatunków zwierząt, w tym zaledwie dla paru gatunków ślimaków. Tymczasem jaskinie stanowią – w odróżnieniu od źródeł – długotrwale istniejące (co najmniej w tysiącach lat), zupełnie izolowane siedliska o niewielkich rozmiarach i specyficznych warunkach, nie zmieniających się w cyklu rocznym. Zamieszkuje je więc specyficzna fauna. Nie wiemy jednak czy jaskinie stanowią swoiste muzea, w których schroniły się gatunki, które później nie przetrwały na powierzchni, czy też bardziej są to laboratoria, w których postępują szybkie procesy ewolucyjne. Takie procesy – zwłaszcza specjacja – w tak niewielkich liczebnością populacjach zachodzić mogą znacznie szybciej niż w populacjach o większych liczebnościach. Specyficzne warunki zapewne powodują ostrą selekcję. Z drugiej strony, minimalny (o ile w ogóle występujący) napływ imigrantów, a także prostota biocenozy, zapewniająca obniżenie konkurencji czy presji drapieżników, kształtować muszą genetyczną strukturę takich populacji. Są to jednak jedynie domniemania, a nasze badania pozwolą na sprawdzenie tych hipotez, jak też rozstrzygnięcie, czy więcej tu muzeum czy laboratorium.

Rozważa się dwie konkurujące ze sobą koncepcje genezy fauny jaskiń: reliktu klimatycznego i adaptacyjnej modyfikacji. Zgodnie z koncepcją reliktu klimatycznego, preadaptowany przodek skolonizował jaskinie, stopniowo przystosowując się do panujących a nich warunków. Tymczasem klimat na powierzchni uległ zmianie w następstwie pustynnienia (stepowienia) lub zlodowacenia, powodując wymarcie na powierzchni matczynego gatunku, a w jaskiniach następowała allopatrycznie dalsza ewolucja zamieszkujących je populacji. Model adaptacyjnej modyfikacji zakłada, że preadaptowany gatunek ancestralny aktywnie penetrował jaskinie, aby wykorzystać ich zasoby, i różnicował się przy stałym przepływie genów z populacjami powierzchniowymi. Odmienne warunki w jaskiniach i na powierzchni powodowały dobór naturalny rozrywający, działający w innych kierunkach na i pod ziemią, aż w końcu, stopniowo, selekcja przeważyła nad homogenizującym przepływem genów by doprowadzić do parapatrycznej specjacji. Uzyskane przez nas wyniki powinny pozwolić na danie odpowiedzi, który z powyższych modeli był spełniony w przypadku tych ślimaków.